



Александр Кильчевский,
заместитель Председателя
Президиума НАН Беларуси,
академик

Игорь Гордей,
заведующий лабораторией
цитогеномики растений Института
генетики и цитологии
НАН Беларуси, кандидат
биологических наук, доцент

Валентина Лемеш,
заведующий лабораторией
прикладной геномики Института
генетики и цитологии
НАН Беларуси, кандидат
биологических наук, доцент

Марина Синявская,
заведующий лабораторией
нехромосомной наследственности
Института генетики и цитологии
НАН Беларуси, кандидат
биологических наук, доцент

Современная селекция растений: ускорение получения улучшенных сортов

Современная селекция растений стоит на пороге революционных изменений, когда традиционные методы гибридизации и отбора, отработанные десятилетиями, дополняются и совершенствуются благодаря достижениям молекулярной биологии, биоинформатики и геномного редактирования.

Эволюция подходов в селекции растений

Традиционные методы селекции, основанные на фенотипических наблюдениях и эмпирическом опыте (гибридизация, отбор, рекомбинация признаков), позволили добиться значительных успехов. Однако они обладают рядом ограничений: высокой трудоемкостью, длительными селекционными циклами (от 8 до 12 лет), зависимостью от погодных параметров и отсутствием точных предикторов наследуемости признаков, что особенно критично в условиях глобальных климатических изменений и нарастающего давления стрессовых факторов.

Для успешного создания новых сортов в современных условиях требуется интеграция методов традиционной селекции с новыми молекулярно-генетическими, геномными и биоинформатическими подходами. Ключевое условие такого перехода – мобилизация и оперативное использование генетических ресурсов. ДНК-технологии дают возможность выявлять области генома, ответственные за различные признаки, например устойчивость к абиотическим (засуха, экстремальные температуры, засоление почв) и биотическим (вредители, фитопатогены) стрессам, значительно расширяя возможности предсказуемого управления агрономически значимыми признаками.

Маркерная и геномная селекция: переход к молекулярной предсказуемости

Активно развиваются методические подходы к маркерной (маркер-вспомогательной, marker-assisted selection, MAS) и геномной (GS) селекции. Они трансформировали эмпирическую селекцию в относительно управляемый и предсказуемый процесс.

Метод основан на использовании молекулярных маркеров, которые ассоциированы с важными генами или аллелями (блоками генов), отвечающими за хозяйственно ценные признаки и отбор по ним. Это позволяет уже на ранних этапах селекционного процесса точно отбирать желаемые генотипы, несущие целевые аллели, существенно сокращая временные и материальные затраты. Благодаря высокопроизводительному секвенированию получено огромное количество данных о сравнительной изменчивости геномов сельскохозяйственных культур, разра-

ботаны многочисленные маркеры к ряду признаков на основании функционально значимых однонуклеотидных замен (SNP), а также технологии, подобные KASP (Kompetitive Allele Specific PCR), с высокой специфичностью идентифицирующие аллели генов.

Современные технологии повышения эффективности селекционного процесса

Сокращение времени, необходимого для получения и внедрения новых сортов стало одной из тенденций современной селекции.

Ключевое достижение – технология ускоренного размножения (speed breeding), позволяющая получать до 4–6 поколений растений в год. В основе методики – создание оптимальных условий выращивания (удлиненный световой день, контролируемая температура, влажность), стимулирующих быстрое прохождение фенологических фаз, специальные биотехнологические приемы. Изначально созданная для пшеницы и ячменя, эта технология успешно применяется для широкого спектра культур.

Важным компонентом ускоренной селекции стал высокопроизводительный фенотипический скрининг (рис. 1). Применение беспилотных летательных аппаратов, роботизированных платформ, теплиц с автоматическим контролем условий и видеонаблюдением позволяет собирать данные о физиологическом состоянии растений, темпах роста, стрессоустойчивости и продуктивности на больших выборках. Такая автоматизация и цифровизация фенотипирования особенно эффективны при одновременном использовании с методами молекулярной селекции (MAS и GS).

Основная тенденция современного селекционного процесса – переход к активному использованию методов искусственного интеллекта (ИИ) и биоинформатики, наряду с традиционными подходами.

Широкомасштабное секвенирование геномов и построение референсных баз данных помогают анализировать генетическое разнообразие и выявлять аллели, ассоциированные с признаками. На основе больших массивов генотипических и фенотипических данных создаются прогнозные модели, с помощью которых можно предсказывать поведение генотипов в различных агроэкологических условиях, оптимизировать скрещивания и автоматизировать отбор перспективных линий. Применение ИИ смещает акцент с эмпирической селекции к моделируемой и управляемой, где решения принимаются на основе сопоставления миллионов комбинаций и сценариев. Анализ полногеномных данных в сочетании с омикс-технологиями (транскриптомикой, метаболомикой, эпигеномикой) позволяет понять

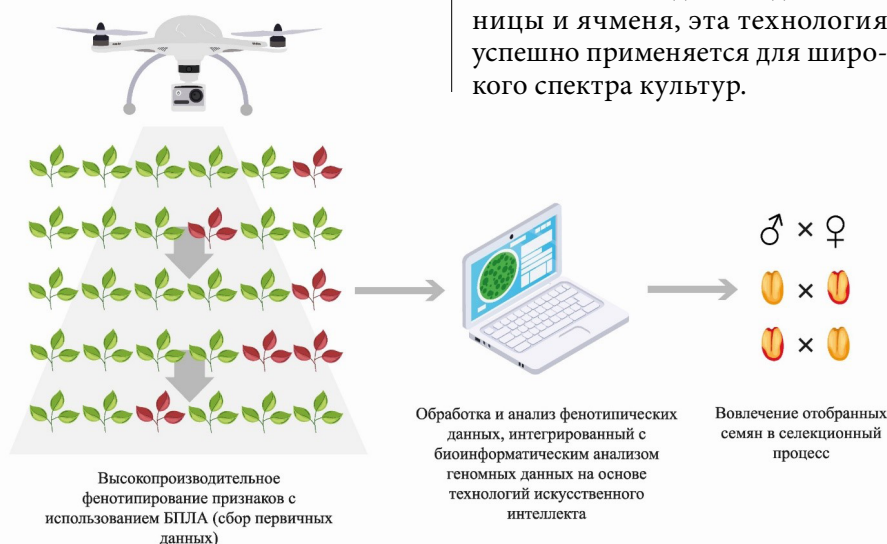


Рис. 1. Интегрированный подход к высокопроизводительному фенотипическому скринингу в современной селекции

механизмы регуляции признаков на глубинном молекулярном уровне для целенаправленного отбора. Цифровая трансформация формирует новую парадигму научно обоснованного и высокоэффективного создания сортов, способную отвечать на вызовы глобальной продовольственной безопасности.

Геномное редактирование и новые биотехнологические подходы

Современная селекция вступила в новую эпоху благодаря внедрению методов точной модификации генома, прежде всего систем редактирования на основе CRISPR/Cas. В отличие от классической геномной инженерии, эти технологии позволяют вносить прицельные изменения в ДНК растений без внедрения чужеродного генетического материала. Метод CRISPR/Cas дает возможность точно выключать, активировать или изменять работу отдельных генов, ответственных за устойчивость к стрессам, болезням, а также за проявление различных качественных и количественных признаков. Благодаря редактированию генома желаемый результат достигается за 1–2 цикла, минуя длительные этапы селекции и обратного скрещивания. Особое внимание уделяется созданию изогенных линий с различием в 1 отредактированный локус, точно устанавливающих вклад гена в проявление признака.

Параллельно развивается синтетическая биология. С ее помощью конструируются новые метаболические пути в растениях, формируются признаки, отсут-

ствующие в природных популяциях, оптимизируется архитектура растения для повышения его адаптивности и продуктивности.

В последние годы многие из этих технологий активно используются и развиваются учеными Института генетики и цитологии НАН Беларуси.

Практическая реализация геномных технологий в селекционной практике Беларуси

Ведущее место в системе продовольственной безопасности нашей страны традиционно занимают зерновые культуры, в селекции которых Институт генетики и цитологии НАН Беларуси выступает одним из лидеров. Приоритет отдается маркерной селекции, разработке высокоинформативных молекулярных маркеров, генотипированию с использованием технологии KASP и созданию новых сортов с заданными свойствами.

Пшеница – одна из самых распространенных зерновых культур в мире и основной источник питательных веществ в рационе человека. Между тем процесс интенсивной селекции привел к значительной эрозии ее генофонда по питательной ценности зерна, вследствие чего современные сорта отличаются низким содержанием в нем белка, минералов и витаминов. Дикорастущие сородичи и стародавние образцы обладают улучшенными биохимическими показателями по сравнению с культивируемыми сортами. Большие надежды в решении данной проблемы возлагаются на отдаленную гибридизацию.

С целью обогащения и улучшения генофонда мягкой пшеницы в скрещивании с сортами *T. aestivum* были привлечены образцы видов *T. dicoccoides*, *T. dicoccum*, *T. durum*, *T. spelta*, *T. kiharae*. Молекулярно-цитогенетический анализ (С-бэндинг, генотипирование маркерами SNP и SSR) выявил высокую частоту интрогрессии генетического материала данных видов в геном гибридных линий пшеницы [1]. Для большинства линий отмечен высокий уровень цитологической стабильности (мейотический индекс составил более 90%), что обеспечивает формирование у них функциональных гамет в количестве, достаточном для успешной репродукции.

Перспективно использование родственных видов для повышения питательной ценности зерна. Установлено превышение интрогрессивных линий над родительскими сортами по накоплению микроэлементов Zn, Fe, Cu, Mn [2], заменимых (аспарагиновая кислота, глицин, аргинин, аланин) и незаменимых аминокислот (изолейцин, треонин, валин), содержанию белка и клейковины в зерне [3]. Выделены линии с чужеродным генетическим материалом со стабильно высокими показателями качества зерна, которые переданы для научных исследований (Институт биологии Карельского научного центра РАН, Институт цитологии и генетики СО РАН) и включения в селекционный процесс (НПЦ НАН Беларуси по земледелию, Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Институт ботаники, физиологии и генетики растений Национальной академии наук Таджикистана).

Сотрудниками института проведены комплексные исследования

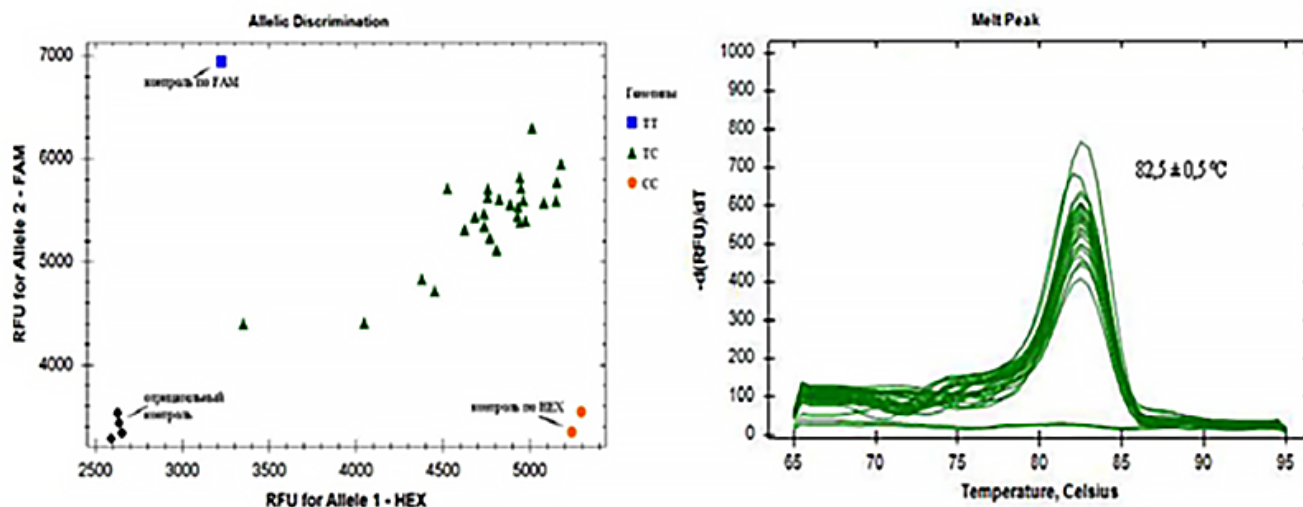


Рис. 2. 2D-график аллельной дискриминации для однонуклеотидной замены T>C в гене *TaSus2-2B*

генетического разнообразия коллекций озимой и яровой пшеницы с использованием современных методов ДНК-генотипирования (по второй сформирован уникальный селекционный материал, адаптированный к условиям Беларуси). Разработана методика генотипирования KASP для селекции пшеницы по 17 генам, ассоциированным с хозяйственно ценными признаками: массой 1 тыс. зерен, качественными характеристиками зерна, высотой растения, комплексной устойчивостью к грибным болезням. Большая часть изучаемых образцов оказалась гетерозиготами по локусу *TaSus2-2B*, несущими генотип T/C (*Нар-L/Нар-H*, рис. 2). Благоприятный генотип C/C (гаплотип *Нар-H*) существенно увеличивал массу 1 тыс. зерен [4].

Работа по данной методике ускорила селекцию и привела к созданию (совместно с НПЦ НАН Беларуси по земледелию) сорта яровой мягкой пшеницы Инновация, адаптированного к почвенно-климатическим условиям нашей страны, обладающего высокой урожайностью, массой и качеством зерна, устойчивостью

к мучнистой росе и септориозу колоса. Сорт среднеспелый (вегетационный период 98–100 дней), среднестебельный (высота растений 80 см). Средняя за 3 года урожайность – 58,0 ц/га (на 12,3 ц/га выше контроля), крупнозерный (масса 1 тыс. зерен 45,1 г, натура зерна 785 г/л). Содержание сырого протеина в зерне – 16,6%, сырой клейковины – 38,2%.

После исследования 240 образцов озимой и 104 яровой пшеницы выявлена статистически достоверная зависимость между вариациями ряда генов и хлебо-



Рис. 3. Сорт озимой пшеницы Асима в питомнике (2018 г.)

пекарными качествами. Это дало возможность выделить перспективные генотипы для последующего использования в селекционных программах. Впервые в одной из линий яровой пшеницы был идентифицирован новый вариант гена, кодирующего Vx-субъединицу глютелина, получивший название Vx14.1 Он отличается от ранее известных форм аминокислотными заменами в нескольких позициях и представляет интерес для дальнейшего изучения [5].

Дополнительно исследован аллельный состав генов, влияющих на структуру зерна и хлебопекарные качества муки. У ряда образцов выявлены уникальные мутации, потенциально способствующие улучшению свойств изделий из дрожжевого теста. Анализ генов, регулирующих высоту растений, показал, что различные их аллели влияют не только на рост, но и на другие агрономически важные в условиях Беларуси характеристики. Особое внимание уделено генам, связанным со стрессоустойчивостью: выделен гаплотип, положительно влияющий на урожайность за счет увеличения массы

плодов. На основе полученных данных сформированы базы, характеризующие сорта озимой пшеницы по аллельному составу генов, ответственных за хлебопекарные качества и высоту растений. Это позволило выделить образцы, содержащие аллели с положительным влиянием на оба признака [6].

Результатом научной работы стал выведенный совместно с НППЦ НАН Беларуси по земледелию новый сорт озимой пшеницы Асима (рис. 3), в котором сочетаются аллели, обеспечивающие высокое качество зерна и оптимальную высоту растений. Сорт среднеспелый, с вегетационным периодом в 290–292 дня, с высокой устойчивостью к полеганию (8 балл.), высотой растений 0,8 м. Средняя за 3 года урожайность зерна составила 84,1 ц/га, что на 4,3 ц/га выше контроля (Элегия). Новый сорт пшеницы обладает высокой зимостойкостью, устойчив к основным видам грибных заболеваний. Хорошие хлебопекарные качества обеспечили ему признание – победу в конкурсе НАН Беларуси на лучший селекционный сорт сельскохозяйственных растений в 2024 г. Асима – сорт крупнозерный (масса 1 тыс. зерен 44,5 г), с содержанием сырого протеина 13,6%, клейковины – 25,3%, стекловидностью 64%.

В селекции ржи Институт предложил инновационную альтернативу традиционному колхицинированию – полиплоидизацию с использованием закиси азота (N_2O) для получения тетраплоидных форм без применения токсичных веществ [7]. Разработаны и внедрены сорта тетраплоидной ржи, такие как Белая Вежа, Росана, Камея 16, обладающие высоким потенциалом урожайности (на уровне 60–70 ц/га) [8].

Особый вклад был внесен в разработку ЦМС-основ (цитоплазматической мужской стерильности) для гибридной селекции ржи. Сформирована серия линий с высокой степенью стерильности и способности восстанавливать фертильность, пригодных для создания высокогетерозисных коммерческих гибридных сортов. Совместно с НППЦ НАН Беларуси по земледелию получены и переданы в испытания перспективные гибриды ржи Ризона и Батлейка.

В селекции масличных культур активно внедряются молекулярно-генетические методы. Приоритет – рапс, для которого разработаны молекулярные маркеры генов, контролирующих содержание ненасыщенных жирных кислот (олеиновой, линоленовой, эруковой), устойчивость к фомозу и морозостойкость [9]. Эти ДНК-маркеры, обеспечивающие независимое тестирование генов в А- и С-субгеномах рапса, применены для маркер-сопутствующей селекции новых сортов. С коллегами из НППЦ НАН Беларуси по земледелию созданы сорта озимого рапса Федор и Медей, устойчивые к фомозу, полеганию и осыпанию и равномерно созревающие; безэруковые низкоглюкозинолатные яровые сорта рапса Амур и Герцог (характеризуются высоким содержанием ценной олеиновой кислоты).

Исследования направлены на изучение механизмов устойчивости рапса к засухе, пониженным температурам с помощью биоинформатического анализа транскриптомов, которые высокоинформативны и прогностически ценны для изучения сложных генных сетей [10]. На основании комплексной оценки морфофизиологических признаков (содержания в листьях воды, хло-

рофилла, каротиноидов, диаметра устьичной апертуры) и аллельных вариантов генов, обуславливающих снижение потерь воды, выделены сорта, перспективные для изучения засухоустойчивости: Jet Neuf (Франция), Orig Senraps (Швеция), Триангель (KWS, Германия), Оникс (Россия), Август, Буян, Мартын (Беларусь) (рис. 4).

Секвенированы транскриптомы белорусских сортов Буян, Мартын, Август, Оникс. Это позволило с высокой точностью выявить различия в экспрессии генов, ассоциированных с устойчивостью к холоду и засухе, и маркировать образцы рапса по генам устойчивости к ключевым видам абиотического стресса.

Институт более 30 лет проводит исследования сои. Ведется работа по выявлению генов, ответственных за переносимость заморозков и раннее созревание, что критично для адаптации этой теплолюбивой культуры в северных широтах [11]. Применяются подходы ассоциативного картирования (GWAS) и анализ SNP-маркеров. Изучен большой коллекционный материал различного происхождения, сформирована коллекция перспективного для селекции сои «северного эко-типа», активно изучаются новые сорта культуры, появляющиеся в мире, для возможного использования при создании новых отечественных сортов [12]. Подбран и разработан набор ДНК-маркеров для ускорения отбора по раннеспелости, изучаются ДНК-маркеры, ассоциированные с содержанием белка. В институте создан ряд отечественных сортов этой культуры: Птичь, Пущанская и Василиса.

Культивирование подсолнечника в Беларуси – важная задача, требующая постоянного поддержания линейного материала

и выведения новых гетерозисных гибридов. В институте создан экологически адаптированный линейный материал подсолнечника, проведены испытания отечественных гибридных комбинаций. В результате селекционно-семеноводческой работы в государственный реестр внесены перспективные гибриды Поиск, Агат, Крок, Азимут. Подобран и апробирован оптимальный набор ДНК-маркеров для эффективной паспортизации и надежной идентификации сортов, гибридов и селекционных линий подсолнечника. Начаты работы по молекулярному маркированию в связи с устойчивостью к абиотическим и биотическим стрессовым факторам [13].

В селекции картофеля – одной из стратегически важных сельскохозяйственных культур для продовольственной безопасности Беларуси – Институт генетики и цитологии сосредоточен на прорывной технологии – переходе от вегетативного размножения клубнями к семенному размножению гетерозисных гибридов, полученных в результате диплоидной селекции, признаваемой экспертами как направление будущего [14].

Данное направление развивается системно с 1990-х гг. За это время удалось в значительной мере решить проблемы с диплоидным картофелем и создать одну из лучших его коллекций. В частности, разработана и реализована программа по выведению высокофертильных диплоидных линий *S. tuberosum* – доноров фертильности и самосовместимости. Это необходимое звено для построения эффективных селекционных схем создания гибридного картофеля. Подготовлены и внедрены в практику новые эффективные методы межвидовой гибридиза-

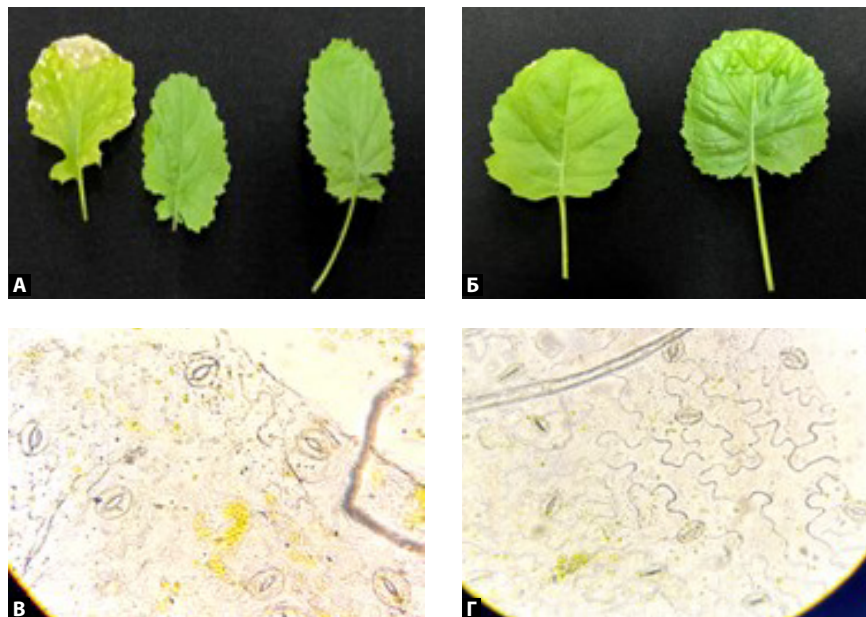


Рис. 4. Морфофизиологические различия устойчивых и чувствительных к засухе сортов рапса: а – устойчивый сорт Мартын; б – неустойчивый сорт Kodiak: листья рапса слева направо в условиях засухи (7,5% ПЭГ) и контрольных условиях; в, г – устьица сорта Мартын под световым микроскопом: в условиях засухи (7,5% ПЭГ) и контрольных условиях соответственно

ции с участием диплоидных клонов и диких видов, которые ранее практически не использовались в селекции. В результате получен ценный селекционный материал с признаками устойчивости к болезням и вредителям, неблагоприятным условиям [15]. Разработан методический инструментарий и патенты на изобретения, широко применяемые в сотрудничестве с профильным НПЦ по картофелеводству и плодоовощеводству. Диплоидные образцы, созданные в институте, включены в коллекцию международных генетических банков по картофелю с официальной передачей материала в рамках Нагойского протокола.

Среди приоритетных направлений – молекулярно-генетическое сопровождение селекции пасленовых культур, таких как томат, перец и баклажан. В лаборатории экологической генетики и биотехнологии

ведутся многолетние исследования, направленные на повышение продуктивности, устойчивости к болезням и пищевой ценности пасленовых за счет внедрения современных молекулярных технологий. На основе анализа полиморфизма 42 целевых генов томата, детерминирующих хозяйственно ценные признаки (устойчивость к грибным, бактериальным и вирусным заболеваниям, биохимический состав, лежкость, форма и окраска плодов, габитус растения, вкус, наличие функциональной мужской стерильности), были разработаны и апробированы 85 SCAR- и CAPS-маркеров (используются для идентификации аллелей, ассоциированных с признаками, востребованными в практической селекции). На них базируется технология маркерного отбора форм томата с высокими биохимическими и технологическими свойствами плодов, апро-

бириванная и внедренная в 2016 и 2023 гг. [16, 17].

Особое внимание уделяется регуляции вторичного метаболизма, в частности биосинтезу пигментов (антоцианов, каротиноидов), которые определяют не только окраску плодов, но и их антиоксидантные свойства. С использованием методов сравнительной геномики были выявлены новые аллели и гомологи генов, регулирующих биосинтез антоцианов у перца и баклажана на основе гомологии с генами Myb-транскрипционных факторов томата (в частности, *Anthocyanin 1*, *Atrvioletacea*). Изучен аллельный состав этих генов, созданы маркеры для селекции по признакам интенсивной окраски и повышенного содержания антиоксидантов. В общей сложности для перца и баклажана разработано более 20 маркеров, что существенно расши-

ряет возможности молекулярной селекции этих культур. Методы сравнительной геномики позволили выявить гены-гомологи (к Ant1 томата) и у капусты. Разработаны молекулярные маркеры для выявления форм с высоким накоплением антоцианов у овощных культур *Brassica oleracea* L. (капуста белокочанная, цветная, листовая и др.) [18].

С помощью молекулярных маркеров и технологий целового отбора в институте выведены формы пасленовых с высоким содержанием биологически активных веществ (БАВ): транс-и цис-ликопина, β -каротина, лютеина, халкон-нарингенина, антоцианов. Это стало основой для новых продуктов, ориентированных на оздоровительное питание и персонализированную диетотерапию.

Совместно с учеными Белорусской государственной сель-

скохозяйственной академии (БГСХА) и Института овощеводства создано 63 сорта и гибрида томата, 18 сортов сладкого перца, 3 – острого перца, 1 гибрид баклажана. Среди томатов имеются сорта и гибриды с повышенным содержанием БАВ: Дзівосны, Беларускі малінавы, Блэк бриллиант, Бурштын, Смачны, Паспех, Ликопиновый, Малиновый коктейль, Ирбис, Ивис, Спатканне и Гелиодар.

Современная селекция сельскохозяйственных растений уверенно вступила в эру интеграции биотехнологий, молекулярной генетики и цифровых платформ. Внедрение новых подходов позволит Беларуси войти в число лидеров по применению геномных технологий в растениеводстве и обеспечить устойчивое развитие агропромышленного комплекса в условиях климатических и экономических вызовов. ■

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Orlovskaya O., Dubovets N., Solovey L., Leonova I. Molecular cytological analysis of alien introgressions in common wheat lines derived from the cross of *Triticum aestivum* with *T. kiharae* // BMC Plant Biology. 2020. №20 (Suppl. 1).
2. Орловская О.А., Вакула С.И. [и др.]. Минеральный состав зерна линий мягкой пшеницы с интрогрессиями чужеродного генетического материала // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2023. Т. 184 (1).
3. Орловская О.А., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В. Влияние интрогрессии чужеродного генетического материала на основные показатели качества зерна мягкой пшеницы. – Минск, 2024.
4. KASP-генотипирование локусов, ассоциированных с признаком «масса 1000 зерен» мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) / В.А. Лемеш и др. // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. 2023. Т. 67, №3.
5. Изучение аллельного разнообразия генов HMW глютеинов сортов и линий пшеницы, используемых в селекционном процессе в Республике Беларусь, с помощью ПЦР-маркеров / Е.А. Фомина, С.В. Малышев и др. // Цитология и генетика. 2019. Т. 53, №4.
6. Фомина Е. А. Использование молекулярных маркеров в селекционном процессе озимой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) для выделения образцов, перспективных по аллельному составу генов, оказывающих влияние на хлебопекарное качество зерна и высоту растения. – Минск, 2019.
7. И.С. Гордей, О.М. Люсиков, И.А. Гордей. Зиготическая автополиплоидизация ржи (*Secale cereale* L.) // Цитология и генетика. 2019. Т. 53, №5.
8. Урбан Э.П., Карпович О.Н. [и др.]. Основные результаты селекции озимой тетраплоидной ржи в Беларуси // Стратегия и приоритеты развития земледелия и селекции в Беларуси. Достижения науки – производству: мат-лы науч.-практ. конф., посв. 15-летию НПЦ НАН Беларуси по земледелию (8–9 июля 2021 г., Жодино). – Минск, 2021.
9. Lemesh V.A., Mozgova G.V. [et al.]. The Use of Specific DNA Markers for the Identification of Alleles of the FAD3 Genes in Rape (*Brassica Napus* L.) // Russian Journal of Genetics. 2015. Vol. 51, №8.
10. Применение молекулярных и физиологических маркеров для комплексного исследования устойчивости представителей семейства *Brassicaceae* L. к абиотическому стрессу: холоду и засухе / Г.В. Мозгова, М.С. Парфенчик [и др.] // Молекулярная и прикладная генетика: сб. науч. тр. – Минск, 2024.
11. Поиск ДНК-маркеров к признаку содержание белка у сои: сравнительное исследование группы сортов / М.Г. Синявская, А.С. Томашова [и др.]. Генетика, геномика, биоинформатика и биотехнология растений (PlantGen2025): 8-я Междунар. науч. конф. (2–5 июля 2025 г., Новосибирск): тезисы докладов. – Новосибирск, 2025.
12. Розенцвейг В.Е., Е.А. Аксенова [и др.]. Модель засухоустойчивого сорта сои для климатических условий Беларуси // Молекулярная и прикладная генетика: сб. науч. тр. – Минск, 2020. Т. 28.
13. Шатарнов О.П., Зайцев Н.К., Синявская М.Г. Селекция гибридов подсолнечника масличного для условий Беларуси / Мат-лы междунар. науч. конф. «Селекция и генетика культурных растений», 18.10.2023, посв. 100-летию кафедры генетики, селекции и семеноводства РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева. – Москва, 2023.
14. Ермишин А.П., Воронкова Е.В. Новая парадигма выращивания и селекции картофеля // Наука и инновации. 2020. №3.
15. Межвидовая гибридизация в селекции картофеля / А.П. Ермишин [и др.]. – Минск, 2021.
16. Технология маркер-сопутствующего отбора форм томата с высокими биохимическими и технологическими свойствами плодов: методич. рекомендации. – Минск, 2023.
17. Использование молекулярных маркеров, связанных с устойчивостью к биотическим и абиотическим факторам среды, при создании селекционного материала томата и перца в Беларуси / О.Г. Бабак, Е.В. Дрозд [и др.] // Овощи России. 2025. №1.
18. D.A. Fateev, F.A. Berensen [et al.]. Study of the Myb114 Gene Polymorphism in the Cole Crops (*Brassica oleracea* L.) in Connection with Anthocyanin Biosynthesis Regulation Based on Comparison with the MYB Factors of Vegetable Nightshades (*Solanaceae*) // Russian Journal of Genetics. 2023. Vol. 59, №1.