

ISSN 1029-8940 (Print)
ISSN 2524-230X (Online)

УДК 575.234.2:633.14

<https://doi.org/10.29235/1029-8940-2021-66-2-215-222>

Поступила в редакцию 07.09.2020

Received 07.09.2020

В. С. Мандрусова, И. С. Гордей, О. М. Люсиков, В. Е. Шимко, И. А. Гордей

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Республика Беларусь

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНОФОНДА ОЗИМОЙ РЖИ *SECALE CEREALE* L. РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ С ПРИМЕНЕНИЕМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ

Аннотация. В настоящей работе с использованием 15 микросателлитных (SSR) маркеров исследовано генетическое разнообразие современного генофонда селекционных образцов озимой ржи (*S. cereale* L.) Республики Беларусь с целью разработки дивергентных комбинаций скрещивания при селекции на гетерозис.

Показано, что сформированный набор SSR-маркеров высокоэффективен – индекс информативности (PIC) варьировался от 0,50 до 0,83 и составил в среднем 0,72. Выявлены наиболее эффективные микросателлитные маркеры (SCM28, SCM43, SCM101 и SCM102), которые могут успешно использоваться для изучения генетического разнообразия ржи. Установлено, что современный генофонд озимой ржи Республики Беларусь характеризуется широким генетическим разнообразием (межпопуляционной изменчивостью) – все коллекционные образцы имеют уникальный аллельный состав изученных микросателлитных локусов. На основе результатов исследований построена дендрограмма иерархической кластеризации, позволившая определить наиболее генетически дивергентные комбинации скрещиваний.

Полученные данные могут быть использованы в практической селекции ржи на гетерозис для разработки эффективной схемы создания новых сортов и гибридов.

Ключевые слова: рожь, микросателлитные маркеры, генетическое разнообразие, аллель, дивергентность

Для цитирования: Изучение генофонда озимой ржи *Secale cereale* L. Республики Беларусь с применением микросателлитных маркеров / В. С. Мандрусова [и др.] // Вест. Нац. акад. наук Беларусі. Сер. біял. навук. – 2021. – Т. 66, № 2. – С. 215–222. <https://doi.org/10.29235/1029-8940-2021-66-2-215-222>

Victoria S. Mandrusova, Igor S. Gordej, Oleg M. Lyusikov, Victoria E. Shimko, Ivan A. Gordej

Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

STUDY OF THE GENE POOL OF THE WINTER RYE *SECALE CEREALE* L. OF THE REPUBLIC OF BELARUS USING MICROSATELLITE MARKERS

Abstract. In this work, the genetic diversity of the modern gene pool of the winter rye (*S. cereale* L.) of the Republic of Belarus from 20 actual breeding samples was investigated using 15 microsatellite (SSR) markers to develop divergent crossing combinations in breeding for heterosis.

It was shown that the formed set of SSR markers is highly effective – the informational content index (PIC) varied from 0.50 to 0.83 and averaged 0.72. The most effective microsatellite markers (SCM28, SCM43, SCM101 and SCM102) were identified and can be successfully used to study the genetic diversity of rye. It has been established that the modern gene pool of the winter rye of the Republic of Belarus is generally characterized by fairly wide genetic diversity (interpopulation variability) – all collection samples are characterized by a unique allelic composition of the studied microsatellite loci. Based on investigation results, a hierarchical clustering dendrogram was constructed, which made it possible to determine the most genetically divergent combinations of crosses.

The information obtained can be used for the development of an effective scheme allowing to develop new varieties and hybrids in the practical breeding of rye for heterosis.

Keywords: rye, microsatellite markers, genetic diversity, allele, divergence

For citation: Mandrusova V. S., Gordej I. S., Lyusikov O. M., Shimko V. E., Gordej I. A. Study of the gene pool of the winter rye *Secale cereale* L. of the Republic of Belarus using microsatellite markers. *Vesti Natsyonal'nai akademii navuk Belarusi. Seriya biyalagichnykh navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological series*, 2021, vol. 66, no. 2, pp. 215–222 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1029-8940-2021-66-2-215-222>

Введение. Рожь *Secale cereale* L. ($2n = 14$ и $2n = 28$) является одной из важнейших зерновых культур, возделываемых в Восточной и Северной Европе. Рожь характеризуется способностью давать высокие урожаи при выращивании в условиях стресса (низкие температуры, засуха и низкое плодородие почв) [1]. Наличие устойчивых к болезням сортов снижает потребность в интенсивной химической защите этой культуры.

По питательной ценности рожь превосходит другие зерновые культуры [2]. Сфера применения озимой ржи постоянно расширяется, в том числе в плане использования на продовольственные и кормовые цели (хлеб, спирт, солод), а также для переработки на биоэтанол и биогаз, что обуславливает необходимость создания сортов целевого назначения [3]. В то же время в Беларуси происходит ежегодное сокращение посевных площадей под этой культурой. Сегодня рожь выращивается на площади всего около 300 тыс. га и дает ежегодно 0,7–0,8 млн т зерна, хотя в 1990-х годах посевные площади под этой культурой в нашей стране доходили до 900 тыс. га [4]. Селекция озимой ржи в Беларуси заключается в получении популяционных диплоидных и тетраплоидных сортов. В процессе работы с рожью селекционерами решаются следующие задачи: повышение продуктивности и устойчивости к полеганию, болезням, вредителям; увеличение содержания белка; повышение хлебопекарных и кормовых качеств.

Создание конкурентоспособных сортов ржи требует разнообразного исходного материала, поэтому важной задачей является изучение ее генетического разнообразия для эффективного ведения селекционного процесса. Рожь как аллогамная культура характеризуется возможностью давать гетерозисное потомство при гибридизации генетически дивергентных (отдаленных) форм [5]. Выявление таких дивергентных генотипов исключительно по морфобиологическим признакам в полевых условиях недостаточно надежно и трудоемко. За последние десятилетия накоплен большой теоретический и практический опыт использования ДНК-маркеров в генетике и селекции растений как вспомогательный метод скрининга генофонда исходного материала при создании коммерческих сортов и селекционных линий различных сельскохозяйственных культур [6]. Эффективным и технологичным методом ДНК-скрининга является анализ вариабельности микросателлитных локусов/маркеров (SSR – simple sequence repeat), позволяющий в кратчайшие сроки изучить генетическое разнообразие исходного материала и выявить наиболее генетически дивергентные формы. Кроме того, он позволяет устанавливать филогенетические связи, проводить идентификацию и паспортизацию сортов и гибридов культурных растений [7]. SSR-маркеры в настоящее время широко применяются исследователями на различных культурах, в том числе на ржи [8–11].

Цель исследований – изучение генетического разнообразия современного генофонда озимой ржи *Secale cereale* L. Республики Беларусь с применением микросателлитных маркеров и разработка дивергентных комбинаций скрещивания при селекции на гетерозис.

Материалы и методы исследования. Материалом для исследований служили 20 образцов диплоидной ржи *S. cereale* L. различного селекционного происхождения: 6 сортов белорусской селекции (Зарница, Павлинка, Офелия, Алькора, Бирюза, Голубка), 3 сорта российской селекции (Чулпан 4, Московская, Солнышко), 3 сорта польской селекции (Walet, Negro, Motto), 3 сорта латвийской селекции (Кауро, Otello, Millenium), 5 селекционных сортообразцов из крупнейшего белорусского селекцентра РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию» (ТПР-5 × Голубка, Walet × Зарница, Люта × Московская, Юбилейная × ПД-5, Фаленская × (СК × Зубровка) × КП-97). Данная коллекция включает все лучшие образцы озимой ржи крупнейшего селекционного центра страны – РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию», которые были отобраны на основании предварительной оценки по хозяйственно-ценным признакам в коллекционном питомнике.

Зерновки каждого образца (по 20 шт.) предварительно проращивали в чашках Петри в течение 7 дней до получения проростков стадии первого листа. Для выделения и очистки тотальной ДНК использовали готовый набор реагентов Genomic DNA Purification Kit. Работу проводили по прилагаемому к набору протоколу. Определение концентрации и чистоты выделенной ДНК проводили на спектрофотометре. Концентрацию ДНК всех выделенных генотипов (проростков) каждого образца выравняли. По каждому отдельному образцу готовили пул ДНК путем смешивания в одной пробирке равных аликвот ДНК 20 отдельных генотипов (проростков). Для анализа коллекции по микросателлитным локусам использовали набор из 15 SSR-маркеров, диспергированных по всем 7 хромосомам ржи (1R-7R) и показавших высокую информативность в других исследованиях [7, 12]. ПЦР проводили по стандартной методике с температурой отжига праймеров 55–60 °С в амплификаторе C1000 Touch Thermal Cycler [13]. Для опреде-

ления качества амплификации продукты ПЦР разделяли с помощью электрофореза, гели документировали в системе Bio-Rad GelDoc. Фрагментный анализ проводили на генетическом анализаторе ABI 3500. Для обработки данных фрагментного анализа использовали программу GeneMapper 5.0. Показатели информативности используемых SSR-маркеров (PIC – индекс информативности, N_e – эффективное число аллелей) определяли по Ю. В. Чеснокову в MS Excel 2016 [14]. Для кластеризации коллекционных образцов использовали метод UPGMA и проводили анализ главных компонент (PCA) (коэффициент Жаккара) с помощью программы DARwin 6.0 (Perrier, Jacquemoud-Collet, 2006) [15]. Частоты отдельных аллелей SSR-локусов вычисляли при помощи MS Excel 2016 и Origin 7.5.

Результаты и их обсуждение. Используемый в настоящем исследовании набор SSR-маркеров дал специфические и хорошо воспроизводимые фрагменты ДНК. В результате SSR-анализа рабочей коллекции из 20 селекционных образцов ржи было выявлено 69 аллелей в 15 микросателлитных локусах, причем по 59 из них образцы анализируемой коллекции оказались полиморфными. Количество аллелей в локусе зависело от конкретного генотипа или маркера и варьировалось от 2 до 8 при среднем значении 4,6 (см. таблицу).

Характеристика аллельного состава SSR-локусов
Characterization allelic composition of SSR loci

SSR-маркер	Хромосомная локализация	Тип повтора	Размер аллеля, п. о.	L	N_e	PIC
SCM9	1R	GT	208–224	5	3,85	0,74
SCM28	6R	GT	121–143	6	5,00	0,80
SCM40	7R	GT	129–241	5	4,17	0,76
SCM43	2R	GT	92–112	7	5,88	0,83
SCM63	7R	CCG	242–248	3	2,94	0,66
SCM69	2R	CA	137–195	3	2,38	0,58
SCM73	2R	CCT	220–229	4	3,85	0,74
SCM86	7R	GT	86–118	6	4,35	0,77
SCM101	4R	CT	171–193	8	5,26	0,81
SCM102	3R	AG	112–228	6	5,56	0,82
SCM109	5R	GT	95–117	4	4,00	0,75
SCM138	5R	AC	172–176	3	2,94	0,66
SCM139	4R	ATCT	132–144	4	3,57	0,72
SCM162	3R	CCG	188–194	3	3,03	0,67
SCM304	6R	CA	227–231	2	2,00	0,50
Среднее			–	4,6	3,92	0,72
Сумма			–	69	58,78	–

П р и м е ч а н и е. L – общее количество аллелей на праймер; PIC – индекс информативности; N_e – эффективное число аллелей.

Размеры ПЦР-продуктов составляли от 92 до 248 п. о. Эффективное число аллелей (N_e) используемого набора маркеров варьировалось от 2,00 (SCM304) до 5,88 (SCM43) и составляло в среднем 3,92. Величина PIC варьировалась от 0,50 до 0,83 в зависимости от маркера. Наиболее информативным оказался SSR-маркер SCM43, наименее информативным – SCM304. Индекс информативности маркера тесно коррелировал с количеством выявляемых аллелей ($r = +0,87$).

Частота встречаемости минорных аллелей (MAF – minor alleles frequencies) составила от 1 до 53 %. Наблюдаемые частоты минорных аллелей были сдвинуты к MAF = 26–31 % (рис. 1). На долю редких (MAF ≤ 5 %) пришлось порядка 11,6 % аллелей от их общего числа. Среди 20 проанализированных образцов ржи выявлено 8 редких аллелей в локусах SCM 9 (224 п. о.), SCM 28 (131 п. о.), SCM 40 (209 п. о.), SCM 43 (100 п. о.), SCM 86 (118 п. о.), SCM 101 (171, 191, 193 п. о.). Данные аллели обнаружены в 14 из 20 образцов: Московская, Walet × Зарница, Юбилейная × ПД-5, Офелия, Фаленская × (СК × Зубровка) × КП-97, Алькора, Каупо, Люта × Московская, Зарница, ТПР × Голубка, Павлинка, Чулпан 4, Otello, Walet. Наличие редких аллелей свидетельствует о возможно общей предковой основе этих образцов.

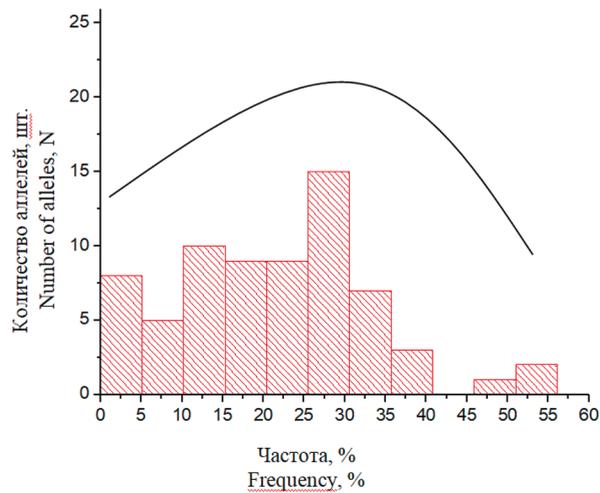


Рис. 1. Распределение частот 69 аллелей (по всем SSR локусам)
 Fig. 1. Frequency distribution of 69 alleles (for all SSR loci)

Используемого набора из 15 SSR-маркеров оказалось достаточно, чтобы различить все образцы анализируемой коллекции, т. е. каждый селекционный образец характеризовался уникальным аллельным составом по всем изученным микросателлитным локусам. Уникальный аллельный состав всех коллекционных образцов и достаточно высокая доля редких аллелей (11,6 %) свидетельствуют о широкой межпопуляционной изменчивости изучаемой коллекции.

При изучении генетического разнообразия образцов диплоидной ржи на основе полиморфизма SSR-маркеров построена матрица генетических дистанций (GD – genetic distances). Величина GD варьировалась от 0,17 (Московская – Бирюза) до 0,58 (Люта × Московская – Чулпан и Walet × Зарница – Otello) при среднем значении 0,39.

На основе матрицы генетических дистанций проведен кластерный анализ и построена дендрограмма, отображающая генетическую дивергентность проанализированных образцов. В целом коллекционные образцы одного селекционного происхождения тесно кластеризованы на дендрограмме (рис. 2).

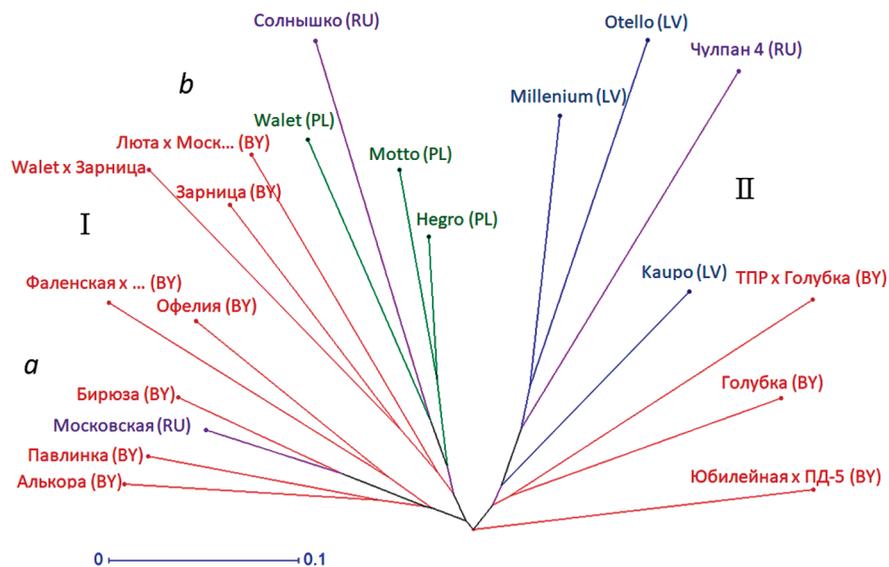


Рис. 2. Иерархическая дендрограмма коллекционных образцов ржи. Здесь и на рис. 3: BY – сорта белорусской селекции; RU – сорта российской селекции; LV – сорта латвийской селекции; PL – сорта польской селекции

Fig. 2. Hierarchical dendrogram of collection rye samples: BY – varieties of Belarusian selection; RU – varieties of Russian selection; LV – varieties of Latvian selection; PL – varieties of Polish selection

Генотипы групіруюцца ў два кластэра – I і II. Кластэр I складаецца з 13 каллекцыйных асобаў: Алькора, Павлинка, Масковская, Бярыюза, Офелія, Зарніца, Солнышко, Walet, Motto, Negro, Люта × Масковская, Walet × Зарніца і Фаленская × (СК × Зубровка) × КП-97. Кластэр II ўключае 6 асобаў: Чулпан 4, Голубка, Millenium, Otello, Кауро і ТПП × Голубка. Сортообразец Юбілейная × ПД-5 групіраваўся адасля ад абодвух кластэраў (рис. 2).

Кластэр I адметліва дзеліцца на два субкластэра – *a* і *b*. Субкластэр *a* складаюць сорты (сортаобразцы) беларускай селекцыі (Алькора, Павлинка, Бярыюза, Офелія і Фаленская × (СК × Зубровка) × КП-97). У гэты субкластэр пападае толькі адзін сорт расійскай селекцыі – Масковская. Субкластэр *b* складаецца ў асноўным з сартоў (сортаобразцаў) заўрабужнай селекцыі – Солнышко, Negro, Motto, Walet і Люта × Масковская. У гэты ж субкластэр пападае сорт Зарніца і створаны на яго аснове сортаобразец Walet × Зарніца беларускай селекцыі. Большая частка сартоў (сортаобразцаў) беларускай селекцыі пападае ў кластэр I і толькі два асобаў (Голубка і ТПП × Голубка) – ў кластэр II. Сяледует падкрэсліць, што ўсе ўключаныя ў каллекцыю сорты польскай селекцыі (Negro, Motto і Walet) тесна групіруюцца і пападаюць ў адзін субкластэр *b* (рис. 2). Сорты латвійскай селекцыі (Кауро, Millenium, Otello) сгрупіраваны ў кластэра II.

Сяледует адзначыць, што сорты і створаны на іх аснове сортаобразцы таксама тесна кластэрызаваны на дендрограме. Так, сорты Зарніца і Голубка аддзелены толькі адным крогам іерархіі ад створаных на іх аснове сортаобразцаў Walet × Зарніца і ТПП × Голубка адпаведна, што аб'ясняецца агульнай генетычнай асновай паходжання (рис. 2). Ісклучэнне складаюць сорт Масковская і створаны на яго аснове гібрыд Люта × Масковская, сгрупіраваныя ў розных субкластэрах, но ў адным кластэра – I. Даны факт сведчыць аб эфектыўнасці выкарыстання SSR-аналіза ў ідэнтыфікацыі паходжання таго ці іншага сорты (сортаобразца).

Как видно из данных дендрограммы, некоторые образцы одного эколого-географического происхождения тесно группируются с образцами другого эколого-географического происхождения. Так, сорт Масковская расійскай селекцыі сгрупіраван у субкластэра *a* з сортамі беларускай селекцыі, а сорт Зарніца беларускай селекцыі групіраецца ў субкластэра *b* з сортамі польскай селекцыі. Даны факт можна аб'ясніць двума асноўнымі прычынамі:

1) агульнай генетычнай асновай стварэння гэтых сартоў ў выніку актывнага абмену генофондам ісходнага матэрыяла між вядучымі селекцыйнымі ўстановамі асноўных еўрапейскіх краін-вытворцаў ржы (Расія, Германія, Польша, Беларусь);

2) аллогамнай прыродай ржы, што ў сваю ачэрэд ускладняе падтрыманне чыстоты асобных папуляцый.

Выкарыстанне метада галоўных кампанент падтвэрдыло, што каллекцыйныя асобаў кластэрызуюцца ў РСА-прасторстве ў адпаведнасці з іх селекцыйным паходжанням (рис. 3). Так, асобаў беларускай селекцыі кластэрызуюцца ў асноўным ў верхняй правай частцы РСА-прасторства, асобаў польскай селекцыі складаюць асобную групу падобія ў левай частцы, асобаў латвійскай селекцыі – ў ніжняй частцы, асобаў расійскай селекцыі дыспергіраваны па ўсёй абласці РСА-прасторства. У тое ж час вынікі аналізу галоўных кампанент у цэлым паказалі сильную дысперсію каллекцыйных асобаў ў РСА-прасторстве (рис. 3), што таксама сведчыць аб дастаткова шырокім міжпапуляцыйным поліморфізме ісследуемай каллекцыі.

Сяледовательно, ўключаныя ў нашы ісследования сорты кластэрызуюцца ў асноўным ў адпаведнасці з іх селекцыйным паходжанням. Ісклучэнне складаюць сорты расійскай селекцыі, дыспергіраваныя ў розных кластэрах (субкластэрах). Даны факт можна аб'ясніць рознай генетычнай асновай стварэння гэтых сартоў і эколага-геаграфічнай аддаленнасцю іх устаноў-арыгінараў (Масковская – Масковский НИИСХ «Немчыновка», Солнышко – НИИСХ Юго-Востока, Чулпан – Башкирский НИИСХ). Уключаныя ў аналіз сортаобразцы РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по земледелию» таксама дыспергіраваны па розным кластэрам (субкластэрам), што звязана з іх генетычнай аддаленнасцю, атрыманай ў выніку дывергентных скрещиваний.

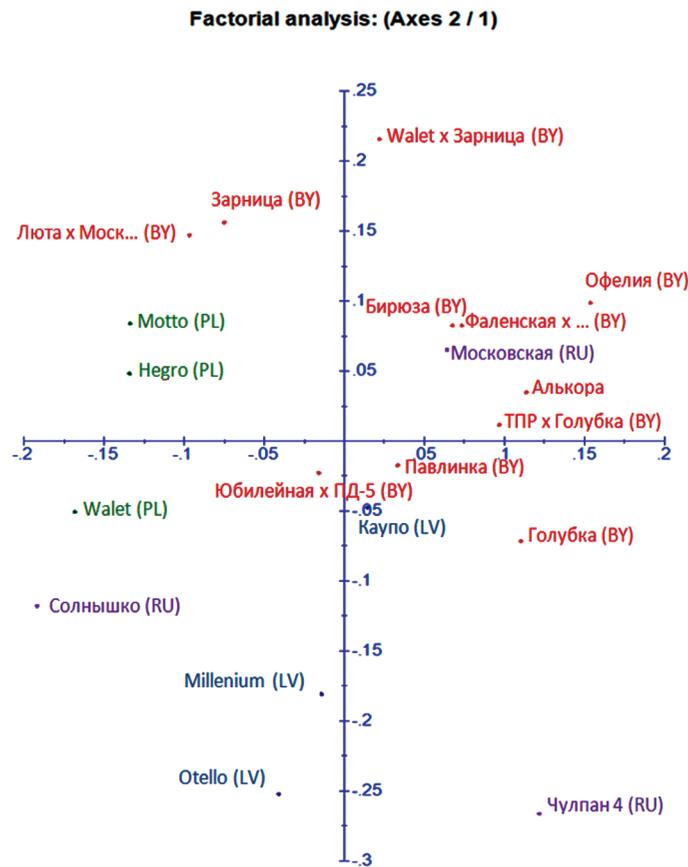


Рис. 3. Дисперсия коллекционных образцов ржи в PCA-пространстве

Fig. 3. Dispersion of collection rye samples in PCA space

Таким образом, результаты исследований на основе анализа аллельного состава микросателлитных локусов показали, что сформированная коллекция из лучших современных образцов ржи в целом характеризуется широким генетическим разнообразием (межпопуляционной изменчивостью) – каждый коллекционный образец характеризуется уникальным аллельным составом 15 изученных микросателлитных локусов. Это связано с различным селекционным происхождением коллекционных образцов (Беларусь, Россия, Польша, Латвия), а также с аллогамной природой озимой ржи. Высокое разнообразие экспериментальных форм свидетельствует о широкой генетической основе изученного генофонда ржи.

Заключение. Изучение генетического разнообразия современного генофонда ржи Республики Беларусь из 20 лучших селекционных образцов с использованием 15 микросателлитных (SSR) маркеров показало, что сформированный набор SSR-маркеров высокоэффективен для анализа межпопуляционного полиморфизма у ржи – PIC используемой маркерной системы составил 0,72. Идентифицированы наиболее эффективные микросателлитные маркеры (SCM28, SCM43, SCM101 и SCM102), которые могут успешно использоваться для изучения генетического разнообразия ржи. Выявлены дивергентные комбинации скрещиваний для селекции на гетерозис – в гибридизацию необходимо включать образцы, соответствующие двум разным кластерам (субкластерам) иерархической дендрограммы. Каждый селекционный образец характеризуется уникальным аллельным составом изученных микросателлитных локусов, что свидетельствует о широком генетическом разнообразии современного генофонда ржи Республики Беларусь. Включение изученного генофонда в селекционный процесс с использованием дивергентных комбинаций скрещивания позволит получить достаточное количество генетически разнородного исходного материала и создать на его основе новые конкурентоспособные популяционные сорта и гибриды ржи.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Урбан, Э. П. Озимая рожь в Беларуси: селекция, семеноводство, технология возделывания / Э. П. Урбан. – Минск : Беларус. навука, 2009. – 269 с.
2. Кобылянский, В. Д. Теоретические основы селекции зернофуражной ржи с низким содержанием водорастворимых пентозанов / В. Д. Кобылянский, О. В. Солодухина // Сельскохозяйств. биология. – 2013. – № 2. – С. 31–39.
3. Гончаренко, А. А. Новые направления в селекции озимой ржи на целевое использование / А. А. Гончаренко // Зернобобовые и крупяные культуры. – 2016. – Т. 2, № 18. – С. 25–32.
4. Привалов, Ф. И. Достижения и проблемы селекции высокопродуктивных сельскохозяйственных культур в Республике Беларусь / Ф. И. Привалов, Э. П. Урбан // Вес. Нац. акад. навук Беларусі. Сер. аграр. навук. – 2016. – № 3. – С. 41–49.
5. Шлегель, Р. Селекция гибридных форм как стимул развития молекулярно-генетических исследований у ржи / Р. Шлегель // Вавилов. журн. генетики и селекции. – 2015. – Т. 19, № 5. – С. 589–603.
6. Леонова, И. Н. Молекулярные маркеры: использование в селекции зерновых культур для идентификации, интрогрессии и пирамидирования генов / И. Н. Леонова // Вавилов. журн. генетики и селекции. – 2013. – Т. 17, № 2. – С. 314–325.
7. Chikmawati, T. Rye (*Secale cereale* L.) and wheat (*Triticum aestivum* L.) simple sequence repeat variation within *Secale* spp. (Poaceae) / T. Chikmawati, J. Miftahudin, J. P. Gustafson // HAYATI J. Biosci. – 2013. – Vol. 20, N 4. – P. 163–170. <https://doi.org/10.4308/hjb.20.4.163>
8. Генотипирование сортов мягкой пшеницы разных регионов России / И. Г. Адонина [и др.] // Вавилов. журн. генетики и селекции. – 2016. – Т. 20, № 1. – С. 44–50.
9. Информативные EST-SSR-маркеры для типирования и внутривидовой дифференциации *Brassica oleracea* var. *capitata* L. / М. Н. Шаптуренко [и др.] // Вавилов. журн. генетики и селекции. – 2016. – Т. 20, № 1. – С. 51–56.
10. Genetic diversity and phylogenetic relationships in the rye genus *Secale* L. (rye) based on *Secale cereale* microsatellite markers / Н. I. Shang [et al.] // Genet. Mol. Biol. – 2006. – Vol. 29, N 4. – P. 685–691. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572006000400018>
11. Targońska, M. Assessment of genetic diversity in *secale cereale* based on *ssr* markers / M. Targońska, H. Bolibok-Brągoszewska, M. Rakoczy-Trojanowska // Plant Mol. Biol. Rep. – 2016. – Vol. 34, N 1. – P. 37–51. <https://doi.org/10.1007/s11105-015-0896-4>
12. Saal, B. Development of simple sequence repeat markers in rye (*Secale cereale* L.) / B. Saal, G. Wricke // Genome. – 1999. – Vol. 42, N 5. – P. 964–972. <https://doi.org/10.1139/g99-052>
13. Падутов, В. Е. Методы молекулярно-генетического анализа / В. Е. Падутов, О. Ю. Баранов, Е. В. Ворopaев. – Минск : Юнипол, 2007. – 176 с.
14. Чесноков, Ю. В. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия / Ю. В. Чесноков, А. М. Артемьева // Сельскохозяйств. биология. – 2015. – Т. 50, № 5. – С. 571–578.
15. Perrier, X. Darwin software (2006) [Electronic resource] / X. Perrier, J. P. Jacquemoud-Collet. – Mode of access: <http://darwin.cirad.fr/darwin>. – Date of access: 19.02.2020.

References

1. Urban E. P. *Winter rye in Belarus: selection, seed production, cultivation technology*. Minsk, Belaruskaya navuka Publ., 2009. 269 p. (in Russian).
2. Kobylyanskii V. D., Solodukhina O. V. The theoretical basis of grain fodder rye breeding for low water soluble pentosans. *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya* [Agricultural biology], 2013, no. 2, pp. 31–39 (in Russian).
3. Goncharenko A. A. New directions in selection of a winter rye on target use. *Zernobobovye i krupyanye kul'tury* [Legumes and grain crops], 2016, vol. 2, no. 18, pp. 25–32 (in Russian).
4. Privalov F. I., Urban E. P. Achievements and problems of high yield crops breeding in the Republic of Belarus. *Vesti Natsyonal'nai akademii navuk Belarusi. Seryya agrarnykh navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Agrarian series*, 2016, no. 3, pp. 41–49 (in Russian).
5. Shlegel' R. Hybrid breeding boosted molecular genetics in rye. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2015, vol. 19, no. 5, pp. 589–603 (in Russian).
6. Leonova I. N. Molecular markers: implementation in crop plant breeding for identification, introgression, and gene pyramiding. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2013, vol. 17, no. 2, pp. 314–325 (in Russian).
7. Chikmawati T., Miftahudin J., Gustafson J. P. Rye (*Secale cereale* L.) and wheat (*Triticum aestivum* L.) simple sequence repeat variation within *Secale* spp. (Poaceae). *HAYATI Journal of Biosciences*, 2013, vol. 20, no. 4, pp. 163–170. <https://doi.org/10.4308/hjb.20.4.163>
8. Adonina I. G., Leonova I. N., Badaeva E. D., Salina E. A. Genotyping of hexaploid wheat varieties from different Russian regions. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2016, vol. 20, no. 1, pp. 44–50 (in Russian).
9. Shapturnenko M. N., Pechkovskaya T. V., Vakula S. I., Yakimovich A. V., Zabara Yu. M., Khotyleva L. V. Informative EST-SSR markers for genotyping and intraspecific differentiation of *Brassica oleracea* var. *capitata* L. *Vavilovskii zhurnal genetiki i seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2016, vol. 20, no. 1, pp. 51–56 (in Russian).

10. Shang H.-I., Wei Y.-M., Wang X.-R., Zheng Y.-L. Genetic diversity and phylogenetic relationships in the rye genus *Secale L.* (rye) based on *Secale cereale* microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biology*, 2006, vol. 29, no. 4, pp. 685–691. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572006000400018>
11. Targońska M., Bolibok-Braęoszewska H., Rakoczy-Trojanowska M. Assessment of genetic diversity in *Secale cereale* based on SSR markers. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2016, vol. 34, no. 1, pp. 37–51. <https://doi.org/10.1007/s11105-015-0896-4>
12. Saal B., Wricke G. Development of simple sequence repeat markers in rye (*Secale cereale L.*). *Genome*, 1999, vol. 42, no. 5, pp. 964–972. <https://doi.org/10.1139/g99-052>
13. Padutov V. E., Baranov O. Yu., Voropaev E. V. *Molecular genetic analysis methods*. Minsk, Yunipol Publ., 2007. 176 p. (in Russian).
14. Chesnokov Yu. V., Artem'eva A. M. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Sel'skokhozyaistvennaya biologiya = Agricultural biology*, 2015, vol. 50, no. 5, pp. 571–578 (in Russian).
15. Perrier X., Jacquemoud-Collet J. P. Darwin software (2006). Available at: <http://darwin.cirad.fr/darwin> (accessed 19.02.2020).

Информация об авторах

Мандрусова Виктория Сергеевна – мл. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: shinkorenko.vika@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8674-4905>

Гордей Игорь Станиславович – канд. биол. наук, ст. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: I_Gordej777@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1502-303X>

Люсиков Олег Михайлович – науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: O.Lyusikov@igc.by, <https://orcid.org/0000-0002-7243-6028>

Шимко Виктория Евгеньевна – науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: shymko@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4741-5823>

Гордей Иван Андреевич – д-р биол. наук, профессор, гл. науч. сотрудник. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ул. Академическая, 27, 220072, г. Минск, Республика Беларусь). E-mail: I.Gordej@igc.by, <https://orcid.org/0000-0002-8285-1583>

Information about the authors

Victoria S. Mandrusova – Junior Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: shinkorenko.vika@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8674-4905>

Igor S. Gordej – Ph. D. (Biol.), Senior Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: I_Gordej777@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1502-303X>

Oleg M. Lyusikov – Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: O.Lyusikov@igc.by, <https://orcid.org/0000-0002-7243-6028>

Victoria E. Shimko – Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: shymko@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4741-5823>

Ivan A. Gordej – D. Sc. (Biol.), Professor, Chief Researcher. Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus (27, Akademicheskaya Str., 220072, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: I.Gordej@igc.by, <https://orcid.org/0000-0002-8285-1583>