

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ И ИХ ДИКИХ РОДИЧЕЙ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ И ПРИКЛАДНЫХ ПРОБЛЕМ

Научная статья
УДК 633.521:631.527
DOI: 10.30901/2227-8834-2023-1-163-176



Молекулярно-генетическое разнообразие сортов льна (*Linum usitatissimum* L.), представленных в Госреестре селекционных достижений Российской Федерации

Т. А. Базанов, И. В. Ущাপовский, Н. Н. Логинова, Е. В. Смирнова, П. Д. Михайлова

Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия

Автор, ответственный за переписку: Тарас Александрович Базанов, t.bazanov@fnclk.ru

Актуальность. При исследовании генетического разнообразия сельскохозяйственных растений, представленного как в виде разрешенных к возделыванию сортов, так и в виде многообразия образцов рабочих и национальных коллекций, применяют молекулярные маркеры, которые позволяют проводить идентификацию сортов, устанавливать филогенетические связи между ними и выявлять ценные генотипы для создания новых высокопродуктивных сортов. Одним из эффективных способов решения этих задач является применение SSR-маркеров. Целью данной работы является изучение генетического разнообразия современных сортов льна, представленных в Госреестре сортов Российской Федерации, с помощью SSR-маркеров, определение их филогенетических связей и генетическая паспортизация.

Материалы и методы. Объектом исследования стали 82 сорта льна (60 сортов льна-долгунца, 22 сорта льна масличного) и 3 образца стародавних кряжевых льнов. Генетический анализ проводился методом ПЦР с использованием набора из 11 SSR-маркеров, меченых флуоресцентными красителями, с последующей детекцией продуктов на генетическом анализаторе.

Результаты. При исследовании сортов было обнаружено 50 аллелей в 11 локусах, количество аллелей на локус варьировало от 2 до 10, в среднем 4,55 аллелей. Каждый образец льна содержал свойственный только ему набор аллелей.

Заключение. Полученная SSR-база данных позволила разработать генетические паспорта каждого сорта в виде буквенно-цифрового кода. Также был проведен кластерный анализ и построена дендрограмма генетического подобию. Выявленные родственные связи между сортами согласуются с информацией об их происхождении.

Ключевые слова: лен-долгунец, лен масличный, ДНК-маркеры, ПЦР, полиморфизм, генетическая паспортизация, селекция

Благодарности: работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России по теме № 0477-2019-0023.

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Для цитирования: Базанов Т.А., Ущাপовский И.В., Логинова Н.Н., Смирнова Е.В., Михайлова П.Д. Молекулярно-генетическое разнообразие сортов льна (*Linum usitatissimum* L.), представленных в Госреестре селекционных достижений Российской Федерации. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(1):163-176. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-1-163-176

IDENTIFICATION OF THE DIVERSITY OF CULTIVATED PLANTS AND THEIR WILD RELATIVES FOR SOLVING FUNDAMENTAL AND APPLIED PROBLEMS

Original article

DOI: 10.30901/2227-8834-2023-1-163-176

Molecular genetic diversity of flax cultivars (*Linum usitatissimum* L.) represented in the State Register for Selection Achievements of the Russian Federation

Taras A. Bazanov, Igor V. Uschapovsky, Natalya N. Loginova, Ekaterina V. Smirnova, Polina D. Mikhailova

Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russia

Corresponding author: Taras A. Bazanov, t.bazanov@fnclck.ru

Background. When researching crop genetic diversity, including flax species, molecular markers are used to identify cultivars, establish phylogenetic relationships among them and select valuable genotypes and sources of useful traits. One of the effective ways to solve these tasks is the use of SSR markers, as a molecular method. The aim of this work was to study the molecular genetic polymorphism of modern flax cultivars listed in the State Register for Selection Achievements of the Russian Federation, find out their phylogenetic relationships and develop a version of their genetic certification.

Materials and methods. The materials for the research were 82 flax cultivars (60 cultivars of fiber flax and 22 of oilseed flax) and 3 ancient landraces. Genetic analysis was carried out using the PCR method with a set of 11 SSR markers labeled with fluorescent dyes, followed by the detection of products on the genetic analyzer.

Results. The study of the cultivars revealed 50 alleles at 11 loci, with the number of alleles per locus ranging from 2 to 10, averaged to 4.55 alleles per locus. Each flax sample contained a unique set of alleles.

Conclusion. The resulting SSR database made it possible to develop genetic certificates for each cultivar in the form of an alphanumeric code. A cluster analysis was also carried out and a dendrogram of genetic similarity was constructed. The identified sib relationships among the cultivars confirmed the information about their origin.

Keywords: fiber flax, oilseed flax, DNA markers, PCR, polymorphism, genetic certification, breeding

Acknowledgements: the work was carried out within the framework of the state task assigned by the Ministry of Education and Science of Russia, Theme No. 0477-2019-0023.

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

For citation: Bazanov T.A., Uschapovsky I.V., Loginova N.N., Smirnova E.V., Mikhailova P.D. Molecular genetic diversity of flax cultivars (*Linum usitatissimum* L.) represented in the State Register for Selection Achievements of the Russian Federation. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(1):163-176. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-1-163-176

Введение

Лен (*Linum usitatissimum* L.), традиционно входящий в структуру посевов Российской Федерации, в зависимости от биологической формы растения – лен-долгунец, межеумок или кудряш – классифицируется как прядильная или как масличная культура. В последнее десятилетие в России площадь возделывания льна-долгунца составляет порядка 50 тыс. га., масличного льна – более 1 млн га. Благодаря тому, что из растения можно получать и волокнистую, и семенную продукцию, лен нашел применение в самых разных сферах народного хозяйства (Ponazhev et al., 2014; Saha et al., 2019; Nag et al., 2020; Jiang et al., 2022). Так, для получения льноволокна, необходимого для текстильной, медицинской, химической промышленности, используется до 40–50% тресты льна-долгунца. Оставшаяся часть – костра, являющаяся побочным продуктом – применяется для получения энергии в строительной и других отраслях промышленности. Масло, получаемое из семян масличного льна, в зависимости от жирнокислотного состава, применяется в пищевой, фармацевтической и химической промышленности (Porokhvinova et al., 2019; Nagabhusanam et al., 2021; Saroha et al., 2021).

В практике международного сельскохозяйственного производства национальные системы сертификации селекционных достижений оценивают и предлагают сорта, наиболее подходящие (районированные) для потенциальных агроклиматических зон возделывания культуры. Госсортокомиссия Минсельхоза России предлагает для льноводных хозяйств около 100 районированных сортов *L. usitatissimum* для различных регионов страны (State Register..., 2022). Большая часть современных сортов и гибридов льна получена с помощью традиционных методов селекции, однако применение новых биотехнологических методов ускорит получение конкурентоспособных сортов (Noque et al., 2020). При создании новых высокопродуктивных и устойчивых сортов необходимым условием является наличие генетического разнообразия селекционного материала. Генетические ресурсы являются основой для поиска новых генов, перспективных комбинаций признаков и получения улучшенных сортов. Эффективность данного этапа работы зависит от возможности оценить генетический полиморфизм исходного материала (You et al., 2019; Noque et al., 2020; Talebi, Matsuyura, 2021).

Одним из эффективных индикаторов полиморфизма являются генетические маркеры (Jiang et al., 2022). Идентификация сортов с помощью ДНК-маркеров также является важным шагом на пути к повышению урожайности и качества (Pan et al., 2020). С помощью генетических маркеров можно отбирать родительские формы для дальнейшей селекции, а также гетерозиготные формы, обладающие необходимой комбинацией признаков. (Nagabhusanam et al., 2021).

Анализ генетических ресурсов растений с помощью молекулярных маркеров позволяет выявлять скрытую изменчивость и тем самым целенаправленно подходить к более точной дифференциации и идентификации сортов, коллекционных образцов, в том числе и к выявлению ценных генотипов. Эти новые методы используются для определения генетического полиморфизма (Niyitanga et al., 2021).

В настоящее время насчитывается большое количество различных видов молекулярных маркеров. Каждый из них обладает определенными достоинствами. «Иде-

альные» молекулярные маркеры для селекции характеризуются особыми свойствами. Они высокополиморфны, надежны и воспроизводимы, равномерно распределены по геному, легко анализируемы и относительно недороги (Chesnokov, 2018). Широко распространены SSR-маркеры, которые представляют собой простые повторяющиеся фрагменты генома. Микросателлитные последовательности распространены повсеместно в ДНК высших растений. Их главными отличиями от других генетических маркеров является более высокий уровень полиморфизма, стабильное наследование в поколениях и охват разных областей генома. В ходе ПЦП с SSR-маркерами образуются ампликоны, различающиеся по длине на один или более нуклеотидов, в результате чего для каждого сорта растений возможно определить набор специфичных только для данного сорта аллелей. Для льна в настоящее время описано более 1300 SSR-маркеров, что выгодно отличает его от других сельскохозяйственных культур (El Sayed et al., 2018; Cullis, 2019; Nag et al., 2020; Pan et al., 2020).

Метод SSR-PCR был разработан J. Weber и P. May в 1989 г. Праймерами выступают последовательности, фланкирующие микросателлиты, которые обычно идентифицируют один мультиаллельный локус. Для анализа результатов используют секвенирующие гели, на которых можно увидеть различия в один нуклеотид. Таким образом можно детектировать каждый аллель. Источником полиморфизма при использовании этого типа маркеров является изменяющееся количество повторов и, соответственно, размеры амплифицированных фрагментов, соответствующих разным аллелям.

Целью данной работы является изучение молекулярно-генетического разнообразия сортов льна (*L. usitatissimum*), представленных в Госреестре селекционных достижений Российской Федерации, определение филогенетических связей и генетическая паспортизация исследуемых сортов.

Материалы и методы

В качестве материала для исследований было отобрано 60 сортов льна-долгунца и 22 сорта льна масличного, включенных в Государственный реестр селекционных достижений Российской Федерации и представляющих результаты селекции учреждений-оригинаторов из географически различных мест. Также в исследование были включены три коллекционных образца – «кряжевые льны», происходящие из Псковской области. Исследованные сорта растений с указанием оригинатора приведены в таблице 1.

ДНК выделяли из листьев (50–100 мг) четырехнедельных растений с использованием СТАВ-метода, модифицированного для выделения из лубяных культур. Пробы ДНК объединялись из восьми растений для каждого сорта. Амплификацию фрагментов ДНК проводили с помощью набора из 11 SSR-праймеров, меченных флуоресцентными красителями, разработанных и произведенных ООО «НПФ Синтол» (Россия) для генетической паспортизации льна. Их нуклеотидные последовательности приведены в таблице 2.

Реакционная смесь во всех случаях включала оптимально подобранные количества исследуемой ДНК, прямого и обратного праймера, dNTP, MgCl₂ и Taq-полимеразы. При проведении ПЦП использовали амплификатор MyCycler™ (Bio-Rad Laboratories, Inc.), реакция осуществлялась при 94°C в течение 5 мин, далее 35 циклов дена-

Таблица 1. Исследованные сорта льна

Table 1. The studied flax cultivars

Сорт / Cultivar		Оригинатор / Originator	
Сорта льна-долгунца / Cultivars of fiber flax			
Агата, Мелина		Limagrain Nederland BV, г. Лейстад, Нидерланды	
Мерилин		Van de Bilt Zaden BV, г. Слуискил, Нидерланды	
Василек	Ласка	Институт льна, г. Орша, НАН Беларуси	
Веста	Левит 1		
Грант	Пралеска		
А 29	Новоторжский	Федеральный научный центр лубяных культур, обособленное подразделение НИИ льна (ОП НИИЛ), г. Торжок	
А 93	Полет		
Александрит	Росинка		
Алексим	Славный 82		
Альфа	Тверской		
Визит	Тверца		
Дипломат	Тонус		
Зарянка	Торжокский 4		
Лазурный	Универсал		
Ленок	Цезарь		
Могилевский 2	Сурский		
Надежда			
Антей	Пересвет		Федеральный научный центр лубяных культур, обособленное подразделение Псковский НИИСХ (ОП Псковский НИИСХ), г. Псков
Восход	Прибой		
Добрыня	Псковский 359		
Кром	Псковский 85		
Норд	Русич		
Орион		Федеральный научный центр лубяных культур, обособленное подразделение Смоленский НИИСХ (ОП Смоленский НИИСХ), г. Смоленск	
Импульс	Смоленский		
Лидер	Смолич		
С 108	Союз	Вятская государственная сельскохозяйственная академия (ВСХА), г. Киров	
Белочка	Синичка		
Памяти Крепкова	Тост	Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий РАН (СФНЦА РАН), г. Томск	
Томич	Тост 3		
Томский 16	Тост 4		
Томский 17	Тост 5		
Томский 18			

Таблица 1. Окончание

Table 1. The end

Сорт / Cultivar		Оригинатор / Originator
Сорта масличного льна / Cultivars of oilseed flax		
Август	Радуга	Федеральный научный центр Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта (ФНЦ ВНИИМК), г. Краснодар
Бирюза	Ручеек	
ВНИИМК 620	РФН	
ВНИИМК 620 ФН	Светлячок	
ВНИИМК 630	Северный	
Даник	Сокол	
Исилькульский	Флиз	
Небесный	Ы 117	
Нилин		
ЛМ 98		Федеральный научный центр лубяных культур, обособленное подразделение НИИ льна (ОП НИИЛ), г. Торжок
Исток		Федеральный научный центр лубяных культур, обособленное подразделение Пензенский НИИСХ (ОП Пензенский НИИСХ), г. Пенза
Кинельский 2000		Самарский федеральный исследовательский центр РАН (СФИЦ РАН), г. Кинель
Илим		Институт льна, г. Орша, НАН Беларуси
Чибис		Баранник В.А., г. Белгород
Ландрасы		
Псковский	Гдовский	Псковская область
Зарецкий		

Таблица 2. Нуклеотидные последовательности SSR-маркеров льна

Table 2. Nucleotide sequences of SSR markers in flax

SSR-маркер / SSR marker	Прямой праймер (5'-3') / Forward primer (5'-3')	Обратный праймер (5'-3') / Reverse primer (5'-3')
Lin1	TTGGGATTGAGAAGAGGG	ATAAGGCCAAATAGAGAGGAAAG
Lin2	AGGATTACAACAAGAGACTG	ATATTGACAGGGGAGGAAATAG
Lin3	TTTGCAACGTCAATACCG	ATATCGCCTCAATAAACAACAG
Lin4	CCTCAGTAGCATCGGTG	ATATTGGCCTATAAAAAGACACT
Lin5	GAAGAAGAAGGCGGGTAC	ATACACAGCTGAAAGCAAGATAAC
Lin6	GGGAGAACAACAAGAGAG	ATACGACAGGAACAACACG
Lin7	GCCGCCAGAAGAAATG	ATACTGGCAGCTTAATCAACC
Lin8	TCTGGGTACAACCAGAAAC	ATAGACTTAGAGACGATTGGAAACTG
Lin9	CGTCTACAACGGAGACAC	ATAGGCGACAAGGGAGG
Lin10	CAACGGAGACCAATCAG	ATACCCAGTCTACTCAGCTAG
Lin11	TAGTAATAAGAAGGAGCCAAG	ATAGCATCCAACAAGGGTG

турации при температуре 94°C в течение 30 с, отжиг праймеров в течение 45 с (температура отжига подбирается в зависимости от праймера), а затем элонгация при 72°C в течение 40 с. Конечная элонгация выполнялась при 72°C 5 мин.

Продукты амплификации денатурировали формидом и разделяли методом капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе НАНОФОР 05 (ООО «НПФ Синтол»). Учет результатов анализа проводился по наличию или отсутствию в образце аллелей определенной длины в конкретном локусе. Полученные результаты записывали в виде бинарной матрицы, которая использовалась далее для создания молекулярно-генетической формулы сорта. Генетический анализ полученных данных выполнялся с использованием надстройки GenAlex 6.5 (GenAlexsoftware), для построения дендрограммы генетического подобия использовали программное обеспечение DARwin v.6 (DARwinsoftware).

Результаты и обсуждение

Полученная путем фрагментного анализа SSR-база данных с использованием 11 пар SSR-праймеров позволила провести исследование полиморфизма 60 сортов льна-долгунца, 22 сортов льна масличного и трех ландрас. Результаты отражены в таблице 3. Учитывая весь набор данных из 85 генотипов, в общей сложности 50 аллелей было обнаружено в 11 локусах, при этом количество аллелей на локус варьировало от 2 (Lin1 и Lin5) до 10 (Lin10 и Lin11), в среднем 4,55 аллелей на локус. Анализ распределения аллелей показал, что каждый образец льна содержит свойственный только ему набор аллелей. Ожидаемые значения гетерозиготности находились в диапазоне 0,034–0,761 со средним значением 0,51, при этом значения наблюдаемой гетерозиготности варьировали от 0,035 до 1 с достаточно высоким средним значе-

нием 0,47. Такие значения гетерозиготности свойственны микросателлитным локусам из-за множественности аллельных вариантов, обусловленных изменчивостью числа повторяющихся мотивов ДНК. Полученные данные характеризуют использованные SSR-маркеры как разнообразные и в достаточной мере полиморфные, что позволяет применять их для генетической дифференциации и изучения филогенетических отношений сортов.

На основе результатов исследования 11 SSR-маркеров был выполнен кластерный анализ. Дендрограмма генетического подобия между изученными образцами льна была построена методом Neighbor Joining Method (Saitou, Nei, 1987).

При анализе общей дендрограммы изученных сортов отмечается три основных кластера льна-долгунца и льна масличного (рис. 1). В кластер А вошли все сорта льна масличного. Кластеры В и С объединяют сорта льна-долгунца.

Внутрикластерный анализ позволяет рассматривать наличие филогенетических отношений между сортами. Так, кластер А, состоящий из масличных льнов, разделен на две группы – А1 и А2 (рис. 2).

Группа А1 содержит девять сортов селекции ВНИИМК, имеющих общие генеалогические связи. Так, согласно установленным данным, сорт 'ВНИИМК 620 ФН' выведен методом индивидуального отбора из 'ВНИИМК 620', который также участвовал в создании сорта 'Даник'. Сорт 'РФН' получен методом индивидуального отбора из сорта 'Ручеек'.

Группа А2 содержит как сорта селекции ВНИИМК, так и сорта остальных оригинаторов. Сорта данной группы представляют собой результаты селекционной работы по скрещиванию и многократному индивидуальному отбору из линий и образцов различного географического происхождения (США, Канада, Казахстан, Россия и т. д.). Например, сорт 'Северный' в своей родословной имеет

Таблица 3. Характеристика полиморфных SSR-локусов льна
Table 3. Characterization of polymorphic SSR loci in flax

SSR-маркер / SSR marker	Размер аллелей (пн) / Size of alleles (bp)	N_A	N_E	H_0	H_E
Lin1	323–330	2	1,035	0,035	0,034
Lin2	425–437	3	2,139	1	0,532
Lin3	194–216	3	1,640	0,337	0,390
Lin4	307–315	3	1,570	0,093	0,363
Lin5	406–419	2	1,987	0,128	0,497
Lin6	164–195	4	2,372	1	0,578
Lin7	379–388	3	2,346	0,186	0,574
Lin8	117–156	7	2,399	0,233	0,583
Lin9	289–295	3	2,173	0,314	0,540
Lin10	234–270	10	3,642	1	0,725
Lin11	163–183	10	4,182	0,884	0,761
Среднее значение на локус / Mean value per locus		4,55	2,32	0,47	0,51

Примечание: N_A – количество аллелей на локус; N_E – количество эффективных аллелей на локус; H_E – ожидаемая гетерозиготность; H_0 – наблюдаемая гетерозиготность

Note: N_A – number of alleles per locus; N_E – number of effective alleles per locus; H_E – expected heterozygosity; H_0 – observed heterozygosity

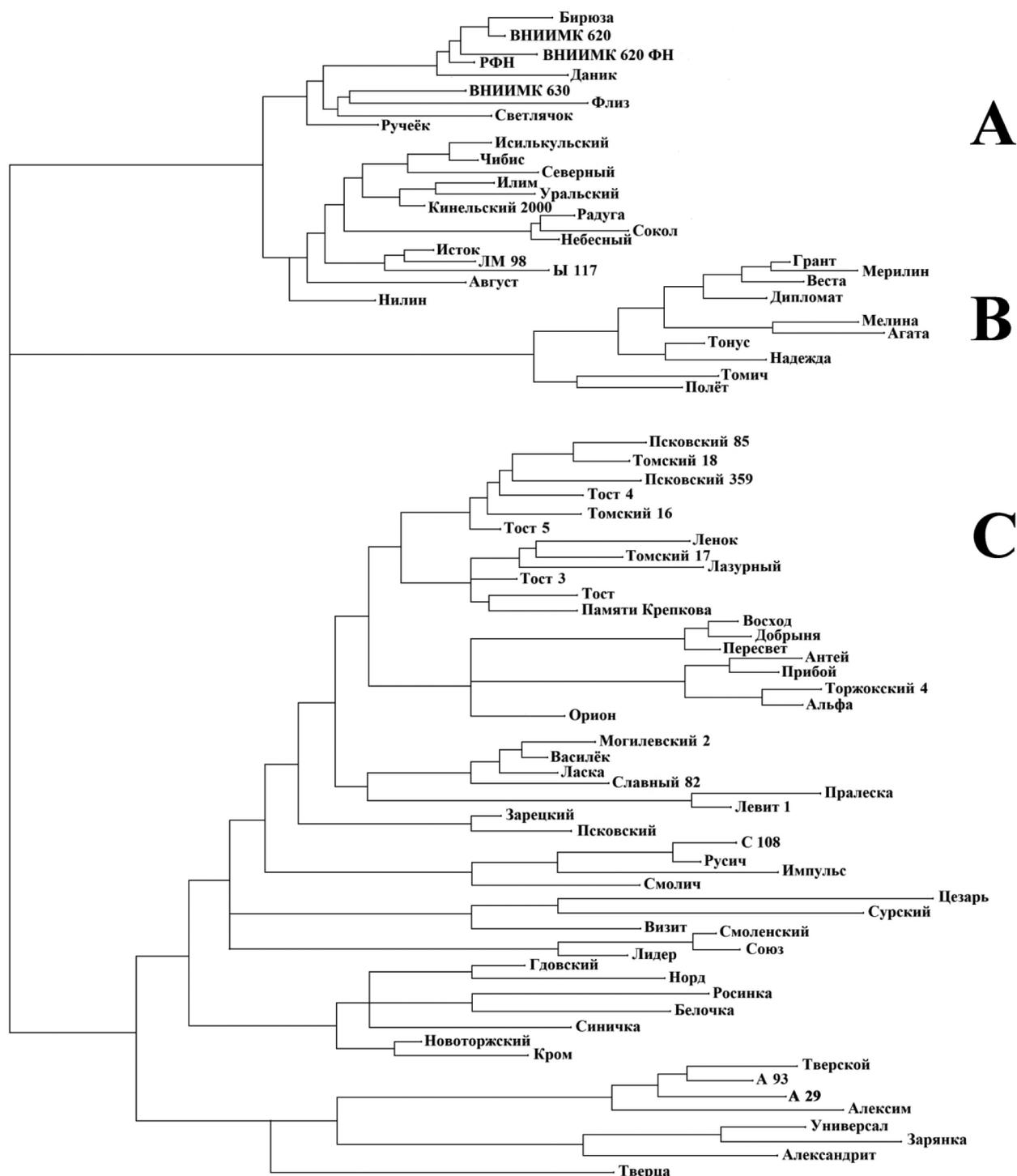


Рис. 1. Полная схема дендрограммы генетического подобия изученных сортов льна
Fig. 1. Complete dendrogram of the genetic similarity among the studied flax cultivars

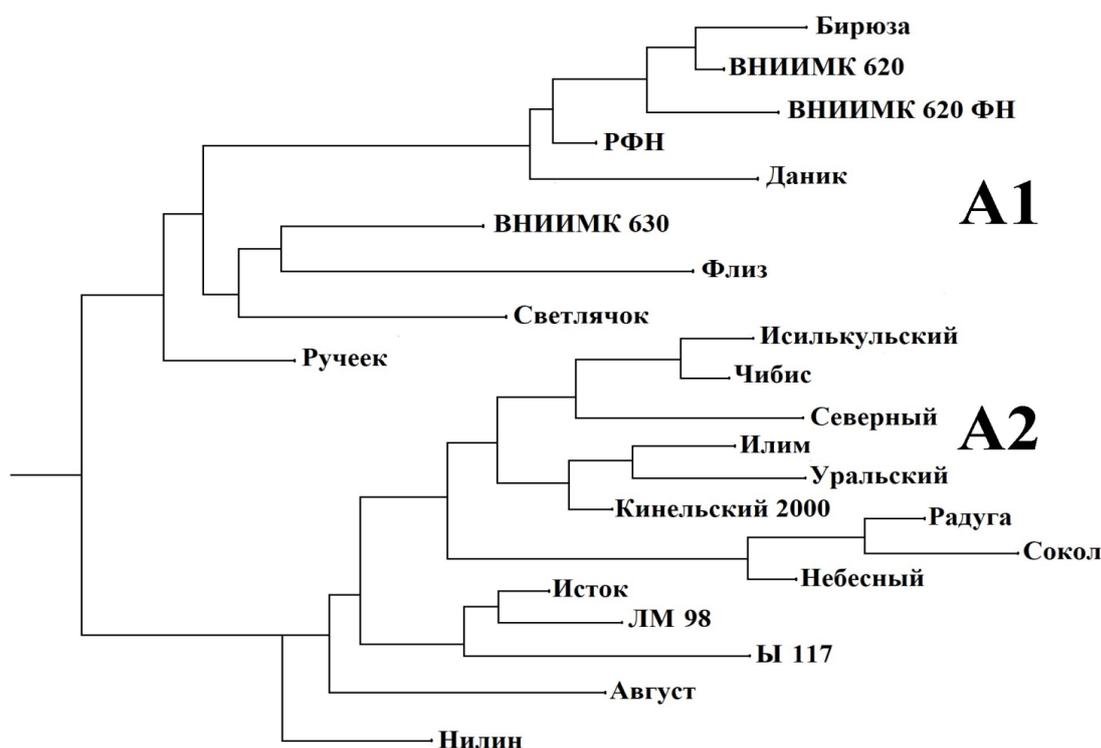


Рис. 2. Дендрограмма генетического подобию сортов льна масличного

Fig. 2. Dendrogram of the genetic similarity among oilseed flax cultivars

марокканский образец. Сорта ‘Небесный’ и ‘Сокол’ происходят от различных комбинаций скрещиваний с сортом ‘Союз’, сорт ‘Радуга’ получен из гибридной комбинации с сортом ‘Небесный’.

Генетический паспорт сорта должен содержать информацию о количестве и размере аллелей определенных локусов, характеризующих генотип данного сорта. Паспорта представляют собой молекулярно-генетическую формулу, где каждому генетическому локусу соответствует буквенный код (A – Lin1, B – Lin2, C – Lin3, D – Lin4, E – Lin5, F – Lin6, G – Lin7, H – Lin8, I – Lin9, J – Lin10, K – Lin11), а индекс означает размер аллеля данного локуса.

Генетические паспорта сортов, составляющих кластер А, представлены в таблице 4.

Кластер В, представленный на рисунке 3, состоит из десяти сортов льна-долгунца от различных оригинато-

ров. В него вошли голландские сорта ‘Мерилин’, ‘Мелина’ и ‘Агата’, сорта селекции ОП НИИЛ ‘Дипломат’, ‘Надежда’ и ‘Тонус’, сорт СФНЦА РАН ‘Томич’, имеющие в родословной сорт ‘Viking’. Сорт селекции ОП НИИЛ ‘Полет’ происходит от французской линии 82Сх15. Можно предположить, что сорта Института льна (Беларусь) ‘Грант’ и ‘Веста’ в этом кластере оказались по причине их родственности с одним из исследованных сортов. Генетические паспорта кластера представлены в таблице 5.

Кластер С, представленный на рисунке 4, является самой большой и интересной группой исследованных сортов. В него входят девять смешанных групп, в основном разделившихся по оригинатору.

Генетические паспорта кластера С представлены в таблице 6.

Таблица 4. Генетические паспорта сортов льна-долгунца кластера А

Table 4. Genetic certificates of fiber flax cultivars in the A cluster

Группа / Group	Сорт / Cultivar	Генетический паспорт / Genetic certificate
A1	Бирюза	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₁₉₄ D ₃₁₂ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₇₉ H _{117,153} I ₂₉₂ J _{254,267} K _{171,179}
	ВНИИМК 620	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₁₉₄ D ₃₁₂ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{254,267} K _{173,179}
	ВНИИМК 620 ФН	A _{323,330} B _{425,437} C ₁₉₄ D ₃₁₂ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{254,264} K _{173,179}
	РФН	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{194,216} D ₃₁₂ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{254,267} K _{173,179}
	Даник	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₁₉₄ D ₃₁₂ E ₄₁₉ F _{164,192} G _{379,388} H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{254,270} K ₁₇₉
	ВНИИМК 630	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₁₅ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₇₉ H _{117,149} I ₂₉₂ J _{254,267} K _{167,173}
	Флиз	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{194,216} D ₃₁₅ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₇₉ H ₁₁₇ I ₂₉₂ J _{254,267} K _{173,179}
	Светлячок	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₁₅ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₇₉ H _{117,153} I ₂₈₉ J _{254,267} K _{165,173}
	Ручеек	A _{323,330} B _{425,437} C _{194,216} D ₃₀₇ E _{406,419} F _{164,192} G _{379,388} H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{264,267} K _{167,179}

Таблица 4. Окончание
Table 4. The end

Группа / Group	Сорт / Cultivar	Генетический паспорт / Genetic certificate
A2	Исилькульский	A ₃₂₃ B _{425,434} C _{194,216} D ₃₀₇ E _{406,419} F _{164,192} G ₃₈₁ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{234,246} K _{173,181}
	Чибибис	A ₃₂₃ B _{425,434} C _{194,216} D ₃₀₇ E _{406,419} F _{164,192} G ₃₈₁ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{246,264} K _{167,173}
	Северный	A ₃₂₃ B _{425,434} C _{194,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₈ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{246,264} K _{173,179}
	Илим	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G _{379,381} H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{246,264} K _{173,179}
	Уральский	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{194,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G _{379,381} H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{246,264} K _{165,179}
	Кинельский 2000	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₁ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{246,264} K _{165,173}
	Радуга	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{194,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,195} G _{379,381} H _{117,153} I ₂₉₂ J _{257,270} K _{173,179}
	Небесный	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,195} G _{381,388} H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{257,270} K _{165,179}
	Сокол	A ₃₂₃ B _{425,434} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,195} G _{381,388} H _{117,153} I ₂₉₂ J _{261,270} K _{173,179}
	Исток	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₁ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{251,264} K _{163,173}
	ЛМ 98	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₁ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{251,264} K _{163,179}
	Ы 117	A _{323,330} B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G _{381,388} H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{251,264} K _{167,173}
	Август	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₁ H ₁₅₃ I _{289,292} J _{246,264} K _{171,179}
Нилин	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G _{379,381} H _{146,153} I _{289,292} J _{264,267} K _{173,179}	

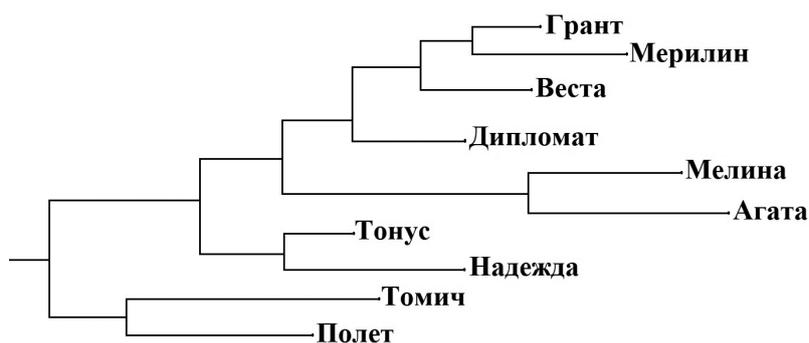


Рис. 3. Дендрограмма генетического подобия сортов льна-долгунца кластера В
Fig. 3. Dendrogram of the genetic similarity among fiber flax cultivars in the B cluster

Таблица 5. Генетические паспорта сортов льна-долгунца кластера В
Table 5. Genetic certificates of fiber flax cultivars in the B cluster

Сорт / Cultivar	Генетический паспорт / Genetic certificate
Грант	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,186} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I _{289,292} J _{251,264} K _{173,183}
Мерилин	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,186} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I _{289,292} J _{246,264} K _{173,183}
Веста	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,186} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I _{289,292} J _{251,264} K _{173,183}
Дипломат	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,186} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I _{289,292} J _{251,264} K _{173,181}
Мелина	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,186} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{251,264} K _{182,183}
Агата	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₁₅ E ₄₁₉ F _{164,186} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I ₂₉₂ J _{251,264} K ₁₇₃
Тонус	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E _{406,419} F _{164,186} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I ₂₈₉ J _{251,264} K _{171,179}
Надежда	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,186} G ₃₇₉ H ₁₅₃ I ₂₈₉ J _{251,264} K ₁₇₉
Томич	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E _{406,419} F _{164,186} G _{379,388} H ₁₅₃ I _{289,292} J _{234,246} K _{171,179}
Полет	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D _{307,315} E _{406,419} F _{164,186} G _{379,388} H ₁₅₃ I _{289,292} J _{251,264} K _{173,179}

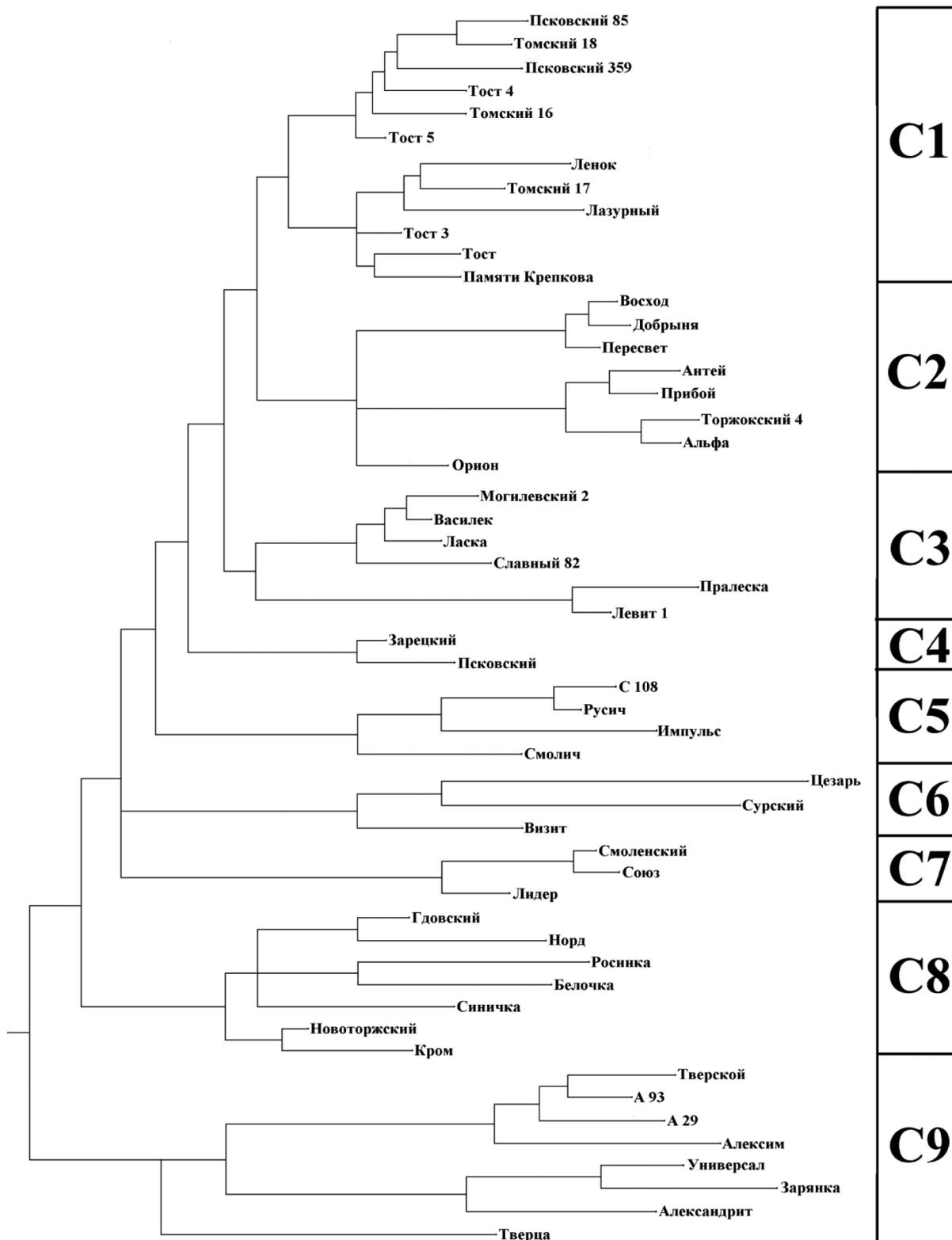


Рис. 4. Дендрограмма генетического подобия сортов льна-долгунца кластера C
Fig. 4. Dendrogram of the genetic similarity among fiber flax cultivars in the C cluster

Таблица 6. Генетические паспорта сортов льна-долгунца кластера С

Table 6. Genetics certificates of fiber flax cultivars in the C cluster

Группа / Group	Сорт / Cultivar	Генетический паспорт / Genetic certificate
C1	Псковский 85	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,175}$
	Томский 18	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{165,173}$
	Псковский 359	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,181}$
	Тост 4	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,183}$
	Томский 16	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{171,173}$
	Тост 5	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,179}$
	Ленок	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289,295} J_{251,264} K_{171,181}$
	Томский 17	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289,295} J_{251,264} K_{171,179}$
	Лазурный	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289,295} J_{251,264} K_{179}$
	Тост 3	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{171,179}$
	Тост	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{171,181}$
Памяти Крепкова	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{171,183}$	
C2	Восход	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307,315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{179}$
	Добрыня	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307,315} E_{406} F_{164,192} G_{379,388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{179}$
	Пересвет	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307,315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{179,181}$
	Антей	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{179}$
	Прибой	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,179}$
	Торжокский 4	$A_{323} B_{425,437} C_{207,216} D_{315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{171,179}$
	Альфа	$A_{323} B_{425,437} C_{207,216} D_{315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,179}$
	Орион	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307,315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,179}$
C3	Могилевский 2	$A_{323} B_{425,437} C_{207,216} D_{307} E_{406,419} F_{164,186} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,183}$
	Василек	$A_{323} B_{425,437} C_{207,216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{173,183}$
	Ласка	$A_{323} B_{425,437} C_{207,216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{167,173}$
	Славный 82	$A_{323} B_{425,437} C_{207,216} D_{307,315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289,295} J_{251,264} K_{173,183}$
	Пралеска	$A_{323} B_{425,437} C_{207} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{246,258} K_{173,179}$
	Левит 1	$A_{323} B_{425,437} C_{207} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{179}$
C4	Зарецкий	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147,153} I_{289,292} J_{251,264} K_{171,183}$
	Псковский	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147,156} I_{289,292} J_{251,264} K_{175,179}$
C5	С 108	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{381} H_{147,150} I_{289} J_{251,264} K_{167,173}$
	Русич	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{381} H_{147} I_{289} J_{251,264} K_{167,173}$
	Импульс	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{381} H_{150} I_{289} J_{251,264} K_{179}$
	Смолич	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{381} H_{147} I_{289,292} J_{251,264} K_{171,179}$
C6	Цезарь	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{315} E_{406} F_{164,186} G_{381} H_{147} I_{295} J_{251,264} K_{167,173}$
	Сурский	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{315} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{153} I_{295} J_{251,264} K_{173,179}$
	Визит	$A_{323} B_{425,437} C_{216} D_{307} E_{406} F_{164,192} G_{388} H_{147} I_{295} J_{251,264} K_{173,179}$

Таблица 6. Окончание

Table 6. The end

Группа / Group	Сорт / Cultivar	Генетический паспорт / Genetic certificate
C7	Смоленский	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₀₆ F _{164,192} G _{381,388} H _{147,150} I _{289,292} J _{246,264} K _{179,183}
	Союз	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₀₆ F _{164,192} G _{381,388} H _{147,150} I _{289,292} J _{246,264} K ₁₇₉
	Лидер	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₀₆ F _{164,192} G _{381,388} H _{147,150} I _{289,292} J _{246,264} K _{173,183}
C8	Гдовский	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₈ H _{147,150} I ₂₈₉ J _{246,264} K _{171,173}
	Норд	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₈ H ₁₄₇ I ₂₈₉ J _{234,246} K _{167,173}
	Росинка	A ₃₂₃ B _{425,434} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₈ H ₁₄₇ I _{289,292} J _{261,264} K _{167,173}
	Белочка	A ₃₂₃ B _{425,434} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₈ H ₁₄₇ I ₂₈₉ J _{261,264} K _{173,179}
	Синичка	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,186} G ₃₈₈ H ₁₄₇ I ₂₈₉ J _{251,264} K _{167,173}
	Новоторжский	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₈ H ₁₄₇ I ₂₈₉ J _{251,264} K _{173,179}
	Кром	A ₃₂₃ B _{425,437} C ₂₁₆ D ₃₀₇ E ₄₁₉ F _{164,192} G ₃₈₈ H ₁₄₇ I ₂₈₉ J _{251,264} K _{171,179}
C9	Тверской	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₀₆ F _{164,192} G ₃₈₈ H _{147,153} I _{289,292} J _{246,264} K _{167,173}
	А 93	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₀₆ F _{164,192} G ₃₈₈ H _{147,153} I _{289,292} J _{251,264} K _{167,173}
	А 29	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₀₆ F _{164,192} G ₃₈₈ H _{147,153} I _{289,292} J _{251,264} K _{173,183}
	Алексим	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E ₄₀₆ F _{164,192} G ₃₈₈ H _{147,153} I _{289,292} J _{258,264} K _{173,179}
	Универсал	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D _{307,315} E _{406,419} F _{164,192} G ₃₈₈ H _{147,153} I _{289,292} J _{246,264} K _{173,179}
	Зарянка	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D _{307,315} E _{406,419} F _{164,192} G ₃₈₈ H _{147,153} I _{289,292} J _{246,264} K _{173,183}
	Александрит	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E _{406,419} F _{164,192} G ₃₈₈ H _{147,153} I _{289,292} J _{251,264} K _{173,183}
	Тверца	A ₃₂₃ B _{425,437} C _{207,216} D ₃₀₇ E _{406,419} F _{164,192} G _{381,388} H ₁₄₇ I _{289,292} J _{251,264} K _{173,179}

Группа C1 представляет собой подкластер, в который вошли сорта селекции СФНЦ РАН, ОП Псковского НИИСХ и ОП НИИЛ. Кластеризация сортов СФНЦ РАН и ОП Псковского НИИСХ подтверждается анализом родословных, указывающих на использование при их создании стародавних сортов псковского происхождения (Ророва, Michkina, 2017). Сорт 'Ленок' имеет в родословной и сорт 'Лазурный', и образец псковского стародавнего сорта. В эту группу входят как достаточно старые сорта, так и относительно недавно созданные.

Группа C2 состоит из сортов ОП Псковского НИИСХ селекции 2000–2010 гг. Сорта 'Восход', 'Пересвет', 'Антей', 'Прибой' и 'Орион' имеют в родословной тверской сорт 'А 29' в различных комбинациях. Сорт 'Добрыня' имеет общность в родословной с сортом 'Восход'. Сорта ОП НИИЛ 'Торжокский 4' и 'Альфа', вошедшие в эту группу, имеют в генеалогии сорта ОП Псковского НИИСХ.

Группа C3 объединяет современные белорусские сорта Института льна 'Василек', 'Ласка', 'Пралеска', 'Левит' и 'Могилевский 2'.

Два образца, представленные стародавними сортами-кряжами 'Зарецкий' и 'Псковский', образовали группу C4. Расположение этих сортов – в середине кластера средне-русских льнов-долгунцов.

Сорта селекции ОП Смоленского НИИСХ образовали две группы: C5 и C7.

Новые сорта селекции ОП НИИЛ вошли в группу C6. Сорта 'Визит', 'Сурский' и 'Цезарь' получены методом индивидуального отбора из различных образцов линии AP.

Группа C8 объединила сорта с различным географическим происхождением: кряж Гдовский, сорта ОП Псков-

ского НИИСХ 'Норд' и 'Кром', сорта селекции ВСХА 'Белочка' и 'Синичка', сорт ОП НИИЛ 'Росинка'.

Последняя группа C9 достаточно выразительно отделена от остальных исследованных долгунцов и представляет собой классическую родственную связку сортов одного селекционного центра. В сортах этой группы селекции НИИЛ отмечается использование образцов вологодского происхождения.

Выводы

Молекулярно-генетическое разнообразие сортов льна из списка Госсорткомиссии, выявленное с использованием SSR-маркеров, показало четкую границу между сортами льна масличного и льна-долгунца. Кластерный анализ обнаружил наличие родственных связей между сортами, созданными пространственно и временно отдаленными исследовательскими группами. Полученные данные кластерного анализа согласуются с генеалогическими характеристиками сортов, что указывает на объективность полученных результатов и возможность использования данных ДНК-маркеров в процессе выбора форм для скрещивания (пребридинговый этап). Выбранная система маркеров позволила составить молекулярно-генетические формулы – «генетические паспорта» изученных сортов. Полученные результаты могут быть использованы для начальных этапов формирования генетической паспортизации отечественных сортов масличного и прядильного льна.

Дальнейшие исследования в этом направлении, улучшение и использование методов SSR-маркирования поз-

волят адаптировать маркер-ассоциированную селекцию для культуры льна, провести полную генетическую паспортизацию всех сортов льна, включенных в Государственный реестр селекционных достижений Российской Федерации, ускорить и повысить эффективность селекционного процесса, обеспечить контроль семеноводства и защиту авторских прав селекционеров.

References / Литература

- Chesnokov Yu.V. Genetic markers: comparative classification of molecular markers. *Vegetable Crops of Russia*. 2018;(3):11-15. [in Russian] (Чесноков Ю.В. Генетические маркеры: сравнительная классификация молекулярных маркеров. *Овощи России*. 2018;(3):11-15). DOI: 10.18619/2072-9146-2018-3-11-15
- Cullis C.A. (ed.). *Genetics and genomics of Linum*. 23rd ed. Cham: Springer Nature Switzerland; 2019. DOI: 10.1007/978-3-030-23964-0
- El Sayed A., Ezzat S.M., Mostafa S., Zedan S., Abdel-Sattar E., El Tanbouly N. Inter simple sequence repeat analysis of genetic diversity and relationship in four Egyptian flaxseed genotypes. *Pharmacognosy Research*. 2018;10(2):166-172. DOI: 10.4103/pr.pr_126_17
- Hoque A., Fiedler J.D., Rahman M. Genetic diversity analysis of a flax (*Linum usitatissimum* L.) global collection. *BMC Genomics*. 2020;21(1):557. DOI: 10.1186/s12864-020-06922-2
- Jiang H., Pan G., Liu T., Chang L., Huang S., Tang H. et al. Development and application of novel InDel markers in flax (*Linum usitatissimum* L.) through whole-genome re-sequencing. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2022;69(4):1471-1483. DOI: 10.1007/s10722-021-01313-2
- Nag S., Mandal R., Mitra J. Exploration of genetic structure and association mapping for fibre quality traits in global flax (*Linum usitatissimum* L.) collections utilizing SSRs markers. *Plant Gene*. 2020;24:100256. DOI: 10.1016/j.plgene.2020.100256
- Nagabhushanam B., Mir M.I., Nagaraju M., Sujatha E., Devi B.R., Kumar B.K. Genetic diversity analysis of Linseed (*Linum usitatissimum* L.) accessions using RAPD Markers. *Emirates Journal of Food and Agriculture*. 2021;33(7):589-599. DOI: 10.9755/ejfa.2021.v33.i7.2736
- Niyitanga S., Yang X., Guerriero G., Jin S., Qi J., Zhang L. et al. Editorial: Applied genetics of natural fiber plants. *Frontiers in Genetics*. 2021;12:647225. DOI: 10.3389/fgene.2021.647225
- Pan G., Chen A., Li J., Huang S., Tang H., Chang L. et al. Genome-wide development of simple sequence repeats database for flax (*Linum usitatissimum* L.) and its use for genetic diversity assessment. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2020;67(4):865-874. DOI: 10.1007/s10722-020-00882-y
- Petrushin V.V., Kudryakova S.A., Zolotova R.P. Results of test new of grades of long-fibred flax for conditions of the Kostroma region. *Modern High Technologies. Regional Appendix*. 2017;1(49):112-116. [in Russian] (Петрушин В.В., Кудрякова С.А., Золотова Р.П. Результаты испытания новых сортов льна-долгунца для условий Костромской области. *Современные наукоемкие технологии. Региональное приложение*. 2017;1(49):112-116).
- Ponazhev V.P., Rozhmina T.A., Pavlova L.N. Problems of maintenance of the flax industry high-quality raw materials. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2014;(3):61-63. [in Russian] (Понажев В.П., Рожмина Т.А., Павлова Л.Н. Проблемы обеспечения льняной отрасли высококачественным льносырьем. *Достижения науки и техники АПК*. 2014;(3):61-63).
- Popova G.A., Michkina G.A. 80 years of Tomsk breeding and seed-growing of fibre flax. In: *Flax growing: current status and development potential. Proceedings of the Interregional Scientific and Practical Conference; July 04, 2017; Tomsk, Russia (Lnovodstvo: sovremennoye sostoyaniye i potentsial razvitiya. Materialy mezhhregionalnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii; 04 iyulya 2017 g.; Tomsk, Rossiya)*. Tomsk: Grafika; 2017. p.10-15. [in Russian] (Попова Г.А., Мичкина Г.А. 80 лет Томской селекции и семеноводству льна-долгунца. В кн.: *Льноводство: современное состояние и потенциал развития. Материалы межрегиональной научно-практической конференции; 04 июля 2017 г.; Томск, Россия*. Томск: Графика; 2017. С.10-15).
- Porokhovinova E.A., Shelenga T.V., Matveeva T.V., Pavlov A.V., Grigorieva E.A., Brutch N.B. Polymorphism of genes controlling low level of linolenic acid in lines from VIR flax genetic collection. *Ecological Genetics*. 2019;17(2):5-19. [in Russian] (Пороховинова Е.А., Шеленга Т.В., Матвеева Т.В., Павлов А.В., Григорьева Е.А., Брач Н.Б. Полиморфизм генов, контролирующих низкое содержание линоленовой кислоты, у линий генетической коллекции льна ВИР. *Экологическая генетика*. 2019; 17(2):5-19). DOI: 10.17816/ecogen1725-19
- Saha D., Rana R.S., Das S., Datta S., Mitra J., Cloutier S.J. et al. Genome-wide regulatory gene-derived SSRs reveal genetic differentiation and population structure in fiber flax genotypes. *Journal of Applied Genetics*. 2019;60(1):13-25. DOI: 10.1007/s13353-018-0476-z
- Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*. 1987;4(4):406-425. DOI: 10.1093/oxford-journals.molbev.a040454
- Sarooha A., Pal D., Kaur V., Kumar S., Bartwal A., Aravind J. et al. Agro-morphological variability and genetic diversity in linseed (*Linum usitatissimum* L.) germplasm accessions with emphasis on flowering and maturity time. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2022;69(1):315-333. DOI: 10.1007/s10722-021-01231-3
- State Register for Selection Achievements Admitted for Usage (National List). Vol. 1 "Plant varieties" (official publication). Moscow; Rosinformagrotekh; 2022. [in Russian] (Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию. Т. 1. «Сорта растений» (официальное издание). Москва: Росинформагротех; 2022). URL: <https://gossortrf.ru/wp-content/uploads/2022/06/Реестр%20на%20допуск%202022.pdf> [дата обращения: 06.04.2022].
- Talebi S.M., Matsyura A. Genetic structure of some Iranian, New and Old Worlds *Linum usitatissimum* L. populations. *Iranian Journal of Science and Technology, Transactions A: Science*. 2021;45(4):1143-1153. DOI: 10.1007/S40995-021-01074-8
- Traburova E.A., Konova A.M., Gavrilova A.Y., Zuyeva S.M., Chexalkov S.M. Comparative characteristics of medium-maturing varieties of fiber-flax of Smolensk selection. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2020;1(192):28-34. [in Russian] (Трабурова Е.А., Конова А.М., Гаврилова А.Ю., Зуева С.М., Чехалков С.М. Сравнительная характеристика среднеспелых сортов льна-долгунца смоленской селекции. *Аграрный вестник Урала*. 2020;1(192):28-34). DOI: 10.32417/1997-4868-2020-192-1-28-34
- You F.M., Cloutier S., Rashid K.Y., Duguid S. Flax (*Linum usitatissimum* L.) genomics and breeding In: J.M. Al-Khayri, S.M. Jain, D.V. Johnson (eds). *Advances in Plant Breeding Strategies: Industrial and Food Crops*. Cham: Springer; 2019. p.277-317. DOI: 10.1007/978-3-030-23265-8_9

Информация об авторах

Тарас Александрович Базанов, кандидат химических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный научный центр лубяных культур, 170041 Россия, Тверь, Комсомольский пр., 17/56, t.bazanov@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9544-5528>

Игорь Валентинович Ущаповский, кандидат биологических наук, доцент, заместитель директора по научной работе, Федеральный научный центр лубяных культур, 170041 Россия, Тверь, Комсомольский пр., 17/56, i.uschapovskv@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0602-1211>

Наталья Николаевна Логинова, научный сотрудник, Федеральный научный центр лубяных культур, 170041 Россия, Тверь, Комсомольский пр., 17/56, n.loginova@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4633-392X>

Екатерина Витальевна Смирнова, аспирант, младший научный сотрудник, Федеральный научный центр лубяных культур, 170041 Россия, Тверь, Комсомольский пр., 17/56, ev.smirnova@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6559-9577>

Полина Дмитриевна Михайлова, младший научный сотрудник, Федеральный научный центр лубяных культур, 170041 Россия, Тверь, Комсомольский пр., 17/56, p.mikhaylova@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7797-2578>

Information about the authors

Taras A. Bazanov, Cand. Sci. (Chemistry), Leading Researcher, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, 17/56 Komsomolsky Ave., Tver 170041, Russia, t.bazanov@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9544-5528>

Igor V. Uschapovsky, Cand. Sci. (Biology), Associate Professor, Deputy Director for Research, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, 17/56 Komsomolsky Ave., Tver 170041, Russia, i.uschapovskv@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0602-1211>

Natalya N. Loginova, Researcher, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, 17/56 Komsomolsky Ave., Tver, 170041, Russia, n.loginova@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4633-392X>

Ekaterina V. Smirnova, Postgraduate Student, Associate Researcher, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, 17/56 Komsomolsky Ave., Tver 170041, Russia, ev.smirnova@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6559-9577>

Polina D. Mikhailova, Associate Researcher, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, 17/56 Komsomolsky Ave., Tver 170041, Russia, p.mikhaylova@fncl.ru, <https://orcid.org/0000-0001-7797-2578>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 11.05.2022; одобрена после рецензирования 07.06.2022; принята к публикации 02.03.2023. The article was submitted on 11.05.2022; approved after reviewing on 07.06.2022; accepted for publication on 02.03.2023.