

Научная статья

УДК 631.523:633.854.78

DOI: 10.25230/2412-608X-2024-1-197-17-23

Характеристика Rf-линий подсолнечника коллекции ВНИИМК с помощью микросателлитных маркеров ДНК

Саида Заурбиевна Гучетль¹
Елизавета Дмитриевна Логинова¹
Игорь Васильевич Рябовол¹
Анна Владимировна Головатская¹
Дмитрий Леонидович Савиченко¹
Анастасия Александровна Волошко¹
Оксана Михайловна Борисенко¹
Валентина Демьяновна Савченко¹
Сергей Сергеевич Фролов²
Олег Федорович Горбаченко²
Анастасия Александровна Пихтярева¹

¹ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК
350038, Россия, г. Краснодар, ул. Филатова, д. 17
molecula.genetic@vniimk.ru

²Донская опытная станция – филиал ФГБНУ ФНЦ
ВНИИМК
346754, Ростовская область, Азовский район,
пос. Опорный, ул. Жданова, д. 2
gnudos@mail.ru

Аннотация. Подсолнечник – одна из наиболее рентабельных масличных культур. Задача селекции подсолнечника – создание новых высокоурожайных гибридов. Для ее решения важное значение имеет генетическое разнообразие исходного селекционного материала. Оценить это разнообразие можно с использованием молекулярно-генетических маркеров, в частности микросателлитов. Цель данной работы заключалась в генотипировании коллекции Rf-линий, анализе ее генетического разнообразия с помощью микросателлитных маркеров. Анализ для 54 Rf-линий коллекции ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК выполнен с помощью 12 SSR-маркеров. По этим маркерам были составлены генетические паспорта для всех изучаемых линий и определены основные показатели информативности SSR-локусов. Коллекция характеризовалась большим генетическим разнообразием, в сумме были получены (Na) 55 аллелей,

в среднем 4,58 аллеля на локус. Эффективное число аллелей (Ne) в среднем 2,48. Индекс полиморфного информационного содержания (PIC) составил 0,51. Уровень гетерогенности линий был достаточно низким (5,5 %), что говорит об их хорошей генетической выровненности. По результатам анализа коллекция была разделена на два кластера на уровне объединения 15,8. Минимальная генетическая дистанция между линиями составила 0. Первый кластер сформировали 11 линий. Большая часть линий (43 шт.) образовали второй кластер. Уникальность коллекции составила 91 %.

Ключевые слова: генетическое разнообразие, генотипирование, подсолнечник, *Helianthus annuus*, маркер, SSR, линии-восстановители фертильности

Для цитирования: Гучетль С.З., Логинова Е.Д., Рябовол И.В., Головатская А.В., Савиченко Д.Л., Волошко А.А., Борисенко О.М., Савченко В.Д., Фролов С.С., Горбаченко О.Ф., Пихтярева А.А. Характеристика Rf-линий подсолнечника коллекции ВНИИМК с помощью микросателлитных маркеров ДНК // Масличные культуры. 2024. Вып. 1 (197). С. 17–23

UDC 631.523:633.854.78

Characteristic of Rf-lines from sunflower collection of VNIIMK using microsatellite DNA-markers

Guchetl S.Z.¹, head of the lab., leading researcher, PhD in biology

Loginova E.D.¹, junior researcher

Ryabovol I.V.¹, junior researcher

Golovatskaya A.V.¹, junior researcher

Savichenko D.L.¹, researcher

Voloshko A.A.¹, analyst

Borisenko O.M.¹, head of the lab., leading researcher, PhD in biology

Savchenko V.D.¹, expert of 2nd category, PhD in agriculture

Frolov S.S.², PhD in agriculture

Gorbachenko O.F.², head of the department, chief researcher, doctor of agriculture

Pikhtyaryova A.A.¹, leading researcher, PhD in biology

¹V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops

17 Filatova str., Krasnodar, 350038, Russia
molecula.genetic@vniimk.ru

²Don experimental station – a branch of V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops
2 Zhdanova str., Oporny settl., Azov district, Rostov region 346754, Russia
gnudos@mail.ru

Abstract. Sunflower is one of the most profitable oil crops. The task of sunflower breeding is development of highly productive hybrids. The genetic diver-

sity of initial germplasm is very important in this case. Molecular-genetic markers, particularly microsatellites, are used for the estimation of such material. The purpose of this research concluded in the genotyping of an Rf-lines collection, analyzing its genetic diversity using microsatellite markers. The analysis of 54 Rf-lines from a collection of V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops was carried out using 12 SSR-markers. Genetic passports of all studied lines were composed by these markers, the main indicators of SSR-loci information capacity were determined. The collection is characterized with a high genetic diversity, in total (Na) 55 alleles were obtained, in average 4.58 alleles per locus. An effective allele amount (Ne) averaged 2.48. An index of polymorphic information content (PIC) was 0.51. A level of line heterogeneity was quite low (5.5%) that certifies their good genetic uniformity. Due to the results, the collection was divided in two cluster at a joint level of 15.8. A minimal genetic distance between lines was equal 0. Eleven lines formed one cluster. The most lines (43 pcs) formed another cluster. The uniqueness of the collection was 91%.

Key words: genetic diversity, genotyping, sunflower, *Helianthus annuus*, marker, SSR, lines-restorers of fertility

Введение. Поскольку селекция гибридов подсолнечника представляет собой динамично развивающуюся отрасль сельского хозяйства, для эффективной реализации селекционных программ необходимо создавать новый исходный материал, отличающийся генетическим разнообразием. Надежным инструментом в изучении и поддержании разнообразия выступает анализ ДНК. В последние годы все большую популярность приобретают методы анализа однонуклеотидного полиморфизма (SNP). С их помощью как у подсолнечника, так и у других сельскохозяйственных культур изучаются уровни разнообразия и популяционной структуры зародышевой плазмы [1; 2; 3]. Вместе с тем не теряют своей актуальности и микросателлитные (SSR) маркеры, быстрый прогресс в использовании которых отмечен с начала 2000-х годов. Они характеризуются богатым аллельным разнообразием и высокой степенью гетерозиготности, вследствие чего активно используются как для создания генетических паспортов сельскохозяйственных культур, так и для мониторинга аллелофонда коллекций ис-

ходного материала для селекции [4; 5; 6; 7]. Так, L.S. Zhang с соавторами разработали систему из 78 SSR-маркеров подсолнечника и с ее помощью определили генетическое разнообразие 124 инбредных линий, включая 67 материнских (стерильных) и 57 линий-восстановителей фертильности [5]. И.А. Шилов с соавторами на основе семи микросателлитных локусов (ORS815, ORS394, HA140, HA432, ORS546, ORS1144, ORS78) разработал мультиплексную систему генетической идентификации линий и гибридов подсолнечника, идентифицировал девять гибридов и их родительских форм, установил их однородность по всем локусам [8]. В ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК разработана система микросателлитных маркеров для генотипирования подсолнечника, и с ее помощью проводится идентификация, паспортизация и оценка генетической чистоты линий и гибридов [6; 9]. Целью данной работы является генотипирование коллекции Rf-линий, анализ ее генетического разнообразия с помощью микросателлитных маркеров.

Материалы и методы. Анализ генетического разнообразия выполнен для 54 Rf-линий коллекции ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК, включающей наиболее ценные селекционные формы (табл. 1).

Таблица 1

54 Rf-линии подсолнечника ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК, использованные в работе

Название линии	Происхождение
ВК585, ВК303, ВК551, ВК529-1, ВК548, ВК549-1, ВК595-1, ВК595, ВК525, ВК989, ВК930, ВК944, МоР, Лос006, ВК301, ВК304, И613033, К3619, ВК195, ВК305, ВК23-ими, ВК21-сур, ВК21-клп, СОНО-1, СОНО-2, СОНО-3, ЭОЛ-1, ЭОЛ-2, ЭОЛ-3, ЭОЛ-4, ЭОЛ-5, ЭОЛ-6, ЭОЛ-7, ЭОЛ-8, ЭОЛ-9, ЭОЛ-10, ЭОЛ-11, ЭОЛ-12, ЭОЛ-13, ЭОЛ-14	Центральная экспериментальная база (ЦЭБ ВНИИМК) ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК
ЭД114, ЭД155, ВД541, ЭД193, ЭД788	Донская опытная станция имени Л.А. Жданова (ДОС ВНИИМК) – филиал ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК
ВА337, ВА384, ВА389, ВА568, ВА737, ВА820, ВА325, ВА317	Армавирская опытная станция (АОС ВНИИМК) – филиал ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК

ДНК была выделена из смеси сухих зародышей пяти семян каждой линии с помощью набора МагноПрайм® ФИТО (НекстБио, РФ) на автоматической станции Auto-pure 96 (Allsheng, КНР). Концентрацию и качество полученной ДНК определяли с помощью микроспектрофотометра Nano-300 (Allsheng, КНР).

Для проведения ПЦР использовали 25 мкл реакционной смеси следующего состава: 67 мМ трис-НСl, рН8,8; 16,6 мМ сульфата аммония; 2,5 мМ MgCl₂; 0,01%-ный Tween 20; по 0,2 мМ каждого dNTP; по 10 пМ каждого праймера; 10 нг матричной ДНК и 1 ед. рекомбинантной термостабильной ДНК полимеразы (Синтол, РФ). Амплификацию выполняли в термоциклере MiniAmp™ plus (Thermo Scientific, США) при следующих температурно-временных режимах: начальная денатурация при 96 °С в течение 2 мин, затем 30 циклов при температурно-временном режиме: денатурация при 94 °С – 30 сек, отжиг при 60 °С – 40 сек, элонгация при 70 °С – 1 мин, финальная элонгация при 70 °С – 2 мин. Все образцы были генотипированы с использованием 12 опубликованных геномных SSR-маркеров [10; 11; 12].

Разделение продуктов амплификации SSR-локусов, полученных с использованием пары праймеров, один из которых был флуоресцентно мечен (FAM, R6G, TAMRA или ROX), осуществляли методом капиллярного электрофореза в денатурирующих условиях на генетическом анализаторе «Нанофор-05» (ИАП РАН, РФ). Размер фрагментов определяли относительно размерного стандарта СД-600 с помощью GeneMarker software version 3.0.1. (State College, PA). Индекс полиморфного информационного содержания (PIC) и эффективное число аллелей (Ne) вычисляли с помощью программного обеспечения Gene-Calc [13].

Для оценки генетических взаимосвязей применялся иерархический кластерный анализ с помощью функции hclust() стандартного программного пакета stats для

языка программирования R версии 4.3.2 (R Core Team, 2023) по методу ward.D2 [14].

Результаты и обсуждение. Для генотипирования и определения генетического разнообразия линий по результатам наших предыдущих исследований были отобраны 12 микросателлитных маркеров, часть из которых разработана в лаборатории молекулярно-генетических исследований ВНИИМК. Критерием отбора маркеров служил высокий или средний дискриминационный потенциал (PIC > 0,3), кодоминантное наследование и специфичность к целевому локусу [6; 12]. По этим маркерам были составлены генетические паспорта для всех изучаемых 54 линий. По результатам генотипирования были определены основные показатели информативности SSR-локусов (табл. 2).

Таблица 2

Основные показатели информативности 12 SSR-локусов у 54 Rf-линий ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК

SSR-локус	Na	Ne	PIC
Размах варьирования признака	2–10	1,25–5,78	0,20–0,83
Среднее	4,58	2,48	0,51

Примечание: Na – число аллелей на локус, Ne – эффективное число аллелей, PIC – индекс полиморфного информационного содержания

Для коллекции образцов в сумме были получены 55 аллелей. Количество аллелей на локус составило от 2 до 11, в среднем 4,58 аллелей на локус. Эффективное число аллелей варьировало от 1,25 до 5,78 при среднем значении 2,48. PIC – от 0,20 до 0,83, в среднем – 0,51. Эти показатели характеризуют изученную коллекцию как отличающуюся большим разнообразием. Для коллекций, отличающихся общим происхождением или объединенных общим признаком, этот показатель обычно не превышает 0,4 [6; 15].

Поскольку для анализа брали не отдельные растения, а смесь генотипов, у трех образцов были выявлены от одного до двух локусов в гетерозиготном состоя-

нии, что свидетельствует о недостаточной выровненности линий по используемым маркерам или же загрязненности чужеродным генетическим материалом (рис. 1).

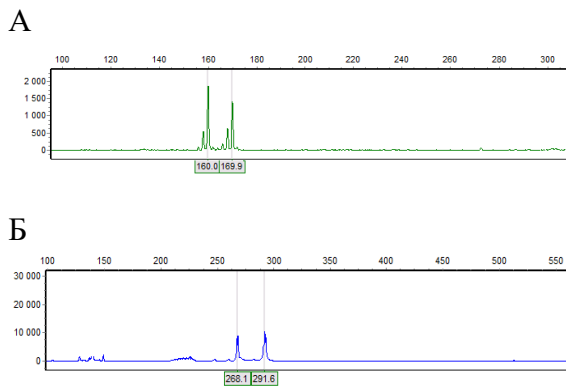


Рисунок 1 – ДНК-профили линии ВД 541 по SSR-маркерам HA 514 (А) и CHR682 (Б), полученные методом фрагментного анализа (ориг.)

Следует отметить, что уровень гетерогенности линий, наблюдаемый в настоящем исследовании, достаточно низкий (5,5 %), следовательно, инбредные линии все же генетически выровнены. Для определения генетических взаимоотношений между изучаемыми линиями подсолнечника выполнен кластерный анализ с построением диаграммы с помощью метода ward.D2 [14] (рис. 2).

По результатам анализа коллекция была разделена на два кластера на уровне объединения 15,8. Минимальная генетическая дистанция между линиями составила 0. Первый кластер сформировали 11 линий. Большая часть линий (43 шт.) образовали второй кластер. В первый кластер вошли селекционные линии ЦЭБ ВНИИМК и образцы ЭОЛ-1, ЭОЛ-2, ЭОЛ-7, ЭОЛ-9, ЭОЛ-11, ЭОЛ-13. Большим разнообразием отличался второй кластер, включающий Rf-линии как ЦЭБ, так и АОС и ДОС ВНИИМК. Ранее при оценке генетического разнообразия селекционных линий подсолнечника ВНИИМК с помощью микросателлитных локусов было установлено, что для линий

ЦЭБ, ДОС и АОС ВНИИМК была характерна группировка отцовских линий в отдельные кластеры или субкластеры, которые демонстрируют, соответственно, большую степень сходства [6]. ЦМС- и Rf-линии различного происхождения (США, Индия) с использованием 39 SSR-праймеров в исследованиях К. Т. Ramya с соавторами также сгруппированы в отдельные кластеры [15]. В наших исследованиях отцовские линии демонстрируют генетическую близость и формируют, преимущественно, один кластер. Это, вероятно, связано со сходством по признакам, которые характерны для линий-восстановителей фертильности.

Часть линий обладала идентичными генотипами по аллельному состоянию микросателлитных локусов. Всего таких групп было две (табл. 3).

Таблица 3

Распределение изученных линий в группы с идентичными генотипами по 12 микросателлитным маркерам

Номер группы	Линии с идентичными генотипами
I	ВА325, ВК21-сур, ВК21-клп
II	ВК304, ЭОЛ-1

Сходство образцов внутри каждой группы вполне закономерно, поскольку ВА325, ВК21-сур, ВК21-клп являются линиями-аналогами, а линии ВК304, ЭОЛ-1 имеют общее происхождение. Для идентификации таких близкородственных линий необходимо использовать либо большее число маркеров, либо маркеры к целевым генам, по которым велась селекция каждого аналога. Вместе с тем некоторые линии, которые также являлись близкородственными (например, ВК595-1 и ВК595), были дифференцированы друг от друга, что говорит о достаточной дискриминационной силе системы маркеров. Уникальность изученной коллекции Rf-линий составила 91 %.

Заключение. Таким образом, в результате проведенных исследований у коллекции из 54 Rf-линий подсолнечника селекции ВНИИМК был установлен

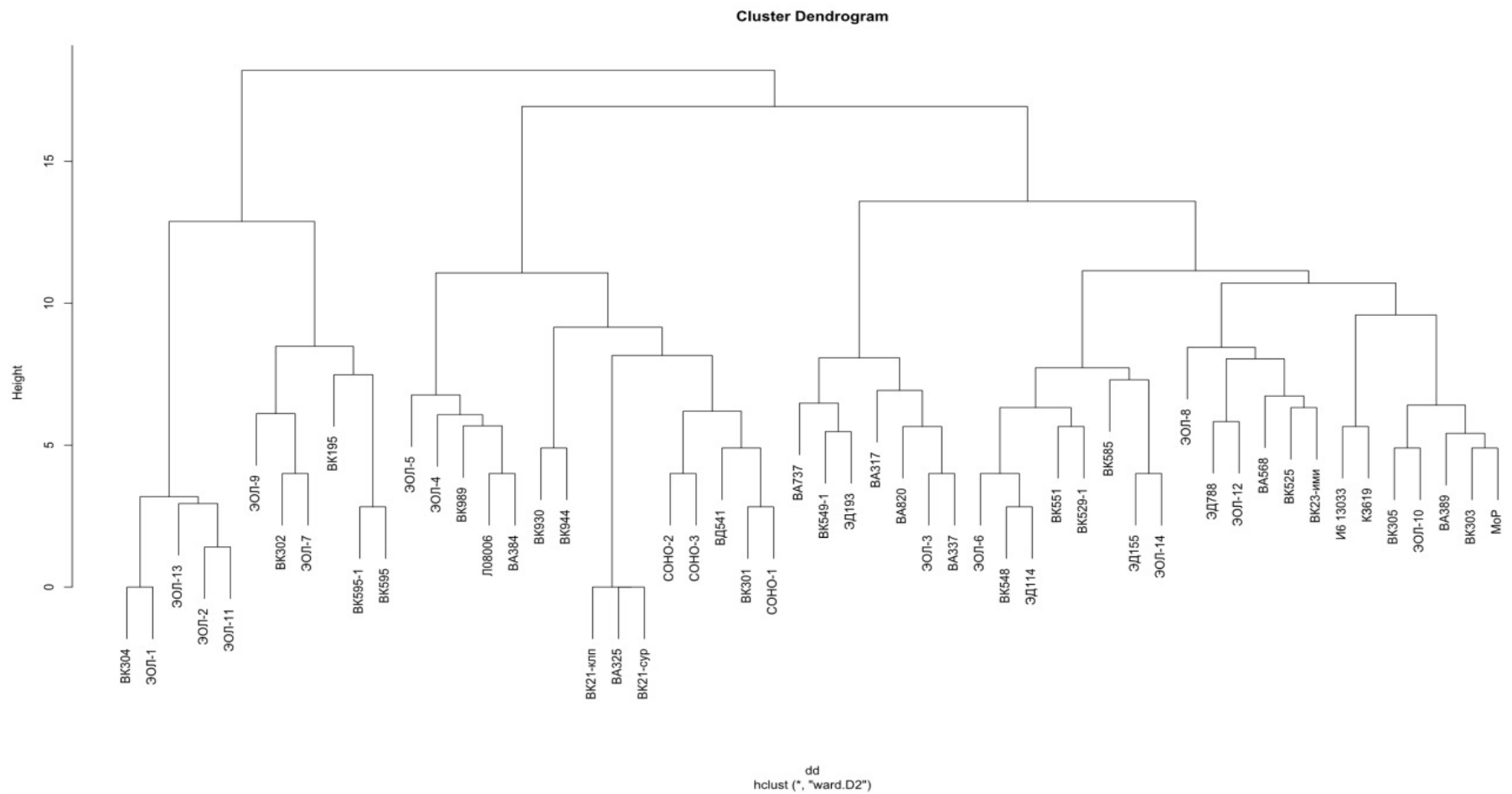


Рисунок 2 – Диаграмма генетических расстояний между 54 линиями подсолнечника коллекции ВНИИМК по результатам анализа полиморфизма 12 SSR-локусов

достаточно высокий уровень генетического разнообразия по 12 микросателлитным маркерам, уникальность 91 %. При построении дендрограммы генетических расстояний большинство линий формировало один кластер, что может быть следствием наличия признаков, объединяющих линии-восстановители фертильности.

Список литературы

1. Filippi C.V., Merino G.A., Montecchia J.F., Aguirre N.C., Rivarola M., Naamati G., Fass M.I., Álvarez D., Di Rienzo J., Heinz R.A., Contreras Moreira B., Lia V.V., Paniego N.B. Genetic diversity, population structure and linkage disequilibrium assessment among international sunflower breeding collections // *Genes*. – 2020. – 11 (3). – 283. DOI: 10.3390/genes11030283.

2. Goryunova S.V., Goryunov D.V., Chernova A.I., Martynova E.U., Boldyrev S.V., Ayupova A.F., Mazin P.V., Gurchenko E.A., Pavlova A.S., Petrova D.A., Dmitriev A.E., Chebanova Y.V., Gorlova L.A., Demurin Y.N., Garkusha S.V., Mukhina Z.M., Savenko E.G. Genetic and phenotypic diversity of the sunflower collection of the Pustovoit All-Russia Research Institute of Oil Crops (VNIIMK) // *Helia*. – 2019. – 42 (70). – P. 45–60. DOI: 10.1515/helia-2018-0021.

3. Velimirović A., Jovović Z., Perović D., Lehnert H., Mikić S., Mandić D., Pržulj N., Mangini G., Finetti-Sialer M.M. SNP diversity and genetic structure of “Rogosija”, an old Western Balkan durum wheat collection // *Plants*. – 2023. – 12 (5). – 1157. DOI: 10.3390/plants12051157.

4. Duca M., Port A., Cucereavî A., Şestacova T. SSR markers assessment in estimation of genetic polymorphism in sunflower // *International Journal of Advanced Research in Biological Sciences*. – 2015. – 2 (1). – P. 70–77.

5. Zhang L.S., Clerc V. Le, Li S., Zhang D. Establishment of an effective set of simple sequence repeat markers for sunflower variety identification and diversity assessment // *Canadian Journal of Botany*. – 2005. – V. 83. – P. 66–72. DOI: 10.1139/B04-155.

6. Гучетль С.З., Головатская А.В., Рамазанова С.А., Волошко А.А. Генетическое разнообразие линий подсолнечника российской селекции, выявленное с помощью анализа микросателлитных локусов // *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. – 2023. – Т. 24. – № 2. – С. 173–186.

7. Шилов И.А., Анискина Ю.В., Шалаева Т.В., Колобова О.С., Велишаева Н.С., Мищенко В.Н., Логвинов А.В. Создание современных гибридов

сахарной свёклы с применением микросателлитного анализа // *Сахар*. – 2020. – № 8. – С. 27–31.

8. Шилов И.А., Велишаева Н.С., Анискина Ю.В., Колобова О.С., Шалаева Т.В., Борисенко О.М., Демури Я.Н., Фролов С.С. Генетическая идентификация линий и гибридов подсолнечника *Helianthus annuus* L. на основе мультиплексного микросателлитного анализа // *Достижения науки и техники АПК*. – 2023. – Т. 37. – № 1. – С. 10–15.

9. Гучетль С.З., Фролов С.С., Кузнецова Е.С. Оптимизация определения параметров генетической чистоты линий подсолнечника на основе микросателлитных локусов ДНК // *Масличные культуры*. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2018. – Вып. 3 (175). – С. 34–39.

10. Paniego N., Echaide M., Muñoz M., Fernández L., Torales S., Faccio P. [et al.]. Microsatellite isolation and characterization in sunflower (*Helianthus annuus* L.) // *Genome*. – 2002. – V. 43. – P. 34–43. DOI: 10.1139/g01-120/.

11. Tang S., Yu J-K., Slabaugh B., Shintani K., Knapp J. Simple sequence repeat map of the sunflower genome // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2002. – 105. – P. 1124–36. DOI: 10.1007/s00122-002-0989-y.

12. Логинова Е.Д., Савиченко Д.Л., Гучетль С.З. Разработка новых SSR-маркеров для генотипирования линий и гибридов подсолнечника (*Helianthus annuus* L.) // В сб. материалов 12-й Международной конференции молодых учёных и специалистов: Актуальные вопросы биологии, селекции, технологии возделывания и переработки сельскохозяйственных культур. – Краснодар, 2023. – С. 153–158.

13. Binkowski J., Miks S. Gene-Calc [computer software]. URL: <https://gene-calc.pl/pic>.

14. Murtagh F., Legendre P. Ward’s hierarchical agglomerative clustering method: which algorithms implement Ward’s criterion? // *Journal of Classification*. – 2014. – V. 31 (3). – P. 274–295.

15. Ramya K.T., Vishnuvardhan Reddy A. and Sujatha M. Agromorphological and molecular analysis discloses wide genetic variability in sunflower breeding lines from USDA, USA // *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*. – 2019. – V. 79 (2) – P. 444–452. DOI: 10.31742/IJGPB.79.2.8.

Referencers

1. Filippi C.V., Merino G.A., Montecchia J.F., Aguirre N.C., Rivarola M., Naamati G., Fass M.I., Álvarez D., Di Rienzo J., Heinz R.A., Contreras Moreira B., Lia V.V., Paniego N.B. Genetic diversity, population structure and linkage disequilibrium assessment among international sunflower breeding collections // *Genes*. – 2020. – 11 (3). – 283. DOI: 10.3390/genes11030283.

2. Goryunova S.V., Goryunov D.V., Chernova A.I., Martynova E.U., Boldyrev S.V., Ayupova A.F., Mazin P.V., Gurchenko E.A., Pavlova A.S., Petrova D.A., Dmitriev A.E., Chebanova Y.V., Gorlova L.A., Demurin Y.N., Garkusha S.V., Mukhina Z.M., Savenko E.G. Genetic and phenotypic diversity of the sunflower collection of the Pustovoit All-Russia Research Institute of Oil Crops (VNIIMK) // *Helia*. – 2019. – V. 42 (70). – P. 45–60. DOI: 10.1515/helia-2018-0021.
3. Velimirović A., Jovović Z., Perović D., Lehnert H., Mikić S., Mandić D., Pržulj N., Mangini G., Finetti-Sialer M.M. SNP diversity and genetic structure of “Rogosija”, an old Western Balkan durum wheat collection // *Plants*. – 2023. – 12 (5). – 1157. DOI: 10.3390/plants12051157.
4. Duca M., Port A., Cucereavî A., Şestacova T. SSR markers assessment in estimation of genetic polymorphism in sunflower // *International Journal of Advanced Research in Biological Sciences*. – 2015. – 2 (1). – P. 70–77.
5. Zhang L.S., Clerc V. Le, Li S., Zhang D. Establishment of an effective set of simple sequence repeat markers for sunflower variety identification and diversity assessment // *Canadian Journal of Botany*. – 2005. – V. 83. – P. 66–72. DOI: 10.1139/B04-155.
6. Guchetl' S.Z., Golovatskaya A.V., Ramazanova S.A., Voloshko A.A. Geneticheskoe raznoobrazie liniy podsolnechnika rossiyskoy selektsii, vyyavlennoe s pomoshch'yu analiza mikrosatellitnykh lokusov // *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka*. – 2023. – T. 24. – № 2. – S. 173–186.
7. Shilov I.A., Aniskina Yu.V., Shalaeva T.V., Kolobova O.S., Velishaeva N.S., Mishchenko V.N., Logvinov A.V. Sozdanie sovremennykh gibridov sakharnoy svekly s primeneniem mikrosatellitnogo analiza // *Sakhar*. – 2020. – № 8. – S. 27–31.
8. Shilov I.A., Velishaeva N.S., Aniskina Yu.V., Kolobova O.S., Shalaeva T.V., Borisenko O.M., Demurin Ya.N., Frolov S.S. Geneticheskaya identifikatsiya liniy i gibridov podsolnechnika *Helianthus annuus* L. na osnove mul'tipleksnogo mikrosatellitnogo analiza // *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*. – 2023. – T. 37. – № 1. – S. 10–15.
9. Guchetl' S.Z., Frolov S.S., Kuznetsova E.S. Optimizatsiya opredeleniya parametrov geneticheskoy chistoty liniy podsolnechnika na osnove mikrosatellitnykh lokusov DNK // *Maslichnye kul'tury. Nauch.-tekh. byul. VNIIMK*. – 2018. – Vyp. 3 (175). – S. 34–39.
10. Paniego N., Echaide M., Muñoz M., Fernández L., Torales S., Faccio P. [et al.]. Microsatellite isolation and characterization in sunflower (*Helianthus annuus* L.) // *Genome*. – 2002. – V. 43. – P. 34–43. DOI: 10.1139/g01-120/.
11. Tang S., Yu J-K., Slabaugh B., Shintani K., Knapp J. Simple sequence repeat map of the sunflower genome // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2002. – 105. – P. 1124–36. DOI: 10.1007/s00122-002-0989-y.
12. Loginova E.D., Savichenko D.L., Guchetl' S.Z. Razrabotka novykh SSR-markerov dlya genotipirovaniya liniy i gibridov podsolnechnika (*Helianthus annuus* L.) // V sb. materialov 12-y Mezhdunarodnoy konferentsii molodykh uchenykh i spetsialistov: Aktual'nye voprosy biologii, selektsii, tekhnologii vzdelyvaniya i pererabotki sel'skokhozyaystvennykh kul'tur. – Krasnodar, 2023. – S. 153–158.
13. Binkowski J., Mijs S. Gene-Calc [computer software]. URL: <https://gene-calc.pl/pic>.
14. Murtagh F., Legendre P. Ward's hierarchical agglomerative clustering method: which algorithms implement Ward's criterion? // *Journal of Classification*. – 2014. – V. 31 (3). – P. 274–295.
15. Ramya K.T., Vishnuvardhan Reddy A. and Sujatha M. Agromorphological and molecular analysis discloses wide genetic variability in sunflower breeding lines from USDA, USA // *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*. – 2019. – V. 79 (2) – P. 444–452. DOI: 10.31742/IJGPB.79.2.8.

Сведения об авторах

С.З. Гучетль, зав. лаб., вед. науч. сотр., канд. биол. наук
Е.Д. Логинова, мл. науч. сотр.
И.В. Рябовол, мл. науч. сотр.
А.В. Головатская, мл. науч. сотр.
Д.Л. Савиченко, науч. сотр.
А.А. Волошко, аналитик
О.М. Борисенко, зав. лаб., вед. науч. сотр., канд. биол. наук
В.Д. Савченко, эксперт 2-й кат., канд. с.-х. наук
С.С. Фролов, канд. с.-х. наук
О.Ф. Горбаченко, зав. отд., гл. науч. сотр., д-р с.-х. наук
А.А. Пихтярева, вед. науч. сотр., канд. биол. наук

Получено/Received

19.02.2024

Получено после рецензии/Manuscript peer-reviewed

21.02.2024

Получено после доработки/Manuscript revised

26.02.2024

Принято/Accepted

13.03.2024

Manuscript on-line

30.05.2024