

Научная статья

УДК 631.522:633.854

DOI: 10.25230/2412-608X-2024-4-200-63-69

Анализ полиморфизма микросателлитных локусов ДНК рыжика посевного *Camelina sativa*

Елизавета Дмитриевна Логинова
Светлана Алексеевна Рамазанова

ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК
Россия, 350038, г. Краснодар, ул. им. Филатова, д. 17
ramazanov1969@mail.ru

Аннотация. Рыжик (*Camelina sativa*) – это двудольное масличное растение семейства Brassicaceae, родом из Южной Европы и Юго-Западной Азии. Рыжик требует меньше воды и удобрений и устойчив к вредителям и патогенам в отличие от других культур. Масло рыжика содержит ненасыщенные жирные кислоты: линоленовую, линолевую, олеиновую и эйкозеновую, имеет низкий уровень эруковой кислоты. Оно применяется в кормопроизводстве, производстве биодизеля, полимеров, лаков, олифы и красок, косметологии и пищевой промышленности. Для эффективного создания новых сортов рыжика необходимо изучать его генетическое разнообразие с помощью молекулярно-генетических методов, включая SSR-маркеры. Микросателлиты широко используются в анализе генома растений. Целью данной работы было изучение генетического разнообразия озимой и яровой форм рыжика селекции ВНИИМК с использованием новых экспериментальных SSR-маркеров. В работе изучали 18 сортообразцов рыжика посевного озимой и яровой форм из коллекции ВНИИМК и два образца сорта Крепыш. Генетическое разнообразие исследовали с помощью девяти SSR-маркеров. Продукты ПЦР детектировали методом капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе Нанофор-05. В результате было выявлено 42 аллеля, от 2 до 7 на локус. Среднее эффективное число аллелей – 3,00. Среднее значение индекса полиморфного информационного содержания (PIC) – 0,66. Из 20 генотипов восемь не удалось отличить по девяти SSR-маркерам. Для их идентификации необходимо увеличить количество SSR-локусов. Образцы сорта Крепыш отличаются по семи локусам. Исследование показало генетическую неоднородность четырех сортов рыжика.

Изучение внутрисортного полиморфизма у сортов рыжика посевного селекции ВНИИМК будет продолжено.

Ключевые слова: рыжик посевной (*Camelina sativa*), SSR-маркеры, микросателлиты, генетическое разнообразие, аллели, дендрограмма

Благодарности. Авторы выражают благодарность заведующей лабораторией селекции горчицы Трубиной Виктории Сергеевне за предоставленные образцы рыжика посевного, необходимые для проведения исследования.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Кубанского научного фонда в рамках научного проекта № Н-24.1/10.

Для цитирования: Логинова Е.Д., Рамазанова С.А. Анализ полиморфизма микросателлитных локусов ДНК рыжика посевного *Camelina sativa* // Масличные культуры. 2024. Вып. 4 (200). С. 63–39.

Analysis of polymorphism of DNA microsatellite loci of false flax *Camelina sativa*

Loginova E.D., junior researcher, post-graduate student
Ramazanova S.A., leading researcher, PhD in biology

V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops
17 Filatova str., Krasnodar, 350038, Russia
ramazanov1969@mail.ru

Abstract. False flax (*Camelina sativa*) is a dicotyledonous plant of the Brassicaceae family, native to southern Europe and south-west Asia. False flax requires less water and fertilizers and, unlike other crops, is resistant to pests and pathogens. False flax seed oil contains unsaturated fatty acids: linolenic, linoleic, oleic and eicosenoic acids, with a low content of erucic acid. It is used in the production of fodder, biodiesel, polymers, varnishes, paint oil and paints, in cosmetology and the food industry. For effective development of new varieties of false flax, it is necessary to study its genetic diversity using molecular genetic methods, including SSR-markers. Microsatellites are widely used in plant genome analysis. The aim of this work was to study the genetic diversity of winter and spring forms of false flax bred at V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops (VNIIMK) using new experimental SSR-markers. In this work, we studied 18 winter and spring varieties of winter and spring false flax from the VNIIMK collection and two samples of the variety Krepysch. Genetic diversity was studied using nine SSR-markers. PCR products were detected by capillary electrophoresis on a Nanofor-05 genetic analyzer. As a result, 42 alleles were detected, ranging from two to seven alleles per locus. The average effective number of alleles was 3.00. The average polymorphic information content (PIC) index was 0.66. Out of 20 genotypes, eight genotypes could not be distinguished by nine SSR-markers. To identify them, the number of SSR loci should be increased. Samples of the variety Krepysch differ in seven loci. The study showed genetic heterogeneity of four varieties of false

flax. The study of intravarietal polymorphism in the false flax varieties bred at VNIMK will be continued.

Key words: false flax (*Camelina sativa*), SSR-markers, microsatellites, genetic diversity, alleles, dendrogram

Acknowledgments. The authors would like to thank Trubina Victoria Sergeevna, the head of the Mustard Breeding Laboratory, for providing the samples of false flax necessary for the study.

The study was conducted under the financial support of the Kuban Science Foundation under the research project No. N-24.1/10.

Введение. Рыжик посевной (*Camelina sativa* (L.) Crantz) – это двудольное масличное растение, принадлежащее к семейству Brassicaceae. Его родиной являются Южная Европа и Юго-Западная Азия. Археологические находки подтверждают существование рыжика в Европе и свидетельствуют о том, что его выращивание началось еще в 4000 году до нашей эры [1].

Рыжик отличается от других культур этого семейства тем, что способен переносить почвенную и воздушную засуху, а также для его возделывания требуется меньшее количество удобрений. Кроме того, он обладает высокой устойчивостью к распространенным вредителям и патогенам, которые обычно поражают родственные виды [2].

В основном рыжиковое масло содержит ненасыщенные жирные кислоты. Наиболее распространёнными из них являются линоленовая, линолевая, олеиновая и эйкозеновая [3]. По сравнению с другими представителями семейства Brassicaceae рыжиковое масло выделяется низким содержанием эруковой кислоты [4].

Благодаря своему уникальному составу, рыжиковое масло находит широкое применение в различных областях промышленности [5]. В кормопроизводстве оно может выступать как заменитель или дополнение к другим жирам, таким как рыбий и бройлерный, в рационах животных. В производстве биодизеля рыжиковое масло используется в качестве основы для реактивного топлива [6]. В полимерной промышленности оно применяется для производства экологически чистых

полимеров, лаков, олифы и красок. Это связано с тем, что масло рыжика является одним из быстросохнущих масел из-за высокого содержания полиненасыщенных жирных кислот. В косметической отрасли рыжиковое масло применяется в качестве средства для ухода за кожей. Кроме того, из-за высокого содержания жирных кислот омега-3 и низкого уровня эруковой кислоты рыжиковое масло находит применение в пищевой промышленности. Оно используется в качестве заменителя молочного жира, что делает его ценным ингредиентом для разнообразных продуктов питания [7; 8].

Рыжик посевной – это культура, которая имеет большой потенциал для развития. Чтобы эффективно решать селекционные задачи по созданию новых сортов, необходимо проводить тщательный отбор исходного материала. Изучение генетического разнообразия культуры с использованием современных молекулярно-генетических методов позволит усовершенствовать этот процесс. Однако исследования по генотипированию сортов *C. sativa* с помощью молекулярных маркеров пока ещё не проводились в достаточном объёме.

Впервые образцы рыжика были изучены с применением метода RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) [9]. Затем были проведены работы по генотипированию сортов из разных географических регионов с использованием метода AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) [10]. ДНК-маркеры уже давно зарекомендовали себя как надёжный инструмент для генотипирования многих видов растений, в том числе тех, которые имеют незначительные фенотипические отличия. Одним из наиболее эффективных типов ДНК-маркеров для идентификации генотипов являются микросателлиты, также известные как SSR-маркеры (Simple Sequence Repeats). Микросателлитные локусы характеризуются высокой степенью полиморфизма, кодоминантным наследованием, простотой де-

тектацией результатов [11]. Они представляют собой тандемные повторы 1–6 нуклеотидов и расположены как в кодирующей, так и в некодирующей областях генома всех организмов. Высокая степень аллельной изменчивости, выявляемая с помощью микросателлитных маркеров, обусловлена вариацией числа повторяющихся мотивов в локусе, вызванной проскальзыванием репликации и/или неравным кроссинговером во время мейоза [12]. Несмотря на недостаточное понимание функций мотивов SSR-локусов, микросателлиты широко используются в анализе генома растений [13].

А. Манса с соавторами разработали 16 микросателлитных маркеров и провели анализ генетической изменчивости коллекции из 40 образцов рыжика посевного [14]. В России аналогичное исследование было проведено на 18 сортах рыжика с использованием тех же маркеров SSR [15]. Авторам не удалось различить с использованием примененной системы маркеров некоторые сорта рыжика.

Целью данной работы было изучение генетического разнообразия озимой и яровой форм рыжика селекции ВНИИМК с использованием новых, разработанных нами экспериментальных SSR-маркеров.

Материалы и методы. В данной работе изучали 18 сортообразцов рыжика посевного коллекции ВНИИМК, из которых десять озимой формы: РО-1/22 (1), РО 22-2 (2), РО 22-4 (4), РО 01-15/13 (13), РО 22-15 (15), РО 22-16 (16), РО 08-14/17 (17), РО 22-18 (18), РО 22-19 (19), РО 01-15/30 (30), и восемь – яровой: РЯ-1009/35 (35), РЯ-1012/38 (38), РЯ-1016/42 (42), РЯ-1017/43 (43), РЯ 45К-684/14 (45), РЯ-1026/2798 (51), РЯ-1030/54 (54), РЯ 49К-684/14 (49), а также два индивидуальных семени сорта Крепыш – К1 и К2 (в скобках указан порядковый номер образца).

Генетическое разнообразие генотипов рыжика исследовали с помощью девяти разработанных нами экспериментальных SSR-маркеров: Pch13.2, Pch14.1, Pch14.2, Pch12.2, Pch18.2, Pch14.3, Pch3.2, Pch1.2,

Pch20.3, и синтезированных ООО «НПФ Синтол» (Россия).

Экстракцию ДНК проводили на автоматической станции Auto-Pure 96 (Allshe ng, Китай) с помощью набора МагноПрайм ФИТО. ДНК выделяли из смеси трех семян каждого образца рыжика, за исключением сорта Крепыш, каждый образец данного сорта выделен из отдельного семени.

Реакционная смесь для полимеразной цепной реакции (ПЦР) объемом 25 мкл содержала: 10x ПЦР-буфер, 2,5 mM MgCl₂, 2,5 mM dNTP; 1 е.а. ДНК-полимеразы; концентрация прямого (F) и обратного (R) праймеров – 10 пкМ/мкл; ДНК – 100 нг. Амплификацию проводили в термоциклере Applied Biosystems MiniAmp (Thermo Fisher Scientific, США) по следующим температурно-временным режимам: начальная денатурация 94 °C – 3 мин, далее 35 циклов: денатурация 94 °C – 25 сек, отжиг праймера 60 °C – 25 сек, элонгация 72 °C – 40 сек, и финальная элонгация 72 °C – 3 мин.

Детекция ПЦР-продуктов проводилась с помощью высокоразрешающего капиллярного электрофореза в денатурирующих условиях на генетическом анализаторе Нанофор-05 (Синтол, Россия). Для проведения фрагментного анализа прямые праймеры (F) были модифицированы одной из четырех флуоресцентных меток (табл. 1).

Анализ информативности микросателлитных локусов включал определение количества аллелей (n), эффективного числа аллелей (n_e) и индекса полиморфного информационного содержания (PIC – Polymorphic Index Content). Вычисления проводили по следующим формулам:

$$n_e = 1 / \sum_{j=1}^n P_j^2 \quad (1)$$

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2, \quad (2)$$

где P_i – частота j паттерна для локуса i и суммирование распространяется на n паттернов [16].

Для построения дендрограммы генетического подобия использовали программное обеспечение Past версии 4.7.0.0 [17].

Результаты и обсуждение. Для анализа генетического разнообразия образцов рыжика посевного были выбраны наиболее полиморфные микросателлитные локусы, отобранные нами в исследованиях, проведенных ранее [18]. Их характеристика представлена в таблице 1. В результате исследования полиморфизма девяти микросателлитных локусов ДНК рыжика посевного всего в данной группе образцов было выявлено 42 аллеля, от 2 до 7 на локус, что в среднем составило 4,6. Наибольшее количество аллелей обнаружено у локуса Pch14.3 (291, 297, 307, 310, 313, 316, 319). У локуса Pch20.3 выявлено всего два аллеля (388, 401).

Таблица 1
Характеристика изученных SSR-локусов

SSR-локус	Флуоресцентная метка	Диапазон выявленных аллелей	Количество аллелей	Эффективное число аллелей	PIC
Pch14.1	R6G	151-169	6	3,48	0,71
Pch14.2	R6G	223-229	3	2,89	0,65
Pch14.3	R6G	291-319	7	3,71	0,73
Pch13.2	FAM	267-282	5	3,50	0,71
Pch12.2	TAMRA	277-301	6	4,02	0,75
Pch18.2	FAM	268-292	5	2,69	0,63
Pch3.2	R6G	264-270	4	3,16	0,68
Pch1.2	TAMRA	279-294	3	2,42	0,59
Pch20.3	ROX	388-401	2	2,00	0,50
Среднее	-	-	4,6	3,00	0,66

Показатели уровня полиморфизма изученных микросателлитных локусов были достаточно высокими в данной выборке образцов рыжика. Значение эффективного числа аллелей варьировало от 2,00 до 4,02 и в среднем составило 3,00. Этот показатель характеризует выявленные аллели по частоте их встречаемости в изучаемой выборке генотипов. Количество выявленных аллелей будет равно количеству эффективных, если частоты их встречаемости одинаковы. Важным показателем, отражающим информативность микросателлитных локусов, является индекс полиморфного информационного содержания (PIC).

Этот индекс характеризует не только количество выявленных аллелей, но и относительные частоты их встречаемости. Редкие аллели оказывают меньшее влияние на значение PIC по сравнению с аллелями, которые встречаются чаще. Значения PIC могут варьироваться от 0 до 1. Для изученных нами SSR-локусов индекс PIC варьировался от 0,5 для локуса Pch20.3 до 0,75 для локуса Pch12.2. Среднее значение индекса полиморфного информационного содержания для изученной группы генотипов рыжика составило 0,66.

В таблице 2 представлены данные по аллельному составу и длинам полученных фрагментов изученных образцов. Поскольку в нашем исследовании анализ ДНК сортообразца проводили не у индивидуальных генотипов, а их смесей, в некоторых образцах было обнаружено по два аллеля разной длины, что свидетельствует о наличии внутрисортного полиморфизма. Например, у образца РО 22-2 внутрисортного полиморфизма был обнаружен по четырем локусам Pch14.1, Pch12.2, Pch14.3, Pch3.2 (табл. 2).

Как видно из таблицы большинство изученных сортообразцов различаются по нескольким аллелям. Однако мы не смогли с использованием данного набора праймеров различить шесть образцов яровой формы рыжика (№ 35, 38, 42, 45, 51 и 54) и два озимой формы (№ 1 и 18). При этом образцы 35, 38 и 42 имеют одинаковое происхождение, но отличаются от образцов 45, 51 и 54, которые в свою очередь все имеют разное происхождение. Образцы озимой формы 1 и 18 также имеют одинаковое происхождение, поэтому, вероятно, для их идентификации необходимо увеличить количество SSR-локусов. В то же время семена из сорта Крепыш отличились друг от друга по семи локусам. Вторая семянка (K2), очевидно, является гибридным растением, так как по трем локусам у него идентифицировано два фрагмента разной длины.

Следует обратить внимание, что локус Pch20, по-видимому, является специфичным для озимой и яровой форм рыжика, так как у всех образцов озимой формы выявлен фрагмент 401 п.н., а у яровой – 388 п.н. (табл. 2).

Аллельный состав образцов рыжика посевного

Озимые формы рыжика посевного									
№ образца	Pch13.2	Pch14.1	Pch14.2	Pch12.2	Pch18.2	Pch14.3	Pch3.2	Pch1.2	Pch20.3
1	270*	154	226	280	268	291	264	279	401
2	267	151/154	223	280/301	280	291/313	261/264	291	401
4	276	154	223	301	292	297	267	279	401
13	267	151	223	280	280	313/319	261	279	401
15	267	160	223	277	268	313	267	279	401
16	267	160	223	286	268	313	261	291	401
17	270	157	226	301	268	291	264	279	401
18	270	154	226	280	268	291	264	279	401
19	270	154	223	280	268	316	267	279	401
30	267	154	223	286	268	297	261/267	279	401
Яровые формы рыжика посевного									
№ образца	Pch13.2	Pch14.1	Pch14.2	Pch12.2	Pch18.2	Pch14.3	Pch3.2	Pch1.2	Pch20.3
35	279	160	229	295	280	310	270	294	388
38	279	160	229	295	280	310	270	294	388
42	279	160	229	295	280	310	270	294	388
43	270/276	157	226	292	268	291	261	279	388
45	279	160	229	295	280	310	270	294	388
49	270	157	226	292	274	291	264	279	388
51	279	160	229	295	280	310	270	294	388
54	279	160	229	295	280	310	270	294	388
К 1	282	169	229	295	280	313	270	279	388
К 2	279	163/169	229	301	271	307/316	264/267	291	388

* – длина фрагмента, пар нуклеотидов

Чтобы наглядно продемонстрировать генетическое разнообразие и степень родства между исследуемыми генотипами, была построена дендрограмма иерархической кластеризации, основанная на методе UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) (рисунок).

Как видно из рисунка, образцы разделились на два основных кластера. В первый кластер вошли некоторые образцы яровой формы рыжика посевного и два образца сорта Крепыш. Второй кластер составляют преимущественно озимые сортообразцы за исключением двух генотипов (43, 49). В данном кластере практически все генотипы отличались друг от друга, что свидетельствует о большей генетической разнородности озимых форм рыжика.

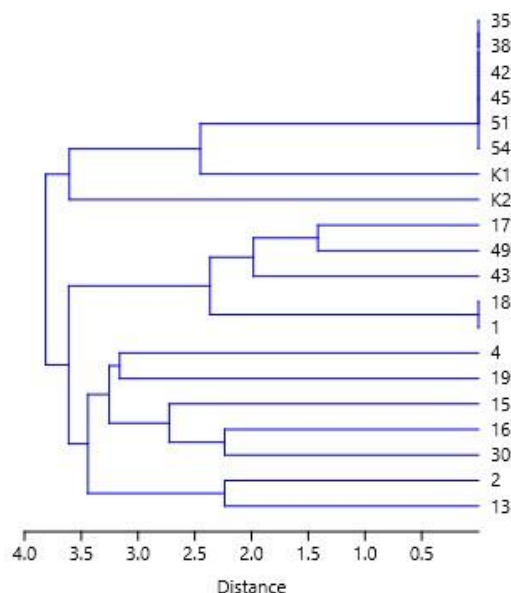


Рисунок – Дендрограмма генетического сходства 20 генотипов рыжика посевного на основе анализа полиморфизма девяти SSR-локусов ДНК

Заклучение. Таким образом из 20 генотипов рыжика посевного восемь не удалось отличить по изученным девяти SSR-маркерам. Это сортообразцы ярового рыжика РЯ-1009/35 (35), РЯ-1012/38 (38), РЯ-1016/42 (42) (имеют одинаковое происхождение), РЯ 45К-684/14 (45), РЯ-1026/2798 (51), РЯ-1030/54 (54), и два сортообразца озимого рыжика – РО-1/22 (1), РО 22-18 (18), также имеющих одинаковое происхождение. Поэтому в дальнейших исследованиях следует увеличить выборку SSR-маркеров для анализа.

Два образца сорта Крепыш отличились друг от друга по семи SSR-локусам. Это исследование показало генетическую неоднородность четырех сортов рыжика посевного. Изучение внутрисортного полиморфизма у сортов рыжика селекции ВНИИМК будет продолжено.

Список литературы

1. Popa A.L., Jurcoane Ş., Dumitriu B.Ş. *Camelina sativa* oil – a review // Scientific Bulletin, Series F. Biotechnologies. – 2017. – Vol. 21 – P. 233–238.
2. Kim N., Li Y., Sun X.S. Epoxidation of *Camelina sativa* oil and peel adhesion properties // Industrial Crops and Products. – 2015. – Vol. 64. – P. 1–8.
3. Karvonen H.M. Aro A., Tapola N.S. [et al.]. Effect of [alpha]-linolenic acid [ndash] rich *Camelina sativa* oil on serum fatty acid composition and serum lipids in hypercholesterolemic subjects // Metabolism Clinical and Experimental. – 2002. – Vol. 51. – No. 10. – P. 1253–1260.
4. Chantsalnyam B., Otgonbayar C., Enkhtungalag O. [et al.]. Physical and chemical characteristics and fatty acids composition of seeds oil isolated from *Camelina sativa* (L.) cultivated in Mongolia // Mongolian Journal of Chemistry. – 2013. – Vol. 14. – P. 80–83.
5. Mondor M., Hernández-Álvarez A.J. *Camelina sativa* composition, attributes, and applications: a review // European Journal of Lipid Science and Technology. – 2022. – Vol. 124. – No. 3. – Art. No. 2100035.
6. Pecchia P., Russo R., Brambilla I. [et al.]. Biochemical seed traits of *Camelina sativa* – an emerging oilseed crop for biofuel: environmental and genetic influences // Journal of Crop Improvement. – 2014. – Vol. 28. – No. 4. – P. 465–483.
7. Zubr J. Dietary fatty acids and amino acids of *Camelina sativa* seed // Journal of Food Quality. – 2003. – Vol. 26. – No. 6. – P. 451–462.
8. Rokka T., Alen K., Valaja J. [et al.]. The effect of a *Camelina sativa* enriched diet on the composition and sensory quality of hen eggs // Food Research International. – 2002. – Vol. 35 (2). – P. 253–256.
9. Vollmann J., Grausgruber H., Stift G. Genetic diversity in camelina germplasm as revealed by seed quality characteristics and RAPD polymorphism // Plant Breeding. – 2005. – Vol. 124. – No. 5. – P. 446–453.
10. Ghamkhar K., Croser J., Aryamanesh N. [et al.]. *Camelina* (*Camelina sativa* (L.) Crantz) as an alternative oilseed: molecular and ecogeographic analyses // Genome. – 2010. – Vol. 53 (7). – P. 558–567.
11. Kashi Y., Nave A., Darvasi A. [et al.]. How is it that microsatellites and random oligonucleotides uncover DNA fingerprint patterns // Mamm. Genome. – 1994. – Vol. 5. – P. 525–530.
12. Ellegren H. Microsatellites: simple sequences with complex evolution // Nature reviews genetics. – 2004. – Vol. 5. – No. 6. – P. 435–445.
13. Kalia R.K., Rai M.K., Kalia S. [et al.]. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants // Euphytica. – 2011. – Vol. 177 (3). – P. 309–334.
14. Manca A., Galasso I. Development of simple sequence repeat (SSR) markers in *Camelina sativa* (L.) Crantz // Minerva Biotec. – 2010. – Vol. 22. – P. 43–45.
15. Базанов Т.А., Ущановский И.В., Логинова Н.Н. [и др.]. Оценка генетического разнообразия сортов рыжика посевного (*Camelina sativa* L.) с использованием SSR-маркеров // Аграрная наука. – 2021. – No. 9. – С. 108–112.
16. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations // Proc. of the National Academy of Sciences USA. – 1973. – Vol. 70 (12). – P. 3321–3323. DOI: 10.1073/pnas.70.12.3321.
17. Hammer Ø., Harper D.A.T., Ryan P.D. Past: paleontological statistics software package for education and data analysis // Palaeontologia electronica. – 2001. – Vol. 4 (1). – P. 1–9.
18. Логинова Е.Д., Рамазанова С.А., Гучетль С.З. Проверка SSR-маркеров для генотипирования рыжика посевного // Актуальные проблемы науки и практики в исследованиях молодых ученых: сб. I-й междунар. науч.-практич. конф., Новосибирск, 21–22 мая 2024 г. –

References

1. Popa A.L., Jurcoane Ș., Dumitriu B.Ș. *Camelina sativa* oil – a review // Scientific Bulletin, Series F. Biotechnologies. – 2017. – Vol. 21 – P. 233–238.
2. Kim N., Li Y., Sun X.S. Epoxidation of *Camelina sativa* oil and peel adhesion properties // Industrial Crops and Products. – 2015. – Vol. 64. – R. 1–8.
3. Karvonen H.M., Aro A., Tapola N.S. [et al.]. Effect of [alpha]-linolenic acid [ndash]rich *Camelina sativa* oil on serum fatty acid composition and serum lipids in hypercholesterolemic subjects // Metabolism Clinical and Experimental. – 2002. – Vol. 51. – No. 10. – P. 1253–1260.
4. Chantsalnyam B., Otgonbayar C., Enkhtunglag O. [et al.]. Physical and chemical characteristics and fatty acids composition of seeds oil isolated from *Camelina sativa* (L.) cultivated in Mongolia // Mongolian Journal of Chemistry. – 2013. – Vol. 14. – P. 80–83.
5. Mondor M., Hernández-Álvarez A.J. *Camelina sativa* composition, attributes, and applications: a review // European Journal of Lipid Science and Technology. – 2022. – Vol. 124. – No. 3. – Art. No. 2100035.
6. Pecchia P., Russo R., Brambilla I. [et al.]. Biochemical seed traits of *Camelina sativa* – an emerging oilseed crop for biofuel: environmental and genetic influences // Journal of Crop Improvement. – 2014. – Vol. 28. – No. 4. – P. 465–483.
7. Zubr J. Dietary fatty acids and amino acids of *Camelina sativa* seed // Journal of Food Quality. – 2003. – Vol. 26. – No. 6. – P. 451–462.
8. Rokka T., Alen K., Valaja J. [et al.]. The effect of a *Camelina sativa* enriched diet on the composition and sensory quality of hen eggs // Food Research International. – 2002. – Vol. 35 (2). – P. 253–256.
9. Vollmann J., Grausgruber H., Stift G. Genetic diversity in camelina germplasm as revealed by seed quality characteristics and RAPD polymorphism // Plant Breeding. – 2005. – Vol. 124. – No. 5. – R. 446–453.
10. Ghamkhar K., Croser J., Aryamanesh N. [et al.]. *Camelina* (*Camelina sativa* (L.) Crantz) as an alternative oilseed: molecular and ecogeographic analyses // Genome. – 2010. – Vol. 53 (7). – P. 558–567.
11. Kashi Y., Nave A., Darvasi A. [et al.]. How is it that microsatellites and random oligonucleotides uncover DNA fingerprint patterns // Mamm. Genome. – 1994. – Vol. 5. – P. 525–530.
12. Ellegren H. Microsatellites: simple sequences with complex evolution // Nature reviews genetics. – 2004. – Vol. 5. – No. 6. – R. 435–445.
13. Kalia R.K., Rai M.K., Kalia S. [et al.]. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants // Euphytica. – 2011. – Vol. 177 (3). – P. 309–334.
14. Manca A., Galasso I. Development of simple sequence repeat (SSR) markers in *Camelina sativa* (L.) Crantz // Minerva Biotec. – 2010. – Vol. 22. – P. 43–45.
15. Bazanov T.A., Ushchapovskiy I.V., Loginova N.N. [i dr.]. Otsenka geneticheskogo raznoobraziya sortov ryzhika posevnogo (*Camelina sativa* L.) s ispol'zovaniem SSR-markeroov // Agrarnaya nauka. – 2021. – No. 9. – S. 108–112.
16. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations // Proc. of the National Academy of Sciences USA. – 1973. – Vol. 70 (12). – R. 3321–3323. DOI: 10.1073/pnas.70.12.3321.
17. Hammer Ø., Harper D.A.T., Ryan P.D. Past: paleontological statistics software package for education and data analysis // Palaeontologia electronica. – 2001. – Vol. 4 (1). – R. 1–9.
18. Loginova E.D., Ramazanova S.A., Guchetl' S.Z. Proverka SSR-markeroov dlya genotipirovaniya ryzhika posevnogo // Aktual'nye problemy nauki i praktiki v issledovaniyakh molodykh uchenykh: sb. I-y mezhdunar. nauch.-praktich. konf., Novosibirsk, 21–22 maya 2024 g. – Novosibirsk: ITs NGAU «Zo-lotoy kolos», 2024. – S. 11–15.

Сведения об авторах

Е.Д. Логинова, мл. науч. сотр., аспирант
С.А. Рамазанова, вед. науч. сотр., канд. биол. наук

Получено/Received

16.10.2024

Получено после рецензии/Manuscript peer-reviewed

18.10.2024

Получено после доработки/Manuscript revised

22.10.2024

Принято/Accepted

31.10.2024

Manuscript on-line

25.12.2024