

Практическое применение SSR-маркеров в селекции льна (*Linum usitatissimum* L.)

© 2025. Т. А. Базанов✉, И. В. Ушаповский, Т. А. Рожмина, Н. Н. Логинова,
Е. В. Минина, П. Д. Вересова

ФГБНУ «Федеральный научный центр лубяных культур», г. Тверь,
Российская Федерация

Лен – перспективная культура, ориентированная на промышленное использование и экспорт. Традиционные методы селекции требуют значительных временных и трудовых ресурсов, однако современные ДНК-маркеры такие, как микросателлиты, существенно ускоряют разработку новых сортов и повышают эффективность селекционных процессов. Цель – разработать подходы маркер-ассоциированной селекции с использованием SSR-маркеров для культуры льна. Объекты исследования – 24 линии льна-долгуна, полученные в результате реализации проекта по селекционно-семеноводческому центру, для которых были составлены генетические паспорта, оценена генетическая однородность и рассмотрены филогенетические связи. ДНК 25 растений каждой линии были подвергнуты SSR-анализу методом ПЦР с помощью двух экспериментальных линеек маркеров российской и белорусской разработки. Продукты реакции детектированы с помощью капиллярного электрофореза с последующим кластерным анализом и построением дендрограмм. SSR-анализ выявил высокий уровень полиморфизма: 32 аллели в российской и 47 – в белорусской линейках с уникальными аллелями у отдельных генотипов. Внутрисортная однородность составила 76–96 % при анализе двумя линейками SSR-маркеров, что подтверждает генетическую стабильность линий. На основе данных сформированы молекулярно-генетические паспорта. Кластерный анализ, выполненный для каждой линейки маркеров, разделил линии на три основных кластера, отражая их происхождение. Оба набора маркеров показали сопоставимую разрешающую способность, обеспечив полную дифференциацию образцов и достоверное построение филогенетических связей. При этом белорусская линейка маркеров была более эффективна для выявления скрытых генетических вариаций, российская – предпочтительна для контроля стабильности и однородности при регистрации сортов. Дальнейшее использование SSR-маркеров является перспективным и способно оказать помощь в контроле процессов селекции льна и защиты прав селекционеров.

Ключевые слова: лён-долгунец, ДНК-маркеры, ПЦР, молекулярно-генетическая паспортизация, генетическая однородность, кластерный анализ, дендрограмма

Благодарности: работа выполнена при финансовой поддержке Минобрнауки РФ (грант 09.СЦ.25.16).

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

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Базанов Т. А., Ушаповский И. В., Рожмина Т. А., Логинова Н. Н., Минина Е. В., Вересова П. Д. Практическое применение SSR-маркеров в селекции льна (*Linum usitatissimum* L.). Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2025;26(6):1251–1262. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.6.1251-1262>

Поступила: 21.07.2025

Принята к публикации: 15.10.2025

Опубликована онлайн: 26.12.2025

Practical application of SSR-markers in flax breeding (*Linum usitatissimum* L.)

© 2025. Taras A. Bazanov✉, Igor V. Ushapovsky, Tatyana A. Rozhmina,
Natalya N. Loginova, Ekaterina V. Minina, Polina D. Veresova

Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russian Federation

Flax is a promising crop oriented towards industrial use and export. Traditional breeding methods require significant time and labor resources, but modern DNA-markers such as microsatellites significantly accelerate the development of new cultivars and increase the efficiency of breeding processes. The aim of the work was to develop approaches to marker-associated breeding using SSR-markers for flax. The objects of the study were twenty-four lines of fiber flax obtained as a result of the implementation of the breeding and seed-production center project, for which genetic passports were compiled, genetic homogeneity was assessed and phylogenetic relationships were considered. DNA from 25 plants of each line was subjected to SSR analysis by PCR method using two experimental marker lines developed in Russia and Belarus. The PCR-products were detected using capillary electrophoresis with subsequent cluster analysis and construction of dendrograms. SSR-analysis revealed a high level of polymorphism: 32 alleles in the Russian and 47 in the Belarusian line, with unique alleles in individual genotypes. Intravarietal homogeneity was 76–96 % when analyzed by two lines of SSR-markers, which confirmed the genetic stability of the lines. Molecular genetic passports were formed based on the data. Cluster analysis performed for each marker set divided the lines into three main clusters, reflecting their origin. Both sets of markers showed comparable resolution, ensuring complete differentiation of samples and reliable construction of phylogenetic relationships. At the same time, the Belarusian line of markers proved effective in identifying hidden genetic variations, while the Russian line is preferable for monitoring stability and homogeneity when registering the cultivars. Further use of SSR-markers is advanced and can help in monitoring flax breeding processes and protecting the rights of plant breeders.

Keywords: fiber flax, DNA-markers, PCR, molecular-genetic certification, genetic homogeneity, cluster analysis, dendrogram

Acknowledgments: the research was carried out under the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (grant 09.CCЦ.25.16).

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

Conflict of interest: the authors declare no conflict of interest.

For citation: Bazanov T. A., Ushapovsky I. V., Rozhmina T. A., Loginova N. N., Minina E. V., Veresova P. D. Practical application of SSR-markers in flax breeding (*Linum usitatissimum* L.). *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2025;26(6):1251–1262. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.6.1251-1262>

Received: 21.07.2025 Accepted for publication: 15.10.2025

Published online: 26.12.2025

Лен (*Linum usitatissimum* L.) является одной из перспективных сельскохозяйственных культур, обладающих значительным потенциалом для отечественной перерабатывающей промышленности и экспорта. Волокно льна отличается высокой прочностью, долговечностью и экологической чистотой, что обеспечивает его широкое применение в текстильной, автомобильной, строительной и целлюлозно-бумажной промышленности [1]. Семена льна характеризуются широким диапазоном изменчивости по соотношению ненасыщенных и насыщенных жирных кислот, высоким процентом масла и белка, содержат ценные пищевые волокна и лигнаны, что позволяет использовать их в пищевой промышленности, при производстве кормов, экологически чистого линолеума, красок и в фармацевтике [2, 3].

Развитие и повышение эффективности льноводства рассматривается в качестве одной из задач по развитию современного сельского хозяйства России¹. Селекция, направленная на создание новых конкурентоспособных сортов льна, является важным системным элементом развития отрасли. Основные методы селекции льна – гибридизация и отбор ценных форм. При традиционной селекции для создания нового сорта обычно требуется более 10 лет [4]. Это не позволяет резко ускорить темпы селекционного улучшения культуры, создать сорта с высокой адаптивностью к стрессовым погодным условиям и требованиям рынка. Поэтому все чаще применяются современные технологии, в частности маркер-ассоциированная селекция, позволяющая ускорить пребридинговый этап и отборы [5, 6, 7].

Молекулярные или ДНК-маркеры используются уже почти полвека, за это время было разработано более двадцати различных систем маркерного анализа [8, 9]. Среди множества доступных вариантов особенно выделяются микросателлитные маркеры (Simple Sequence Repeats (SSR) – простые повторяющиеся последовательности), которые считаются наиболее

предпочтительными для разнообразных исследований благодаря своей высокой вариабельности и широкому распространению. Высокая изменчивость микросателлитов в основном обусловлена варьированием числа повторов основного паттерна. Эти различия легко выявляются с помощью консервативных ПЦР-праймеров, специально разработанных для неповторяющихся фланкирующих областей [10]. Помимо этого, SSR характеризуются высокой полиморфностью, что позволяет эффективно различать даже близкородственные сорта [11]. С помощью микросателлитов можно контролировать степень гетерозиготности и оценивать наследование ценных признаков, что является ключевым этапом в селекционном процессе [12, 13]. Важным аспектом является также оценка генетической однородности и чистоты сортов – с помощью SSR-маркеров можно выявить генетические вариации внутри популяции, что позволяет определить степень генетической стабильности и однородности материала [14, 15]. Эти свойства делают данные маркеры незаменимым инструментом для подтверждения гибридной подлинности, оценки чистоты гибридного материала и мониторинга передачи желательных генов, что в конечном итоге способствует повышению эффективности и точности селекционной работы. Наконец, SSR-анализ легко выполняется с помощью ПЦР-метода, который не требует специального и дорогостоящего лабораторного оборудования [16].

Цель исследования – разработать подходы маркер-ассоциированной селекции с использованием SSR-маркеров для культуры льна (*Linum usitatissimum* L.).

Научная новизна – проведение генетической паспортизации селекционно-ценных линий льна-долгунца и изучение родственных связей между ними с помощью SSR-маркеров; оценка разрешающей способности двух экспериментальных линеек SSR-маркеров при определении однородности линейного материала льна.

¹Доктрина продовольственной безопасности Российской Федерации, утвержденная Указом президента РФ от 21.01.2020. №20. [Электронный ресурс]. URL: <http://publication.pravo.gov.ru/Document/View/0001202001210021?ysclid=md4i6n8c5a226727851> (дата обращения: 15.07.2024)

Материал и методы. В 2024 г. в лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции Федерального научного центра лубяных культур (ФНЦ ЛК) проведено экспериментальное исследование по оценке генетической однородности и гене-

тической паспортизации 24 линий льна-долгунца (табл. 1). Образцы семян селекционно-ценных линий получены в результате реализации проекта по селекционно-семеноводческому центру ФНЦ ЛК (обособленное подразделение Института льна, г. Торжок).

*Таблица 1 – Исследованные линии льна и их происхождение /
Table 1 – The studied lines of flax and their origin*

№	Линия / Line	Происхождение / Origin	№	Линия / Line	Происхождение / Origin
1	K-7473*	Л-255 × Василек / L-255 × 'Vasilek'	13	K-7485*	Альфа × А-93 / 'Al'fa' × А-93
2	K-7474*	Л-255 × Василек / L-255 × 'Vasilek'	14	K-7486*	Торжокский 85 × П-3917п-6 / 'Torzhokskij 85' × P-3917p-6
3	K-7475*	Л-255 × А-236 (Александрит) / L-255 × А-236 ('Aleksandrit')	15	K-7487*	М-291 × П-160 / М-291 × P-160
4	K-7476*	М-289 × М-290	16	K-7488*	П-160 × М-244 / P-160 × M-244
5	K-7477*	П-144 × А-255 / P-144 × A-255	17	K-7489*	П-160 × М-244 / P-160 × M-244
6	K-7478*	Викинг × Мерилин / Viking × 'Merilin'	18	K-7490*	П-154 × М-291 / P-154 × M-291
7	K-7479*	Л.252 × Мерилин / L.252 × 'Merilin'	19	K-7491*	П-160 × М-244 / P-160 × M-244
8	K-7480*	Лада × Л.222 / 'Lada' × L.222	20	K-7492*	Л.164.8.3 × Л.1596.7.8 / L.164.8.3 × L.1596.7.8
9	K-7481*	Л.2072.6.10 × Л.1596.7.8 / L.2072.6.10 × L.1596.7.8	21	K-7493*	Л.2072.6.10 × Л.1596.7.8 / L.2072.6.10 × L.1596.7.8
10	K-7482*	Л.1634.8.3 × АР-2 / L.1634.8.3 × AR-2	22	K-7494*	Л.2072.6.10 × Л.1596.7.8 / L.2072.6.10 × L.1596.7.8
11	K-7483*	А-93 × Тверца / A-93 × 'Tverca'	23	K-7495*	А-93 × Тверской / A-93 × 'Tverskoj'
12	K-7484*	Альфа × А-93 / 'Al'fa' × А-93	24	K-7496*	А-93 × Тверской / A-93 × 'Tverskoj'

*Часть обозначения линии, принятая селекционером /

*Part of the line designation adopted by the breeder

Каждая линия льна представлена 25 индивидуальными растениями. Экстракцию ДНК из листьев растений проводили с применением модифицированного СТАВ-метода. Определение концентрации и чистоты полученных образцов ДНК осуществляли на спектрофотометре NanoPhotometer NP80 (Implen).

Полученные образцы ДНК в дальнейшем анализировали методом ПЦР с применением молекулярных SSR-маркеров.

Для оценки генетической однородности линий и создания генетических паспортов использовали две линейки SSR-маркеров – отечественной (ФНЦ ЛК / ООО «Синтол») и зарубежной (Институт генетики и цитологии НАН Беларуси (ИГиЦ НАН Беларуси)) разработки.

В первую линейку маркеров вошли микросателлиты, использованные нами ранее в работах по изучению генетического полиморфизма и паспортизации сортов льна [17]. Отбор маркеров осуществляли на основании анализа различных баз данных нуклеотидных последо-

вательностей и обзора научных публикаций, посвященных молекулярно-маркерным исследованиям генетического разнообразия льна. С учетом показателей высокой полиморфности и стабильности был сформирован ряд SSR-маркеров, используемых для молекулярно-генетической дифференциации сортов. Выбранные 11 пар SSR-праймеров отличались высокой и средней степенью полиморфизма и эффективно разделяли сорта по их оригинаторам. Нуклеотидные последовательности первого набора маркеров представлены в таблице 2.

Вторая линейка маркеров, созданная белорусскими селекционерами [18], включает в себя 10 высокоинформативных SSR-маркеров. Она сформирована на основе глубокого анализа генетической изменчивости микросателлитных локусов льна, благодаря чему были выбраны наиболее полиморфные маркеры для дальнейших генетических исследований. Нуклеотидные последовательности второй линейки SSR-маркеров представлены в таблице 3.

Таблица 2 – Нуклеотидные последовательности праймеров первой линейки* из 11 SSR-маркеров льна /
Table 2 – Nucleotide sequences of primers of the first line* of 11 SSR-markers of flax

Кодировка / Code	Прямой праймер (5'-3' последовательность) / Forward primer (5'-3' sequence)	Обратный праймер (5'-3' последовательность) / Reverse primer (5'-3' sequence)
Lin1	TTGGGATTGAGAAGAGGG	ATAAGGCCAAATAGAGAGGAA
Lin2	AGGATTACAACAAGAGAC	ATATTGACAGGGGAGGAAATA
Lin3	TTTGCAACGTCAATACCG	ATATCGCCTCAATAAACAACA
Lin4	CCTCAGTAGCATCGGTG	ATATTGGCCTATAAAAGACA
Lin5	GAAGAAGAAGGCGGGTAC	ATACACAGCTGAAAGCAAGAT
Lin6	GGGAGAACAACAAGAGAG	ATACGACAGGAACAACACG
Lin7	GCCGCCAGAAGAAATG	ATACTGGCAGCTTAATCAACC
Lin8	TCTGGGTACAACCAGAAA	ATAGACTTAGAGACGATTGG
Lin9	CGTCTACAACCTGGAGACA	ATAGGCGACAAGGGAGG
Lin10	CAACGGAGACCAAATCAG	ATACCCAGTCTACTCAGCTAG
Lin11	TAGTAATAAGAAGGAGCC	ATAGCATCCAACAAGGGTG

*Разработка ФНИЦ ЛК / ООО «Синтол» / *Developed by FSC BC / LLC «Syntol»

Таблица 3 – Нуклеотидные последовательности праймеров второй линейки* из 10 SSR-маркеров льна /
Table 3 – Nucleotide sequences of primers of the second line* of 10 SSR-markers of flax

Кодировка / Code	Прямой праймер (5'-3' последовательность) / Forward primer (5'-3' sequence)	Обратный праймер (5'-3' последовательность) / Reverse primer (5'-3' sequence)
Flu7	CATCCAACAAAGGGTGGTG	GGAACAAAGGGTAGCCATGA
Lu8	ACACTTGCTATTAGCTACAAGAGAG	CAGCATCCAGAGGTTCTCAC
Lu17	ATGATCGCATGAGCAAATTG	GTTTGTGAGGTGACGGTGAG
Lu28	TCCCAGCGAGTTTGGTGAG	TGGAGGAACATAATTGTGGCAAG
Lu3	CTTTTTTGAGTCACCAAGCC	CGCTGGAGTCTGAATCCTAG
Lu21	CCGAGTCCGAAAGAATCTGG	CAGCTCCCATTGTTGTTCCC
Lu13	TGTGCCAATAGCCATGTGAG	GTATGGCTTCCTATGGGCTAAC
Lu23	CATGACCATGTGATTAGCATCG	CATAGGAGGTGGGTTGCTGC
Flu8	TCCCGTAATATTCTATGTTCTTCC	TGAGTTGGACCTTACAAGACTCA
Flu5	TCTACAGAGTTCAATTCCCGTAA	GTTGGACCTTACAAGACTCACTG

*Разработка ИГиЦ НАН Беларуси / *Developed by IGC NAS Belarus

Реакционная смесь для проведения ПЦР объемом 25 мкл включала в себя 20 нг исследуемой ДНК, прямой и обратный праймеры (оптимальные концентрации определяли экспериментально), 200 мкМ dNTP, 2,5 мкМ MgCl₂ и 1 единицу Taq-полимеразы. Амплификацию осуществляли на термоциклере T100 MyCycler™ (Bio-Rad Laboratories, Inc.) при следующем режиме: начальная денатурация в течение 5 минут при температуре 94 °C; затем 35 циклов, включающих денатурацию при 94 °C (30 сек.), отжиг при температуре, подобранной для данной пары праймеров (45 сек.), и элонгацию при 72 °C

(40 сек.); завершающую терминальную элонгацию проводили при 72 °C в течение 5 минут.

Фрагментный анализ осуществляли после предварительной денатурации полученных ПЦР-продуктов с добавлением формамида, затем образцы разделяли с помощью капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе НАНОФОР 05 (ООО «НПФ Синтол») с использованием молекулярного маркера СД-450 СИНТОЛ (РФ). Полученные экспериментальные данные служили основой для проведения кластерного анализа и построения дендрограмм генетического подобия с помощью программного обеспечения DARwin v. 6.

Для оценки полиморфизма микросателлитных локусов использован индекс PIC (Polymorphic Index Content):

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

где P_i – частота i аллели, определенной в данном массиве.

Результаты и их обсуждение. В результате проведенного SSR-анализа с применением двух наборов маркеров были получены экспериментальные данные, характеризующие гене-

тический профиль исследуемых линий льна, что позволило оценить степень генетического полиморфизма, генетическую однородность и составить молекулярно-генетические паспорта.

Изучение генетического разнообразия 24 исследованных линий льна с помощью указанных маркеров выявило достаточно высокий уровень полиморфности, показатели которого приведены в таблице 4.

Таблица 4 – Характеристика полиморфных SSR-локусов, выявленных при анализе 24 исследованных линий льна /

Table 4 – Characteristics of polymorphic SSR loci identified during the analysis of 24 studied flax lines

Экспериментальные линейки SSR-маркеров льна / Experimental lines of SSR-markers for flax					
кодировка / code	первая */first*		вторая**/second**		
	аллели / alleles	PIC	кодировка / code	аллели / alleles	PIC
Lin1	325	0	Lu17	287-289	0,430
Lin2	425	0	Lu3	145-157	0,684
Lin3	216	0	Lu28	167-188	0,613
Lin4	309-318	0,471	Lu8	188-220	0,837
Lin5	407-419	0,485	Flu7	128-148	0,554
Lin6	164-193	0,508	Flu8	164-204	0,882
Lin7	381-390	0,684	Lu13	373-377	0,568
Lin8	137-155	0,712	Flu25	173-213	0,805
Lin9	289-297	0,619	Lu21	217-219	0,485
Lin10	265-268	0,516	Lu23	232-252	0,731
Lin11	157-182	0,814	-	-	-
Среднее на локус / Average per locus		0,437	Среднее на локус / Average per locus		0,659

* Разработка ФНЦ ЛК / ООО «Синтол»; ** Разработка ИГиЦ НАН Беларуси /

* Developed by FSC BC / LLC «Syntol»; ** Developed by IGC NAS Belarus

В первой линейке маркеров ФНЦ ЛК было обнаружено 32 аллели, а во второй линейке ИГиЦ НАН Беларуси – 47. При этом количество аллелей на локус для первого набора варьировало от 1 до 7, а для второго – от 2 до 13, что свидетельствует о значительном генетическом разнообразии. Кроме того, на нескольких локусах были выявлены уникальные аллели, характерные для отдельных генотипов (K-7476*, K-7487*, K-7478*, K-7483*, K-7490*). Проведенный микросателлитный анализ позволил выделить наиболее эффективные маркеры первой линейки – Lin8, Lin11, и второй линейки – Flu8, Lu8, Flu25. Значения коэффициента полиморфизма (PIC) варьировали от 0 (локус Lin1–Lin3) до 0,882 (локус Flu8). Среднее значение PIC составило 0,437 для первого комплекса маркеров, 0,659 – для второго. Неин-

формативность маркеров Lin1–Lin3 в данном случае связана со спецификой маркерной линейки и происхождением исследованных линий из одного селекционного центра. Остальные SSR-маркеры демонстрируют достаточно высокий уровень полиморфизма и выявляют уникальные генотипы, что указывает на возможность их применения для изучения внутрисортной генетической вариативности.

Результаты определения степени внутрисортной генетической однородности 24 исследуемых линий льна, рассчитанные отдельно по двум наборам использованных SSR-маркеров, представлены в таблице 5. Уровень генетической однородности выражается в процентах и отражает средний уровень совпадения аллелей в линии.

Таблица 5 – Уровень генетической однородности исследованных линий льна, % /
 Table 5 – Level of genetic homogeneity of the studied flax lines, %

№	Линия / Line	Экспериментальные линейки SSR-маркеров льна / Experimental lines of SSR-markers for flax	
		первая **/first	вторая*** / second
1	К-7473*	96	92
2	К-7474*	92	88
3	К-7475*	84	88
4	К-7476*	80	84
5	К-7477*	88	92
6	К-7478*	80	88
7	К-7479*	84	88
8	К-7480*	76	84
9	К-7481*	92	88
10	К-7482*	88	84
11	К-7483*	88	88
12	К-7484*	92	84
13	К-7485*	80	84
14	К-7486*	80	76
15	К-7487*	84	84
16	К-7488*	80	80
17	К-7489*	88	84
18	К-7490*	88	84
19	К-7491*	92	84
20	К-7492*	88	80
21	К-7493*	96	88
22	К-7494*	84	80
23	К-7495*	88	88
24	К-7496*	80	76
Среднее / Average		85,5	84

Примечания: полужирным шрифтом выделены самые низкие значения однородности; *часть обозначения линии, принятая селекционером; ** разработка ФНЦ ЛК / ООО «Синтол»; *** разработка ИГиЦ НАН Беларуси /

Notes: the lowest homogeneity values are shown in bold; *part of the line designation adopted by the breeder **developed by FSC BC / LLC «Syntol»; ***developed by IGC NAS Belarus

Значения внутрисортовой однородности, рассчитанные по SSR-маркерам набора ФНЦ ЛК / ООО «Синтол», находятся в диапазоне примерно от 76 до 96 %. По маркерам линейки ИГиЦ НАН Беларуси эти показатели несколько ниже – от 76 до 92 %. Несмотря на это, оба набора маркеров выявили высокую степень однородности, что подтверждает стабильность исследуемых линий. Набор ФНЦ ЛК / ООО «Синтол» характеризуется немного более высокими и вариабельными значениями однородности, что, вероятно, связано с функциональными особенностями выбранных маркеров. Набор ИГиЦ НАНБ включает больше поли-

морфных маркеров, способных выявлять более широкую генетическую вариабельность.

На основании полученных данных о генетическом профиле исследуемых 24 линий льна были сформированы их молекулярно-генетические паспорта. Молекулярно-генетический паспорт сорта представляет собой уникальный набор аллельных профилей по определенным молекулярным маркерам, выраженный в виде последовательности букв и чисел, которые отображают локусы и соответствующие им длины аллелей. Паспорта исследованных линий льна, полученных с использованием двух наборов SSR-маркеров, представлены в таблицах 6, 7.

Таблица 6 – Генетические паспорта исследованных образцов льна, полученных с использованием первой линейки SSR-маркеров /

Table 6 – Genetic passports of the studied flax samples obtained using the first line of SSR markers

№	Линия / Line	Генетический паспорт / Genetic passport
1	K-7473*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G ₁₈₀ H ₁₉₃ I _{137,147} J ₂₆₈ K ₂₉₄
2	K-7474*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G ₁₈₀ H ₁₉₃ I _{141,149} J ₂₆₈ K ₂₉₄
3	K-7475*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G ₁₈₀ H ₁₉₃ I ₁₄₉ J ₂₆₅ K ₂₈₉
4	K-7476*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₈₄ G ₁₇₄ H ₁₈₇ I _{141,149} J ₂₆₅ K ₂₈₉
5	K-7477*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₈₁ G ₁₈₀ H ₁₉₃ I _{149,155} J ₂₆₅ K ₂₉₄
6	K-7478*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₈₁ G ₁₈₀ H _{177,187} I _{149,155} J ₂₆₅ K ₂₉₁
7	K-7479*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₉₀ G ₁₈₂ H ₁₈₇ I _{149,155} J ₂₆₅ K ₂₈₉
8	K-7480*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₉₀ G ₁₈₀ H ₁₈₇ I _{149,155} J ₂₆₅ K ₂₉₁
9	K-7481*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₁₈ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G ₁₈₂ H ₁₆₄ I _{137,147} J ₂₆₅ K ₂₈₉
10	K-7482*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G ₁₈₀ H ₁₈₇ I _{141,149} J ₂₆₅ K ₂₉₄
11	K-7483*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G _{157,166} H ₁₉₃ I _{141,149} J ₂₆₅ K ₂₈₉
12	K-7484*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G ₁₇₄ H ₁₉₃ I _{141,149} J ₂₆₅ K ₂₈₉
13	K-7485*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G ₁₇₄ H ₁₉₃ I ₁₄₇ J ₂₆₅ K ₂₉₁
14	K-7486*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₉₀ G ₁₈₂ H ₁₈₇ I ₁₄₉ J ₂₆₅ K ₂₉₁
15	K-7487*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₈₁ G ₁₈₂ H ₁₈₇ I _{141,149} J ₂₆₅ K ₂₉₁
16	K-7488*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₈₁ G ₁₈₂ H ₁₈₇ I _{141,149} J ₂₆₅ K ₂₉₇
17	K-7489*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₈₁ G ₁₈₂ H ₁₈₇ I ₁₄₇ J ₂₆₅ K ₂₉₇
18	K-7490*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₈₁ G ₁₈₀ H ₁₈₇ I ₁₅₅ J ₂₆₅ K ₂₉₇
19	K-7491*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₁₉ F ₃₈₁ G ₁₈₂ H ₁₈₇ I _{141,149} J ₂₆₅ K ₂₉₇
20	K-7492*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₈₁ G ₁₇₄ H ₁₉₃ I ₁₅₅ J ₂₆₅ K ₂₉₄
21	K-7493*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₁₈ E ₄₁₉ F ₃₉₀ G ₁₈₂ H ₁₆₄ I ₁₄₉ J ₂₆₅ K ₂₉₁
22	K-7494*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₁₈ E ₄₁₉ F ₃₉₀ G ₁₈₂ H ₁₆₄ I _{137,147} J ₂₆₅ K ₂₉₁
23	K-7495*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G _{161,166} H ₁₆₄ I ₁₄₉ J ₂₆₅ K ₂₉₁
24	K-7496*	A ₃₂₅ B ₄₂₅ C ₂₁₆ D ₃₀₉ E ₄₀₇ F ₃₉₀ G _{161,166} H ₁₆₄ I _{147,149} J ₂₆₅ K ₂₈₉

Таблица 7 – Генетические паспорта исследованных образцов льна, полученных с использованием второй линейки SSR-маркеров /

Table 7 – Genetic passports of the studied flax samples obtained using the second line of SSR markers

№	Линия / Line	Генетический паспорт / Genetic passport
1	2	3
1	K-7473*	A ₃₇₅ B ₂₁₉ C ₁₄₄ D ₂₈₇ E ₂₅₂ F ₂₁₀ G _{147,157} H ₂₁₁ I ₂₀₀ J _{177,188}
2	K-7474*	A ₃₇₅ B ₂₁₉ C ₁₄₄ D ₂₈₇ E ₂₅₂ F ₂₁₀ G _{147,157} H _{200,211} I ₂₀₀ J _{177,188}
3	K-7475*	A ₃₇₇ B ₂₁₉ C ₁₄₄ D ₂₈₇ E ₂₄₉ F ₂₁₀ G _{145,155} H _{200,211} I ₂₀₀ J _{167,179}
4	K-7476*	A ₃₇₅ B ₂₁₇ C ₁₃₉ D ₂₈₇ E ₂₄₉ F ₂₁₃ G _{145,155} H _{210,220} I ₂₀₀ J _{167,179}
5	K-7477*	A ₃₇₇ B ₂₁₉ C ₁₄₄ D ₂₈₉ E ₂₅₂ F ₁₇₃ G ₁₅₅ H _{188,200} I ₂₀₂ J _{177,188}
6	K-7478*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₈ D ₂₈₉ E ₂₅₂ F ₁₇₃ G ₁₅₅ H _{190,200} I ₁₆₄ J _{167,179}
7	K-7479*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₈ D ₂₈₉ E ₂₄₉ F ₂₁₀ G ₁₅₅ H _{204,213} I ₂₀₀ J _{167,179}
8	K-7480*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₈ D ₂₈₇ E ₂₄₉ F ₂₁₀ G _{145,155} H _{204,213} I ₂₀₀ J _{167,179}
9	K-7481*	A ₃₇₇ B ₂₁₉ C ₁₄₈ D ₂₈₇ E ₂₅₂ F ₁₇₃ G ₁₅₅ H _{190,204} I ₁₆₄ J _{167,179}
10	K-7482*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₄ D ₂₈₇ E ₂₄₉ F ₂₁₀ G ₁₅₅ H _{202,213} I ₂₀₀ J _{167,179}
11	K-7483*	A ₃₇₃ B ₂₁₉ C ₁₂₈ D ₂₈₇ E ₂₄₆ F ₂₁₃ G _{145,155} H _{200,211} I ₂₀₂ J _{167,179}
12	K-7484*	A ₃₇₅ B ₂₁₉ C ₁₃₉ D ₂₈₇ E ₂₄₆ F ₂₁₃ G _{145,155} H _{202,213} I ₂₀₂ J _{167,179}
13	K-7485*	A ₃₇₃ B ₂₁₉ C ₁₃₉ D ₂₈₇ E ₂₄₆ F ₂₁₃ G ₁₅₅ H ₂₁₀ I ₂₀₄ J _{167,179}

1	2	3
14	К-7486*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₈ D ₂₈₉ E ₂₄₆ F ₂₁₀ G ₁₅₅ H _{190,200} I ₂₀₀ J _{167,179}
15	К-7487*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₈ D ₂₈₉ E ₂₄₆ F ₂₀₇ G _{145,155} H _{206,216} I ₁₉₇ J _{167,179}
16	К-7488*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₈ D ₂₈₉ E ₂₄₆ F ₂₁₀ G _{145,155} H _{188,198} I ₂₀₀ J _{167,179}
17	К-7489*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₈ D ₂₈₉ E ₂₄₉ F ₂₁₀ G ₁₅₅ H _{188,198} I ₂₀₀ J _{167,179}
18	К-7490*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₄ D ₂₈₉ E ₂₄₉ F ₁₈₀ G ₁₅₅ H _{200,213} I ₁₇₀ J _{167,179}
19	К-7491*	A ₃₇₇ B ₂₁₇ C ₁₄₈ D ₂₈₉ E ₂₄₉ F ₂₁₀ G _{145,155} H _{188,198} I ₂₀₀ J _{167,179}
20	К-7492*	A ₃₇₇ B ₂₁₉ C ₁₃₉ D ₂₈₉ E _{232,252} F ₁₇₃ G _{147,157} H _{188,198} I ₂₀₄ J _{167,179}
21	К-7493*	A ₃₇₇ B ₂₁₉ C ₁₄₈ D ₂₈₇ E ₂₅₂ F ₁₇₃ G ₁₅₅ H _{188,198} I ₁₆₄ J _{167,179}
22	К-7494*	A ₃₇₇ B ₂₁₉ C ₁₄₈ D ₂₈₇ E _{232,252} F ₁₇₃ G ₁₅₅ H _{188,198} I ₁₆₄ J _{167,179}
23	К-7495*	A ₃₇₇ B ₂₁₉ C ₁₂₈ D ₂₈₇ E ₂₄₉ F ₂₁₃ G ₁₅₅ H _{200,210} I ₂₀₄ J _{167,179}
24	К-7496*	A ₃₇₃ B ₂₁₉ C ₁₂₈ D ₂₈₇ E ₂₄₉ F ₂₁₃ G _{145,155} H _{202,211} I ₂₀₄ J _{167,179}

*Часть обозначения линии, принятая селекционером / *Part of the line designation adopted by the breeder

По результатам SSR-анализа проведен кластерный анализ исследованных линий льна для двух использованных наборов маркеров. С применением метода «neighbor joining method» (NJ) были построены дендрограммы генетического подобия между изученными образцами.

Дендрограмма генетического подобия 24 линий льна, исследованных с использованием первой линейки 11 SSR-маркеров льна разработки ФНЦ ЛК / ООО «Синтол», представлена на рисунке 1.

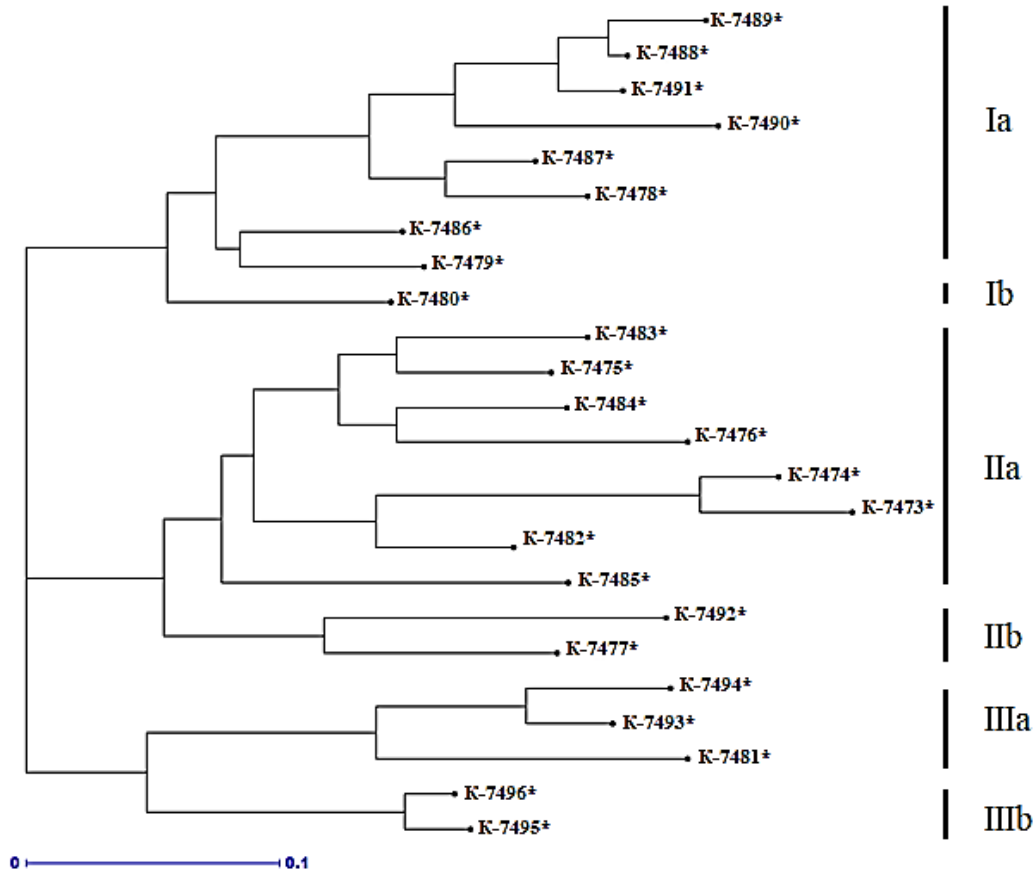


Рис. 1. Дендрограмма генетического подобия исследованных образцов, полученных с использованием первой линейки SSR-маркеров льна, построенная методом NJ /
Fig. 1. Dendrogram of genetic similarity of the studied samples obtained using the first line of SSR-markers of flax, constructed using the NJ method

Анализ дендрограммы изученных линий выявил их разделение на три основных кластера. В подкластер Ia вошли линии, которые происходят от различных скрещиваний, где одним из родителей были линии П-160 (К-7487*, К-7488*, К-7489*, К-7491*), М-291 (К-7487*, К-7490*), сорт Мерилин (К-7478*, К-7479*). Особняком находится линия К-7480*, происходящая от скрещиваний линий Лада х Л.222.

В подкластер IIa вошли линии, происходящие от различных скрещиваний, где одним из родителей были сорта льна-долгунца: А 93 (К-7483*, К-7484*, К-7485*), Альфа (К-7484*, К-7485*), Тверца (К-7483*). Внутри этого подкластера отдельной группой выделены линии,

полученные от скрещивания сорта Василек с линией Л-255 (К-7473*, К-7474*). Кроме того, в отдельный подкластер вошли линии К-7477* и К-7492*.

III кластер четко разделился на два подкластера в соответствии с происхождением. Линии К-7481*, К-7493* и К-7494* получены из комбинаций линий Л.2072.6.10 и Л.1596.7.8. Линии К-7495*, К-7496* происходят от сортов льна-долгунца А 93 и Тверской.

Дендрограмма генетического подобия 24 линий льна, исследованных с использованием 10 SSR-маркеров льна разработки ИГиЦ НАН Беларуси, изображена на рисунке 2.

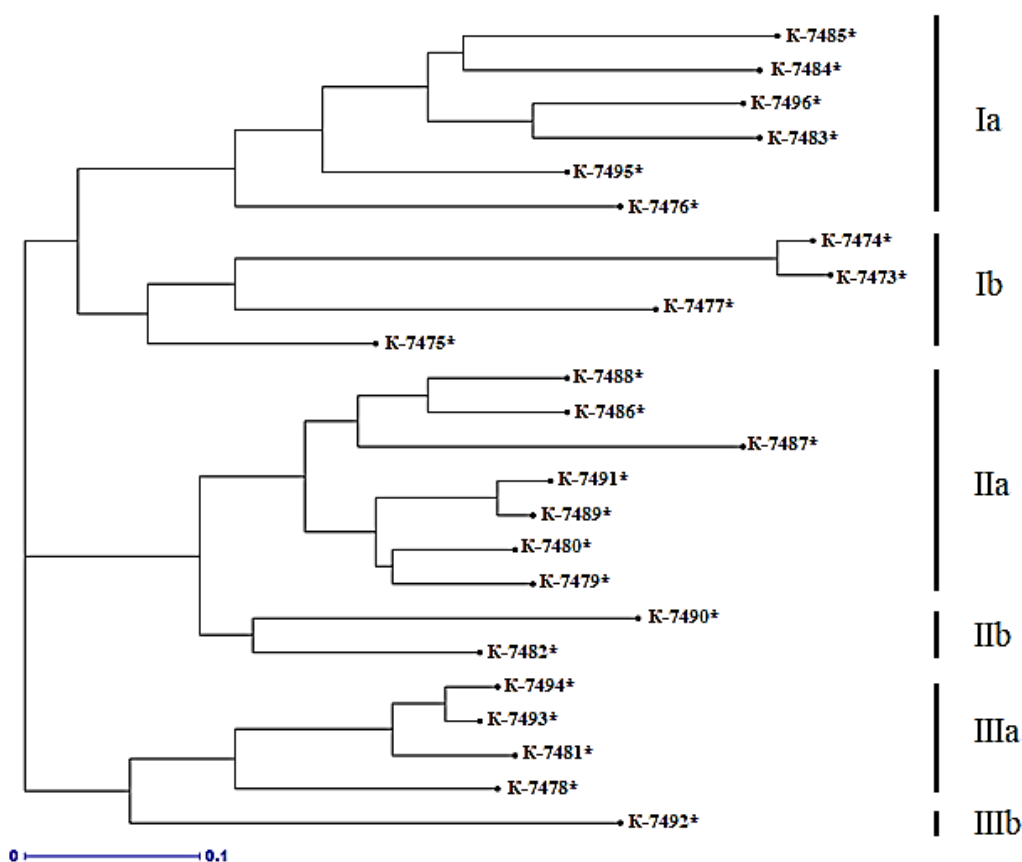


Рис. 2. Дендрограмма генетического подобия исследованных образцов, полученных с использованием второй линейки SSR-маркеров льна, построенная методом NJ /

Fig. 2. Dendrogram of genetic similarity of the studied samples obtained using the second line of SSR-markers of flax, constructed using the NJ method

При анализе дендрограммы изученных линий наблюдается их разделение на три кластера. В подкластер Ia вошли линии, которые происходят от различных комбинаций сорта А 93 с другими сортами льна-долгунца: Альфа (К-7484*, К-7485*), Тверской (К-7495*, К-7496*) и Тверца (К-7483*). Особняком в данном подкластере находится линия К-7476*, происходящая от скрещивания линий М-289 и М-290.

В подкластер Ib вошли линии, полученные от различных комбинаций линии Л-255 (К-7473*, К-7474*, К-7475*, К-7477*).

Основную часть подкластера IIa составляют линии, происходящие от различных комбинаций линий П-160 и М-244 (К-7487*, К-7488*, К-7489*, К-7491*). В отдельный подкластер IIb вошли линии К-7482* и К-7490*.

В отдельную группу в подкластере IIIa вошли линии, происходящие от комбинации линий Л.2072.6.10 и Л.1596.7.8 (К-7481*, К-7493* и К-7494*). Особняком в этом подкластере стоит линия К-7478*, полученная при скрещивании сортов льна-долгунца Викинг и Мерилин. Линия К-7482*, происходящая от скрещивания линий Л.164.8.3 и Л.1596.7.8, выделилась в отдельный подкластер (IIIb).

Анализ полученных дендрограмм демонстрирует приблизительно одинаковую разрешающую способность двух использованных линеек SSR-маркеров льна. Следует отметить комплементарность результатов двух примененных маркерных систем, дополняющих друг друга. Поскольку каждая линейка маркеров разрабатывалась с использованием разных теоретических подходов, кластеризация образцов на дендрограммах отражает различные филогенетические стороны исследованных форм. Все образцы были полностью дифференцированы, полученные с использованием как первой, так и второй линейки маркеров генетические паспорта можно считать достоверными, отражающими филогенетические отношения новых линий.

Заключение. В результате проведенного исследования были сформированы генетические паспорта (генетические профили) 24 представленных образцов линий льна, что позволило получить подробную и достоверную информацию об их генетическом разнообразии и уникальных характеристиках.

Продемонстрирована высокая дифференцирующая способность линеек SSR-маркеров

отечественной и зарубежной разработки, что подтверждает их эффективность для генетического анализа и идентификации сортов, а также их потенциал для использования в селекционной работе и мониторинге генетического разнообразия.

Более полиморфный набор маркеров второй линейки (разработка ИГиЦ НАН Беларуси) может выявлять скрытые вариации, которые менее заметны при использовании маркеров первой линейки (ФНЦ ЛК / ООО «Синтол»). Это полезно при расширенном анализе генетической структуры, но может создавать дополнительные сложности при оперативном контроле однородности. Высокая однородность по маркерам первой линейки может служить более весомым аргументом при регистрации новых сортов и защите интеллектуальной собственности, поскольку отражает стабильность генотипа. Можно рекомендовать комбинированное применение обоих наборов маркеров: первой линейки – для регулярного контроля селекционной стабильности и подтверждения однородности; второй линейки – для углубленного анализа генетического разнообразия и выявления редких вариаций.

Данные результаты создают надежную основу для дальнейших исследований в области генетики льна, способствуют улучшению методов селекции, обеспечивают инструменты для точной идентификации и классификации сортов, что важно для сохранения и рационального использования генетических ресурсов.

References

1. Stavropoulos P., Mavroeidis A., Papadopoulos G., Roussis I., Bilalis D., Kakabouki I. On the path towards a «Greener» EU: A Mini review on Flax (*Linum usitatissimum* L.) as a Case Study. *Plants*. 2023;12(5):1102. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants12051102>
2. Zhernova D. A., Pushkova E. N., Rozhmina T. A., Borkhert E. V., Arkhipov A. A., Sigova E. A. et al. History and prospects of flax genetic markers. *Frontiers in Plant Science*. 2025;15:1495069. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1495069>
3. Sa R., Yi L., Siqin B., An M., Bao H., Song X. et al. Chromosome-Level Genome Assembly and Annotation of the Fiber Flax (*Linum usitatissimum*) Genome. *Frontiers in Genetics*. 2021;12:735690. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.735690>
4. Begna T. Conventional breeding methods widely used to improve self-pollinated crops. *International Journal of Research Studies in Agricultural Sciences*. 2021;7(1):2454–6224. DOI: <https://doi.org/10.20431/2454-6224.0701001>
5. Lamichhane S., Thapa S. Advances from conventional to modern plant breeding methodologies. *Plant Breeding and Biotechnology*. 2022;10(1):1-14. DOI: <https://doi.org/10.9787/PBB.2022.10.1.1>
6. Alemu A., Astrand J., Montesinos-López O. A., Y Sánchez J. I., Fernández-González J., Tadesse W. et al. Genomic selection in plant breeding: Key factors shaping two decades of progress. *Molecular Plant*. 2024;17(4):552–578. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2024.03.007>

7. Merrick L. F., Carter A. H. Comparison of genomic selection models for exploring predictive ability of complex traits in breeding programs. *The Plant Genome*. 2021;14(3):e20158. DOI: <https://doi.org/10.1002/tpg2.20158>
8. You F. M., Cloutier S. Mapping quantitative trait loci onto chromosome-scale pseudomolecules in flax. *Methods and Protocols*. 2020;3(2):28. DOI: <https://doi.org/10.3390/mps3020028>
9. Kocak M. Z., Kaysim M. G., Aydin A., Erdinc C., Kulak M. Genetic diversity of flax genotypes (*Linum usitatissimum* L.) by using agro-morphological properties and molecular markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2023;70:2279–2306. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01608-6>
10. Hasan N., Choudhary S., Naaz N., Sharma N., Laskar R. A. Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*. 2021;19(1):128. DOI: <https://doi.org/10.1186/s43141-021-00231-1>
11. Гучетль С. З., Челюстникова Т. А., Аверина А. А. Анализ структуры сортов масличного льна на основе полиморфных микросателлитных локусов. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2022;23(2):184–193. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2022.23.2.184-193> EDN: SFHNSQ
- Guchetl S. Z., Chelyustnikova T. A., Averina A. A. Analysis of the structure of linseed flax varieties based on polymorphic microsatellite loci. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2022;23(2):184–193. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2022.23.2.184-193>
12. 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: <https://doi.org/10.1016/j.plgene.2020.100256>
13. Pan G., Chen A., Li J., Huang S., Tang H., Chang L., Zhao L., Li D. 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: <https://doi.org/10.1007/s10722-020-00882-y>
14. Chen C., Liu Y. Genetic diversity and distinctness of flax (*Linum usitatissimum* L.) based on morphological and simple sequence repeat (SSR) markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2024;71:4763–4777. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-024-01933-4>
15. Pasquali E., Palumbo F., Barcaccia G. Assessment of the genetic distinctiveness and uniformity of pre-basic seed stocks of Italian ryegrass varieties. *Genes*. 2022;13(11):2097. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes13112097>
16. Shinde N. A., Bharose A. A., Sarode D. K., Swathi R. S., Pimpale P. A., Shinde S. S. Assessment of hybrid purity in maize (*Zea mays* L.) using RAPD and SSR markers. *The Pharma Innovation Journal*. 2021;10(4):870–874. URL: <https://www.thepharmajournal.com/archives/2021/vol10issue4/PartM/10-4-124-215.pdf>
17. Базанов Т. А., Ушаповский 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: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-1-163-176> EDN: JQGLX
- 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. *Trudi po prikladnoy botanike, genetike i selektsii* = Proceedings on applied botany, genetics and breeding. 2023;184(1):163–176. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-1-163-176>
18. Богдан В. З., Лемеш В. А., Богданова М. В., Богдан Т. М., Литарная М. А. Генетическая паспортизация новых сортов льна-долгунца белорусской селекции с использованием молекулярных маркеров. *Земледелие и растениеводство*. 2022;(6):48–52.
- Bogdan V. Z., Lemesh V. A., Bogdanova M. V., Bogdan T. M., Li-tarnaya M. A. Genetic certification of new cultivars of fiber flax of Belarusian breeding using molecular markers. *Zemledelie i rastenievodstvo* = Crop Farming and Plant Growing. 2022;(6):48–52. (In Belarus).

Сведения об авторах

✉ **Базанов Тарас Александрович**, кандидат хим. наук, заведующий лабораторией молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, ведущий научный сотрудник, ФГБНУ «Федеральный научный центр лубяных культур», Комсомольский проспект, д. 17/56, г. Тверь, Российская Федерация, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9544-5528>, e-mail: t.bazanov@fncl.ru

Ушаповский Игорь Валентинович, кандидат биол. наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, заместитель директора по науке, ФГБНУ «Федеральный научный центр лубяных культур», Комсомольский проспект, д. 17/56, г. Тверь, Российская Федерация, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0602-1211>

Рожмина Татьяна Александровна, доктор биол. наук, заведующая лабораторией селекционных технологий, ФГБНУ «Федеральный научный центр лубяных культур», Комсомольский проспект, д. 17/56, г. Тверь, Российская Федерация, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8204-7341>

Логина Наталья Николаевна, научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр лубяных культур», Комсомольский проспект, д. 17/56, г. Тверь, Российская Федерация, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4633-392X>

Минина Екатерина Витальевна, аспирант, младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр лубяных культур», Комсомольский проспект, д. 17/56, г. Тверь, Российская Федерация, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6559-9577>

Вересова Полина Дмитриевна, младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр лубяных культур», Комсомольский проспект, д. 17/56, г. Тверь, Российская Федерация, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7797-2578>

Information about the authors

✉ **Taras A. Bazanov**, PhD in Chemical Science, Head of the Laboratory of the Molecular-Genetic Research and Cell Selection, leading researcher, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Komsomolsky prospect, 17/56, Tver, Russian Federation, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9544-5528>, e-mail: t.bazanov@fncl.ru

Igor V. Ushapovsky, PhD in Biological Science, leading researcher, the Laboratory of the Molecular-Genetic Research and Cell Selection, Deputy Director for Science, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Komsomolsky prospect, 17/56, Tver, Russian Federation, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-0602-1211>

Tatyana A. Rozhmina, DSc in Biology, Head of the Laboratory of Breeding Technologies, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Komsomolsky prospect, 17/56, Tver, Russian Federation, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8204-7341>

Natalya N. Loginova, researcher, the Laboratory of the Molecular-Genetic Research and Cell Selection, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Komsomolsky prospect, 17/56, Tver, Russian Federation, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4633-392X>

Ekaterina V. Minina, postgraduate, junior researcher, the Laboratory of the Molecular-Genetic Research and Cell Selection, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Komsomolsky prospect, 17/56, Tver, Russian Federation, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6559-9577>

Polina D. Veresova, junior researcher, the Laboratory of the Molecular-Genetic Research and Cell Selection, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Komsomolsky prospect, 17/56, Tver, Russian Federation, 170041, e-mail: info@fncl.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7797-2578>

✉ – Для контактов / Corresponding author