

УДК 57.052

06.01.05 – Селекция и семеноводство
(сельскохозяйственные науки)

**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
МАРКЕРЫ В ИЗУЧЕНИИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО
РАЗНООБРАЗИЯ ФУНДУКА (CORYLUS L.)**

Рахмангулов Руслан Султанович
канд. биол. наук, научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
SPIN-код: 6866-5302
rakhmaruslan@yandex.ru

Симонян Таисия Артуровна
мл. научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
taisiya-simony@yandex.ru

Шуркина Екатерина Сергеевна
мл. научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
shurkina-ekaterina@rambler.ru

Мацькив Александра Олеговна
мл. научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
matskiv_a@mail.ru

Конинская Наталья Григорьевна
мл. научный сотрудник отдела биотехнологии
natakoninskaya@mail.ru

Цатурян Григорий Агасиевич
мл. научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
grisha.tsaturyan@yandex.ru
*Федеральное государственное
бюджетное учреждение науки
«Федеральный исследовательский центр
«Субтропический научный центр Российской
академии наук»,», 354002, Сочи, ул. Яна
Фабрициуса 2/28, Россия*

Род *Corylus L.* (семейство *Corylaceae*), согласно современным данным, объединяет 22 кустарниковых и древесных вида. Лещина обыкновенная или орешник - *Corylus avellana L.* - самый молодой и самый распространенный вид в роде *Corylus L.* - это орехоплодная культура, которая заслуженно ценится за продуктивность, высокую питательную ценность орехов, раннее вступление в плодоношение среди других орехоплодных, доступность размножения, высокую транспортабельность продукции, простоту и длительность хранения в обычных условиях. Представители данного рода обладают высокой пищевой и хозяйственной ценностью. Селекционные исследования направлены на

UDC 57.052

06.01.05 - Breeding and seed production
(agricultural sciences)

**MOLECULAR-GENETIC MARKERS IN THE
STUDY OF GENETIC DIVERSITY OF
HAZELNUT (CORYLUS L.)**

Rakhmangulov Ruslan Sultanovich
Cand.Biol.Sci., Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
RSCI SPIN-code: 6866-5302
rakhmaruslan@yandex.ru

Simonyan Taisiya Arturovna
Junior Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
taisiya-simony@yandex.ru

Shurkina Ekaterina Sergeevna
Junior Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
shurkina-ekaterina@rambler.ru

Matskiv Aleksandra Olegovna
Junior Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
matskiv_a@mail.ru

Koninskaya Nataliya Grigoryevna
Junior Research Associate
natakoninskaya@mail.ru

Tsaturyan Gregory Agasievich
Junior Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
grisha.tsaturyan@yandex.ru
*Federal state budgetary institution of science
«Federal Research Center" Subtropical Scientific
Center of the Russian Academy of Sciences»,
354002, Yana Fabritsiusa 2/28, Sochi, Russia*

The variety called *Corylus L.* (family *Corylaceae*), according to modern data, unites 22 shrub and woody species. Common hazel or hazel - *Corylus avellana L.* - the youngest and most widespread species in the genus *Corylus L.* - it is a nut crop, which is deservedly valued for its productivity, high nutritive value of nuts, early fruiting among other nut fruits, accessibility of reproduction, good transportability products, simplicity and duration of storage under normal conditions. Representatives of this advantage are of high and economic value. Breeding research is aimed at expanding genetic diversity and creating new varieties of hazelnuts, distinguished by high quality nuts, as well as adaptive plasticity to biotic and abiotic stressors.

расширение генетического разнообразия и создание новых сортов фундука, отличающихся высоким качеством плодов, а также адаптивной пластичностью к биотическим и абиотическим стрессорам. Сочетание классических методов селекции и высокотехнологичных методов структурной геномики и молекулярной биологии: ПЦР – фингерпринтинга, маркер-опосредованной селекции, включая SSR-, ISSR-, SNP – анализ, QTL – картирование позволит более полно раскрыть весь богатый генетический потенциал ресурсов фундука. В данной статье представлен обзор фундаментальных и прикладных исследований генетического разнообразия культивируемых видов рода *Corylus*, выполненных на основе методов молекулярного маркирования

The combination of classical breeding methods and high-tech methods of structural genomics and molecular biology: PCR - fingerprinting, marker-mediated selection, including SSR-, ISSR-, SNP - analysis, QTL - mapping will more fully reveal the entire rich genetic potential of hazelnut resources. This article provides an overview of fundamental and applied research on the genetic diversity of cultivated species of the genus *Corylus*, carried out on the basis of molecular labeling methods

Ключевые слова: СЕЛЕКЦИЯ ФУНДУКА, CORYLUS, ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ, МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МАРКЕРЫ, ЭКСПРЕССИЯ ГЕНОВ, АДАПТИВНОСТЬ

Keywords: HAZELNUT BREEDING, CORYLUS, GENETIC DIVERSITY, MOLECULAR MARKERS, GENE EXPRESSION, ADAPTABILITY

<http://dx.doi.org/10.21515/1990-4665-164-015>

Введение

Современное интенсивное ведение сельского хозяйства требует наличия высокопродуктивных сортов растений, в том числе и орехоплодных культур. Из всех орехоплодных культур, возделываемых на территории России и представляющую наибольшее промышленное значение, является фундук [6,7]. Принято считать, что фундук является естественным гибридом между лещиной обыкновенной (*Corylus avellana* (L.) H. Karst), лещиной крупной (*C. maxima* Mill.), а также лещиной понтийской (*C. pontica* (K.Koch) H.J.P.Winkl.) [2]. Фундук относится к роду Лещина (*Corylus* L.) семейству Березовых (Betulaceae), отряду Букоцветных (Fagales). Согласно современным данным, род лещина объединяет 22 кустарниковых и древесных вида, произрастающих в умеренной лесной зоне Евразии и Северной Америке [6,8,9]. Представители данного рода распространены повсеместно в Европе, Кавказе, Северной Америке и на Среднем Востоке, культивары которых выращиваются в промышленном масштабе для нужд пищевой, фармацевтической и косметологической индустрий.

<http://ej.kubagro.ru/2020/10/pdf/15.pdf>

Лещина обыкновенная или орешник – *C. avellana* является самым распространенным видом в роду *Corylus* L. Видовое название «avellana» происходит от итальянского города Авеллано, бывшего во времена Римской империи центром возделывания фундука [2]. Данная культура традиционно ценится за продуктивность, высокую питательную ценность орехов, раннее вступление в плодоношение среди других орехоплодных, легкость размножения, высокую транспортабельность продукции, простоту, а также длительность хранения в обычных условиях [2,6,8]. В связи с этим фундук активно осваивается для нужд пищевой, парфюмерной и фармацевтической промышленности.

По данным ФАО за 2017 год фундук промышленно выращивается в 28 странах (Faostat, 2017). За 60-летний период мировым лидером в производстве фундука стала Турция (62 %). Второе место в рейтинге занимает Италия, которая произвела орехов фундука в среднем 12,3 %; Азербайджан с 2000 года собирал до 5,8 %; Грузия за 2 года достигла объема производства орехов в 2018 году до 61,6 тыс. т. (7%); США – 4,1%; по 2% - Чили и Испания; 4,8 % – остальные страны. Самый большой урожай орехов был собран в Турции в 2017 году и составил 1006,178 тыс. т., который отправляется на экспорт в такие страны, как Италия, Германия, Франция, Канада, Польша и еще 11 стран, включая Россию [1].

Активное изучение лещины в селекционных целях в России было начато еще в 30-е годы 19 века Мичуриным И.В., Яблоковым А.С., а с 1954 года продолжены Кудашевой Р.Ф., Махно В.Г., и др. Основой отечественной селекции фундука являлось привлечение перспективных форм лещины из местных популяций для последующей гибридизации с южными сортами фундука. В настоящее время также ведется постоянная работа по изучению и совершенствованию ассортимента фундука по комплексу хозяйственно-ценных признаков, среди которых такие

признаки, как высокое качество плодов, устойчивость к абиотическим и биотическим факторам среды [3,5,6,9].

Однако, на современном этапе развития селекции необходимо сочетать традиционные методы совместно с молекулярно-генетическими, среди которых RAPD-, AFLP-, SSR-, ISSR-, SNP- генотипирование, картирование, QTL, изучение экспрессии генов, расшифровка транскриптомов, ДНК и РНК секвенирование. В данном обзоре представлены результаты основных исследований по изучению генетического разнообразия фундука.

Общеизвестно, что молекулярно-генетические маркеры активно применяются при идентификации достоверности сорта, исследовании уровня генетического разнообразия в коллекциях и природных популяциях, установления корреляций между генотипом и фенотипом, определения дубликатов в коллекциях, оценки генетической стабильности а также для повышения эффективности отбора с помощью маркер-опосредованной селекций [10,11,19,29,31]. Так, изучение степени генетического разнообразия методом RAPD проводили на образцах фундука в условиях длительного культивирования *in vitro*. Анализ с использованием маркеров RAPD не показал различий между донором (родительская форма) и растениями-регенерантами, культивируемыми в условиях *in vitro* [31]. С использованием 22 RAPD праймеров проведена оценка генетического полиморфизма 15 сортов фундука и 12 образцов фундука, произрастающих в лесах Турции. В результате исследований 13 из 22 праймеров показали высокий уровень полиморфизма. Кластерный анализ данных разделил 27 генотипов фундука на две основные группы [18]. Так же были использованы RAPD и ISSR праймеры для изучения генетического разнообразия 35 образцов фундука Построенная дендрограммы показала два основных кластера иранского фундука [30].

Наряду с методом RAPD в изучении генетического разнообразия широко применяются и маркеры AFLP, часто совместно с SSR, ISSR маркерами. Таким образом изучен уровень генетического полиморфизма у 18 сортов фундука (*Corylus avellana* L.) в Турции. Исследования проводились с использованием 25 праймеров RAPD, 25 праймеров ISSR и 8 пар праймеров AFLP. Сортоспецифичные маркеры были найдены во всех группах праймеров для 10 сортов фундука. Методом AFLP определено 22 специфичных маркера для фундука (7 - RAPD, 5 - ISSR) [25]. Leinemann с соавторами с помощью AFLP маркеров изучили 20 природных популяций фундука (18 из Германии, 1 из Италии и 1 из Венгрии). Данные AFLP анализа показали, что итальянская популяция достаточно близка к немецкой, тогда как венгерская популяция высоко дифференцирована [26].

Martins с соавторами использовали 18 ISSR и 7 AFLP маркеров для изучения генетического разнообразия 32 зарубежных сорта, а также 19 местных сортов фундука и 13 природных генотипов, произрастающих в Португалии. В результате исследования установлен высокий уровень полиморфизма амплифицированных фрагментов (95,03%). Распределение генотипов фундука на дендрограмме произошло на три кластера: зарубежные, местные сорта и природные генотипы [28].

Для всестороннего изучения потенциала генетических ресурсов используют микросателлитные маркеры или простые повторы последовательности (SSR, ISSR), которые считаются надежными маркерами и активно применяются во всестороннем изучении как сортов фундука, так и природных популяций лещины [11-14,20,22,23,26,28,29]. ISSR праймеры были использованы в исследовании группой ученых из Азербайджана. Генетический полиморфизм лещины исследован в 3 популяциях (Гекгельская, Кедабекская и Товузская), произрастающих на северо-восточных склонах Малого Кавказа в пределах Азербайджана. В результате установлен высокий уровень полиморфизма ISSR праймеров -

86%, генотипы разных популяций по показателям генетического сходства объединены в общий субкластер, что объясняется общностью происхождения лещины в популяциях [4]. SSR маркеры, применяемые в изучении генетического разнообразия, показали различия по группам сортов фундука, произрастающих в Турции, Грузии и Азербайджане [24], в зависимости от региона выращивания показана дифференциация северо-европейских сортов от южно-европейских и от турецких сортов [12]. Группа ученых из Ирана изучала популяцию, включающую в себя 90 образцов фундука, с использованием 15 микросателлитных маркеров (SSR). В изученной популяции было обнаружено генетическое разнообразие, которое в основном связано с природой опыления фундука [19]. Китайские коллеги для изучения вопросов таксономии, филогенетики и генетического разнообразия лещины разработали SSR маркеры на основе сконструированного транскрипта [35,36]. Также молекулярная дифференциация проводилась между *C. avellana* и редким видом для лесов Турции *C. colurna*, находящийся под защитой МСОП, с целью нахождения гибридов между двумя видами. Структурный анализ доказал дифференциацию двух видов *C. avellana* и *C. colurna*, а также отсутствие гибридов в исследованных 128 образцах [20].

Изучение филогеографических взаимосвязей с помощью хлоропластных SSR маркеров среди 158 образцов 11 видов *Corylus* показало, что Азия могла служить убежищем, где несколько линий лещины выжили во время оледенений, после чего распространились из Азии через Средиземное море в Европе и через Атлантику либо Берингов перешеек в Северную Америку [11]. Установлены генетические связи среди 116 образцов, где 40 образцов дикие лесные формы. Исследование показало дифференциацию большинства образцов в пределах испано-итальянского генофонда [16]. Анализ генетических связей и популяционной структуры 153 образцов фундука, среди которых 19

образцов из все еще присутствующих природных популяций, позволил исследовать происхождение и распространение культивируемой зародышевой плазмы в Южной Европе. В результате было установлено существование трех основных центров разнообразия в Средиземноморском бассейне: Северо-Западная Испания (Таррагона) и Южная Италия (Кампания) на Западе и Черное море (Турция) на востоке [13]. Китайскими коллегами проведен анализ генетического разнообразия 348 образцов *Corylus mandshurica* (Maxim.) С.К. Schneid. из 12 популяций, произрастающих в Китае, с помощью SSR маркеров, в результате чего основная часть исследуемых образцов была разделена на два кластера [36].

В Северной Ирландии также были проведены исследования генетического разнообразия местных генотипов с использованием SSR маркеров. Объектами для исследования были 25 образцов из Северной Ирландии и образцы, отобранные в четырех объектах всей территории Ирландии. Результаты исследования позволяют предположить, что лещина обыкновенная в Северной Ирландии и в Ирландии в целом имеет высокий уровень генетического разнообразия [14]. Süleyman Can Öztürk с соавторами использовали SSR маркеры для изучения молекулярно-генетического разнообразия и установления популяционной структуры 402 генотипов: 143 диких генотипа, 239 местных сортов и 20 сортов из национальной коллекции Турции. Анализ разнообразия турецкого фундука показал, что, несмотря на разделение всех генотипов на три подгруппы, они имеют общий генетический пул [32].

Особое положение среди молекулярных маркеров занимают однонуклеотидные SNP-маркеры, позволяющие производить генотипирование на высоком уровне. Так, на основе секвенированного транскрипта *C. avellana* было идентифицировано 5 398 SNP маркеров [15], 4 600 SNP маркеров [33], которые в последующем могут быть использованы для картирования и маркерной селекции. С помощью SNP

маркеров построены генетические карты высокой плотности для анализа QTL фенологических признаков [28], показана роль генов SS4, ACC1, NHX2, UGT74E2, DMS3, FRD3 в развитии ядра ореха *C. heterophylla* [17].

Таким образом, в изучении генетического потенциала фундука проводится множество исследований с использованием современных методов. Несмотря на значительный прогресс в изучении генетического разнообразия фундука в этих направлениях большая область работы еще предстоит. Информация, полученная благодаря этим методам, поможет эффективно использовать генетические ресурсы фундука в селекционных целях.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Беседина, Т.Д. Проблемы агросферы в возделывании фундука / Т.Д. Беседина, Ц.В. Тутберидзе, Г.Б. Тория // Новые технологии. - 2019. -№ 4(50). – С. 89-110. - DOI: 10.24411/2072-0920-2019-10409.
2. Витковский, В.Л. Плодовые растения мира / В.Л. Витковский // СПб: Издательство «Лань». - 2003. – С. 592.
3. Исущева, Т.А. Формовое разнообразие *Corylus avellana* L. (лещины обыкновенной) по качеству плодов в Республике Адыгея / Т.А. Исущева // Авторефер. дис. канд. с.-х. наук. – Краснодар, 2014. – 22 с.
4. Ибрагимов, З. А. Генетический полиморфизм *Corylus avellana* L. на Малом Кавказе в пределах Азербайджана. / З.А. Ибрагимов, Р.А. Ализаде // Бюллетень науки и практики. – 2019. – С. 40-49. – <https://doi.org/10.33619/2414-2948/47/05>
5. Козловская, З.А. Лещина. Дикае виды и фундук / З.А. Козловская, Н.В. Луговцова // Плодоводство. Сборник научных трудов. РУП «Институт плодоводства». Минск. — 2018. — С. 289 - 303.
6. Махно, В.Г. Продуктивный потенциал сортов фундука нового поколения / В.Г. Махно, С.А. Горобец // Садоводство и виноградарство. – 2013. - №6. – С. 23-27.
7. Рындин, А.В. Современные сорта фундука селекции Всероссийского научно-исследовательского института цветоводства и субтропических культур / А.В. Рындин, Ц.В. Тутберидзе, Т.Д. Беседина // Плодоводство и виноградарство Юга России – 2019. – № 60(6). – С. 71-83.
8. С. Г. Сухоруких, Ю. И. Полиморфизм селекционно-значимых признаков орехоплодных Адыгеи / Ю. И. Сухоруких, С. Г. Биганова // – 2013. – №. НП-16.
9. Софронов, А.П. Элитные формы лещины в Кировской области / А.П. Софронов, Г.А. Пленкина // Вестник Мичуринского государственного аграрного университета. – 2015. – №2. – С. 62-67.
10. Akin, M. A multiplexed microsatellite fingerprinting set for hazelnut cultivar identification / M. Akin, A. Nyberg, J. Postman, S. Mehlenbacher, N.V. Bassil // Eur.J.Hortic.Sci. – 2016 - №81(6). – P. 327-338. - DOI: 10.17660/eJHS.2016/81.6.6

11. Bassil, N. Additional microsatellite markers of the European hazelnut / N. Bassil, R. Botta, S.A. Mehlenbacher // *Acta horticulturae* – 2005 - № 686. – P.105-110. - DOI: 10.17660/ActaHortic.2005.686.13
12. Boccacci, P. Genetic diversity of hazelnut (*Corylus avellana* L.) germplasm in northeastern Spain. / P. Boccacci, M. Rovira, R. Botta // *Hort. Sci.* - 2008 - №43. – P. 667–672. - DOI: 10.21273/HORTSCI.43.3.667
13. Boccacci, P. Molecular and morphological diversity of on-farm hazelnut (*Corylus avellana* L.) landraces from southern Europe and their role in the origin and diffusion of cultivated germplasm / P. Boccacci, M. Aramini, N. Valentini, L. Bacchetta, M. Rovira, P. Drogoudi, A. P. Silva, A. Solar, F. Calizzano, V. Erdoğan, V. Cristofori, L. F. Ciarmiello, C. Contessa, J. J. Ferreira, F. P. Marra, R. Botta // *Tree Genetics & Genomes* – 2013 - № 9. - P.1465–1480. – DOI: 10.1007/s11295-013-0651-7
14. Brown, J.A. Broad-scale genetic homogeneity in natural populations of common hazel (*Corylus avellana*) in Ireland / J.A. Brown, G. E. Beatty, W. I. Montgomery, J. Provan // *Tree Genet. Genomes.* – 2016. – № 12 (122). – DOI: 10.1007/s11295-016-1079-7.
15. Bryant, D.W., Discovery of SNP markers in expressed genes of hazelnut / D.W. Bryant, S.E. Fox, E.R. Rowley, H.D. Priest, R. Shen, W.-K. Wong, T.C. Mockler // *Acta Hort.* – 2010. – V. 859. – P. 289-294. – <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2010.859.33>
16. Campa, A. Genetic relationship between cultivated and wild hazelnuts (*Corylus avellana* L.) collected in northern Spain / A. Campa, N. Trabanco, E. Pérez Vega, M. Rovira, J. J. Ferreira // *Plant Breeding.* – 2011 - № 130 (3). – P. 360 – 366. - DOI: 10.1111/j.1439-0523.2010.01835.x
17. Cheng, Y., Jiang S., Zhang X., He H., Liu J. Whole-genome re-sequencing of *Corylus heterophylla* Blank- Nut mutants reveal sequence variations in genes associated with embryo abortion / Y. Cheng, S. Jiang, X. Zhang, H. He, J. Liu // *Frontiers in Plant Science.* 2019. v. 10. doi: 10.3389/fpls.2019.01465
18. Demir, T. Molecular characterization of Turkish hazelnut cultivars and Accessions / T. Demir // *The Journal of Animal & Plant Sciences.* - 2014. – № 24(3). – P. 820-828.
19. Erfatpour, M. Assessment of genetic diversity among some Iranian hazelnut genotypes using SSR markers. / M. Erfatpour, Y. Hamidogli, B. Kaviani, R. Fatahi, M. Falahati, D. Javadi, D. Hashemabadi // *AJCS* – 2011. – №5(10). – P. 1286 – 1291.
20. Freixas-Coutin, J. A. Development of a reliable *Corylus* sp. reference database through the implementation of a DNA fingerprinting test / J. A. Freixas-Coutin, S. An, J. Postman, N. V. Bassil, B. Yates, M. Shukla, P. K. Saxena // *Planta.* – 2019 - № 249(6). – P.1863-1874. - DOI: 10.1007/s00425-019-03131-4
21. Fussi, B. Molecular differentiation of Turkish and common hazels (*Corylus colurna* L. and *Corylus avellana* L.) using multiplexed nuclear microsatellite markers / B. Fussi, D. Kavaliauskas, M. Seho // *Annals of Forest Research* – 2019. – V. 62(2). – P.173-182 –DOI: 10.15287/afr.2019.1709
22. Ghanbari, A. Characterization of Iranian hazelnut (*Corylus avellana* L.) cultivars using microsatellite markers / A. Ghanbari, A. R. Talaie, A. Vezvaie, A. Akkak, P. Boccacci, R. Botta // *Acta horticulturae.* – 2005. - № 686 (686). – P. 111-116. - DOI: 10.17660/ActaHortic.2005.686.14
23. Gökirmak, T. Characterization of European hazelnut (*Corylus avellana*) cultivars using SSR markers. / T. Gökirmak, S.A. Mehlenbacher, N.V. Bassil // *Genet. Resour. Crop Evol.* - 2009. - № 56. – P. – 147-172. - DOI: 10.1007/s10722-008-9352-8
24. Gürçan, K. Development, characterization, segregation, and mapping of microsatellite markers for European hazelnut (*Corylus avellana* L.) from enriched genomic libraries and usefulness in genetic diversity studies / S. A. Mehlenbacher, R. Botta, P.

Boccacci // Tree Genetics & Genomes. – 2010. – №6(4). – P. 513-531. -
DOI: 10.1007/s11295-010-0269-y.

25. Kafkas, S. Genetic Characterization of Hazelnut (*Corylus avellana* L.) Cultivars from Turkey Using Molecular Markers / S. Kafkas, Y. Dog̃an, A. Sabır, A. Turan, H. Seker // Hortscience. – 2009. – №44(6). – P. 1557–1561. – DOI: 10.21273/HORTSCI.44.6.1557

26. Leinemann, L. Genetic variation of chloroplast and nuclear markers in natural populations of Hazelnut (*Corylus avellana* L.) in Germany / L. Leinemann, W. Steiner, B. Hosius, O. Kuchma, W. Arenhövel, B. Fussi, B. Haase, R. Kätzel, M. Rogge, R. Finkeldey // Plant Syst Evol. – 2012. – №299 – P. 369–378. – DOI: 10.1007/s00606-012-0727-0

27. Marinoni, D.T. High density SNP mapping and QTL analysis for time of leaf budburst in *Corylus avellana* L. / D.T. Marinoni, N. Valentini, E. Portis, A. Acquadro, C. Beltramo, S.A. Mehlenbacher, T.C. Mockler, E.R. Rowley, R. Botta // PLoS ONE – 2018. – V.13(4). –e0195408.https://doi.org/10.1371/journal.pone.0195408

28. Martins, S. Genetic relationship among wild, landraces and cultivars of hazelnut (*Corylus avellana*) from Portugal revealed through ISSR and AFLP markers/ S. Martins, S. Fernanda, J. Matos, A. P. Silva, V. Carnide // Plant Systematics and Evolution. – 2013. – № 300(5). – P. 1035-1046. DOI: 10.1007/s00606-013-0942-3.

29. Martins, S. Western European wild and landraces hazelnuts evaluated by SSR markers / S. Martins, F. Simões, D. Mendonça, J. Matos, A. P. Silva, V. Carnide // Plant Molecular Biology Reporter. - 2015. - № 33(6). – P. 1712–1720. - DOI: 10.1007/s11105-015-0867-9

30. Mohammadzede, M. Genetic identity and relationships of hazelnut (*Corylus avellana* L.) landraces as revealed by morphological characteristics and molecular markers. / M. Mohammadzede, R. Fattahi, Z. Zamani, A. Khadivi-Khub. // Scientia Horticulturae. - 2014. - № 167. – P.17–26. - DOI: 10.1016/j.scienta.2013.12.025

31. Nas, M.N. Inclusion of polyamines in the medium improves shoot elongation in Hazelnut (*Corylus avellana* L.) micropropagation / M.N. Nas // Turkish Journal of Agriculture and Forestry – 2004. - № 28(3). – P. 189-194.

32. Öztürk, S. C. Molecular genetic diversity of the Turkish national hazelnut collection and selection of a core set / S. C. Öztürk, H. İ. Balık, S. K. Balık, G. Kızılcı, Ö. Duyar, S. Doğanlar, A. Frary // Tree Genetics & Genomes – 2017. – № 13 (113). – DOI: 10.1007/s11295-017-1195-z

33. Scaglione, D. High-density marker genotyping in Hazelnut (*Corylus avellana*). I. Genotyping-by-Sequencing Approach for Efficient SNP Discovery and DNA Typing / D. Scaglione, A. Fornasiero, F. Cattonaro, A. Pitoni, D. Torelli, D. Vittori, C. De Pace // Acta Hort. – 2015. – V. 1100. – P. 63-69. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2015.1100.7

34. Zhao, S. An assessment of the genetic diversity and population genetic structure concerning the *Corylus heterophylla* Fisch., grown in the Tieling district of Liaoning Province using SSR markers / S. Zhao, S.C. Su, Z.G. Chen, S.Y. Sheng, and Z. Wang // J. Fruit Sci – 2016. V. 33. P. 24–33. – https://doi.org/10.21273/JASHS04887-19

35. Zhao, T. Genetic diversity and population structure of Chinese *Corylus heterophylla* and *Corylus kweichowensis* using simple sequence repeat markers / T. Zhao, W. Ma, Q. Ma, Z. Yang, L. Liang, G. Wang, L. Wang // J. Amer. Soc. Hort. Sci. https://doi.org/10.21273/JASHS04887-19

36. Zong J.W., T.T. Zhao, Q.H. Ma, L.S. Liang, and G.X. Wang. Assessment of genetic diversity and population genetic structure of *Corylus mandshurica* in China using SSR markers / J.W. Zong, T.T. Zhao, Q.H. Ma, L.S. // PLoS One. – 2015. – V. 10(9). – https://doi.org/10.1371/journal.pone.0137528

References

1. Besedina, T.D. Problemy agrosfery v vozdelevanii funduka / T.D. Besedina, C.V. Tutberidze, G.B. Torija // *Novye tehnologii*. - 2019. -№ 4(50). – S. 89-110. - DOI: 10.24411/2072-0920-2019-10409.
2. Vitkovskij, V.L. Plodovye rastenija mira / V.L. Vitkovskij // SPb: Izdatel'stvo «Lan'». - 2003. – S. 592.
3. Isushheva, T.A. Formovoe raznoobrazie *Corylus avellana* L. (leshhiny obyknovnoj) po kachestvu plodov v Respublike Adygeja / T.A. Isushheva // Avtorefer. dis. kand. s.-h. nauk. – Krasnodar, 2014. – 22 s.
4. Ibragimov, Z. A. Geneticheskij polimorfizm *Corylus avellana* L. na Malom Kavkaze v predelah Azerbajdzhana. / Z.A. Ibragimov, R.A. Alizade // *Bjulleten' nauki i praktiki*. – 2019. – S. 40-49. – <https://doi.org/10.33619/2414-2948/47/05>
5. Kozlovskaja, Z.A. Leshhina. Dikie vidy i funduk / Z.A. Kozlovskaja, N.V. Lugovcova // *Plodovodstvo. Sbornik nauchnyh trudov. RUP «Institut plodovodstva»*. Minsk. — 2018. — S. 289 - 303.
6. Mahno, V.G. Produktivnyj potencial sortov funduka novogo pokolenija / V.G. Mahno, S.A. Gorobec // *Sadovodstvo i vinogradarstvo*. – 2013. - №6. – S. 23-27.
7. Ryndin, A.V. Sovremennye sorta funduka selekcii Vserossijskogo nauchno-issledovatel'skogo instituta cvetovodstva i subtropicheskikh kul'tur / A.V. Ryndin, C.V. Tutberidze, T.D. Besedina // *Plodovodstvo i vinogradarstvo Juga Rossii* – 2019. – № 60(6). – S. 71-83.
8. S. G. Suhorukih, Ju. I. Polimorfizm selekcionno-znachimyh priznakov orehoplodnyh Adygei / Ju. I. Suhorukih, S. G. Biganova // – 2013. – №. NP-16.
9. Sofronov, A.P. Jelitnye formy leshhiny v Kirovskoj oblasti / A.P. Sofronov, G.A. Plenkina // *Vestnik Michurinskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. – 2015. – №2. – S. 62-67.
10. Akin, M. A multiplexed microsatellite fingerprinting set for hazelnut cultivar identification / M. Akin, A. Nyberg, J. Postman, S. Mehlenbacher, N.V. Bassil // *Eur.J.Hortic.Sci*. – 2016 - №81(6). – P. 327-338. - DOI: 10.17660/eJHS.2016/81.6.6
11. Bassil, N. Additional microsatellite markers of the European hazelnut / N. Bassil, R. Botta, S.A. Mehlenbacher // *Acta horticulturae* – 2005 - № 686. – P.105-110. - DOI: 10.17660/ActaHortic.2005.686.13
12. Boccacci, P. Genetic diversity of hazelnut (*Corylus avellana* L.) germplasm in northeastern Spain. / P. Boccacci, M. Rovira, R. Botta // *Hort. Sci.* - 2008 - №43. – P. 667–672. - DOI: 10.21273/HORTSCI.43.3.667
13. Boccacci, P. Molecular and morphological diversity of on-farm hazelnut (*Corylus avellana* L.) landraces from southern Europe and their role in the origin and diffusion of cultivated germplasm / P. Boccacci, M. Aramini, N. Valentini, L. Bacchetta, M. Rovira, P. Drogoudi, A. P. Silva, A. Solar, F. Calizzano, V. Erdoğan, V. Cristofori, L. F.

Ciarmiello, C. Contessa, J. J. Ferreira, F. P. Marra, R. Botta // *Tree Genetics & Genomes* – 2013 - № 9. - P.1465–1480. – DOI: 10.1007/s11295-013-0651-7

14. Brown, J.A. Broad-scale genetic homogeneity in natural populations of common hazel (*Corylus avellana*) in Ireland / J.A. Brown, G. E. Beatty, W. I. Montgomery, J. Provan // *Tree Genet. Genomes.* – 2016. – № 12 (122). – DOI: 10.1007/s11295-016-1079-7.

15. Bryant, D.W., Discovery of SNP markers in expressed genes of hazelnut / D.W. Bryant, S.E. Fox, E.R. Rowley, H.D. Priest, R. Shen, W.-K. Wong, T.C. Mockler // *Acta Hort.* – 2010. – V. 859. – P. 289-294. – <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2010.859.33>

16. Campa, A. Genetic relationship between cultivated and wild hazelnuts (*Corylus avellana* L.) collected in northern Spain / A. Campa, N. Trabanco, E. Pérez Vega, M. Rovira, J. J. Ferreira // *Plant Breeding.* – 2011 - № 130 (3). – P. 360 – 366. - DOI: 10.1111/j.1439-0523.2010.01835.x

17. Cheng, Y., Jiang S., Zhang X., He H., Liu J. Whole-genome re-sequencing of *Corylus heterophylla* Blank- Nut mutants reveal sequence variations in genes associated with embryo abortion / Y. Cheng, S. Jiang, X. Zhang, H. He, J. Liu // *Frontiers in Plant Science.* 2019. v. 10. doi: 10.3389/fpls.2019.01465

18. Demir, T. Molecular characterization of Turkish hazelnut cultivars and Accessions / T. Demir // *The Journal of Animal & Plant Sciences.* - 2014. – № 24(3). – P. 820-828.

19. Erfatpour, M. Assessment of genetic diversity among some Iranian hazelnut genotypes using SSR markers. / M. Erfatpour, Y. Hamidogli, B. Kaviani, R. Fatahi, M. Falahati, D. Javadi, D. Hashemabadi // *AJCS* – 2011. – №5(10). – P. 1286 – 1291.

20. Freixas-Coutin, J. A. Development of a reliable *Corylus* sp. reference database through the implementation of a DNA fingerprinting test / J. A. Freixas-Coutin, S. An, J. Postman, N. V. Bassil, B. Yates, M. Shukla, P. K. Saxena // *Planta.* – 2019 - № 249(6). – P.1863-1874. - DOI: 10.1007/s00425-019-03131-4

21. Fussi, B. Molecular differentiation of Turkish and common hazels (*Corylus colurna* L. and *Corylus avellana* L.) using multiplexed nuclear microsatellite markers / B. Fussi, D. Kavaliauskas, M. Seho // *Annals of Forest Research* – 2019. – V. 62(2). – P.173-182 –DOI: 10.15287/afr.2019.1709

22. Ghanbari, A. Characterization of Iranian hazelnut (*Corylus avellana* L.) cultivars using microsatellite markers / A. Ghanbari, A. R. Talaie, A. Vezvaie, A. Akkac, P. Boccacci, R. Botta // *Acta horticultrae.* – 2005. - № 686 (686). – P. 111-116. - DOI: 10.17660/ActaHortic.2005.686.14

23. Gökirmak, T. Characterization of European hazelnut (*Corylus avellana*) cultivars using SSR markers. / T. Gökirmak, S.A. Mehlenbacher, N.V. Bassil // *Genet. Resour. Crop Evol.* - 2009. - № 56. – P. – 147-172. - DOI: 10.1007/s10722-008-9352-8

24. Gürcan, K. Development, characterization, segregation, and mapping of microsatellite markers for European hazelnut (*Corylus avellana* L.) from enriched genomic libraries and usefulness in genetic diversity studies / S. A. Mehlenbacher, R. Botta, P.

Boccacci // *Tree Genetics & Genomes*. – 2010. – №6(4). – P. 513-531. - DOI: 10.1007/s11295-010-0269-y.

25. Kafkas, S. Genetic Characterization of Hazelnut (*Corylus avellana* L.) Cultivars from Turkey Using Molecular Markers / S. Kafkas, Y. Dog̃an, A. Sabır, A. Turan, H. Seker // *Hortscience*. – 2009. – №44(6). – P. 1557–1561. – DOI: 10.21273/HORTSCI.44.6.1557

26. Leinemann, L. Genetic variation of chloroplast and nuclear markers in natural populations of Hazelnut (*Corylus avellana* L.) in Germany / L. Leinemann, W. Steiner, B. Hosius, O. Kuchma, W. Arenhövel, B. Fussi, B. Haase, R. Kätzel, M. Rogge, R. Finkeldey // *Plant Syst Evol*. – 2012. – №299 – P. 369–378. – DOI: 10.1007/s00606-012-0727-0

27. Marinoni, D.T. High density SNP mapping and QTL analysis for time of leaf budburst in *Corylus avellana* L. / D.T. Marinoni, N. Valentini, E. Portis, A. Acquadro, C. Beltramo, S.A. Mehlenbacher, T.C. Mockler, E.R. Rowley, R. Botta // *PLoS ONE* – 2018. – V.13(4). –e0195408. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0195408>

28. Martins, S. Genetic relationship among wild, landraces and cultivars of hazelnut (*Corylus avellana*) from Portugal revealed through ISSR and AFLP markers/ S. Martins, S. Fernanda, J. Matos, A. P. Silva, V. Carnide // *Plant Systematics and Evolution*. – 2013. – № 300(5). – P. 1035-1046. DOI: 10.1007/s00606-013-0942-3.

29. Martins, S. Western European wild and landraces hazelnuts evaluated by SSR markers / S. Martins, F. Simões, D. Mendonça, J. Matos, A. P. Silva, V. Carnide // *Plant Molecular Biology Reporter*. - 2015. - № 33(6). – P. 1712–1720. - DOI: 10.1007/s11105-015-0867-9

30. Mohammadzede, M. Genetic identity and relationships of hazelnut (*Corylus avellana* L.) landraces as revealed by morphological characteristics and molecular markers. / M. Mohammadzede, R. Fattahi, Z. Zamani, A. Khadivi-Khub. // *Scientia Horticulturae*. - 2014. - № 167. – P.17–26. - DOI: 10.1016/j.scienta.2013.12.025

31. Nas, M.N. Inclusion of polyamines in the medium improves shoot elongation in Hazelnut (*Corylus avellana* L.) micropropagation / M.N. Nas // *Turkish Journal of Agriculture and Forestry* – 2004. - № 28(3). – P. 189-194.

32. Öztürk, S. C. Molecular genetic diversity of the Turkish national hazelnut collection and selection of a core set / S. C. Öztürk, H. İ. Balık, S. K. Balık, G. Kızılcı, Ö. Duyar, S. Doğanlar, A. Frary // *Tree Genetics & Genomes* – 2017. – № 13 (113). – DOI: 10.1007/s11295-017-1195-z

33. Scaglione, D. High-density marker genotyping in Hazelnut (*Corylus avellana*). I. Genotyping-by-Sequencing Approach for Efficient SNP Discovery and DNA Typing / D. Scaglione, A. Fornasiero, F. Cattonaro, A. Pitoni, D. Torelli, D. Vittori, C. De Pace // *Acta Hort* – 2015. – V. 1100. – P. 63-69. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2015.1100.7>

34. Zhao, S. An assessment of the genetic diversity and population genetic structure concerning the *Corylus heterophylla* Fisch., grown in the Tieling district of Liaoning Province using SSR markers / S. Zhao, S.C. Su, Z.G. Chen, S.Y. Sheng, and Z. Wang // *J. Fruit Sci* – 2016. V. 33. P. 24–33. – <https://doi.org/10.21273/JASHS04887-19>

35. Zhao, T. Genetic diversity and population structure of Chinese *Corylus heterophylla* and *Corylus kweichowensis* using simple sequence repeat markers / T. Zhao, W. Ma, Q. Ma, Z. Yang, L. Liang, G. Wang, L. Wang // J. Amer. Soc. Hort. Sci. <https://doi.org/10.21273/JASHS04887-19>

36. Zong J.W., T.T. Zhao, Q.H. Ma, L.S. Liang, and G.X. Wang. Assessment of genetic diversity and population genetic structure of *Corylus mandshurica* in China using SSR markers / J.W. Zong, T.T. Zhao, Q.H. Ma, L.S. // PLoS One. – 2015. – V. 10(9). – <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0137528>