



<https://doi.org/10.26898/0370-8799-2024-12-3>

УДК: 635.21:631.523+631.526.32

Тип статьи: оригинальная

Type of article: original

Использование SSR-маркеров в генетической паспортизации и сортовой идентификации картофеля в России

✉ Поливанова О.Б., Горюнова С.В., Сиволапова А.Б., Горюнов Д.В., Казаков О.Г.

Федеральный исследовательский центр картофеля им. А.Г. Лорха

Московская область, п. Красково, Россия

✉ e-mail: polivanovaoks@gmail.com

Картофель (*Solanum tuberosum*) – одна из важнейших продовольственных культур в мире. Рынок картофеля нуждается в появлении новых сортов, отвечающих потребностям растущего населения и производителей продуктов питания. В связи с этим необходима оценка генетических ресурсов – эффективные и надежные методы идентификации новых сортов и гибридов. SSR-маркеры в настоящее время широко используются для генотипирования селекционного материала картофеля. Их выбор обусловлен высоким аллельным разнообразием, воспроизводимостью и доступностью. В данной работе обсуждаются преимущества использования SSR-маркеров и опыт применения различных наборов SSR-маркеров для оценки разнообразия генетических коллекций картофеля на территории России. Также представлена информация о наиболее часто используемых в генотипировании картофеля SSR-маркерах. Эти маркеры преимущественно входят в набор Potato Genetic Identity Kit (PGI), разработанный в 2006 г. и широко используемый во многих исследованиях. Показано, что в наборы для оценки разнообразия российских сортов картофеля входят от 8 до 14 SSR-маркеров. Их применение дает возможность получить уникальные профили для каждого сорта, а совпадающие маркеры позволяют сравнивать полученные в разных лабораториях результаты. Все SSR-маркеры, применяемые для оценки генетического разнообразия мировых коллекций картофеля, идентифицированы в начале 90-х годов XX в. и опубликованы в нескольких работах. В настоящее время в связи с появлением доступных данных о полных последовательностях генома картофеля возможен поиск новых SSR-маркеров. Однако для генотипирования такие маркеры все еще не используются достаточно широко, так как требуют валидации.

Ключевые слова: *Solanum tuberosum*, SSR-маркеры, генетическая паспортизация, сортовая идентификация

Application of SSR markers in genetic passportization and identification of potato varieties in Russia

✉ Polivanova O.B., Goryunova S.V., Sivolapova A.B., Goryunov D.V., Kazakov O.G.

Russian Potato Research Centre

Kraskovo, Moscow region, Russia

✉ e-mail: polivanovaoks@gmail.com

Potato (*Solanum tuberosum*) is one of the most important food crops in the world. World potato market requires new varieties that meet the needs of a growing population and food industry. In this regard, genetic resource assessment for identifying new potato varieties and hybrids using effective and reliable methods is required. SSR markers are currently widely used for genotyping potato breeding material. They are chosen due to their high allelic diversity, reproducibility, and availability. In this article the advantages of using SSR markers and the experience of using various sets of SSR markers to assess the diversity of potato genetic collections in the Russian Federation are discussed. Information on the SSR markers most frequently used in potato genotyping is also presented. These markers are

mainly included in the Potato genetic identity kit (PGI) developed in 2006 and widely used in many studies. It has been shown that the kits for assessing the diversity of Russian potato varieties include from 8 to 14 SSR markers. Their use allows getting unique profiles for each variety, whereas matching markers allow comparing the results from different laboratories. All SSR markers used to assess the genetic diversity of world potato collections were identified in the early 90s and published in several research works. Currently, due to the availability of complete potato genome sequences data, a search for new SSR markers is possible. However, such markers are still not widely used for genotyping, as they require validation.

Keywords: *Solanum tuberosum*, SSR markers, genetic certification, variety identification

Для цитирования: Поливанова О.Б., Горюнова С.В., Сиволапова А.Б., Горюнов Д.В., Казаков О.Г. Использование SSR-маркеров в генетической паспортизации и сортовой идентификации картофеля в России // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2024. Т. 54. № 12. С. 22–31. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2024-12-3>

For citation: Polivanova O.B., Goryunova S.V., Sivolapova A.B., Goryunov D.V., Kazakov O.G. Application of SSR markers in genetic passportization and identification of potato varieties in Russia. *Sibirskii vestnik sel'skokhozyaistvennoi nauki = Siberian Herald of Agricultural Science*, 2024, vol. 54, no. 12, pp. 22–31. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2024-12-3>

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

Благодарность

Исследование проведено в рамках выполнения государственного задания № 082-3-2023-0015 «Разработка методики для проведения исследований по оформлению генетических паспортов сортов картофеля».

Acknowledgements

This work was carried out within the framework of the state assignment No. 082-3-2023-0015 "Development of a methodology for conducting research on the design of genetic passports for potato varieties".

ВВЕДЕНИЕ

Эффективная и надежная идентификация сортов сельскохозяйственных культур, характеристика новых гибридов имеют большое значение для селекции, семеноводства, реализации, установления сортовой идентичности и защиты авторских прав на селекционные достижения [1].

Картофель является важным источником питания для миллионов людей во всем мире, что требует получения высокоурожайных, устойчивых к болезням и вредителям сортов, отвечающих потребностям растущего населения. Исследование генетических ресурсов картофеля – значимый шаг на пути к реализации селекционных программ. В настоящий момент существует большое разнообразие сортов картофеля, многие из которых охарак-

теризованы недостаточно полно. Кроме того, большое число сортов имеют схожее происхождение, что может затруднять их идентификацию.

Применение надежных молекулярных методов в дополнение к морфологическому анализу разнообразия картофеля становится все более распространенным как в России, так и за ее пределами^{1, 2} [2–5]. В настоящее время для исследования разнообразия и идентификации сортов картофеля наиболее широко используют SSR-маркеры, благодаря их высокому аллельному разнообразию и хорошей воспроизводимости (см. сноски 1, 2) [2, 3].

Цель данного обзора – обобщить имеющуюся информацию о SSR-маркерах, используемых для оценки российских коллекций картофеля.

¹ Антонова О.Ю., Швачко Н.А., Новикова Л.Ю., Шувалов О.Ю., Костина Л.И., Клименко Н.С., Шувалова А.Р., Гавриленко Т.А. Генетическое разнообразие сортов картофеля российской селекции и стран ближнего зарубежья по данным полиморфизма SSR-локусов и маркеров R-генов устойчивости // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2016. № 20 (5). С. 596–606.

² Gavrilenko T., Antonova O., Ovchinnikova A., Novikova L., Krylova E., Mironenko N., Pendinen G., Islamshina A., Shvachko N., Kiru S., Kostina L., Afanasenko O., Spooner D. A microsatellite and morphological assessment of the Russian National cultivated potato collection // Genetic Resources and Crop Evolution. 2010. N 57 (8). P. 1151–1164.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Поиск литературы по заданной теме осуществляли в 2024 г. в базах данных Scopus, Web of Science, Google Scholar и РИНЦ по соответствующим ключевым словам.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В зависимости от происхождения выделяют геномные SSR (genomic SSRs, gSSRs) и SSR-маркеры экспрессируемой последовательности (Expressed sequence tags SSRs, EST-SSRs), локализованные в кодирующей области генома и выявляемые внутри транскрибируемых последовательностей матричной РНК. На начальном этапе одним из основных методов выявления SSR-маркеров было создание ДНК-библиотек, обогащенных повторами, с последующим клонированием и секвенированием фрагментов [4]. С появлением больших массивов открытых данных о последовательностях геномов и транскриптомов экспериментальные методы разработки SSR-маркеров отошли на второй план, уступив место недорогим и практичным подходам *in silico*.

Сравнение полногеномных последовательностей дает возможность для широкомасштабного поиска микросателлитных маркеров. Секвенирование РНК (RNA-Seq) также может быть использовано для получения большого числа кандидатных EST-SSR-маркеров. Поскольку сборка транскриптома *de novo* можно осуществлять без привлечения геномных данных, RNA-Seq может являться эффективным инструментом для разработки SSR-маркеров в отсутствие референсной последовательности генома, в том числе для полиплоидных видов и видов с большими геномами [5].

Так, в настоящий момент для разработки маркеров картофеля доступны база данных SolEST, представляющая собой коллекцию

данных EST-последовательностей для видов семейства Solanaceae³, и база данных PlantGDB, содержащая сборки транскриптомов для многих представителей семейства пасленовых и др.⁴ В 2014 г. большой объем геномных, генетических и фенотипических данных картофеля был объединен для разработки базы данных Spud⁵. Аннотация последовательностей транскриптов, полученных Международным консорциумом по секвенированию генома картофеля (PGSC), позволила выявить 7268 SSR, наиболее распространенными из которых являются мононуклеотидные повторы. База данных Spud содержит web-инструмент для запроса перечня полиморфных SSR-маркеров интересующей области генома или гена. Высококачественная сборка генома картофеля впервые была получена в 2011 г. на основе данных секвенирования двойного моноплоидного клона *S. tuberosum* группы Phureja DM1-3 516 R44 (DM) Международным консорциумом по секвенированию генома картофеля⁶. Позже были получены сборки геномов других образцов картофеля [6, 7], на основе данных анализа геномных последовательностей четырех геномов картофеля удалось выявить 16 245 полиморфных маркеров [8].

Начиная с 1990-х годов разработано множество SSR-маркеров картофеля, многие SSR-локусы картированы на хромосомах. Однако для сортовой идентификации и генетической паспортизации картофеля в исследованиях во всем мире [9–16] используется ограниченный набор маркеров, опубликованный в нескольких работах.

В 1995 г. на основании анализа последовательностей, доступных в базе данных EMBL + GenBank, было получено семь SSR-маркеров, которые использовались для генетической характеристики диплоидных клонов картофеля, полученных из пыльников⁷. Пять из семи предложенных маркеров

³<http://biosrv.cab.unina.it/solestdb>

⁴<http://www.plantgdb.org/>

⁵<https://spuddb.uga.edu>

⁶Genome sequence and analysis of the tuber crop potato // Nature. 2011. N 475 (7355). P. 189–195.

⁷Veilleux R.E., Shen L.Y., Paz M.M. Analysis of the genetic composition of anther-derived potato by randomly amplified polymorphic DNA and simple sequence repeats // Genome. 1995. N 38 (6). P. 1153–1162.

оказались полиморфными, и один из данных маркеров (STWAX-2) в настоящее время широко используется для генетической характеристики картофеля из различных коллекций.

Годом позже на основе анализа некодирующих регионов 24 генов картофеля было разработано 19 пар праймеров, 16 из которых оказались полиморфными⁸. Сейчас в генетических исследованиях и паспортизации сортов картофеля используют три из них – STU6SNRN, STIKA, STGBSS.

Группой британских ученых разработаны 112 пар праймеров, успешно амплифицирующих SSR-локусы нужного размера из препаратов ДНК картофеля⁹. Каждому из маркеров присвоены показатели качества от 1 до 5 в зависимости от потенциальной информативности. Около 20 из предложенных маркеров с показателями качества 1–2 были использованы для генотипирования и сортовой идентификации картофеля во многих последующих исследованиях. Среди них наиболее часто в наборы для генотипирования входят STM0031, STM0037, STM1052, STM1053, STM1064, STM1104 и др. Описанные маркеры в целом заменили систему маркеров RFLP в генетических исследованиях картофеля.

М. Ghislain et al.¹⁰ провели скрининг 156 SSR-маркеров, чтобы подобрать эталонный набор для точного и эффективного генотипирования сортов картофеля. Критериями для отбора служили повсеместность распространения SSR в восьми группах сортов картофеля, качество продуктов амплификации, сложность локуса, мера информационного полиморфизма (Polymorphism Information Content, PIC) и расположение на генетической карте картофеля. В ходе скрининга был предложен набор из 18 маркеров. Авторами использованы 108 SSR-маркеров, опубли-

кованных ранее, 48 маркеров разработаны на основе последовательностей EST, полученных специалистами Шотландского научно-исследовательского института растениеводства (Scottish Crop Research Institute).

В 2005 г. на основании базы данных GeneIndex (The Institute for Genomic Research Potato GeneIndex) были подобраны 94 пары праймеров, фланкирующих доступные к тому времени SSR-последовательности, среди которых для дальнейшего использования был отобран 61 маркер¹¹. В настоящее время для генетического картирования, таксономических исследований, отбора с помощью маркеров и идентификации сортов картофеля используется не менее 17 предложенных в данной работе маркеров.

В идентификации сортов картофеля, как и в случае с другими сельскохозяйственными культурами, в основном используют ди- и тринуклеотидные SSR-повторы. В упомянутых исследованиях представлено лишь небольшое число маркеров с более длинными субъединицами повтора. Предложено восемь SSR-маркеров, содержащих тетра- и пентануклеотидные повторы, с целью минимизации ошибок генотипирования¹². Отбор маркеров осуществляли при помощи базы данных Spud. Несмотря на высокую воспроизводимость и подобранные условия для проведения мультиплексной ПЦР, данный набор маркеров не применялся в других исследованиях по генотипированию картофеля. Данные полногеномного секвенирования хлоропластной ДНК картофеля могут быть источником новых SSR-маркеров с длинным ядром, которые могут использоваться для изучения генетического разнообразия картофеля [17].

⁸Provan J., Powell W., Waugh R. Microsatellite analysis of relationships within cultivated potato (*Solanum tuberosum*) // Theoretical and Applied Genetics. 1996. N 92 (8). P. 1078–1084.

⁹Milbourne D., Meyer R.C., Collins A.J., Ramsay L.D., Gebhardt C., Waugh R. Isolation, characterisation and mapping of simple sequence repeat loci in potato // Molecular and General Genetics. 1998. N 259 (3). P. 233–245.

¹⁰Ghislain M., Spooner D.M., Rodríguez F., Villamón F., Núñez J., Vásquez C., Waugh R., Bonierbale M. Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato // Theoretical and Applied Genetics. 2004. N 108 (5). P. 881–890.

¹¹Feingold S., Lloyd J., Norero N., Bonierbale M., Lorenzen J. Mapping and characterization of new EST-derived microsatellites for potato (*Solanum tuberosum* L.) // Theoretical and Applied Genetics. 2005. N 111 (3). P. 456–466.

¹²Kishine M., Tsutsumi K., Kitta K. A set of tetra-nucleotide core motif SSR markers for efficient identification of potato (*Solanum tuberosum*) cultivars // Breeding Science. 2017. N 67 (5). P. 544–547.

Для сортовой идентификации картофеля было предложено несколько наборов SSR-маркеров, включающих в себя ранее опубликованные маркеры из перечисленных выше исследований. Так, в исследовании A. Reid et al.¹³ с использованием девяти SSR-маркеров (STM0019, STM2005, STM2028, STM3009, STM3012, STM3023, STM5136, STM5148, SSR1) успешно идентифицировано около 900 сортов картофеля с высокой дискриминационной способностью. Согласно полученным результатам, 99,5% сортов обладают уникальными молекулярными профилями, а оставшиеся 0,5% имеют общих предков в родословной и включают некоторые известные мутантные формы.

Для генотипирования и изучения разнообразия сортов картофеля в генетических коллекциях во всем мире наибольшей популярностью пользуется набор PGI¹⁴. Данный набор включает в себя 24 высокополиморфных и распределенных по всему геному (по два на группу сцепления) SSR-маркера, специфичных к уникальным последовательностям SSR-локусов. С использованием маркеров из данного набора осуществляют генотипирование крупных коллекций картофеля, включающих более тысячи образцов [18].

Согласно опубликованным результатам генотипирования, сортовая идентификация с помощью маркеров из данного набора возможна и при анализе меньшего числа локусов. Так, при проведении оценки российской коллекции культурного картофеля было использовано 19 SSR-маркеров из PGI¹⁵. Для оценки генетического разнообразия сортов картофеля российской селекции и селекции стран ближнего зарубежья использовали 13 маркеров из набора PGI (см. сноску 1). В другом исследовании по генотипированию сортов картофеля применялись 24 SSR-маркера, 20 из которых были взяты из PGI [19].

Разработка методов генетической паспортизации картофеля в России также основывается на использовании SSR-маркеров из набора PGI. Например, в методиках, разработанных Всероссийским научно-исследовательским институтом сельскохозяйственной биотехнологии (ВНИИСБ) и компанией «Синтол», используется по 12 различных SSR-локусов, 11 из которых взяты из PGI. Согласно методике, на основании которой производили генетическую паспортизацию сортов картофеля из коллекций Всероссийского института генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР; 113 сортов), Федерального исследовательского центра картофеля им. А.Г. Лорха (30 сортов), Татарского НИИСХ «Казанский научный центр РАН» (30 сортов) и Ленинградского НИИСХ «Белогорка» (21 сорт), использовалась информация о полиморфизме 8–14 хромосом-специфичных микросателлитных локусов [2, 3, 20, 21] (см. таблицу).

При этом основными критериями отбора SSR-маркеров для генетической паспортизации служат: 1) однородное распределение на хромосомах; 2) оптимальные условия амплификации и детектирования; 3) способность демонстрировать высокие показатели полиморфизма и отсутствие сцепления с другими маркерами; 4) пригодность для использования в реакции мультиплексной ПЦР. В состав всех доступных наборов для генотипирования картофеля российской селекции входят маркеры STG0016, STI001, STI004, STI014, STI0030, STI0032, STM5114, STM5127, которые также входят в PGI.

В процессе применения перечисленных выше наборов маркеров для оценки разнообразия сортов картофеля в России были получены уникальные профили для каждого сорта. Большинство маркеров адаптировано для мультиплексного анализа. Для генотипи-

¹³Reid A., Hof L., Felix G., Rücker B., Tams S., Milczynska E., Esselink D., Uenk G., Vosman B., Weitz A. Construction of an integrated microsatellite and key morphological characteristic database of potato varieties on the EU common catalogue // Euphytica. 2011. N 182 (2). P. 239.

¹⁴Ghislain M., Núñez J., Del Rosario Herrera M., Pignataro J., Guzman F., Bonierbale M., Spooner D.M. Robust and highly informative microsatellite-based genetic identity kit for potato // Molecular Breeding. 2009. N 23 (3). P. 377–388.

¹⁵Gavrilenko T., Antonova O., Ovchinnikova A., Novikova L., Krylova E., Mironenko N., Pendinen G., Islamshina A., Shvachko N., Kiru S., Kostina L., Afanasenko O., Spooner D. A microsatellite and morphological assessment of the Russian National cultivated potato collection // Genetic Resources and Crop Evolution. 2010. N 57 (8). P. 1151–1164.

SSR-маркеры, используемые в различных наборах для генетической паспортизации картофеля
SSR markers used in various kits for genetic passportization of potatoes

№ п/п	Наименование локуса	PGI Kit	ВИР	ВНИИСБ	Синтол	Размер аппликонов, п. н.	РІС	Число аллелей	Источник
1	STM2005		+			166	–	–	См. сноску 9
2	STM0019a, b	+				83–124	0,592	10	См. сноску 10
3	STI046		+			167–215	0,95	24	См. сноску 11
4	STI001	+	+	+	+	185–208	0,94	7	
5	STI003	+				144	0,77	4	
6	STI004	+	+	+	+	78–112	0,90	9	
7	STI012	+	+		+	168–192	0,90	14	
8	STI014	+	+	+	+	130–142	0,76	6	
9	STI030	+	+	+	+	77–117	0,89	14	
10	STI032	+	+	+	+	106–127	0,94	23	
11	STI033	+	+		+	116–143	0,91	15	
12	STG0001	+				137–163	0,70	15	См. сноску 14
13	STG0010	+				175–192	0,69	11	
14	STG0016	+	+	+	+	137–174	0,77	15	
15	STG0025	+	+			208–223	0,53	7	
16	STM0031	+				185–211	0,72	10	
17	STM0037	+	+			87–133	0,78	17	
18	STM1052	+				214–263	0,83	17	
19	STM1053	+				170–196	0,69	10	
20	STM1064	+				201–213	0,57	8	
21	STM1104	+	+	+		178–199	0,89	14	
22	STM1106	+	+			145–211	0,82	17	
23	STM5114	+	+	+	+	297–322	0,69	11	
24	STM5121	+	+			297–309	0,73	8	
25	STM5127	+	+	+	+	248–291	0,85	17	
26	STPoAc58	+				243–263	0,75	13	

рования российских сортов при относительно схожем наборе маркеров были использованы разные способы разделения фрагментов – капиллярный электрофорез, электрофорез в полиакриламидном геле с использованием автоматических систем для генотипирования, что в некоторых случаях приводило к различиям в длине фрагментов.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

В генетических исследованиях картофеля SSR-маркеры все еще остаются основным методом генотипирования, что обусловлено простотой использования, доступностью, высокой воспроизводимостью и значительным уровнем их полиморфизма. При этом в большинстве работ используется ограничен-

ный набор маркеров, опубликованный в нескольких исследованиях конца 1990-х годов. Данные маркеры объединены в наборы, наиболее популярным из которых является PGI, включающий в себя 24 маркера.

Показано, что генотипирование, в том числе больших коллекций, возможно с меньшим набором маркеров. Так, для оценки российских коллекций картофеля использовалось от 8 до 14 SSR-маркеров, большинство из которых являются частью набора PGI. Восемь SSR-маркеров, которые входят в каждый из наборов, используемых для генотипирования российских образцов картофеля, отличаются высоким значением PIC (от 0,69 до 0,94) и большим количеством аллелей на один локус (от 9 до 23).

В связи с доступностью и открытостью данных секвенирования и развитием соответствующих биоинформатических инструментов появилась возможность генерировать большое количество новых SSR-маркеров, однако они требуют валидации для последующего повсеместного использования. Более того, применение стандартизированного набора маркеров позволяет сравнивать и сопоставлять данные, полученные в различных лабораториях.

На основании проанализированных данных для дальнейшего генотипирования образцов картофеля из российских коллекций могут быть рекомендованы следующие маркеры: STG0016, STI001, STI004, STI014, STI0030, STI0032, STM5114, STM5127. Помимо массового использования этих маркеров для оценки российских коллекций, их отличает высокий уровень полиморфизма. Также можно отметить локус STI046, который, по опубликованным данным, отличался высоким уровнем полиморфизма и гетерозиготности при анализе российских сортов [2]. Повторяющийся мотив маркера STM2005 имеет размер 6 п. н., что делает его удобным с точки зрения интерпретации результатов, особенно при использовании электрофореза в агарозном геле. Остальные используемые маркеры недостаточно полиморфны или отличаются нестабильной амплификацией, в связи с чем рекомендуются их дальнейшее тестирование и доработка.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Azizi M.M.F., Lau H.Y., Abu-Bakar N. Integration of advanced technologies for plant variety and cultivar identification // *Journal of biosciences*. 2021. N 46. P. 91. DOI: 10.1007/s12038-021-00214-x.
2. Антонова О.Ю., Клименко Н.С., Рыбаков Д.А., Фомина Н.А., Желтова В.В., Новикова Л.Ю., Гавриленко Т.А. SSR-анализ современных российских сортов картофеля с использованием ДНК номенклатурных стандартов // *Биотехнология и селекция растений*. 2020. № 3 (4). С. 77–96. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-02.
3. Фомина Н.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Гимаева Е.А., Сташевски З., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Татарского НИИСХ «Казанский научный центр РАН» // *Биотехнология и селекция растений*. 2020. № 3 (3). С. 55–67. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-04.
4. Alves F., Martins F.M.S., Areias M., Muñoz-Mérida A. Automating microsatellite screening and primer design from multi-individual libraries using Micro-Primers // *Scientific reports*. 2022. N 12 (1). P. 295. DOI: 10.1038/s41598-021-04275-8.
5. Zhu J., Zhang J., Jiang M., Wang W., Jiang J., Li Y., Yang L., Zhou X. Development of genome-wide SSR markers in rapeseed by next generation sequencing // *Gene*. 2021. N 798. P. 145798. DOI: 10.1016/j.gene.2021.145798.
6. Serra Mari R., Schrunner S., Finkers R., Ziegler F.M.R., Arens P., Schmidt M.H., Usadel B., Klau G.W., Marschall T. Haplotype-resolved assembly of a tetraploid potato genome using long reads and low-depth offspring data // *Genome biology*. 2024. N 25 (1). P. 26. DOI: 10.1186/s13059-023-03160-z.
7. Van Lieshout N., Van Der Burgt A., De Vries M.E., Ter Maat M., Eickholt D., Esselink D., van Kaauwen M.P.W., Kodde L.P., Visser R.G.F., Lindhout P., Finkers R. Solyntus, the new highly contiguous reference genome for potato (*Solanum tuberosum*) // *G3*. 2020. N 10 (10). P. 3489–3495. DOI: 10.1534/g3.120.401550.
8. Jian Y., Yan W., Xu J., Duan S., Li G., Jin L. Genome-wide simple sequence repeat markers in potato: abundance, distribution, composition, and polymorphism // *DNA Research*. 2021. N 28 (6). P. dsab020. DOI: 10.1093/dnares/dsab020.

9. Verma A., Singh D. Analysing *Solanum tuberosum* L. genetic divergence using molecular marker data // International journal of environment, agriculture and biotechnology. 2020. N 5 (3). P. 760–772. DOI: 10.22161/ijeab.53.29.
10. Spanoghe M., Marique T., Nirsha A., Esnault F., Lanterbecq D. Genetic diversity trends in the cultivated potato: a spatiotemporal overview // Biology. 2022. N 11 (4). P. 604. DOI: 10.3390/biology11040604.
11. Ivanova-Pozdejeva A., Kivistik A., Kübarsepp L., Tähtjärv T., Tsahkna A., Droz E., Laanemets K. Fingerprinting of potato genotypes from Estonian gene bank collection using SSR markers // Potato research. 2022. N 65 (1). P. 153–170. DOI: 10.1007/s11540-021-09514-z.
12. Bhardwaj V., Kumar A., Sharma S., Singh B., Sood S., Dipta B., Singh R., Siddappa S., Thakur A.K., Dalamu D., Sharma A.K., Kumar V., Lal M., Kumar D. Analysis of genetic diversity, population structure and association mapping for late blight resistance in potato (*Solanum tuberosum* L.) accessions using SSR markers // Agronomy. 2023. N 13 (2). P. 294. DOI: 10.3390/agronomy13020294.
13. Behn A., Lizana C., Zapata F., Gonzalez A., Reyes-Díaz M., Fuentes D. Phenolic and anthocyanin content characterization related to genetic diversity analysis of *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum* Chilotanum Group in southern Chile // Frontiers in plant science. 2023. N 13. P. 1045894. DOI: 10.3389/fpls.2022.1045894.
14. Chrominski P., Carlson-Nilsson U., Palmé A., Kirk H.G., Asdal A., Ansebo L. Genetic markers identify duplicates in Nordic potato collections // Frontiers in plant science. 2024. N 15. P. 1405314. DOI: 10.3389/fpls.2024.1405314.
15. Dalamu D., Tiwari J.K., Zinta R., Dhatia N., Kushal N., Kumar V. Genetic diversity and population structure analyses using simple sequence repeat markers and phenotypic traits in native potato collection in India // Potato research. 2024. N 67. P. 357–381. DOI: 10.1007/s11540-023-09641-9.
16. Kumar N.C., Patil V.U., Vanishree G., Kumar R.V., Thiribhuvan R., Meena J.K., Bairwa R.K., Bhardwaj V. Morphological and molecular characterization of Indian potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars // Cytology and Genetics. 2023. N 57 (3). P. 246–257. DOI: 10.3103/S0095452723030039.
17. Frank K., Nagy E., Taller J., Wolf I., Polgar Z. Characterisation of the complete chloroplast genome of *Solanum tuberosum* cv. White Lady // Biologia futura. 2024. September. DOI: 10.1007/s42977-024-00240-4.
18. Spanoghe M., Nirsha A., Marique T., Lanterbecq D. Pedigree validation and reconstruction applied in the cultivated potato using 35 microsatellites markers // Potato research. 2024. N 67. P. 209–220. DOI: 10.1007/s11540-023-09632-w.
19. Lee K.J., Sebastin R., Cho G.T., Yoon M., Lee G.A., Hyun D.Y. Genetic diversity and population structure of potato germplasm in RDA-Genbank: utilization for breeding and conservation // Plants (Basel). 2021. N 10 (4). P. 752. DOI: 10.3390/plants10040752.
20. Клименко Н.С., Гавриленко Т.А., Чухина И.Г., Гаджиев Н.М., Евдокимова З.З., Лебедева В.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля, выведенные селекционерами Ленинградского НИИСХ «Белогорка» // Биотехнология и селекция растений. 2020. № 3 (3). С. 18–54. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-03.
21. Рыбаков Д.А., Антонова О.Ю., Чухина И.Г., Фомина Н.А., Клименко Н.С., Желтова В.В., Мелешин А.А., Кочиева Е.З., Овэс Е.В., Апишев Х.Х., Симаков Е.А., Гавриленко Т.А. Номенклатурные стандарты и генетические паспорта сортов картофеля селекции Всероссийского научно-исследовательского института картофеля им. А.Г. Лорха // Биотехнология и селекция растений. 2020. № 3 (4). С. 5–52. DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-01.

REFERENCES

1. Azizi M.M.F., Lau H.Y., Abu-Bakar N. Integration of advanced technologies for plant variety and cultivar identification. *Journal of biosciences*, 2021, no. 46, p. 91. DOI: 10.1007/s12038-021-00214-x.
2. Antonova O.Yu., Klimenko N.S., Rybakov D.A., Fomina N.A., Zheltova V.V., Novikova L.Yu., Gavrilenko T.A. SSR analysis of modern Russian potato varieties using DNA samples of nomenclatural standards. *Biotechnologiya i selektsiya rasteniy = Plant Biotechnology and Breeding*, 2020, no. 3 (4), pp. 77–96. (In Russian). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-02.
3. Fomina N.A., Antonova O.Yu., Chukhina I.G., Gimaeva E.A., Stashevski Z., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred by the Tatar Research

- Institute of Agriculture "Kazan Scientific Center of the Russian Academy of Sciences". *Biotehnologiya i selektsiya rasteniy = Plant Biotechnology and Breeding*, 2020, no. 3 (3), pp. 55–67. (In Russian). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-04.
4. Alves F., Martins F.M.S., Areias M., Muñoz-Mérida A. Automating microsatellite screening and primer design from multi-individual libraries using Micro-Primers. *Scientific reports*, 2022, no. 12 (1), p. 295. DOI: 10.1038/s41598-021-04275-8.
5. Zhu J., Zhang J., Jiang M., Wang W., Jiang J., Li Y., Yang L., Zhou X. Development of genome-wide SSR markers in rapeseed by next generation sequencing. *Gene*, 2021, no. 798, p. 145798. DOI: 10.1016/j.gene.2021.145798.
6. Serra Mari R., Schrinner S., Finkers R., Ziegler F.M.R., Arens P., Schmidt M.H., Usadel B., Klau G.W., Marschall T. Haplotype-resolved assembly of a tetraploid potato genome using long reads and low-depth offspring data. *Genome biology*, 2024, no. 25 (1), p. 26. DOI: 10.1186/s13059-023-03160-z.
7. Van Lieshout N., Van Der Burgt A., De Vries M.E., Ter Maat M., Eickholt D., Esselink D., van Kaauwen M.P.W., Kodde L.P., Visser R.G.F., Lindhout P., Finkers R. Solyntus, the new highly contiguous reference genome for potato (*Solanum tuberosum*). *G3*, 2020, no. 10 (10), pp. 3489–3495. DOI: 10.1534/g3.120.401550.
8. Jian Y., Yan W., Xu J., Duan S., Li G., Jin L. Genome-wide simple sequence repeat markers in potato: abundance, distribution, composition, and polymorphism. *DNA Research*, 2021, no. 28 (6), p. dsab020. DOI: 10.1093/dnares/dsab020.
9. Verma A., Singh D. Analysing *Solanum tuberosum* L. genetic divergence using molecular marker data. *International journal of environment, agriculture and biotechnology*, 2020, no. 5 (3), pp. 760–772. DOI: 10.22161/ijeab.53.29.
10. Spanoghe M., Marique T., Nirsha A., Esnault F., Lanterbecq D. Genetic diversity trends in the cultivated potato: a spatiotemporal overview. *Biology*, 2022, no. 11 (4), p. 604. DOI: 10.3390/biology11040604.
11. Ivanova-Pozdejeva A., Kivistik A., Kübarsepp L., Tähtjärv T., Tsahkna A., Droz E., Laanemets K. Fingerprinting of potato genotypes from Estonian gene bank collection using SSR markers. *Potato research*, 2022, no. 65 (1), pp. 153–170. DOI: 10.1007/s11540-021-09514-z.
12. Bhardwaj V., Kumar A., Sharma S., Singh B., Sood S., Dipta B., Singh R., Siddappa S., Thakur A.K., Dalamu D., Sharma A.K., Kumar V., Lal M., Kumar D. Analysis of genetic diversity, population structure and association mapping for late blight resistance in potato (*Solanum tuberosum* L.) accessions using SSR markers. *Agronomy*, 2023, no. 13 (2), p. 294. DOI: 10.3390/agronomy13020294.
13. Behn A., Lizana C., Zapata F., Gonzalez A., Reyes-Díaz M., Fuentes D. Phenolic and anthocyanin content characterization related to genetic diversity analysis of *Solanum tuberosum* subsp. *tuberosum* Chilotanum Group in southern Chile. *Frontiers in plant science*, 2023, no. 13, p. 1045894. DOI: 10.3389/fpls.2022.1045894.
14. Chrominski P., Carlson-Nilsson U., Palmé A., Kirk H.G., Asdal A., Ansebo L. Genetic markers identify duplicates in Nordic potato collections. *Frontiers in plant science*, 2024, no. 15, p. 1405314. DOI: 10.3389/fpls.2024.1405314.
15. Dalamu D., Tiwari J.K., Zinta R., Dhatia N., Kushal N., Kumar V. Genetic diversity and population structure analyses using simple sequence repeat markers and phenotypic traits in native potato collection in India. *Potato research*, 2024, no. 67, pp. 357–381. DOI: 10.1007/s11540-023-09641-9.
16. Kumar N.C., Patil V.U., Vanishree G., Kumar R.V., Thribhuvan R., Meena J.K., Bairwa R.K., Bhardwaj V. Morphological and molecular characterization of Indian potato (*Solanum tuberosum* L.) cultivars. *Cytology and Genetics*, 2023, no. 57 (3), pp. 246–257. DOI: 10.3103/S0095452723030039.
17. Frank K., Nagy E., Taller J., Wolf I., Polgar Z. Characterisation of the complete chloroplast genome of *Solanum tuberosum* cv. White Lady. *Biologia future*, 2024, September. DOI: 10.1007/s42977-024-00240-4.
18. Spanoghe M., Nirsha A., Marique T., Lanterbecq D. Pedigree validation and reconstruction applied in the cultivated potato using 35 microsatellites markers. *Potato research*, 2024, no. 67, pp. 209–220. DOI: 10.1007/s11540-023-09632-w.

19. Lee K.J., Sebastin R., Cho G.T., Yoon M., Lee G.A., Hyun D.Y. Genetic diversity and population structure of potato germplasm in RDA-Genebank: utilization for breeding and conservation. *Plants (Basel)*, 2021, no. 10 (4), p. 752. DOI: 10.3390/plants10040752.
20. Klimenko N.S., Gavrilenko T.A., Chukhina I.G., Gadzhiev N.M., Evdokimova Z.Z., Lebedeva V.A. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred at the Leningrad Research Institute for Agriculture "Belogorka". *Biotehnologiya i selektsiya rasteniy = Plant Biotechnology and Breeding*, 2020, no. 3 (3), pp. 18–54. (In Russian). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-3-03.
21. Rybakov D.A., Antonova O.Yu., Chukhina I.G., Fomina N.A., Klimenko N.S., Zheltova V.V., Meleshin A.A., Kochieva E.Z., Oves E.V., Apshhev Kh.Kh., Simakov E.A., Gavrilenko T.A. Nomenclatural standards and genetic passports of potato cultivars bred in the A.G. Lorkh All-Russian Potato Research Institute of Potato Farming. *Biotehnologiya i selektsiya rasteniy = Plant Biotechnology and Breeding*, 2020, no. 3 (4), pp. 5–52. (In Russian). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-01.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

✉ **Поливанова О.Б.**, кандидат биологических наук, научный сотрудник; **адрес для переписки:** Россия, 140051, Московская область, п. Красково, ул. Лорха, 23В; e-mail: polivanovaoks@gmail.com

Горюнова С.В., кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник

Сиволапова А.Б., кандидат биологических наук, научный сотрудник

Горюнов Д.В., кандидат биологических наук, научный сотрудник

Казаков О.Г., кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник

AUTHOR INFORMATION

✉ **Oksana B. Polivanova**, Candidate of Science in Biology, Researcher; **address:** 23 B, Lorkh St., Kraskovo, Moscow Region, 140051, Russia; e-mail: polivanovaoks@gmail.com

Svetlana V. Goryunova, Candidate of Science in Biology, Lead Researcher

Anastasia B. Sivolapova, Candidate of Science in Biology, Researcher

Denis V. Goryunov, Candidate of Science in Biology, Researcher

Oleg G. Kazakov, Candidate of Science in Agriculture, Head Researcher

Дата поступления статьи / Received by the editors 17.09.2024

Дата принятия к публикации / Accepted for publication 25.10.2024

Дата публикации / Published 25.12.2024