

# ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ СОВРЕМЕННЫХ СОРТОВ ЛЬНА-ДОЛГУНЦА (*LINUM USITATISSIMUM* L.) РОССИЙСКОЙ СЕЛЕКЦИИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SSR-МАРКЕРОВ

DOI: 10.30901/2227-8834-2019-4-81-87

УДК 633.521:631.527

Поступление/Received: 22.04.2019

Принято/Accepted: 29.11.2019

Т. А. БАЗАНОВ<sup>1\*</sup>, И. В. УЩАПОВСКИЙ<sup>1</sup>, В. А. ЛЕМЕШ<sup>2</sup>,  
М. В. БОГДАНОВА<sup>2</sup>, Е. В. ЛАГУНОВСКАЯ<sup>2</sup><sup>1</sup> Федеральный научный центр лубяных культур,  
170041 Россия, г. Тверь, Комсомольский пр., 17/56;\* ✉ [t.bazanov@fncl.ru](mailto:t.bazanov@fncl.ru)<sup>2</sup> Институт генетики и цитологии  
НАН Беларуси,

220072 Беларусь, г. Минск, ул. Академическая, 27;

✉ [V.Lemesh@igc.by](mailto:V.Lemesh@igc.by)GENETIC POLYMORPHISM OF MODERN COMMON FLAX  
(*LINUM USITATISSIMUM* L.) CULTIVARS DEVELOPED AT  
RUSSIAN BREEDING CENTERS USING SSR MARKERST. A. BAZANOV<sup>1\*</sup>, I. V. USHCHAPOVSKIY<sup>1</sup>, V. A. LEMESH<sup>2</sup>,  
M. V. BAHDANAVA<sup>2</sup>, A. V. LAHUNOVSKAYA<sup>2</sup><sup>1</sup> Federal Research Center of Bast Crops,  
17/56 Komsomolsky Ave., Tver 170041, Russia;\* ✉ [t.bazanov@fncl.ru](mailto:t.bazanov@fncl.ru)<sup>2</sup> Institute of Genetics and Cytology  
of the National Academy of Sciences of Belarus,  
27 Akademicheskaya St., Minsk 220072, Belarus;✉ [V.Lemesh@igc.by](mailto:V.Lemesh@igc.by)

**Актуальность.** Молекулярное маркирование геномов растений, основанное на использовании ДНК-маркеров, становится надежным инструментом в вопросах сортовой идентификации и может обеспечить защиту авторских прав селекционных учреждений, чистоту процессов семеноводства и прозрачность отечественного рынка семян. Для решения задач по идентификации и паспортизации сельскохозяйственных культур большое значение имеет система SSR-маркеров, которая может успешно применяться и на льне-долгунце, и на льне масличном. Целью данного исследования стало изучение полиморфизма ряда современных российских сортов льна-долгунца и разработка их генетического паспорта. **Материалы и методы.** Из значительного многообразия SSR-маркеров (более 1300), используемых в работах с культурой льна (*Linum usitatissimum* L.), наиболее информативными для задач паспортизации представляется набор из 11 SSR-праймеров, который характеризуется наиболее точным генотипированием образцов. С использованием предложенного набора маркеров было проведено изучение полиморфизма одиннадцати сортов льна-долгунца селекции трех географически отдаленных оригинаторов – тверской, псковской и томской селекции. **Результаты и обсуждение.** В изучаемой выборке было определено 53 аллеля, из которых 15 оказались редкими, в том числе 11 – уникальных. Каждый образец льна содержал свойственный только ему набор аллелей. Использование буквенного кода для SSR-маркеров позволило разработать генетические паспорта, позволяющие проводить точное генотипирование морфологически сложно различимых образцов, что показывает возможность проведения паспортизации всех сортов льна, включенных в Государственный реестр селекционных достижений РФ. Кластерный анализ с построением дендрограммы генетического подобия выявил различия изученных образцов в распределении по месту селекции и продолжительности вегетационного периода.

**Ключевые слова:** лен, молекулярные маркеры, ПЦР, генетическая паспортизация, селекция.

**Background.** Molecular identification of plant genomes, based on the use of DNA markers, is becoming a reliable tool for cultivar identification. Widespread application of DNA markers will ensure protection of breeders' rights for plant breeding centers, purity of seed production processes, and transparency of the domestic crop seed market. The system of SSR markers is suitable to solve the problems of identification and genetic profiling of many crops; it could be successfully used on flax and linseed. The aim of this work was to study the polymorphism of a number of modern Russian common flax cultivars and develop their genetic profiles. **Materials and methods.** Among the large number of SSR markers (over 1300) used for common flax (*Linum usitatissimum* L.), the most informative for genotype identification is, in our opinion, the set of 11 SSR primers, characterized by their highest precision. This set of markers was used to study the polymorphism of eleven flax cultivars developed in three geographically diverse locations – Tver, Pskov and Tomsk. **Results and discussion.** In the studied group of cultivars 53 alleles were identified: 15 of these appeared to be rare, including 11 unique ones. Each flax sample contained its specific set of alleles. Using the alphabetic code for SSR markers made it possible to develop genetic profiles for more precise genotyping of flax samples hardly distinguishable morphologically, thus providing an opportunity to effectuate genetic profiling for all flax cultivars listed in the State Register of Breeding Achievements in Russia. Cluster analysis with a dendrogram showing genetic similarities helped to find differences among the studied flax samples in their distribution according to the place of their origination and the duration of their growing seasons.

**Key words:** flax, molecular markers, PCR, genetic profiling, plant breeding.

## Введение

Повышение эффективности традиционных методов селекции, мобилизация генетического разнообразия сельскохозяйственных культур, соблюдение точности в семеноводстве – актуальные задачи в комплексе мер по развитию адаптивного растениеводства, селекционно-семеноводческой работы и формированию фундаментальных основ генетики сельскохозяйственных культур (Zhuchenko, 2008). Использование молекулярно-генетических методов позволяет изучать причинно-следственные связи при морфогенезе растения и формировании урожая, а также разрабатывать систему генетической идентификации и улучшения культур (Nogué et al., 2016).

Для идентификации и характеристики генотипов растений широко используются морфологические признаки и биохимические методы, например определение полиморфизма белков с помощью электрофоретических методов (Davidchuk et al., 2009). Однако эти подходы обладают серьезными ограничениями, поскольку свое влияние на реализацию признака могут оказывать почвенно-климатические условия, стадия развития и субъективность рассмотрения признака, что снижает точность оценки. Поэтому надежным инструментом в данном вопросе уже стали методы, использующие ДНК-маркирование (Ushchapovskii et al., 2016). При наличии широкого разнообразия маркеров RAPD, AFLP, SSR, SCAR, STS, IRAP, REMAP и др., наиболее распространены в работах с растительными объектами два типа – RAPD и SSR (Gostimsky et al., 2005; Chesnokov, 2005). Для задач идентификации и паспортизации большую значимость имеет система SSR-маркеров, поскольку она стандартизируема и автоматизируема (Malyshev, 2006), ее надежность применения обуславливается уровнем полиморфизма SSR-маркеров. Из микросателлитов, использующихся для SSR-маркирования, в растительном геноме преобладают тринуклеотидные повторы (Dholakia et al., 2001; Thiel et al., 2003; Tian et al., 2004; Gong et al., 2010), однако динуклеотидные более полиморфны, что позволяет повысить точность оценки (Cloutier et al., 2012).

Для культуры льна в настоящее время описано более 1300 SSR-маркеров, что значительно больше, чем для других сельскохозяйственных растений (Varshney et al., 2010). Для точного генотипирования образцов льна, сложно различимых или неотличимых друг от друга при морфологическом анализе, предложен набор из одиннадцати пар SSR-праймеров для микросателлитных локусов, достаточный для их разделения (Lemesh et al., 2012, 2013). Целью данного исследования стало изучение полиморфизма ряда современных российских сортов льна-долгунца с использованием SSR-маркеров и разработка их генетического паспорта.

## Материалы и методы исследования

В качестве материала для исследований было отобрано 11 сортов льна-долгунца, включенных в Государственный реестр селекционных достижений Российской Федерации и представляющих группы различного географического происхождения: сорта селекции ФНЦ ЛК: 'Александрит', 'Дипломат', 'Сурский' (оригинатор – Института льна, филиал, г. Торжок, Тверская обл.); 'Восход', 'Добрыня', 'Пересвет' (оригинатор – Псковский ИСХ, филиал, г. Псков) и сорта селекции

СФНЦ РАН: 'Томич', 'Тост 4', 'Тост 5', 'Томский 17', 'Памяти Крепкова' (оригинатор – Сибирский НИИСХИТ, филиал, г. Томск).

ДНК выделяли из листьев двухнедельных растений с использованием СТАВ-метода. Для проведения ПЦР были использованы 11 пар флуоресцентно меченых праймеров, отличающихся наиболее высоким полиморфизмом (Lemesh et al., 2013). Реакционная смесь включала 20 нг исследуемой ДНК, по 0,25 мкМ прямого и обратного праймера, 200 мкМ dNTP, от 1,5 до 2,5 мМ MgCl<sub>2</sub> и 1 единицу Taq-полимеразы. Для проведения ПЦР использовался амплификатор MyCycler™ (Bio-Rad Laboratories, Inc.); реакция проводилась при условиях: 94°C в течение 5 мин, 25 циклов с параметрами: денатурация при температуре 94°C в течение 30 с, отжиг праймеров в течение 45 с (температура отжига подбирается в зависимости от праймера), элонгация при 72°C в течение 40 с. Конечная элонгация при 72°C 5 мин. Продукты амплификации денатурировали формамидом и разделяли методом капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе ABI Prism 3500 (Applied Biosystems, США). Определение размеров аллелей осуществляли при помощи программного обеспечения GeneMapper v4.1. (Applied Biosystem, США), используя стандарт GeneScan™ 600 LIZ® (Thermo Fisher Scientific). Для оценки полиморфизма микросателлитных локусов использован индекс PIC (Polymorphic Index Content) (Nei, 1973):

$$PIC = 1 - \sum(P_i^2),$$

где  $P_i$  – частота  $i$ -аллели, определенной в данном массиве. Для построения дендрограммы генетического подобия использовали программное обеспечение DARwin v. 6 (DARwin software).

## Результаты и обсуждение

Полученная SSR-база данных с использованием 11 пар SSR-праймеров позволила провести анализ полиморфизма сортов льна-долгунца. В таблице 1 приведены данные, отражающие количество и размер аллелей с расчетными показателями уровня полиморфизма. В целом у 11 сортов генотипов льна-долгунца было определено 53 аллеля размером от 123 до 379 пн. Число аллелей на локус в изученной выборке сортов варьировало от 2 (локусы *Lu17*, *Lu21*) до 12 (локус *Flu25*), при этом среднее значение составило 4,8.

Использованная система маркеров выявила достаточно высокие показатели информационного содержания. Значения коэффициента полиморфизма (PIC) варьировали от 0,165 (локус *Lu17*) до 0,885 (локус *Flu25*), в среднем 0,542 на локус. Частота встречаемости различных аллелей 11 микросателлитных локусов в изученной выборке варьировала от 4,5 до 90,9%.

Оценивая полиморфизм SSR-локусов у изученных сортов, отдельно учитывали частоту встречаемости уникальных и редких аллелей. Аллели относились к редким, если их встречаемость в исследуемой выборке была не более чем у двух сортов. Уникальными аллелями для данной выборки сортов считались аллели, которые встречались только у одного сорта выборки. В изучаемой выборке сортов льна-долгунца обнаружено 8 сортов с редкими аллелями, каждый из которых имеет, в том числе, от одной до двух уникальных аллелей (табл. 2).

**Таблица 1.** Характеристика полиморфных SSR-локусов льна-долгунца  
**Table 1.** Characterization of polymorphic SSR loci in common flax

Полиморфные локусы / Polymorphic loci	Аллели / Alleles	Число аллелей / Number of alleles	PIC	Число редких (уникальных) аллелей / Number of rare (unique) alleles
<i>Lu3</i>	156, <i>157</i> , 163, 166	4	0,583	1(0)
<i>Lu8</i>	202, 216, <b>222</b>	3	0,529	1(1)
<i>Lu13</i>	<b>344</b> , 346, 373, 377, <b>378</b> , <b>379</b>	6	0,677	3(3)
<i>Lu15</i>	196, 205, 207, 208	4	0,550	0
<i>Lu17</i>	286, 289	2	0,165	0
<i>Lu21</i>	217, 219	2	0,235	0
<i>Lu23</i>	<b>251</b> , 253, 255, 256, 258	5	0,681	1(1)
<i>Lu28</i>	181, 183, <i>190</i> , 192	4	0,319	1(0)
<i>Flu7</i>	146, 152, 156, <i>157</i>	4	0,545	1(0)
<i>Flu8</i>	164, 170, 174, 198, <b>201</b> , 204, 207	7	0,790	1(1)
<i>Flu25</i>	123, <b>178</b> , 181, <b>187</b> , <b>188</b> , <i>190</i> , <b>212</b> , 215, 217, 218, 221, <b>224</b>	12	0,885	6(5)
<b>Среднее на локус / Average value per locus</b>		4,8	0,542	1,36(1)

Примечание: в графе «Аллели» курсивом выделены редкие аллели, полужирным шрифтом – уникальные  
 Note: In the *Alleles* column, rare alleles are highlighted in italics, and unique alleles in bold

**Таблица 2.** Редкие аллели 11 SSR-локусов у изученных сортов льна-долгунца  
**Table 2.** Rare alleles of 11 SSR loci in the studied common flax cultivars

Аллель / Allele		Сорт / Cultivar		Аллель / Allele		Сорт / Cultivar		
<i>Lu3</i>	157	Тост-5		<i>Flu8</i>	201	Александрит		
<i>Lu8</i>	222	Дипломат						
<i>Lu13</i>	344	Памяти Крепкова		<i>Flu25</i>	178	Добрыня		
	378	Томский 17				Томский 17		
	379	Сурский				Тост-5		
<i>Lu23</i>	251	Тост-5				190	Томский 17	
<i>Lu28</i>	190	Томский 17				212	Тост-4	
<i>Flu7</i>	157	Александрит				224	Александрит	

Примечание: полужирным шрифтом выделены сорта с уникальными аллелями  
 Note: Cultivars with unique alleles are highlighted in bold

Суммарно из 53 аллелей, обнаруженных в выборке, 15 (28,3%) были редкими, в том числе 11 аллелей (20,7%) – уникальными. В зависимости от локуса, число редких аллелей варьировало от нуля (локусы *Lu15*, *Lu17*, *Lu21*) до шести (*Flu25*). Максимальное число редких аллелей было зафиксировано у сорта ‘Томский 17’ – 4 аллели, по 3 редких аллели отмечено у сортов ‘Тост-5’ и ‘Александрит’, у сортов ‘Дипломат’, ‘Памяти Крепкова’, ‘Сурский’, ‘Добрыня’ и ‘Тост-4’ – по 1 редкой аллели.

Генетический паспорт растения должен содержать информацию о количестве и размере аллелей определенных локусов, характеризующих генотип данного сорта. Для создания базы данных SSR-маркеров льна каждому микросателлитному локусу был присвоен буквенный код (табл. 3). Анализ распределения аллелей показал, что каждый образец льна содержит свойственный только ему набор аллелей.

**Таблица 3. Идентификация сортов льна-долгунца по аллелям микросателлитных локусов**  
**Table 3. Identification of common flax cultivars by alleles of microsatellite loci**

Сорт льна / Flax cultivar	Генетический паспорт / Genetic profile
<b>Сорта томской селекции / Cultivars developed in Tomsk</b>	
Томский 17	<i>A</i> <sub>163</sub> <i>B</i> <sub>202</sub> <i>C</i> <sub>346,378</sub> <i>D</i> <sub>208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>219</sub> <i>G</i> <sub>255</sub> <i>H</i> <sub>183,190</sub> <i>I</i> <sub>152</sub> <i>J</i> <sub>174</sub> <i>K</i> <sub>187,190</sub>
Томич	<i>A</i> <sub>163</sub> <i>B</i> <sub>202</sub> <i>C</i> <sub>346,377</sub> <i>D</i> <sub>205,208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>219</sub> <i>G</i> <sub>256</sub> <i>H</i> <sub>183</sub> <i>I</i> <sub>146,152</sub> <i>J</i> <sub>164</sub> <i>K</i> <sub>181,221</sub>
Тост-4	<i>A</i> <sub>166</sub> <i>B</i> <sub>216</sub> <i>C</i> <sub>346,377</sub> <i>D</i> <sub>208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>219</sub> <i>G</i> <sub>258</sub> <i>H</i> <sub>183</sub> <i>I</i> <sub>146,152</sub> <i>J</i> <sub>198</sub> <i>K</i> <sub>212,215</sub>
Тост-5	<i>A</i> <sub>157,163</sub> <i>B</i> <sub>216</sub> <i>C</i> <sub>346,377</sub> <i>D</i> <sub>205,208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>219</sub> <i>G</i> <sub>251,256</sub> <i>H</i> <sub>183</sub> <i>I</i> <sub>146,152</sub> <i>J</i> <sub>170</sub> <i>K</i> <sub>188,221</sub>
Памяти Крепкова	<i>A</i> <sub>163</sub> <i>B</i> <sub>216</sub> <i>C</i> <sub>344,373</sub> <i>D</i> <sub>208</sub> <i>E</i> <sub>289</sub> <i>F</i> <sub>219</sub> <i>G</i> <sub>253</sub> <i>H</i> <sub>183</sub> <i>I</i> <sub>152</sub> <i>J</i> <sub>204</sub> <i>K</i> <sub>218,221</sub>
<b>Сорта псковской селекции / Cultivars developed in Pskov</b>	
Добрыня	<i>A</i> <sub>156,163</sub> <i>B</i> <sub>202</sub> <i>C</i> <sub>346,373</sub> <i>D</i> <sub>207</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>219</sub> <i>G</i> <sub>256</sub> <i>H</i> <sub>183</sub> <i>I</i> <sub>146,152</sub> <i>J</i> <sub>164</sub> <i>K</i> <sub>178,181</sub>
Восход	<i>A</i> <sub>166</sub> <i>B</i> <sub>216</sub> <i>C</i> <sub>346,377</sub> <i>D</i> <sub>208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>219</sub> <i>G</i> <sub>253</sub> <i>H</i> <sub>183</sub> <i>I</i> <sub>152</sub> <i>J</i> <sub>204</sub> <i>K</i> <sub>218,221</sub>
Пересвет	<i>A</i> <sub>156,163</sub> <i>B</i> <sub>216</sub> <i>C</i> <sub>346,377</sub> <i>D</i> <sub>205,208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>219</sub> <i>G</i> <sub>253,256</sub> <i>H</i> <sub>183</sub> <i>I</i> <sub>152</sub> <i>K</i> <sub>123</sub>
<b>Сорта тверской селекции / Cultivars developed in Tver</b>	
Дипломат	<i>A</i> <sub>156,163</sub> <i>B</i> <sub>202,222</sub> <i>C</i> <sub>346,377</sub> <i>D</i> <sub>196,208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>217,219</sub> <i>G</i> <sub>253,256</sub> <i>H</i> <sub>183,192</sub> <i>I</i> <sub>146,156</sub> <i>J</i> <sub>164,198</sub> <i>K</i> <sub>181,215</sub>
Александрит	<i>A</i> <sub>163</sub> <i>B</i> <sub>202,216</sub> <i>C</i> <sub>346,377</sub> <i>D</i> <sub>196,208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>217,219</sub> <i>G</i> <sub>253</sub> <i>H</i> <sub>183</sub> <i>I</i> <sub>146,157</sub> <i>J</i> <sub>201,207</sub> <i>K</i> <sub>217,224</sub>
Сурский	<i>A</i> <sub>156,163</sub> <i>B</i> <sub>216</sub> <i>C</i> <sub>346,379</sub> <i>D</i> <sub>196,208</sub> <i>E</i> <sub>286</sub> <i>F</i> <sub>217,219</sub> <i>G</i> <sub>256</sub> <i>H</i> <sub>181,192</sub> <i>I</i> <sub>146,152</sub> <i>J</i> <sub>164</sub> <i>K</i> <sub>181,218</sub>

Примечание: в графе «Генетический паспорт» курсивом выделены редкие аллели, полужирным шрифтом – уникальные  
 Note: In the Genetic profile column, rare alleles are highlighted in italics, and unique alleles in bold

Паспорта представляют собой молекулярно-генетическую формулу, где каждому генетическому локусу соответствует буквенный код (**A** – *Lu3*, **B** – *Lu8*, **C** – *Lu13*, **D** – *Lu15*, **E** – *Lu17*, **F** – *Lu21*, **G** – *Lu23*, **H** – *Lu28*, **I** – *Flu7*, **J** – *Flu8*, **K** – *Flu25*), а индекс означает размер аллеля данного локуса. Выбранная система маркеров позволяет отличить генотипы льна-долгунца друг от друга на молекулярном уровне.

По результатам исследования полиморфизма одиннадцати SSR-локусов льна выполнен кластерный анализ. Дендрограмма генетического подобия между изученными образцами (рисунок) была построена на основании анализа генетических дистанций Нея (Nei, 1973) с использованием метода «neighbor joining method» (Saitou, Nei, 1987).

Исследованные сорта распределились по четырем смешанным кластерам по месту селекции (оригинатору). Сорта тверской селекции (Институт льна, Торжок) представляют обособленную группу, характеризующуюся средним и поздним сроками созревания. Остальные сорта псковской и томской селекции относятся к раннеспелым сортам и находятся в смешанных группах. Анализ родословных псковских и томских сортов указывает на использование при их создании кряжевых (стародавних) сортов псковского происхождения (Порова, Michkina, 2017; Stepin et al., 2018). Это позволяет предположить, что использованная нами система SSR-маркеров может быть применена для группировки сортов льна-долгунца по продолжительности вегетационного периода.



**Рисунок.** Дендрограмма генетического подобия сортов льна-долгунца на основе использования SSR маркеров  
**Figure.** The dendrogram of genetic similarities among common flax cultivars based on the use of SSR markers

#### Заключение

Использование SSR-маркеров позволило выявить генетическое разнообразие по уникальным локусам ряда сортов российской селекции различных исследовательских групп (тверской, псковской и томской). На основе выбранной системы маркеров составлены молекулярно-генетические формулы – «генетические паспорта» изученных сортов. Кластерный анализ выявил различия сортов по продолжительности вегетационного периода – ранние и средне-позднеспелые. Использование молекулярных маркеров для изучения генетического разнообразия современных сортов льна-долгунца российской селекции подтвердило генеалогические данные о наличии родственных связей между сортами псковской и томской селекции, созданными пространственно и временно отдаленными исследовательскими группами. Дальнейшее совершенствование и использование системы молекулярно-генетических SSR-маркеров позволит провести полномасштабную паспортизацию всех сортов льна, включенных в Государственный реестр селекционных достижений Российской Федерации, повысит эффективность работы селекционера и усилит контроль за семеноводством культуры.

Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России по теме № 0477-2019-0023.

#### References/Литература

- Chesnokov Yu.V. DNA-fingerprinting and analysis of genetic diversity in plants. *Agricultural Biology*. 2005;40(1):20-40. [in Russian] [Чесноков Ю.В. ДНК-фингерпринтинг и анализ генетического разнообразия у растений. *Сельскохозяйственная биология*. 2005;40(1):20-40).
- Cloutier S., Miranda E., Ward K., Radovanovic N., Reimer E., Walichnowski A. et al. Simple sequence repeat marker development from bacterial artificial chromosome end sequences and expressed sequence tags of flax (*Linum usitatissimum* L.). *Theor Appl Genet*. 2012;125(4):685-694. DOI: 10.1007/s00122-012-1860-4
- Davidchuk N.D., Korabelskaya E.M., Eremeeva N.V., Kobylsky G.I. Polymorphism of storage proteins and its use in wheat and barley seed production (Polimorfizm zapasnykh belkov i ispolzovaniye yego v semenovodstve pshenitsy i yachmenya). *Vestnik Tambovskogo gosudarstvennogo universiteta = Bulletin of Tambov State University*. 2009;14(1):116-121. [in Russian] [Давидчук Н.Д., Корабельская Е.М., Еремеева Н.В., Кобыльский Г.И. Полиморфизм запасных белков и использование его в семеноводстве пшеницы и ячменя. *Вестник Тамбовского государственного университета*. 2009;14(1):116-121).
- Dholakia B.B., Ammiraju J.S.S., Santra D.K., Singh H., Katti M.V., Lagu M.D. et al. Molecular marker analysis of protein con-

- tent using PCR-based markers in wheat. *Biochem Genet.* 2001;39(9-10):325-338. DOI: 10.1023/a:1012256813965
- Gong Y., Xu S., Mao W., Hu Q., Zhang G., Ding J. et al. Developing new SSR markers from ESTs of pea (*Pisum sativum* L.). *J. Zhejiang Univ. Sci. B.* 2010;11(9):702-707. DOI: 10.1631/jzus.B1000004
- Gostimsky S.A., Kokaeva Z.G., Konovalov F.A. Studying plant genome variation using molecular markers. *Russian Journal of Genetics.* 2005;41(4):480-490. [in Russian] (Гостимский С.А., Кокаева З.Г., Коновалов Ф.А. Изучение организации и изменчивости генома растений с помощью молекулярных маркеров. *Генетика.* 2005;41(4):480-490).
- Lemesh V.A., Bogdanova M.V., Khotyleva L.V. Microsatellite loci polymorphism of linseed varieties. *Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus.* 2012;56(4):77-82. [in Russian] (Лемеш В.А., Богданова М.В., Хотылева Л.В. Полиморфизм микросателлитных локусов сортов льна масличного. *Доклады Национальной академии наук Беларуси.* 2012;56(4):77-82).
- Lemesh V.A., Bogdanova M.V., Semashko T.V., Beinya V.A., Kilchevskiy A.V., Khotyleva L.V. Polymorphism of flax (*Linum usitatissimum* L.) microsatellite loci as a basis for genetic certification of varieties. *Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus.* 2013;57(2):74-78. [in Russian] (Лемеш В.А., Богданова М.В., Семашко Т.В., Бейня В.А., Кильчевский А.В., Хотылева Л.В. Полиморфизм микросателлитных локусов льна (*Linum usitatissimum* L.) как основа генетической паспортизации сортов. *Доклады Национальной академии наук Беларуси.* 2013;57(2):74-78).
- Malyshev S.V. Identification and certification of crop varieties (common wheat, potato, tomato, flax and beetroot) based on DNA markers. Guidelines (Identifikatsiya i pasportizatsiya sortov selskokhozyaystvennykh kultur (myagkoy pshenitsy, kartofelya, tomata, lna i svekly) na основе DNK-markerov. Metodicheskiye rekomendatsii). Minsk; 2006. [in Russian] (Малышев С.В. Идентификация и паспортизация сортов сельскохозяйственных культур (мягкой пшеницы, картофеля, томата, льна и свеклы) на основе ДНК-маркеров. Методические рекомендации. Минск; 2006).
- Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 1973;70(12):3321-3323. DOI: 10.1073/pnas.70.12.3321
- Nogué F., Mara K., Collonnier C., Casacuberta J.M. Genome engineering and plant breeding: impact on trait discovery and development. *Plant Cell Rep.* 2016;35(7):1475-1486. DOI: 10.1007/s00299-016-1993-z
- Popova G.A., Michkina G.A. 80 years of Tomsk breeding and seed-growing of fibre flax. In: *Flax growing: current status and development prospects (Lnovodstvo: sovremennoye sostoyaniye i perspektivy razvitiya). Proceedings of the Interregional Scientific and Practical Conference with International Participation, Tomsk, July 4, 2017.* Tomsk; 2017. p.10-15. [in Russian] (Попова Г.А., Мичкина Г.А. Томской селекции и семеноводству льна-долгунца 80 лет. В кн.: *Льноводство: современное состояние и перспективы развития. Материалы межрегиональной научно-практической конференции с международным участием, Томск, 04 июля 2017 г.* С.10-15). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=35006187> [дата обращения: 06.11.2019].
- Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol.* 1987;4(4):406-425. DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454
- Stepin A.D., Ryseva T.A., Kostrova G.A., Utkina S.V., Romanova N.V. Breeding-related assessment of hybrid common flax populations in Pskov Research Institute of Agriculture (Selektsionnaya otsenka gibridnykh populyatsiy lna-dolguntsa v Pskovskom NIISKH) *Izvestiya Velikokukuskoj gosudarstvennoy selskokhozyaystvennoy akademii = News of Velikiye Luki State Agricultural Academy.* 2018;(4):26-35. [in Russian] (Степин А.Д., Рысева Т.А., Кострова Г.А., Уткина С.В., Романова Н.В. Селекционная оценка гибридных популяций льна-долгунца в Псковском НИИСХ. *Известия Великолукской государственной сельскохозяйственной академии.* 2018;(4):26-35).
- Thiel T., Michalek W., Varshney R., Graner A. Exploiting EST databases for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theor Appl Genet.* 2003;106(3):411-422. DOI: 10.1007/s00122-002-1031-0
- Tian A.G., Wang J., Cui P., Han Y.J., Xu H., Cong L.J. et al. Characterization of soybean genomic features by analysis of its expressed sequence tags. *Theor Appl Genet.* 2004;108(5):903-913. DOI: 10.1007/s00122-003-1499-2
- Ushchapovskii I.V., Lemesh V.A., Bogdanova M.V., Guzenko E.V. Particularity of breeding and perspectives on the use of molecular genetic methods in flax (*Linum usitatissimum* L.) genetics and breeding research (review). *Agricultural Biology,* 2016;51(5):602-616. [in Russian] (Ущাপовский И.В., Лемеш В.А., Богданова М.В., Гузенко Е.В. Особенности селекции и перспективы применения молекулярно-генетических методов в генетико-селекционных исследованиях льна (*Linum usitatissimum* L.) (обзор). *Сельскохозяйственная биология.* 2016;51(5):602-616.). DOI: 10.15389/agrobiology.2016.5.602rus
- Varshney R.K., Glaszmann J.-C., Leung H., Ribaut J.-M. More genomic resources for less-studied crops. *Trends Biotechnol.* 2010;28(9):452-460. DOI: 10.1016/j.tibtech.2010.06.007
- Yu J., Bernardo R. Changes in genetic variance during advanced cycle breeding in maize. *Crop Sci.* 2004;44(2):405-410. DOI: 10.2135/cropsci2004.4050
- Zhuchenko A.A. Adaptive crop production (ecological and genetic principles, Theory and practice. Vol. I (Adaptivnoye rasteniyevodstvo [ekologo-geneticheskiye osnovy]. Т. I). Moscow: Agrorus; 2008. [in Russian] (Жученко А.А. Адаптивное растениеводство (эколого-генетические основы). Теория и практика. Том I. Москва: Агрорус, 2008).

**Прозрачность финансовой деятельности/The transparency of financial activities**

Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах.

The authors declare the absence of any financial interest in the materials or methods presented.

**Для цитирования/How to cite this article**

Базанов Т.А., Ущачовский И.В., Лемеш В.А., Богданова М.В., Лагуновская Е.В. Генетический полиморфизм современных сортов льна-долгунца (*Linum Usitatissimum* L.) российской селекции с использованием SSR-маркеров. Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2019;180(4):81-87. DOI: 10.30901/2227-8834-2019-4-81-87

Bazanov T.A., Ushchapovskii I.V., Lemesh V.A., Bahdanava M.V., Lahunovskaya A.V. Genetic polymorphism of modern common flax (*Linum Usitatissimum* L.) cultivars developed at russian breeding centers using SSR-markers. Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding. 2019;180(4):81-87. DOI: 10.30901/2227-8834-2019-4-81-87

**Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы/The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work**

**Дополнительная информация/Additional information**

Полные данные этой статьи доступны/Extended data is available for this paper at <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2019-4-81-87>

**Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы/The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employer**

**Все авторы одобрили рукопись/All authors approved the manuscript**

**Конфликт интересов отсутствует/No conflict of interest**