

Научная статья

УДК 633.1:631.5+602

<https://doi.org/10.24412/2949-2211-2023-1-2-89-99>**ПРОГРЕСС В СЕЛЕКЦИИ СКОРОСПЕЛЫХ СОРТОВ СОИ В РЕГИОНАХ С БЫСТРОЙ СМЕНОЙ СЕЗОНОВ В КИТАЕ****Хань Тяньфу, Яо Сяньюй, У Тинтин, Цзя Хунчан, Юань Шань, Сунь Ши, У Цуньсян**Институт растениеводства Китайской академии сельскохозяйственных наук, Пекин, Китай,
hantianfu@caas.cn

Аннотация. Соя (*Glycine max* (L.) Merr.) выращивается в крупных масштабах от 53° северной широты до 20° Северной широты при больших различиях в условиях окружающей среды и системах ведения сельского хозяйства в Китае. Из-за разнообразия продолжительности дня и температуры в разных регионах и сезонах года были одомашнены, отобраны и выведены различные экотипы сои в период посева и зрелости для адаптации к различным экологическим условиям. Приняв систему групп зрелости (MG), сорта сои в Китае были классифицированы на 14 MGS от самого раннего MG 0000 (или MG-3) до последнего MG IX в соответствии с их фототермической адаптивностью, что облегчает принятие решений при выборе сортов сои и межрегиональном внедрении зародышевой плазмы. Крупномасштабное производство сои в основном сосредоточено в двух регионах с быстрой сменой сезонов, включая северо-восточную часть (Хэйлунцзян и Внутренняя Монголия) Северного региона весеннего сева и регион летнего сева долины Хуан-Хуай-Хай (ННН). Сорта сои в этих регионах характеризуются коротким периодом роста из-за ограниченного безморозного периода (северо-восточный Китай) и ограниченных вегетационных периодов при системе двойного посева (ННН). За последние два десятилетия для вышеупомянутых регионов с коротким сезоном было выведено более 1000 новых сортов сои. Между тем, был достигнут быстрый прогресс в фундаментальных исследованиях, прояснивших молекулярный механизм адаптации сои к окружающей среде, особенно пути фотопериодической регуляции цветения. С помощью генетических анализов и биотехнологических применений были получены чрезвычайно ранние зародышевые плазмы сои для высокоширотных холодных районов. Мы также изменили время цветения, зрелость и другие признаки позднеспелых элитных сортов, чтобы расширить их адаптацию к регионам с коротким сезоном, как предложено в стратегии селекции под названием «Поталаизация», которая объединяет преимущества традиционной и молекулярной селекции для накопления элитных локусов и желательных признаков, внедряя новые широко-адаптированные сорта и совершенствование технологии селекции.

Ключевые слова: соя, регион с быстрой сменой сезонов, сорт, адаптивность, молекулярная селекция.

Для цитирования: Хань Тяньфу, Яо Сяньюй, У Тинтин, Цзя Хунчан, Юань Шань, Сунь Ши, У Цуньсян Прогресс в селекции скороспелых сортов сои в регионах с быстрой сменой сезонов в Китае // Агронаука. 2023. Том 1. № 2. С. 89–99. <https://doi.org/10.24412/2949-2211-2023-1-2-89-99>.

Original article

PROGRESS IN BREEDING OF EARLY-MATURING SOYBEAN VARIETIES FOR SHORT-SEASON REGIONS IN CHINA**Tianfu Han, Xiangyu Yao, Tingting Wu, Hongchang Jia, Shan Yuan, Shi Sun, Cunxiang Wu**Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, China,
hantianfu@caas.cn

Abstract. Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) is widely-grown from 20°N to 53°N under great variations in environmental conditions and farming systems in China, and large-scale soybean production in the country is concentrated in the northeast part (over 47.5°N) of Northern Spring-Planting Region, mainly including northern Heilongjiang province and eastern Inner Mongolia Autonomous Region. Soybean varieties in these regions are characterized with short growth period and small maturity groups (MG 0 to MG 0000) due to the limited frost-free period. In the past two decades, over 600 soybean varieties were released for this regions,

© Хань Тяньфу, Яо Сяньюй, У Тинтин, Цзя Хунчан, Юань Шань, Сунь Ши, У Цуньсян, 2023

which promoted the planting area expansion and yield increase of soybean yield. Soybeans produced in high-latitude regions have balanced protein and oil contents and are rich in bioactive components, meaning that soybean in this regions can be used for processing healthy and functional food. In the recent two decades, rapid progress was achieved in the basic research for understanding the genetic and molecular mechanism of soybean adaptability to long-day and low temperature environments, especially the pathway of photoperiodic flowering in soybean. The E genotypes of early maturing soybean varieties in the high latitude regions were identified and marker-assisted selection (MAS) was used to accumulate the early-maturing alleles. Using biotechnologies, the extremely-early soybean germplasm were generated and the flowering time, maturity and other traits of the late-maturing elite varieties were genetically modified to extend their adaptation to high-latitude regions, as proposed in the strategy named "teeter-board model". In the future, the integration of conventional breeding with modern biotechnologies and information technologies will enhance the efficiency of soybean improvement in the high-latitude regions.

Keywords: soy; soybean, High-Latitude Region, Variety, Adaptability, Molecular breeding.

For citation: Tianfu Han, Xiangyu Yao, Tingting Wu, Hongchang Jia, Shan Yuan, Shi Sun, Cunxiang Wu Progress v selekcii skorospelyh sortov soi v regionah s bystroj smennoj sezonov v Kitae [Progress in breeding of early-maturing soybean varieties for short-season regions in China]. *Agronauka. – Agrosience. 2023; 1; 2: 89–99.* (in Russ.). <https://doi.org/10.24412/2949-2211-2023-1-2-89-99>.

Введение

Соя (*Glycine max* (L.) Merr.) была одомашнена из своего дикого однолетнего прародителя *Glycine soja* в Китае в регионах с умеренным климатом около 5000 лет назад и распространилась на север до холодных зон высоких широт и на юг до тропических регионов низких широт [1–2]. В настоящее время соя широко выращивается в диапазоне широт от 53° северной широты до 35° южной по всему миру [3]. Являясь одним из 5 крупнейших производителей сои в мире, Китай произвел 20,29 миллиона метрических тонн сои в 2022 году, заняв четвертое место в мире после Бразилии, Соединённых Штатов и Аргентины. Внутри страны площадь посевов сои (10,27 млн га) занимает четвертое место после кукурузы, риса и пшеницы.

В соответствии с такими климатическими факторами, как сумма эффективных температур, количество безморозных дней, продолжительность светового дня, количество осадков и системы земледелия, Пу и Пан [4] разделили районы выращивания сои на три основных региона: Северный регион весенней посадки (СРВП), регион летней посадки Хуан-Хуай-Хай (РЛПХ) и Южный регион многократных посевов (ЮРМП). В NSPR соя сосредоточена в северной части северо-восточного Китая, главным образом, включая провинцию Хэйлунцзян и северо-восточную часть (Хулун-Буир) автономного района Внутренняя Монголия. В 2022 году фермеры в провинции Хэйлунцзян и Хулун-Буире засеяли 6,57 млн га сои, что составило 63,7% от общей площади посевов сои в Китае. Из них 3,77 миллиона гектаров или 36,8% от общей

площади Китая были распределены к северу от 47,5° северной широты, что означает, что высокоширотные регионы играют важную роль в производстве сои в Китае.

Высокоширотные регионы обладают фототермическими особенностями, такими как большая продолжительность светового дня (фотопериод) и низкая температура, что требует от соевых бобов ранней зрелости и холодоустойчивости, чтобы соответствовать ограниченному периоду роста и холодным условиям окружающей среды [5]. За последние 7 десятилетий в высокоширотных регионах Китая были выведены сотни скороспелых сортов, что привело к быстрому расширению посевов сои в северной части северо-восточного Китая. Наряду с быстрым прогрессом генетики, геномики и молекулярной биологии молекулярная селекция становится мощным инструментом для улучшения фототермической адаптации сои [6–7]. Здесь мы представляем подходы к классификации по группам зрелости, рассматриваем прогресс в селекции раннеспелой сои на северо-востоке Китая и обобщаем достижения в фундаментальных исследованиях адаптации сои к длинному дню и низким температурам в высокоширотных регионах.

Результаты исследований

1. Классификация групп зрелости сои в высокоширотных регионах Китая

Сорта сои адаптируются к узкой географической зоне из-за своей чувствительности к фотопериоду и температуре. Для развития производства сои в различных регионах и системах ведения сельского хозяйства были вы-

ведены тысячи сортов сои, адаптированных к разнообразным фототермическим условиям. Для классификации экотипов сои с различной фототермической чувствительностью была принята система групп спелости (ГС), основанная на сортовой спелости и фототермических реакциях [8]. Сорта сои, принадлежащие к одной и той же ГС, подходят для схожих фототермических условий и экологических регионов.

Сорта сои, выращенные в высоких широтах выше 47,5° северной широты на северо-востоке Китая, были отнесены к категории чрезвычайно скороспелых от MG 0000 до MG 0 [5, 9]. Сорта ГС 0000-ГС 00 в основном распространены в горной префектуре Большой Хинган и северной части (более 50° северной широты) муниципалитета Хэйхэ провинции Хэйлунцзян, а также в северной и восточной высокогорных частях плато Хулун-Буир Внутренней Монголии. Хэйхэ 35, Хэйхэ 49, Донгнунг 44, Кенжандоу 25, Жоньянь 901 являются репрезентативными сортами сои в этом регионе. Сорта MG 0 распространены в районах 47,5...50° северной широты, включая Хэйхэ, Ичунь, северный Цицикар в провинции Хэйлунцзян и Хулун-Буир во Внутренней Монголии. Хэйхэ 43, Кендзяндоу 27, Кешан 1, Хэйхэ 36 являются репрезентативными сортами в этом регионе. В регионах 45,0...47,5° северной широты доминируют сорта MG I, в основном включающие серии Хенонг, Суйнонг и Хейнонг.

2. Разведение сои в высокоширотных регионах Северо-Восточного Китая

Разведение сои в северной части провинции Хэйлунцзян началось в 1950-х годах. На

начальном этапе путём систематического разведения был отобран ряд элитных ландрасов. В то же время некоторые раннеспелые сорта сои были завезены из бывшего Советского Союза. В 1958 году Амир 41 был одобрен к выпуску в северной провинции Хэйлунцзян. Максимальная годовая площадь посева Амир 41 составляла более 200 тысяч гектаров. В 1960-х годах, и далее межвидовая гибридизация стала основным методом селекции сои, а индуцированная мутация также использовалась в программах селекции сои в высокоширотных регионах северо-восточного Китая. По сравнению с ландрасами улучшенные сорта имели меньшую высоту растений, повышенную устойчивость к полеганию и более высокую урожайность в механизированных условиях и при густой посадке. В первые два десятилетия 21 века высокоширотные регионы стали наиболее важным районом производства сои, и в этом регионе большое внимание уделялось выведению скороспелых и стрессоустойчивых сортов. С 2000 по 2022 год Министерство сельского хозяйства и дел сельских районов и правительства провинций одобрили к внедрению в северной части северо-восточного Китая 607 скороспелых сортов сои. Хэйхе 43, типичный элитный раннеспелый сорт сои, адаптированный к условиям высоких широт, занимает 1-е место по площади посева как на северо-востоке Китая, так и даже во всей стране (таблица) [10].

За последние два десятилетия в северной части северо-восточного Китая был достигнут прогресс как в урожайности, так и в улучшении качества сои. Средняя урожайность 607 сортов сои, созданных в вышеуказанных регионах в 2000–2022 годах, составила 2689 кг/га в

Таблица – Топ-10 широко возделываемых сортов сои в северо-восточном Китае (2021 год)

Сорт сои	Группа спелости	Площадь посева (1000 га)				Ранг
		Хэйлунцзян	Внутренняя Монголия	Цзилинь	Итого	
Хэйхэ 43	0,0	486,0	101,3	0,0	587,3	1
Хенонг 95	0,0	204,7	0,7	2,7	208,0	2
Хенонг 69	0,2	184,7	9,3	0,0	194,0	3
Менгдоу1137	0,2	134	0,0	0,7	134,7	4
Хэйхэ 45	-0,2	115,3	0,0	0,0	115,3	5
Чжунхуан 901	-0,2	12,7	93,3	0,0	106,0	6
Денгке 5	-0,2	102	0,0	2,0	104,0	7
Донгнунг 63	0,3	83,3	19,3	0,0	102,7	8
Суйнонг 76	0,4	4,7	97,3	0,0	102,0	9
Хенонг 77	0,2	4	93,3	0,0	97,3	10

единых (региональных) испытаниях, что было близко к средней урожайности сои в мире в 2021–2022 годах (2740 кг/га) [11]. Среднее содержание сырого масла в 607 сортов сои составило 20,4% в пересчёте на сухую основу, а содержание сырого протеина – 40,2%. Из 607 сортов 129 содержали более 21,5% масла, а 92 – более 42% белка. Они считались сортами с высоким содержанием масла и высоким содержанием белка соответственно. Хотя преимущества содержания соевого белка и масла в северной части северо-восточного Китая не были очевидны, большинство биологически активных компонентов в семенах сои в этом регионе были выше, чем в южной части СРВП, что означает, что соя, произведённая в высокоширотных регионах, является хорошим материалом для здорового питания [12].

3. Генетический и молекулярный механизм адаптации сои к высоким широтам

3.1 Картирование и клонирование локусов и генов, связанных с ранней зрелостью

Являясь количественными признаками с высокой наследуемостью, время цветения и зрелость сои контролируются как основными генами, так и множеством второстепенных генов [13]. Классические генетические исследования показали, что существует по меньшей мере 11 локусов, включая *E1-E4*, *E6-E11* и *J*, участвующих в регуляции времени цветения и зрелости сои [14–19]. С помощью сопоставления связей и анализа ассоциаций было идентифицировано более 300 ЛКП, связанных со временем цветения и зрелостью, как показано в базе данных Soybase.

За последние 15 лет были клонированы и охарактеризованы десятки локусов с основным эффектом, контролирующих время цветения и зрелость сои. Среди локусов серии E был впервые клонирован E4: было подтверждено, что он является гомологом фитохрома A сои (*GmphyA2*) [20], еще одним гомологом фитохрома A (*GmphyA3*) был E3 [21]. E2 кодирует соевый ортолог *Arabidopsis GIGANTEA (GmGla)* и является важным компонентом циркадных часов сои [22]. E1 является уникальным геном в бобовых культурах и играет преобладающую роль в процессе цветения сои [23]. Наряду с прорывом в генетике сои, картирование на основе секвенирования

анализа сцепления и картирование ассоциаций стали основными методами поиска количественных локусов сои, и большое количество генов было клонировано по пути цветения. Среди прочего было обнаружено, что *J* является гомологом *ELF3* и способствует цветению сои [24]. Удивительно, но однонуклеотидная делеция *J* обеспечивает длительную молодость и адаптацию сои к тропическому климату [24, 25], что позволило Бразилии стать сверхдержавой по производству сои в мире. Также были клонированы другие локусы, включая *GmPRR3a (Tof11/Gp11)* [26], *GmPRR3b* [26–28], *E1La (Tof4)* [29], *GmFUL2a (Tof5)* [30], *qDTF-J1* [31], *GmLHY1a (Tof16)* [6], *GmSOC1a (Tof18)* [32] и т.д., и было подтверждено, что они связаны со временем цветения и спелостью сои. Мутация генов, ингибирующих цветение, обычно приводила к ранней спелости и адаптации к условиям высоких широт.

3.2 Географическое распределение гаплотипов E1-E4 в высокоширотном регионе Китая

Аллельная вариация генов *E1-E4* была выявлена в сортах сои в различных ГС Китая [33, 34], Европы [35] и Северной Америки [36]. Двадцать одна аллельная комбинация для генов *E1-E4* была идентифицирована с помощью АСП-анализа у 308 китайских сортов, охватывающих широкий спектр ГС, ключевые комбинации генов *E* при этом были идентифицированы в различных регионах производства сои [9]. Наиболее популярным генотипом у сортов, нечувствительных к фотопериоду, является двойной рецессивный генотип *e3e4*; 70% сортов из Восточной Азии обладают этим генотипом [37]. Вторые генотипы, несут аллели *e1* и либо *e3*, либо *e4* (*e1E3e4* или *e1e3E4*); третья группа нечувствительных образцов несёт аллель с частичной потерей функции *e1* (*e1-as*) вместе с *e3* и *E4*, но они также несут аллель с потерей функции при *E1Lb* [38] или гиперморфный аллель в *qDTF-J (Chr16)/GmFT5a*, придающий повышенную экспрессию *GmFT5a* [31]. Следовательно, адаптация сои к увеличению продолжительности светового дня в высоких широтах была обеспечена за счет накопления аллелей с потерей функции в локусах *E3*, *E4* (*PHYA*) и *E1/E1L*. Основываясь на этом знании, новые молекулярно-биологические методы могут быть

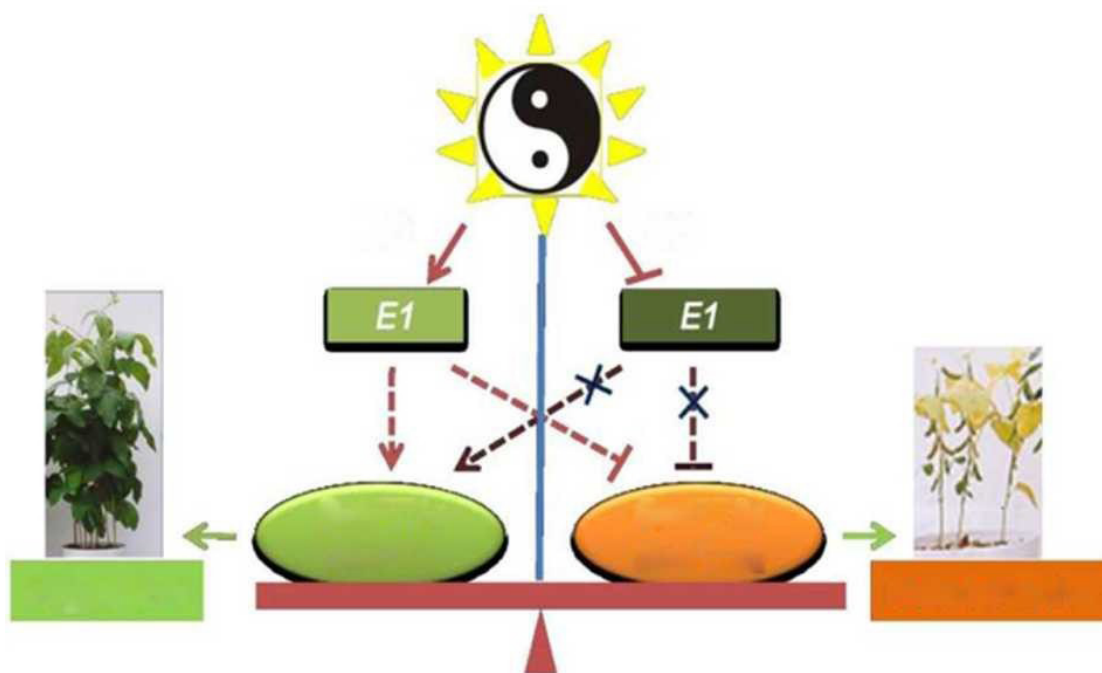
использованы для эффективного изменения адаптивности сортов в высоких широтах. В северной части северо-восточного Китая мутации в нескольких генах *E*, в основном рецессивные в локусах *E1*, *E2* и *E3*, были обнаружены у сортов от ГС 0000 до ГС 0 [9]. Мутация *E1*, *E1-like-a* (*E1La*), *E1-like-b* (*E1Lb*), *E2*, *E3*, *E4* индуцировали бы генотипы раннего или сверхраннего цветения, что облегчило бы нынешним сортам адаптацию к длительному фотопериоду и низким температурам в высоких широтах [27, 28, 39–42].

3.3 Стратегии молекулярного регулирования времени цветения и спелости сои для адаптации к высоким широтам

В регионах высоких широт оптимальный период выращивания сои - с начала лета до середины осени с длительным фотопериодом. Следовательно, соя, выращиваемая в этих регионах, должна быть способна цвести и созревать в условиях длинного дня (ДД). Используя биотехнологии, включая генетическую трансформацию, РНК-и и редактирование генома, цветение или спелость сои регулировали посредством сверхэкспрессии

или подавления экспрессии гена. Например, сверхэкспрессия гомологов FT *GmFT2a*, *GmFT2b*, *GmFT3a* или *GmFT5a* в сое может значительно способствовать цветению и спелости в условиях ДД [41, 43, 44]. Совместное подавление *E1* и его гомологов *E1-like-a*/*E1-like-b* у чрезвычайно позднеспелого сорта сои 'ZGDD' обеспечивает сверхраннее время цветения и спелости, даёт возможность выращивания Лонг Марш на расстоянии 4000 км к северу [42]. Сверхэкспрессия *GmCOL1a* в сое может задержать цветение при ДД и естественных условиях [45], в то время как трансгенные растения сои *GmCOL1-RNAi* и *GmCOL2-RNAi* демонстрируют фенотипы раннего цветения [46]. Сверхэкспрессия некоторых транскрипционных факторов, таких как *GmPIF4b*, *Glyma.06G204300* или *FDc1* в сое, также способствует цветению и спелости [47–49].

Основываясь на понимании функций генов в фотопериодическом пути цветения, Лю и соавт. [50] предложили модель «качающейся доски» для манипулирования направлениями развития сои (рисунок).



Красные стрелки обозначают стимуляцию экспрессии генов. Красные T-образные символы обозначают ингибирование экспрессии генов; зелёные стрелки обозначают стимулирующее воздействие на развитие растений. Символы X представляют отрицание ингибирования/активации. Пунктирная стрелка и пунктирный T-образный символ представляют эффект стимуляции или ингибирования, который еще предстоит экспериментально подтвердить.

Рисунок – Модель «качающейся доски» в контексте регулирования времени цветения сои

В вышеуказанной модели *E1* действует как зависимый от фотопериода переключатель, который может повышать экспрессию генов, ингибирующих цветение, таких как *GmFT1a*, и в то же время понижать экспрессию генов, способствующих цветению, таких как *GmFT2a* и *GmFT5a*. Листья определяют продолжительность светового дня и регулируют количество промоторов растений (включая *GmFT2a/GmFT5a*) и ингибиторов

(*GmFT1a* и, возможно, *GmFT4* могут быть примерами) путём переключения экспрессии *E1*, следовательно, определяя направление развития сои. В регионах высоких широт раннего цветения и спелости можно достичь за счет сверхэкспрессии промоторов цветения и подавления генов, ингибирующих цветение, которые снижают чувствительность к фотопериоду [50].

Список источников

1. Бройх С. Л., Палмер Р. Г. Эволюционные исследования сои: частота и распределение аллелей среди коллекций *Glycine Max* и *G. Soja* различного происхождения // *Euphytica*, 1981. Т. 30. С. 55–64. <https://doi.org/10.1007/BF00033659>
2. Хаймовиц Т., Ньюэлл К. А. Систематика рода *Glycine*, одомашнивание и использование соевых бобов // *Econ Bot Economic Botany*, 1981. Т. 35. С. 272–288. URL : <https://www.jstor.org/stable/4254296>
3. Принципы и практика улучшения фототермической адаптируемости сои / Л. Чжан, В. Лю, М. Церау [и др.] // *Journal of Integrative Agriculture*, 2022. Vol. 19. P. 295–310. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(19\)62850-9](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(19)62850-9)
4. Пу М., Пан Т. Исследование регионализации площадей по производству сои в Китае // *Soybean Science*, 1982. Vol. 1. P. 105–121. URL : <https://oversea.cnki.net/kns/detail/detail.aspx?FileName=DDKX198202000&DbName=CJFQ1982>
5. Классификация групп спелости и генотипирование локуса спелости раннеспелых сортов сои из высокоширотных холодных регионов / Х. Цзя, Б. Цзян, К. Ву [и др.]. *PLoS ONE*. 2014. Vol. 9. e94139. DOI : <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0094139>
6. Генетические основы и траектория адаптации сои от ее умеренного происхождения к тропикам / Л. Донг, К. Фанг, К. Ченг [и др.] // *Nature Communications*, 2021. Vol. 12. P. 5445. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25800-3>
7. Генетические вариации в четырех генах зрелости влияют на нечувствительность к фотопериоду и *phyA*-регулируемые реакции сои после цветения / М. Сюй, З. Сюй, Б. Лю [и др.]. *BMC Plant Biology*, 2013. Vol. 13. P. 91. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-91>
8. Стандартный отбор сортов и цифровая количественная оценка для точной классификации групп зрелости сои / В. Сон, С. Сунь, С. Ибрагим [и др.] // *Crop Science*, 2019. Vol. 59. P. 1997–2006. <https://doi.org/10.2135/cropsci2019.02.0095>
9. Комбинации аллелей генов зрелости *E1-E4* влияют на адаптацию сои к различным географическим регионам и системам земледелия в Китае / Л. Лю, В. Сон, Л. Ванг [и др.] // *PLoS ONE*. 2020. Vol.15: e0235397. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235397>
10. Ежегодный статистический отчет Национального центра распространения агротехнологий и сервисного обслуживания о площади посева сортов сои в 2021–2022 годах, Пекин, Китай.
11. Иностранная сельскохозяйственная служба / Министерство сельского хозяйства США. Мировое сельскохозяйственное производство. Circular Series WAP, 2023, 2–3, URL : <https://www.fas.usda.gov/data/world-agricultural-production>
12. Географическое распределение и регионализация состава семян сои по всему Китаю / В. Сон, С. Сунь, Т. Ву [и др.] // *Food Research International*. 2023. Vol. 164. P. 112364. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.112364>
13. Малк С. С., Сингх Б. Б. Генетические исследования цветения и зрелости при межвидовых скрещиваниях сои // *Indian Journal Of Genetics And Plant Breeding*. 1991. Vol. 51. P. 349–351.
14. Бернард Р. Л. Два основных гена, определяющих время цветения и спелости соевых бобов // *Crop Science*. 1971. Vol. 11. P. 242–244. <https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183X001100020022x>
15. Генетический контроль признака длинного периода цветения сои / Дж. Д. Рэй, К. Хинсон, Дж. Е. Б. Манконо, М. Ф. Мало // *Crop Science*. 1995. Vol. 35. P. 1001–1006. <https://doi.org/10.2135/cropsci1995.0011183X003500040012x>

16. Бонато Э. Р., Велло Н. А. Е6, доминантный ген, обуславливающий раннее цветение и зрелость соевых бобов // *Genetics and Molecular Biology*. 1999. Vol. 22. P. 229–232. <https://doi.org/10.1590/S1415-47571999000200016>
17. Кобер Э. Р., Волденг Х. Д. Новый локус спелости сои и чувствительности к фотопериоду, связанный с E1 и T . *Crop Science*. 2001. Vol. 41. P. 698–701. <https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413698x>
18. Новый локус ранней спелости сои / Э. Р. Кобер, С. Дж. Мольнар, М. Шаретт, Х. Д. Волденг // *Crop Science* . 2009. Vol. 50. P. 524–527. <https://doi.org/10.2135/cropsci2009.04.0174>
19. Новый доминантный ген E9 обуславливает раннее цветение и спелость сои . *Crop Science / Ф. Конг, Х. Нань, Ди Цао [и др.]*. 2014. Vol. 54. P. 2529–2535. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0228>
20. Генетическая избыточность в фотопериодах сои, связанная с дублированием гена фитохрома A / Б. Лю, А. Канадзава, Х. Мацумура [и др.] // *Genetics* . 2008. Vol. 180. P. 995–1007. <https://doi.org/10.1534/genetics.108.092742>
21. Клонирование на основе карты гена, ассоциированного с локусом спелости сои E3 / С. Ватанабе, Р. Хидэсима, Ж. Ся [и др.] // *Genetics* . 2009. Vol. 182. P. 1251–62. <https://doi.org/10.1534/genetics.108.098772>
22. Стратегия клонирования на основе карт с использованием остаточной гетерозиготной линии показывает, что ген GIGANTEA участвует в созревании и цветении сои / С. Ватанабэ, Ж. Ся, Р. Хидэсима [и др.] // *Genetics*. 2009. Vol. 88. P. 395–407. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.125062>
23. Позиционное клонирование и характеристика раскрывают молекулярную основу локуса спелости сои E1, который регулирует фотопериодическое цветение / Ж. Ся, С. Ватанабэ, Т. Ямада [и др.] // *PNAS*. 2012. Vol. 109. P. E2155–64. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117982109>
24. Делеция одного нуклеотида в J, кодирующем GmELF3, обеспечивает длительную молодость и связана с адаптацией тропической сои / И. Юэ, Н. Лю, Б. Цзян [и др.] // *Molecular Plant*. 2017. Vol. 10. P. 656–658. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2016.12.004>
25. Естественная изменчивость в локусе J сои улучшает адаптацию к тропикам и повышает урожайность / С. Лу, К. Чжао, Я. Ху [и др.] // *Nature Genetics*. 2017. Vol. 49. P. 773–779. <https://doi.org/10.1038/ng.3819>
26. Поэтапный отбор по гомеологичным генам PRR, контролирующим цветение и зрелость во время одомашнивания сои / С. Лу, Л. Донг, К. Фанг [и др.] // *Nature Genetics*. 2020. Vol. 52. P. 428–436. <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0604-7>
27. Связанный с одомашниванием ген GmPRR3b регулирует циркадные часы и время цветения у сои / К. Ли, Я. Ли, Х. Лу [и др.] // *Molecular Plant*. 2020. Vol. 13. P. 745–759. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.01.014>
28. Естественная изменчивость и CRISPR/Cas9-опосредованная мутация в GmPRR37 влияют на фотопериодическое цветение и способствуют к региональной адаптации сои / Л. Ванг, С. Сунь, Т. Ву, [и др.] // *Plant Biotechnology Journal*. – 2020. – Vol. 18. – P. 1869–1881. <https://doi.org/10.1111/pbi.13346>
29. Генетическая основа высокоширотной адаптации дикой сои / Л. Донг, С. Ли, Л. Ванг [и др.] // *Current Biology*. 2022. S0960-9822(22)01852-8. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.061>
30. Параллельный отбор различных аллелей Tof5 способствовал адаптации культивируемой и дикой сои к высоким широтам / Л. Донг, К. Ченг, К. Фанг [и др.] // *Molecular Plant*. 2022. Vol. 15. P. 308–321. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2021.10.004>
31. Идентифицирован локус количественного признака сои, который способствует цветению в течение долгих дней. как FT5a, ортолог ЛОКУСА ЦВЕТЕНИЯ T // *Journal of Experimental Botany / Р. Такешима, Т. Хаяси, Ж. Чжу [и др.]*. – 2016. – Vol. 67. – P. 5247–58. <https://doi.org/10.1093/jxb/erw283>
32. Функционально расходящийся гомолог SOC1 улучшает урожайность сои и адаптацию к широте / К. Коу, Х. Ян, Х. Ли [и др.] // *Current Biology*. 2022. Vol. 32. P. 1728–1742.e6. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.02.046>
33. Аллельные комбинации локусов зрелости сои E1, E2, E3 и E4 приводят к разнообразию зрелости и адаптации к разным широтам / Б. Цзян, Х. Нань, Я. Гао [и др.] // *PLoS ONE*. 2014. Vol. 9: e106042. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0106042>
34. Генетическое разнообразие групп спелости и четырёх генов E в серии китайской сои с мини-сердцевидной / Ж. Ли, К. Ванг, В. Сон [и др.] // *PLoS ONE*. 2017. Vol. 12: e0172106. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0172106>
35. Идентификация мега-сред в Европе и влияние аллельной изменчивости в локусах зрелости E на адаптацию европейской сои / А.К. Кураш, В. Хан, В.Л. Лейзер [и др.] // *Plant Cell & Environment*. 2017.

Vol. 40. P. 765–778. <https://doi.org/10.1111/pce.12896>

36. Вольфганг Г., Ан Я. К. Генетическое разделение программ селекции южной и северной сои в Северной Америке и связанная с ними аллельная изменчивость в четырёх локусах спелости // *Molecular Breeding*, 2017. Vol. 37:8. <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0611-7>

37. Генетические вариации в четырех генах зрелости влияют на нечувствительность к фотопериоду и rhyA-регулируемые реакции сои после цветения / М. Сюй, З. Сюй, Б. Лю [и др.] // *BMC Plant Biology*. 2013. Vol. 13:91. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-91>

38. Потеря функции гена E1-like-b ассоциируется с ранним цветением в условиях длинного дня у сои / Ж. Чжу, Р. Такешима, К. Харигаи [и др.] // *Frontiers in Plant Science*. 2019. Vol. 9.

39. GmFT4, гомолог ЛОКУСА ЦВЕТЕНИЯ T, положительно регулируется E1 и функционирует как репрессор цветения у сои / Х. Чжай, С. Люй, С. Лян [и др.] // *PLoS ONE*. 2014. Vol. 9. e89030. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0089030>

40. Мутагенез GmFT2a и GmFT5a, опосредованный CRISPR/Cas9, способствует расширению региональной адаптируемости сои / Я. Цай, Л. Ванг, Л. Чэнь [и др.] // *Plant Biotechnology Journal*. 2020. Vol. 18. P. 298–309. <https://doi.org/10.1111/pbi.13199>

41. Адаптация сои к высокоширотным регионам связана с естественными вариациями GmFT2b, ортологии ЛОКУСА ЦВЕТЕНИЯ T / Л. Чэнь, Я. Цай, М. Цюй [и др.] // *Plant Cell & Environment*. 2020. Vol. 43. P. 934–944. <https://doi.org/10.1111/pce.13695>

42. Совместное подавление и его гомологи у чрезвычайно позднеспелого сорта сои обеспечивают сверхраннее созревание и адаптацию к высокоширотным регионам с коротким периодом созревания / Л. Лю, Л. Гао, Л. Чжан [и др.] // *Journal of Integrative Agriculture*. 2022. Vol. 21. P. 326–335. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(20\)63391-3](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63391-3)

43. GmFT2a, гомолог соевых бобов ЛОКУСА ЦВЕТЕНИЯ T, участвует в переходе к цветению и его поддержании / Х. Сунь, Ж. Цзя, Д. Цао [и др.] // *PLoS ONE*. 2011. Vol. 6: e29238. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0029238>

44. GmFT3a точно настраивает время цветения и улучшает адаптацию сои к более высоким широтам / С. Юань, Я. Ванг, Ж. Ванг [и др.] // *Frontiers in Plant Science*. 2022, 13:929747. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.929747>

45. GmCOL1a и GmCOL1b действуют как подавители цветения у сои в условиях длинного дня / Д. Цао, Я. Ли, С. Лу [и др.] // *Plant and Cell Physiology*. 2015. Vol. 56. 2409–22. <https://doi.org/10.1093/pcp/rcv152>

46. Сетевой вывод с поддержкой транскриптома выявил петлю обратной связи GmCOL1 и ее роль в фотопериодическом цветении сои / Ф. Бу, Х. Канг, М. Ванг [и др.] // *Frontiers in Plant Science*. 2019. 10:1221. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01221>

47. FT5a создает помехи Dt1-AP1 в петле обратной связи для контроля времени цветения и определённости всходов у сои / Л. Юэ, К. Ли, К. Фанг [и др.] // *Journal of Integrative Plant Biology*. 2021. Vol. 63. P. 1004–1020. <https://doi.org/10.1111/jipb.13070>

48. Арья Х., Сингх М. Б., Бхалла П. Л. Сверхэкспрессия PIF4 влияет на морфологию растений и ускоряет репродуктивные фазовые переходы у сои // *Food and Energy Security*, 2021, 10: e291. <https://doi.org/10.1002/fes3.291>

49. QNE1 является ключевым регулятором цветения, определяющим продолжительность вегетационного периода у сортов сои / Ж. Ся, Х. Чжай, Я. Чжан [и др.] // *Science China Life Sciences*. 2022. Vol. 65. P. 2472–2490. <https://doi.org/10.1007/s11427-022-2117-x>

50. Функциональная диверсификация гомологов локуса T цветения у сои: GmFT1a и GmFT2a/5a играют противоположные роли в контроле цветения и созревания / В. Лю, Б. Цзян, Л. Ма [и др.] // *New Phytologist*. 2018. Vol. 217. P. 1335–1345. <https://doi.org/10.1111/nph.14884>

References

1. Broich SL, Palmer RG. Evolutionary studies of the soybean: the frequency and distribution of alleles among collections of Glycine Max and G. Soja of various origin. *Euphytica*, 1981 ; Vol. 30 : 55–64. DOI : <https://doi.org/10.1007/BF00033659>

2. Hymowitz T, Newell CA. Taxonomy of the genus Glycine, domestication and uses of soy-beans. *Econ Bot Economic Botany*, 1981 ; Vol. 35 : 272–288. URL : <https://www.jstor.org/stable/4254296>

3. Zhang L., Liu W., Tsegaw M., et al. Principles and practices of the photo-thermal adaptability improvement in soybean. *Journal of Integrative Agriculture*, 2022 ; Vol. 19 : 295–310. <https://doi.org/10.1016/>

S2095-3119(19)62850-9

4. Pu M., Pan T. A study on the regionalization of soybean producing area in China. *Soybean Science*, 1982 ; Vol. 1 : 105–121. URL : <https://oversea.cnki.net/kns/detail/detail.aspx?FileName=DDKX198202000&DbName=CJFQ1982>

5. Jia H, Jiang B, Wu C., et al. Maturity group classification and maturity locus genotyping of early-maturing soybean varieties from high-latitude cold regions. *PLoS ONE*, 2014. 9: e94139. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0094139>

6. Dong L., Fang C., Cheng Q., et al. Genetic basis and adaptation trajectory of soybean from its temperate origin to tropics. *Nature Communications*, 2021 ; Vol.12 : 5445. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25800-3>

7. Xu M., Xu Z., Liu B., et al. Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and phyA-regulated post-flowering responses of soybean. *BMC Plant Biology*, 2013 ; Vol.13 : 91. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-91>

8. Song W., Sun S., Ibrahim S., et al. Standard cultivar selection and digital quantification for precise classification of maturity groups in soybean. *Crop Science*, 2019 ; Vol. 59 : 1997–2006. <https://doi.org/10.2135/cropsci2019.02.0095>

9. Liu L., Song W., Wang L., et al. Allele combinations of maturity genes E1-E4 affect adaptation of soybean to diverse geographic regions and farming systems in China. *PLoS ONE*, 2020 ; Vol. 15 : e0235397. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235397>

10. National Agro-Tech Extension and Service Center Annual Statistical Report of Soybean Variety Planting Area in 2021. China, Beijing, 2022.

11. Foreign Agriculture Service/USDA. World Agricultural Production. Circular Series WAP, 2023, 2–3, URL : <https://www.fas.usda.gov/data/world-agricultural-production>

12. Song W., Sun S., Wu T., et al. Geographic distributions and the regionalization of soybean seed compositions across China // *Food Research International*, 2023 ; Vol. 164 : 112364. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2022.112364>

13. Malk SS, Singh BB. Genetic studies of flowering and maturity in interspecific crosses of soybean. *Indian Journal Of Genetics And Plant Breeding*, 1991 ; Vol. 51 : 349–351.

14. Bernard RL. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. *Crop Science*, 1971 ; Vol. 11 : 242–244. <https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183X001100020022x>

15. Ray JD, Hinson K, Mankono JE, Malo MF. Genetic control of a long-juvenile trait in soybean. *Crop Science*, 1995 ; Vol. 35 : 1001–1006. <https://doi.org/10.2135/cropsci1995.0011183X003500040012x>

16. Bonato ER, Vello NA. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. *Genetics and Molecular Biology*, 1999 ; Vol. 22 : 229–232. <https://doi.org/10.1590/S1415-47571999000200016>

17. Cober ER, Voldeng HD. A new soybean maturity and photoperiod-sensitivity locus linked to E1 and T. *Crop Science*, 2001 ; Vol. 41 : 698–701. <https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413698x>

18. Cober ER, Molnar SJ, Charette M, Voldeng HD. A new locus for early maturity in soybean // *Crop Science*, 2009 ; Vol. 50 : 524–527. <https://doi.org/10.2135/cropsci2009.04.0174>

19. Kong F., Nan H., Cao D., et al. A new dominant gene E9 conditions early flowering and maturity in soybean. *Crop Science*, 2014 ; Vol. 54 : 2529–2535. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0228>

20. Liu B., Kanazawa A., Matsumura H., et al. Genetic redundancy in soybean photoresponses associated with duplication of the phytochrome A gene. *Genetics*, 2008 ; Vol. 180 : 995–1007. <https://doi.org/10.1534/genetics.108.092742>

21. Watanabe S., Hideshima R., Xia Z., et al. Map-based cloning of the gene associated with the soybean maturity locus E3. *Genetics*, 2009 ; Vol. 182 : 1251–62. <https://doi.org/10.1534/genetics.108.098772>

22. Watanabe S., Xia Z., Hideshima R., et al. A map-based cloning strategy employing a residual heterozygous line reveals that the GIGANTEA gene is involved in soybean maturity and flowering. *Genetics*, 2009 ; Vol. 88 : 395–407. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.125062>

23. Xia Z., Watanabe S., Yamada T., et al. Positional cloning and characterization reveal the molecular basis for soybean maturity locus E1 that regulates photoperiodic flowering. *PNAS*, 2012, USA 109: E2155–64. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117982109>

24. Yue Y., Liu N., Jiang B., et al. A single nucleotide deletion in J encoding GmELF3 confers long juvenility and is associated with adaption of tropic soybean. *Molecular Plant*, 2017 ; Vol.10 : 656–658. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2016.12.004>

25. Lu S., Zhao X., Hu Y., et al. Natural variation at the soybean J locus improves adaptation to the tropics

- and enhances yield. *Nature Genetics*, 2017 ; Vol. 49 : 773–779. <https://doi.org/10.1038/ng.3819>
26. Lu S., Dong L., Fang C., et al. Stepwise selection on homeologous PRR genes controlling flowering and maturity during soybean domestication. *Nature Genetics*, 2020 ; Vol. 52 : 428–436. <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0604-7>
27. A domestication-associated gene GmPRR3b regulates the circadian clock and flowering time in soybean // *Molecular Plant* / C. Li, Y. Li, H. Lu, H. Hong, Y. Tian, H. Li, T. Zhao, X. Zhou, J. Liu, X. Zhou, S. Jackson, B. Liu, L. Qiu. – 2020. – Vol.13. – P. 745–759. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.01.014>
28. Wang L., Sun S., Wu T., et al. Natural variation and CRISPR/Cas9-mediated mutation in GmPRR37 affect photoperiodic flowering and contribute to regional adaptation of soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 2020 ; Vol. 18 : 1869–1881. <https://doi.org/10.1111/pbi.13346>
29. Dong L., Li S., Wang L., et al. The genetic basis of high-latitude adaptation in wild soybean. *Current Biology*, 2022. S0960-9822(22)01852-8. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.11.061>
30. Dong L., Cheng Q., Fang C., et al. Parallel selection of distinct *Tof5* alleles drove the adaptation of cultivated and wild soybean to high latitudes. *Molecular Plant*, 2022 ; Vol. 15 : 308–321. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2021.10.004>
31. Takeshima R., Hayashi T., Zhu J., et al. A soybean quantitative trait locus that promotes flowering under long days is identified as FT5a, a FLOWERING LOCUS T ortholog. *Journal of Experimental Botany*, 2016 ; Vol. 67 : 5247–58. <https://doi.org/10.1093/jxb/erw283>
32. Kou K., Yang H., Li H., et al. A functionally divergent SOC1 homolog improves soybean yield and latitudinal adaptation. *Current Biology*, 2022 ; Vol. 32 : 1728–1742. e6. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2022.02.046>
33. Jiang B., Nan H., Gao Y., et al. Allelic combinations of soybean maturity loci E1, E2, E3 and E4 result in diversity of maturity and adaptation to different latitudes. *PLoS ONE*, 2014 ; Vol. 9 : e106042. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0106042>
34. Li J., Wang X., Song W., et al. Genetic variation of maturity groups and four E genes in the Chinese soybean mini core collection. *PLoS ONE*, 2017 ; Vol. 12 : e0172106. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0172106>
35. Kurasch AK, Hahn V., Leiser WL, et al. Identification of mega-environments in Europe and effect of allelic variation at maturity E loci on adaptation of European soybean. *Plant Cell & Environment*, 2017 ; Vol. 40 : 765–778. <https://doi.org/10.1111/pce.12896>
36. Wolfgang G, An YC. Genetic separation of southern and northern soybean breeding programs in North America and their associated allelic variation at four maturity loci. *Molecular Breeding*, 2017 ; Vol. 37 : 8. <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0611-7>
37. Xu M., Xu Z., Liu B., et al. Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and phyA-regulated post-flowering responses of soybean. *BMC Plant Biology*, 2013 ; Vol. 13 : 91. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-91>
38. Zhu J., Takeshima R., Harigai K., et al. Loss of function of the E1-like-b gene associates with early flowering under long-day conditions in soybean. *Frontiers in Plant Science*, 2019. P. 9.
39. Zhai H., Lü S., Liang S., et al. GmFT4, a homolog of FLOWERING LOCUS T, is positively regulated by E1 and functions as a flowering repressor in soybean. *PLoS ONE*, 2014, 9: e89030. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0089030>
40. Cai Y., Wang L., Chen L., et al. Mutagenesis of GmFT2a and GmFT5a mediated by CRISPR/Cas9 contributes for expanding the regional adaptability of soybean. *Plant Biotechnology Journal*, 2020 ; Vol. 18 : 298–309. <https://doi.org/10.1111/pbi.13199>
41. Chen L., Cai Y., Qu M., et al. Soybean adaptation to high-latitude regions is associated with natural variations of GmFT2b, an ortholog of FLOWERING LOCUS T. *Plant Cell & Environment*, 2020 ; Vol. 43 : 934–944. <https://doi.org/10.1111/pce.13695>
42. Liu L., Gao L., Zhang L., et al. Co-silencing and its homologs in an extremely late-maturing soybean cultivar confers super-early maturity and adaptation to high-latitude short-season regions. *Journal of Integrative Agriculture*, 2022 ; Vol. 21 : 326–335. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(20\)63391-3](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(20)63391-3)
43. Sun H., Jia Z., Cao D., et al. GmFT2a, a soybean homolog of FLOWERING LOCUS T, is involved in flowering transition and maintenance. *PLoS ONE*, 2011, 6 : e29238. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0029238>
44. Yuan S., Wang Y., Wang J., et al. GmFT3a fine-tunes flowering time and improves adaptation of soybean to higher latitude. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13:929747. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.929747>
45. Cao D., Li Y., Lu S., et al. GmCOL1a and GmCOL1b function as flowering repressors in soybean under

long-day conditions. *Plant and Cell Physiology*, 2015 ; Vol. 56 : 2409–22. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcv152>

46. Wu F., Kang X., Wang M., et al. Transcriptome-enabled network inference revealed the GmCOL1 feed-forward loop and its roles in photoperiodic flowering of soybean. *Frontiers in Plant Science*, 2019, 10:1221. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01221>

47. Yue L., Li X., Fang C., et al. FT5a interferes with the Dt1-AP1 feedback loop to control flowering time and shoot determinacy in soybean. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2021 ; Vol. 63 : 1004–1020. <https://doi.org/10.1111/jipb.13070>

48. Arya H, Singh MB, Bhalla PL. Overexpression of PIF4 affects plant morphology and accelerates reproductive phase transitions in soybean. *Food and Energy Security*, 2021 ; Vol. 10 : e291. <https://doi.org/10.1002/fes3.291>

49. Xia Z., Zhai H., Zhang Y., et al. QNE1 is a key flowering regulator determining the length of the vegetative period in soybean cultivars. *Science China Life Sciences*, 2022 ; Vol. 65 : 2472–2490. <https://doi.org/10.1007/s11427-022-2117-x>

50. Liu W., Jiang B., Ma L., et al. Functional diversification of Flowering Locus T homologs in soybean: GmFT1a and GmFT2a/5a have opposite roles in controlling flowering and maturation. *New Phytologist*, 2018 ; Vol. 217 : 1335–1345. <https://doi.org/10.1111/nph.14884>

Информация об авторах

Хань Тяньфу – д-р с.-х. наук, профессор;

Яо Сянюй – канд. с.-х. наук;

У Тинтин – д-р с.-х. наук, доцент;

Цзя Хунчан – канд. с.-х. наук;

Юань Шань – д-р биол. наук, доцент;

Сунь Ши – д-р с.-х. наук, профессор;

У Цуньсян – д-р с.-х. наук, профессор

Information about the authors

Tianfu Han – Dr Agr. Sci., Professor;

Xiangyu Yao – Cand. Agr. Sci.;

Tingting Wu – Dr Agr. Sci., Associate Professor;

Hongchang Jia – Cand. Agr. Sci.;

Shan Yuan – Dr Biol. Sci., Associate Professor;

Shi Sun – Dr Agr. Sci., Professor;

Cunxiang Wu – Dr Agr. Sci., Professor

**Статья поступила в редакцию 10.03.2023;
одобрена после рецензирования 26.04.2023;
принята к публикации 15.05.2023**

**The article was submitted 10.03.2023;
approved after reviewing 26.04.2023;
accepted for publication 15.05.2023**