

Научная статья

УДК 633.854.54:633.52:575

DOI: 10.25230/2412-608X-2023-2-194-13-19

## Структура сорта масличного льна Ы 117 на основе полиморфных микросателлитных локусов

Татьяна Аркадьевна Челюстникова

Саида Заурбиевна Гучетль

ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК

Россия, 350038, г. Краснодар, ул. им. Филатова, д. 17  
saida.guchetl@mail.ru

**Аннотация.** Лен масличный является востребованной, высокорентабельной культурой. Современные стандарты селекции и семеноводства предполагают генетическую паспортизацию селекционных достижений. Микросателлитные последовательности ДНК являются эффективным инструментом для проведения работ по паспортизации сортового материала. Известно, что сорта-самоопылители масличного льна могут обладать внутрисортной гетерогенностью. В связи с этим была выполнена оценка генетической структуры сорта Ы 117 масличного льна селекции ВНИИМК с использованием системы микросателлитных ДНК-маркеров. Оценку генетической структуры сорта проводили на выборке из 40 отдельных растений. Для работы использовано 16 микросателлитных маркеров. Анализ продуктов ПЦР показал, что выборка растений однородна по 13 локусам. По две аллели выявлены у локусов Lu3, Lu21' и Lu27b. Анализ аллельного состояния отдельных растений сорта по этим трем полиморфным локусам выявил четыре группы растений с различным типом сочетания аллелей (биотипов): А (Lu3<sub>175</sub>Lu21'<sub>109</sub>Lu27b<sub>135</sub>), В (Lu3<sub>166</sub> Lu21'<sub>117</sub>Lu27b<sub>142</sub>), С (Lu3<sub>166</sub>Lu21'<sub>109</sub>Lu27b<sub>135</sub>) и D (Lu3<sub>175,166</sub>Lu21'<sub>109</sub>Lu27b<sub>135</sub>), с частотой 57,5 %; 37,5; 2,5 и 2,5 % соответственно. Полученные нами результаты показывают, что сорт Ы 117 можно рассматривать как совокупность биотипов. Основные биотипы А и В суммарно составляют 95 % выборки. Биотипы D и С (суммарно 5 % выборки), возможно, являются результатом переопыления между растениями биотипов А и В. В силу происхождения анализируемого сорта из нескольких уникальных по устойчивости к льноутомлению растений количе-

ство выявленных биотипов невелико. Однако, принимая во внимание допустимый уровень перекрестного опыления внутри сорта, со временем возможен сдвиг в соотношении биотипов и некоторое увеличение их числа. Соотношение биотипов может служить параметром для контроля стабильности сорта, которая является одним из определяющих критериев сорта согласно требованиям Международного союза защиты сортов растений (UPOV).

**Ключевые слова:** масличный лен, сорт, ДНК, SSR, полимеразная цепная реакция, генетическая структура

*Для цитирования:* Челюстникова Т.А., Гучетль С.З. Структура сорта масличного льна Ы 117 на основе полиморфных микросателлитных локусов // Масличные культуры. 2023. Вып. 2 (194). С. 13–19.

UDC 633.854.54:633.52:575

### Structure of oil flax cultivar Y 117 based on the polymorphic microsatellite loci

**Chelyustnikova T.A.**, analyst of the 2<sup>nd</sup> category

**Guchetl S.Z.**, head of the lab., leading researcher, PhD in biology

V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops

17 Filatova str., Krasnodar, 350038, Russia  
saida.guchetl@mail.ru

**Abstract.** Oil flax is a high-demand highly profitable crop. The modern standards of breeding and seed growing expect to the genetic passportization of the breeding achievement. Microsatellite sequences of DNA are an effective instrument to conduct the passportization of the genetic material. Oil flax cultivars-self-pollinators are known to be able to possess the intravarietal heterogeneity. That's why using a system of microsatellite DNA-markers, we estimated the genetic structure of the cultivar Y 117 of oil flax bred at the V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops. The estimation of the genetic structure was conducted in a series of 40 plants. We used 16 microsatellite markers in our work. The analysis of PCR products showed the series of plants is homogenous by 13 loci. Loci Lu3, Lu21, and Lu27b had two alleles. The analysis by three polymorphic loci of allele state of the separate plants of the cultivar revealed four groups of plants having a different type of allele combination (biotypes): A (Lu3<sub>175</sub>Lu21'<sub>109</sub> Lu27b<sub>135</sub>), B (Lu3<sub>166</sub>Lu21'<sub>117</sub>Lu27b<sub>142</sub>), C (Lu3<sub>166</sub>Lu21'<sub>109</sub>Lu27b<sub>135</sub>), and D (Lu3<sub>175,166</sub>Lu21'<sub>109</sub>Lu27b<sub>135</sub>) with a frequency of 57.5%, 37.5, 2.5, and 2.5%, respectively. Our results certifies that the cultivar Y 117 can be considered as a complex of bio-

types. The main biotypes A and B totally reach 95% of the series. The biotypes D and C (totally 5% of the series) possibly are a result of pollination between plants of biotypes A and B. In a view of origin of this cultivar from some unique by the resistance to flax sickness plants, the amount of reviled biotypes is little. However taking in to attention an admissible level of allogamy within a cultivar, with time a shift in a combination of biotypes and some increase in their amount is possible. The combination of biotypes can be used as a parameter to control the stability of a cultivar, which is one of the definitive criteria of a cultivar according to the requirements of the International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV).

**Key words:** oil flax, cultivar, DNA, SSR, polymerase chain reaction, genetic structure

**Введение.** Масличный лен является востребованной, высокорентабельной культурой, ареал возделывания которой стабильно расширяется. Популярность льна обусловлена ценными пищевыми и лечебно-профилактическими свойствами льняного масла, его уникальным жирнокислотным составом. В последнее десятилетие в РФ значительно увеличилась площади, отводимые под посевы льна. По данным Росстата, с 2010 по 2020 гг. посевные площади под масличным льном возросли с 267 до 1030 тыс. га [1]. В связи с этим расширяется сортимент культуры, создаются новые сорта с комплексом признаков, повышающих адаптивность к стрессовым факторам и стабилизирующих высокую урожайность.

Современные стандарты селекции и семеноводства предполагают генетическую паспортизацию селекционных достижений. Генетический паспорт является обязательной составляющей новых сортов сельскохозяйственных культур. Его данные востребованы при сертификации и коммерческом распространении семян. Генетические паспорта дают возможность регистрировать сорта, в дальнейшем их идентифицировать, контролировать их генетическую чистоту, проводить мониторинг этапов селекции и семеноводства [2].

Ранее методы паспортизации в основном базировались на морфологических и биохимических признаках. Однако при-

менение морфологических признаков ограничено временем и четкостью их проявления, существенно зависящих от условий произрастания объектов исследования. Паспортизация по биохимическим признакам ограничивается количеством полиморфных биохимических маркеров. Полиморфизм молекулы ДНК признан оптимальным источником для изучения генетического разнообразия биологических объектов и их идентификации [3; 4]. Микросателлитные последовательности (SSR) с высоким уровнем полиморфизма, широко распространенные в геноме, являются эффективным инструментом для проведения работ по паспортизации сортового материала сельскохозяйственных культур [5]. Для льна создана обширная база данных микросателлитных локусов [6; 7]. Разработаны системы SSR-маркеров, которые используются для изучения генетического разнообразия культурного льна и идентификации его сортов [8; 9]. Известно, что некоторые сорта-самоопылители масличного льна обладают определенным внутрисортным генетическим разнообразием [10]. Но не для всех сортов масличного льна селекции ВНИИМК это разнообразие было изучено.

Целью данной работы является оценка генетической структуры сорта Ы 117 масличного льна селекции ВНИИМК с использованием системы микросателлитных ДНК-маркеров.

**Материалы и методы.** Материалом для исследования служил сорт масличного льна Ы 117 селекции ВНИИМК.

Оценку генетической структуры сорта проводили на выборке из 40 отдельных растений, которые были этикированы и распределены в четыре объединенные пробы (по 10 случайных растений в каждой) (табл. 1).

Таблица 1

**Формирование объединенных проб ДНК**

№ пробы	№ растений
I	1–10
II	11–20
III	21–30
IV	31–40

ДНК выделяли СТАВ-методом [11]. Для работы использован набор из 16 пар праймеров, фланкирующих полиморфные микросателлитные локусы сортов масличного льна [9; 12]. Амплификацию ДНК проводили в реакционной смеси следующего состава: 67 мМ трис-НСl, рН 8,8; 16,6 мМ сульфата аммония; 3 мМ MgCl<sub>2</sub>; 0,01 % Tween 20; по 0,2 мМ каждого из дезоксирибонуклеозидфосфатов; 10 пМ праймера; 10 нг матричной ДНК и 1 ед. рекомбинантной термостабильной ДНК полимеразы (Сибэнзим, Москва). Полимеразные цепные реакции проходили в термоциклере S1000™ (BioRad, США) при соблюдении режима смены температур, оптимального для нуклеотидной последовательности праймеров. Электрофоретическое разделение продуктов амплификации проводили в 8%-ном полиакриламидном геле, приготовленном на 1хТБЕ буфере, в камере для вертикального электрофореза VE-20 (Хеликон, Россия). Окрашивание гелей проведено в водном растворе бромистого этидия. Визуализировали фрагменты ДНК и определяли их размер с использованием программного обеспечения трансиллюминатора BioPrint (Vilber Lourmat, Франция) относительно маркера длины фрагментов ДНК GeneRuler 100 bp DNA Ladder Thermo Scientific (Сибэнзим, Россия). В качестве положительного контроля использовали ДНК растения сорта Снегурок, для которого был установлен линейный характер [10].

**Результаты и обсуждение.** Для оценки генетической однородности объединенных проб провели реакции амплификации ДНК каждой пробы с набором из 16 пар праймеров, фланкирующих микросателлитные локусы. В большинстве случаев у ДНК объединенной пробы амплифицировался один фрагмент, что расценивалось как идентичность включенных в пробу растений по данному локусу. Генетическая неоднородность пробы по SSR-локусу прояв-

лялась амплификацией более одного фрагмента. На рисунке 1 представлены фореграммы продуктов амплификации ДНК объединенных проб с праймерами Lu18 и Lu27.

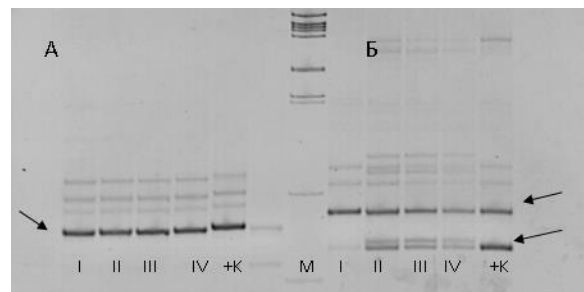


Рисунок 1 – Продукты ПЦР с праймерами Lu18 (А) и Lu27 (Б).

Дорожки: I, II, III, IV – объединенные пробы ДНК растений сорта Ы 117; +К – положительный контроль; М – маркер молекулярного веса. Стрелками показаны информативные зоны

Продуктом амплификации с праймером Lu18 для каждой из четырех проб (I–IV) явился единый фрагмент размером 170 пар нуклеотидов, что указывает на однородность выборки из 40 растений по данному локусу.

Анализ хромосомной локализации фланкирующих нуклеотидных последовательностей локуса Lu27 определил их расположение на хромосомах 2 и 13 в референсном геноме *L. usitatissimum* (13), и, как следствие, при проведении ПЦР амплифицируется два маркерных локуса, обозначенные как Lu27a и Lu27b. В данном исследовании для локуса Lu27a продемонстрирована амплификация фрагмента размером 180 пар нуклеотидов (п.н.) в каждой из четырех проб. У локуса Lu27b было выявлено две аллели (135 п.н. и 140 п.н.) в пробах II, III, IV. В пробах I и положительного контроля амплифицирован один аллель размером 135 п.н. (рисунок).

Анализ продуктов ПЦР четырех объединенных проб с 16 парами праймеров показал, что пробы однородны по большей части локусов. По две аллели выявлены у локусов Lu3, Lu21' и Lu27b (табл. 2).

Таблица 2

**Оценка однородности объединенных проб с использованием 16 SSR-локусов**

Локус	Проба			
	I	II	III	IV
Lu1	173	173	173	173
Lu2	170	170	170	170
Lu3	175, 166	175, 166	175, 166	175, 166
Lu6	156	156	156	156
Lu7	151	151	151	151
Lu8	160	160	160	160
Lu9	113	113	113	113
Lu10	164	164	164	164
Lu11	118	118	118	118
Lu18	170	170	170	170
Lu21'	109, 117	109, 117	109, 117	109, 117
Lu24	183	183	183	183
Lu25	140	140	140	140
Lu27b	140	140, 135	140, 135	140, 135
Lu31	135	135	135	135
Lu37	127	127	127	127

Для определения генетической структуры сорта были проведены ПЦР с ДНК отдельных растений с маркерами Lu3, Lu21' и Lu27b, по которым определена неоднородность аллельного состава. Результаты отражены в таблице 3.

Таблица 3

**Аллельное состояние отдельных растений по полиморфным локусам**

№ растения	Локус		
	Lu3	Lu21'	Lu27b
1	175	109	135
2	166	117	142
3	175	109	135
4	166	117	142
5	175	109	135
6	175	109	135
7	175, 166	109	135
8	175	109	135
9	175	109	135
10	175	109	135
11	166	117	142
12	166	117	142
13	166	117	142
14	175	109	135
15	175	109	135
16	175	109	135
17	175	109	135
18	166	117	142
19	175	109	135
20	175	109	135
21	166	117	142
22	166	117	142
23	166	117	142
24	175	109	135
25	175	109	135
26	175	109	135
27	166	117	142

Продолжение таблицы 3

1	2	3	4
28	175	109	135
29	175	109	135
30	166	117	142
31	166	117	142
32	166	117	142
33	166	117	142
34	175	109	135
35	166	109	135
36	166	117	142
37	175	109	135
38	175	109	135
39	175	109	135
40	166	117	142

Анализ аллельного состояния отдельных растений сорта по полиморфным локусам выявил четыре группы растений (биотипов) с различным типом сочетания аллелей (табл. 4). Биотип Lu3<sub>175</sub>Lu21'<sub>109</sub>Lu27b<sub>135</sub>, обозначенный как А, определен у 23 растений, что составляет 57,5 % от всех анализированных растений выборки. Биотип Lu3<sub>166</sub>Lu21'<sub>117</sub>Lu27b<sub>142</sub>, обозначенный как В, выявлен у 15 растений, что составляет 37,5 %. Биотип Lu3<sub>166</sub>Lu21'<sub>109</sub>Lu27b<sub>135</sub>, обозначенный как С, определен у одного растения, что составляет 2,5 %. Биотип Lu3<sub>175,166</sub>Lu21'<sub>109</sub>Lu27b<sub>135</sub>, обозначенный как D, также определен у одного растения с такой же частотой встречаемости, как у предыдущего.

Таблица 4

**Частота встречаемости биотипов растений масличного льна сорта Ы 117**

Биотип	Локус			Число растений	%
	Lu3	Lu21'	Lu27b		
А	175	109	135	23	57,5
В	166	117	142	15	37,5
С	166	109	135	1	2,5
D	175, 166	109	135	1	2,5

Сорт масличного льна Ы 117 является результатом адаптивной селекции масличного льна на льноутомление, выведен методом индивидуального отбора из линии на жестком фоне после 3-летней монокультуры льна. В эпицентре очага фузариозного увядания были обнаружены и отобраны несколько растений без признаков болезни. Эти растения явились источником для получения сорта, который

характеризуется полной устойчивостью ко льноутомлению и высокой полевой устойчивостью к фузариозному увяданию [13]. Индивидуальный отбор является основным методом отбора у самоопылителей. В результате его применения создаются сорта, выровненные по морфологическим и основным хозяйственно важным признакам. Однако изучение сортов культур-самоопылителей показывает, что многие из них представляют собой смесь биотипов [14; 15]. Полученные нами результаты демонстрируют, что сорт Ы 117 можно рассматривать как совокупность биотипов. Основные биотипы А и В суммарно представляют 95 % выборки. Для масличного льна, который является самоопылителем, вероятность перекрестного опыления составляет 1–5 % [16]. Биотипы D и C, возможно, являются результатом переопыления между растениями биотипов А и В. В силу происхождения анализируемого сорта из нескольких уникальных по устойчивости к льноутомлению растений, количество выявленных биотипов невелико. Например, для сортов-самоопылителей ярового рапса по микросателлитным маркерам было выявлено по пять биотипов [15]. Однако, принимая во внимание допустимый уровень перекрестного опыления внутри сорта, со временем возможен сдвиг в соотношении биотипов и некоторое увеличение их числа. Так, исследованные нами ранее сорта Нилин, Август и Даник представляли собой популяции, состоящие из набора генотипов с различной частотой встречаемости без четко выраженных биотипов [10]. Соотношение биотипов может служить параметром для контроля стабильности сорта, которая является одним из определяющих критериев сорта согласно требованиям Международного союза защиты сортов растений (UPOV). Выявление биотипов в структуре сорта может послужить начальным этапом в создании сублиний, или в случае с культурами-самоопылителями, сортов, если выделенные биотипы различаются по

каким-либо хозяйственно ценным признакам. С этой целью необходимо проводить сравнительную оценку биотипов с исходным сортом по показателям основных признаков. Биотипы, превосходящие исходные варианты, в дальнейшем могут быть использованы для создания нового селекционного материала [15].

**Заключение.** Проведена работа по молекулярной паспортизации сорта масличного льна Ы 117. В качестве инструмента использован набор из 16 микросателлитных локусов. Определено, что 13 локусов мономорфны, три локуса полиморфны. С учетом полиморфных локусов в сорте выявлено четыре варианта генотипов: А ( $Lu3_{175}Lu21'_{109}Lu27b_{135}$ ), В ( $Lu3_{166}Lu21'_{117}Lu27b_{142}$ ), С ( $Lu3_{166}Lu21'_{109}Lu27b_{135}$ ) и D ( $Lu3_{175,166}Lu21'_{109}Lu27b_{135}$ ). Генотипы А и В представляют генетическую основу сорта, так как в сумме эти биотипы составляют 95 %.

#### Список литературы

1. Сельское хозяйство в России 2021: Стат. сбор. / Под редакцией К.Э. Лайменко. – М., Росстат, 2021. – 100 с.: [Электронный ресурс]. – Режим доступа: [https://rosstat.gov.ru/storage/mediabank/S-X\\_2021.pdf](https://rosstat.gov.ru/storage/mediabank/S-X_2021.pdf).
2. Сухарева А.С., Кулуев Б.Р. ДНК-маркеры для генетического анализа сортов культурных растений // Биомика. – 2018. – Т. 10. – № 1. – С. 69–84. DOI: 10/31301/2221-6197.bmcs.2018-15.
3. Gasi F., Sehic J., Grahic J., Hjeltnes S.H., Ordidge M., Benedikova D., Blouin-Delmas M., Drogoudi P., Giovannini D., Hofer M., Kahu K., Kovacs S., Lacis G., Lateur M., Toldam-Andersen T.B., Ognjanov V., Nybom H. Genetic assessment of the pomological classification of plum *Prunus domestica* L. accessions sampled across Europe // Genetic Resources and Crop Evolution. – 2020. – V. 67. – P. 1137–1161. DOI: 10.1007/s10722-020-00901-y.
4. Леонова И.Н. Молекулярные маркеры: использование в селекции зерновых культур для идентификации, интрогрессии и пирамидирования генов // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2013. – Т. 17. – № 2. – С. 314–323.

5. Косолапов В.М., Козлов Н.Н., Клименко И.А., Золотарев В.Н. Генетическая паспортизация селекционных достижений кормовых культур // Вестник Российской сельскохозяйственной науки. – 2020. – № 5. – С. 40–46. DOI: 10.30850/vrsn/2020/5/40-46.

6. Varshney R.K., Glaszmann J.-C., Leung H., Ribaut J.-M. More genomic resources for less-studied crops // Trends Biotechnol. – 2010. – 28 (9). – P. 450–460. DOI: 10.1016/j.tibtech.2010.06.007.

7. A. Chan Liu, Qing Tang, Chaohua Cheng, Yi Xu, Zemao Yang, Zhigang Dai and Jianguang Su. Mining, characterization and application of transcriptome-based SSR markers in Chinese jiaotou // Plant Genetic Resources. – 2018. – Vol. 16. – Is. 4. – P. 306–314. DOI: 10.1017/S14792621170003388.

8. Базанов Т.А., Ущановский И.В., Логина Н.Н., Смирнова Е.В., Михайлова П.Д. Формирование системы генетической паспортизации масличного льна // Аграрная наука. – 2020. – № 7–8. – С. 80–83. DOI: 10.32634/0869-8155-2020-340-7-80-83.

9. Гучетль С.З., Челюстникова Т.А. Генотипирование сортов льна масличного с использованием системы микросателлитных ДНК маркеров // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. – 2020. – Т. 21. – № 5. – С. 531–539. DOI: 10.30766/2072-9081.2020.21.5.531-539.

10. Гучетль С.З., Челюстникова Т.А., Аверина А.А. Анализ структуры сортов масличного льна на основе полиморфных микросателлитных локусов // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. – 2022. – Т. 23. – № 2. – С. 184–193. DOI: 10.30766/2072-9081.2022.23.2.184-193.

11. Saghai-Marooif M.A., Soliman K.M., Jorgensen R.A., Allard R.W. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics // PNAS USA. – 1984. – V. 81. – P. 8014–8018.

12. Челюстникова Т.А., Аверина А.А., Гучетль С.З., Золотавина М.Л., Рамазанова С.А., Волошко А.А., Логинова Е.Д. Оптимизация маркерной системы для генотипирования сортов льна масличного коллекции ВНИИМК // Аграрная наука. – 2022. – № 4. –

С. 57–61. DOI: 10.32634/0869-8155-2022-358-410.

13. Зеленцов В.С., Рябенко Л.Г., Зеленцов С.В., Мошненко Е.В., Овчарова Л.Р., Складов С.В. Сорт масличного льна Ы 117 // Масличные культуры. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2018. – Вып. 4 (176). – С. 181–184. DOI: 10.25230/241-608X-2018-4-176-181-18-57-61.

14. Пухальский В.А. Проблемы генетической теории селекции растений // Вестник ВОГиС. – 2005. – Т. 9. – № 3. – С. 306–316.

15. Рогожина Т.Г., Анискина Ю.В., Карпачев В.В., Шилов И.А. Использование микросателлитного анализа для выявления биотипов у сортов ярового рапса (*Brassica napus* L.) // Масличные культуры. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2015. – Вып. 2 (162). – С. 27–33.

16. Зеленцов В.С., Мошненко Е.В., Рябенко Л.Г., Овчарова Л.Р. Типы и способы естественного опыления льна обыкновенного *Linum usitatissimum* L. // Масличные культуры. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2018. – Вып. 1 (173). – С. 105–113. DOI: 10.25230/2412-608X-2018-1-173-105-113.

## References

1. Sel'skoe khozyaystvo v Rossii 2021: Stat. sbor. / Pod redaktsiey K.E. Laymenko. – M., Rosstat, 2021. – 100 s.: [Elektronnyy resurs]. – Rezhim dostupa: [https://rosstat.gov.ru/storage/mediabank/S-X\\_2021.pdf](https://rosstat.gov.ru/storage/mediabank/S-X_2021.pdf).

2. Sukhareva A.S., Kuluev B.R. DNK-markery dlya geneticheskogo analiza sortov kul'turnykh rasteniy // Biomika. – 2018. – Т. 10. – № 1. – S. 69–84. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2018-15.

3. Gasi F., Sehic J., Grahic J., Hjeltnes S.H., Ordidge M., Benedikova D., Blouin-Delmas M., Drogoudi P., Giovannini D., Hofer M., Kahu K., Kovacs S., Laci G., Lateur M., Toldam-Andersen T.B., Ognjanov V., Nybom H. Genetic assessment of the pomological classification of plum *Prunus domestica* L. accessions sampled across Europe // Genetic Resources and Crop Evolution. – 2020. – V. 67. – P. 1137–1161. DOI: 10.1007/s10722-020-00901-y.

4. Leonova I.N. Molekulyarnye markery: ispol'zovanie v selektsii zernovykh kul'tur dlya

идентификации, интродукции и пирамидирования генотипов // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2013. – Т. 17. – № 2. – С. 314–323.

5. Kosolapov V.M., Kozlov N.N., Klimenko I.A., Zolotarev V.N. Geneticheskaya passportizatsiya selektsionnykh dostizheniy kormovykh kul'tur // Vestnik Rossiyskoy sel'skokhozyaystvennoy nauki. – 2020. – № 5. – С. 40–46. DOI: 10.30850/vrsn/2020/5/40-46.

6. Varshney R.K., Glaszmann J.-C., Leung H., Ribaut J.-M. More genomic resources for less-studied crops // Trends Biotechnol. – 2010. – 28 (9). – P. 450–460. DOI: 10.1016/j.tibtech.2010.06.007.

7. A. Chan Liu, Qing Tang, Chaohua Cheng, Yi Xu, Zemaoyang, Zhigang Dai and Jianguang Su. Mining, characterization and application of transcriptome-based SSR markers in Chinese jiaotou // Plant Genetic Resources. – 2018. – Vol. 16. – Is. 4. – P. 306–314. DOI: 10.1017/S14792621170003388.

8. Bazanov T.A., Ushchapovskiy I.V., Loginova N.N., Smirnova E.V., Mikhaylova P.D. Formirovanie sistemy geneticheskoy passportizatsii maslichnogo l'na // Agrarnaya nauka. – 2020. – № 7–8. – С. 80–83. DOI: 10.32634/0869-8155-2020-340-7-80-83.

9. Guchetl' S.Z., Chelyustnikova T.A. Genotipirovanie sortov l'na maslichnogo s ispol'zovaniem sistemy mikrosatelitnykh DNK markerov // Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka. – 2020. – Т. 21. – № 5. – С. 531–539. DOI: 10.30766/2072-9081.2020.21.5.531-539.

10. Guchetl' S.Z., Chelyustnikova T.A., Averina A.A. Analiz struktury sortov maslichnogo l'na na osnove polimorfnykh mikrosatelitnykh lokusov // Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka. – 2022. – Т. 23. – № 2. – С. 184–193. DOI: 10.30766/2072-9081.2022.23.2.184-193.

11. Saghai-Marroof M.A., Soliman K.M., Jorgensen R.A., Allard R.W. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics // PNAS USA. – 1984. – V. 81. – P. 8014–8018.

12. Chelyustnikova T.A., Averina A.A., Guchetl' S.Z., Zolotavina M.L., Ramazanova S.A., Voloshko A.A., Loginova E.D. Optimizatsiya markernoy sistemy dlya genotipiro-

vaniya sortov l'na maslichnogo kollektsii VNIIMK // Agrarnaya nauka. – 2022. – № 4. – С. 57–61. DOI: 10.32634/0869-8155-2022-358-410.

13. Zelentsov V.S., Ryabenko L.G., Zelentsov S.V., Moshnenko E.V., Ovcharova L.R., Sklyarov S.V. Sort maslichnogo l'na Y 117 // Maslichnye kul'tury. Nauch.-tekh. byul. VNIIMK. – 2018. – Vyp. 4 (176). – С. 181–184. DOI: 10.25230/241-608Kh-2018-4-176-181-18-57-61.

14. Pukhal'skiy V.A. Problemy geneticheskoy teorii selektsii rasteniy // Vestnik VOGiS. – 2005. – Т. 9. – № 3. – С. 306–316.

15. Rogozhina T.G., Aniskina Yu.V., Karpachev V.V., Shilov I.A. Ispol'zovanie mikrosatelitnogo analiza dlya vyyavleniya biotipov u sortov yarovogo rapisa (*Brassica napus* L.) // Maslichnye kul'tury. Nauch.-tekh. byul. VNIIMK. – 2015. – Vyp. 2 (162). – С. 27–33.

16. Zelentsov S.V., Moshnenko E.V., Ryabenko L.G., Ovcharova L.R. Tipy i sposoby estestvennogo opyleniya l'na obyknovennogo *Linum usitatissimum* L. // Maslichnye kul'tury. Nauch.-tekh. byul. VNIIMK. – 2018. – Vyp. 1 (173). – С. 105–113. DOI: 10.25230/2412-608X-2018-1-173-105-113.

## Сведения об авторах

**Т.А. Челюстникова**, аналитик 2-й категории

**С.З. Гучетль**, зав. лаб., вед. науч. сотр., канд. биол. наук

*Получено/Received*

10.04.2023

*Получено после рецензии/Manuscript peer-reviewed*

12.04.2023

*Получено после доработки/Manuscript revised*

14.04.2023

*Принято/Accepted*

26.04.2023

*Manuscript on-line*

30.06.2023