

УДК 633.521:631.527

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2020-342-10-68-72>

Тип статьи: Оригинальное исследование

Type of article: Original research

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

ФГБНУ Федеральный научный центр лубяных культур 170041, Россия, г. Тверь, Комсомольский проспект, 17/56
E-mail: anna.v.nazarova@mail.ru,
t.bazanov@fncl.ru

Ключевые слова: техническая конопля, молекулярные маркеры, SSR, SCAR, ПЦР, генетическое разнообразие, хемотип, селекция

Для цитирования: Базанов Т. А., Ущеповский И. В., Логинова Н. Н., Смирнова Е. В., Михайлова П. Д. Анализ индивидуальной изменчивости сортообразцов конопли посевной (*Cannabis sativa* L.) с использованием SSR и SCAR маркеров. Аграрная наука. 2020; 342 (10): 68–72.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2020-342-10-68-72>**Конфликт интересов отсутствует**

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

Federal Scientific Center for Bast Crops
170041, Russia, Tver, Komsomolsky prospect,
17/56

Key words: hemp, molecular markers, SSR, SCAR, PCR, genetic diversity, chemotype, selection

For citation: Bazanov T. A., Uschapovsky I. V., Loginova N. N. Analysis of the individual variability of hemp (*Cannabis sativa* L.) cultivars using SSR and SCAR markers. Agrarian Science. 2020; 342 (10): 68–72. (In Russ.)

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2020-342-10-68-72>**There is no conflict of interests**

Анализ индивидуальной изменчивости сортообразцов конопли посевной (*Cannabis sativa* L.) с использованием SSR и SCAR маркеров

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Возрождение коноплеводства, отмечаемое во многих странах, предъявляет высокие требования к эффективности селекционно-генетических работ и новым сортам конопли посевной. Генетическое разнообразие сортов конопли по хозяйственно ценным признакам достаточно ограничено, а законодательные требования к содержанию каннабиноидов в растении усложняют селекционный процесс. Применение различных ДНК-маркеров может оказать существенную поддержку в эффективной и безопасной селекции, анализе генетического полиморфизма и внутрисортной чистоты. Целью данной работы стало изучение генетического разнообразия ряда современных российских сортов конопли посевной с использованием двух типов ДНК-маркеров.

Материалы и методы. Объектом исследования стали восемь сортов однодомной конопли среднерусского типа, включенных в Государственный реестр сельскохозяйственных достижений, допущенных к использованию, различного селекционного происхождения. Каждый сорт был представлен восемью индивидуальными растениями. Для изучения генетического полиморфизма использовался метод ПЦР с применением набора из десяти SSR-маркеров, с последующей детекцией продуктов на генетическом анализаторе. Для определения каннабиноидного хемотипа сортов применялся специфичный SCAR-маркер, продукты амплификации которого детектировались с помощью электрофореза.

Результаты. В изучаемой выборке было определено 70 аллелей, при этом каждый индивидуальный образец содержал свойственный только ему набор аллелей. Применение SCAR-маркера позволило определить принадлежность большинства образцов к безопасному хемотипу, а также выделить несколько образцов промежуточного хемотипа. Это позволяет осуществлять точное генотипирование любых образцов технической конопли с целью выявления гетерогенности семенного материала и безопасного проведения селекционных процессов. Кластерный анализ с построением дендрограммы генетического подобия показал, что, несмотря на генетическую индивидуальность каждого растения, они однозначно группируются согласно сортовой принадлежности, характеризуясь по ординатору и родственным связям.

Analysis of the individual variability of hemp (*Cannabis sativa* L.) cultivars using SSR and SCAR markers

ABSTRACT

Relevance. The revival of hemp farming, which is observed in many countries, places high demands on the efficiency of breeding and genetic work and new species of hemp. The genetic diversity of hemp species for economically valuable traits is quite limited, and legal requirements for the content of cannabinoids in the plant complicate the selection process. The use of various DNA markers can provide significant support in effective and safe breeding, analysis of genetic polymorphism and intra-variety purity. The purpose of this work was to study the genetic diversity of a number of modern Russian species of hemp seeds using two types of DNA markers. Materials and methods. The object of the study was eight species of monoecious hemp of the Central Russian type included in the State register of agricultural achievements approved for use, of various breeding origin. Each specie was represented by eight individual plants. To study genetic polymorphism, a PCR method was used using a set of ten SSR markers, followed by product detection on a genetic analyzer. To determine the cannabinoid chemotype of species, a specific SCAR marker was used, the amplification products of which were detected by electrophoresis.

Поступила: 16 сентября
После доработки: 8 октября
Принята к публикации: 10 октября

Received: 16 september
Revised: 8 october
Accepted: 10 october

Введение

Конопля посевная (*Cannabis sativa* L.) использовалась на протяжении тысячелетий, как комплексная культура — для получения волокна и масла. В настоящее время техническая конопля, не обладающая высоким содержанием тетрагидроканнабинола (ТГК) и, как следствие, психотропным действием, используется в производстве сотен видов различной продукции.

Основной ареал произрастания конопли посевной — зоны умеренного климата [1]. Поэтому, при наличии разрешения на возделывание этой культуры в рамках национальных законодательств, в России, Казахстане, Украине, странах Евросоюза, США и Китае отмечается постепенное возрождение отрасли коноплеводства.

Интерес к производству технической конопли обуславливает необходимость создания широкого спектра новых высокопродуктивных сортов. Законодательно установленный предел содержания в растениях конопли психоактивного вещества ТГК не более 0,2% накладывает на селекционеров определенные обязательства и приводит к необходимости поиска и отбора генотипов, отвечающих по параметрам не только традиционным хозяйственно ценным признакам по урожайности и качеству волокна и семян, но и по биохимическому составу растений [2].

Сорта конопли достаточно сложно различимы морфологически, поэтому изучение особенностей генетического разнообразия и внутривидовой дифференциации сортов является одной из важных задач селекции и сохранения генетических ресурсов культуры [3]. Знания о генетической структуре различных сортов, в том числе различного географического происхождения, необходимы для изучения их селекционной ценности и разработки программ по формированию фондов отбора.

Генетическое разнообразие современных сортов конопли может быть изучено с помощью применения разнообразных молекулярно-генетических маркеров, но более перспективным на сегодняшний день является использование SSR-маркеров (Simple Sequence Repeats). SSR-маркеры ограничивают простые повторяющиеся последовательности в геноме растения. Преимуществами использования SSR-маркеров являются высокая полиморфность, точность, хорошая воспроизводимость, повсеместное распределение в геноме [4]. Благодаря этим преимуществам микросателлиты хорошо подходят для применения в генетическом картировании, идентификации сортов и генотипов, оценки чистоты семенного материала, исследований генетического родства, а также маркер-ассоциированной селекции [5].

В рамках действующего законодательства очень важной составляющей селекции конопли является сохранение низкого уровня содержания ТГК в сортовом материале. На сегодняшний день основным методом определения уровня содержания каннабиноидов в конопле является хроматография. Данный метод точен, но применим только ко взрослым растениям и дает селекционерам запоздалую информацию. Содержание каннабиноидов в основном определяется генетическим фоном и является постоянной

характеристикой в течение всего жизненного цикла растения [6].

Профиль каннабиноидов растений *C. sativa* условно разделяют на три основных хемотипа, характеризующих два наиболее распространенных каннабиноида (каннабидиол (КБД) и тетрагидроканнабинол): хемотип I (наркотический тип), характеризующийся высоким содержанием ТГК и очень низким соотношением КБД/ТГК; хемотип II (промежуточный), с соотношением КБД/ТГК, близким к единице (0,5–3); хемотип III (волоконный), с высоким значением отношения КБД/ТГК из-за очень низкого содержания ТГК [7, 8]. В соответствии с таким распределением сорта конопли, разрешенные к использованию, должны принадлежать к хемотипу III, что возможно определить с помощью молекулярных маркеров [9, 10].

Использование различных молекулярно-генетических подходов позволит создать систему молекулярных маркеров, необходимую для формирования современной методологии селекционного процесса конопли посевной. Целью данного исследования стало изучение генетического разнообразия и определение хемотипа ряда современных российских сортов технической конопли с использованием молекулярных SSR-маркеров.

Материалы и методы

Материалом для исследования послужили 8 сортов однодомной технической конопли среднерусского типа, включенных в Государственный реестр селекционных достижений Российской Федерации. Перечень сортов с указанием оригинаторов приведен в таблице 1.

Каждый сорт был представлен восемью индивидуальными растениями. ДНК изученных сортов была выделена из листьев четырехнедельных растений с использованием СТАВ-метода.

Для SSR-маркирования было использовано 10 пар флуоресцентно-меченых праймеров (таблица 2), характеризующихся высокой полиморфностью [11, 12].

Реакционная смесь для проведения ПЦР объемом 25 мкл состояла из следующих компонентов: 30 нг исследуемой ДНК, 2,5 мкМ $MgCl_2$, 200 мкМ dNTP, 1 единицу Taq-полимеразы, количества прямого и обратного праймеров отдельных маркеров отличались и подбирались экспериментально.

Таблица 1. Исследованные сорта конопли

Table 1. The investigated species of hemp

№	Сорт	Оригинатор(ы)
1	Вера	ФГБНУ ФНЦ лубяных культур, г. Тверь ООО «Коноплекс», г. Москва
2	Милена	ООО «Коноплекс», г. Москва
3	Сурская	ФГБНУ ФНЦ лубяных культур, г. Тверь ООО «Коноплекс», г. Москва
4	Надежда	ФГБНУ ФНЦ лубяных культур, г. Тверь ООО «Коноплекс», г. Москва
5	Диана	ФГБНУ ФАНЦ Северо-востока им. Рудницкого, г. Киров ФГБНУ ФНЦ лубяных культур, г. Тверь ООО «Мордовские пенькозаводы», г. Инсар
6	Юлиана	ФГБНУ ФАНЦ Северо-востока им. Рудницкого, г. Киров ИП Глава КФХ Пономаренко А.И., Псковская обл.
7	Ингрета	ФГБНУ ФАНЦ Северо-востока им. Рудницкого, г. Киров ФГБНУ ФНЦ лубяных культур, г. Тверь
8	Гентус	ФГБНУ ФАНЦ Северо-востока им. Рудницкого, г. Киров ИП Глава КФХ Пономаренко А.И., Псковская обл.

Амплификация проводилась на термоциклере T100 MyCycler™ (Bio-Rad Laboratories, Inc.) по следующей программе: начальная денатурация 3 мин при 95 °С; затем 30 циклов: денатурация при 95 °С — 30 с, отжиг праймеров в течение 30 с при температуре 60 °С, элонгация при 72 °С — 45 с; терминальная элонгация — 5 мин 72 °С. Продукты ПЦР денатурировались формамидом и разделялись методом капиллярного электрофореза с помощью генетического анализатора НАНОФОР 05 (ООО «НПФ Синтол») с использованием маркера молекулярного веса СД-450 (ООО «НПФ Синтол»). Размеры амплифицированных фрагментов определяли с помощью программного обеспечения «ДНК-ФА» (ООО «НПФ Синтол»). Для оценки полиморфизма микросателлитных локусов использован индекс PIC (Polymorphic Index Content) [13]. Для построения дендрограммы генетического подобия использовали программное обеспечение DARwin v. 6 (DARwin software).

Для амплификации фрагментов, определяющих хемотип конопли, был применен SCAR-маркер B1080/B1192 [10, 14]. Использовался общий прямой праймер F: 5'-AAGAAAGTTGGCTTGCAG-3', и специфичные для TFK-синтазы R: 5'-TTAGGACTCGCATGATTAGTTTTC-3' и КБД-синтазы R: 5'-ATCCAGTTTAGATGCTTTTCGT-3' обратные праймеры. Реакционная смесь объемом 25 мкл содержала 0,5 мкМ прямого праймера и по 0,25 мкМ двух обратных праймеров, 20 нг исследуемой ДНК, 1,5 мкМ MgCl₂, 200 мкМ dNTP и 2 единицы Taq-полимеразы. Условия реакции: 94 °С в течение 5 мин, 25 циклов с параметрами: денатурация при температуре 94 °С в течение 30 с, отжиг праймеров 58 °С в течение 30 с, элонгация при 72 °С в течение 40 с. Разделение продуктов ПЦР осуществляли методом горизонтального электрофореза в 1,5%-м агарозном геле с бромистым этидием в камере SE-2 (ООО «Компания Хеликон»). Для определения размера ПЦР-продуктов использовали маркер молекулярных масс «Step50 plus» (ООО «Биолабмикс»), содержащий фрагменты ДНК длиной до 1500 п.н. Визуализацию продуктов амплификации под ультрафиолетом выполняли в гель-документирующей системе ChemiDoc (BIO-RAD).

Результаты и обсуждение.

Полученные результаты SSR-анализа были сведены в одну базу данных. В таблице 3 приведены данные, отражающие количество и размер аллелей с расчетными статистическими параметрами. В целом у 64 индивидуальных образцов восьми сортов конопли было определено 70 аллелей размером от 68 до 323 п.н. Каждый исследованный индивидуальный образец имел свой уникальный набор аллелей. Число аллелей на локус в

Таблица 2. Используемые SSR-маркеры

Table 2. SSR markers used

SSR-маркер	Прямой праймер (5'-3')	Обратный праймер (5'-3')
CAN0110	GGGTAAGCTTACGCAAGT	AACAAACAGTTGGACACCT
CS1	AAGCAACTCCAATTCAGCC	TAATGATGAGACGAGTGAGAACG
H11 CANN1	GCATGTGGTGTTCGTACCC	CAGCGAACATTCACCTAGCTC
B01 CANN1	TGGAGTCAAATGAAAGGGAAC	CCATAGCATTATCCCACTCAAG
CAN2913	AGGAACACCTTGAAGCGAG	CGGTATCTACCTTGAGCTT
C11 CANN1	GTGGTGGTGATGATGATAATGG	TGAATTGGTTACGATGGCG
CAN0093	CAGTCTCTCAGATCAGACTACC	AGCGGCTAGCGTAACAGTAT
ANUC301	ATATGGTTGAAATCCATTGC	TAACAAAGTTTCGTGAGGGT
E07 CANN1	CAAATGCCACACCACCTTC	GTGGTAGCCAGGTATAGGTAG
B05 CANN1	TTGATGGTGGTGAACGGC	CCCCAATCTCAATCTCAACCC

Таблица 3. Характеристика полиморфных SSR-локусов льна-долгунца

Table 3. Characterization of polymorphic SSR loci of flax

изученной выборке сортов варьировало от 1 до 18. при

SSR-маркеры	Аллели	Число аллелей	PI	PIC
CAN0110	68, 83, 89, 95, 108, 112, 126, 129, 131	9	0,1	0,718
CS1	174, 177, 180, 186, 189, 192, 194, 207, 210, 234, 236, 239, 244, 246, 250, 252, 258, 264	18	0,018	0,899
B01 CANN1	297, 299, 317, 323	4	0,14	0,695
H11 CANN1	269, 274, 289, 292, 294	5	0,53	0,279
CAN2913	111, 113, 117, 120, 122, 126, 129, 132	8	0,075	0,784
C11 CANN1	142, 144, 150, 152, 154, 156, 160, 162, 164	9	0,055	0,819
ANUC301	232, 235, 238, 256, 323	5	0,24	0,559
CAN0093	207, 215, 217, 220, 224, 226, 228, 230	8	0,097	0,753
E07 CANN1	114	1	1	0
B05 CANN1	240, 243, 246	3	0,28	0,553
Среднее на локус	7	0,256	0,606	

этом среднее значение составило 7. Частота встречаемости аллелей микросателлитных локусов в изученной выборке варьировала от 0,8 до 100%. Примененная линейка маркеров продемонстрировала высокие значения информационного содержания, что подтверждается значениями коэффициента вероятности совпадения генотипов (PI) и коэффициента полиморфизма (PIC). Значения PIC выше 0,7 и значения PI ниже 0,1 были вычислены для пяти SSR-маркеров. Вероятно, что эти маркеры наиболее пригодны для дальнейших работ по генетической паспортизации сортов конопли российской селекции. Наиболее информативным маркером оказался CS1, наименее — E07 CANN1. Однако, несмотря на низкие показатели информативности маркера E07 CANN1 в данной выборке сортов, его работа должна быть проверена на образцах сортов конопли более географически отдаленной селекции.

Исследования, проведенные с использованием SCAR-маркера B1080/B1192, показали наличие у большинства образцов только одного аллеля размером 1080 п.н., что позволяет отнести их к КБД-преобладающему хемотипу III. В тоже время два индивидуальных образца (8–6 и 8–8) из сорта Гентус (рисунок 1) и одного образца

(5–1) из сорта Диана показали наличие одновременно двух аллелей размером 1080 и 1192 п.н. Это указывает на то, что образцы отличаются от общей выборки, характеризующейся хемотипом III, и относятся к промежуточному хемотипу II по содержанию каннабиноидов. В работах по оценке генетических ресурсов конопли при проведении индивидуального анализа одновременное наличие в образце двух хемотипов связывают с формированием внутригенотипической изменчивости [14]. Однако такой результат может рассматриваться и как наличие сортовой примеси в изученных образцах. Использование этих маркеров в селекционно-семеноводческой работе может способствовать проведению высококачественного контроля эффективности отборов и чистоты партий семян высших репродукций, в том числе с учетом требований действующего законодательства.

По результатам исследования десяти SSR-маркеров восьми сортов конопли был выполнен кластерный анализ. На рисунке 2 представлена дендрограмма генетического подобия между изученными образцами, построенная методом «neighbor joining method» [15].

Исследованные сорта конопли распределились по девяти отдельным группам (I–IX). Как упоминалось выше, каждый исследованный образец имеет свой уникальный набор аллелей, но при этом каждая группа образцов соотносится с сортом: I — Надежда, II — Сурская, III — Милена, IV — Вера, V — Диана, VI — Ингрета, VII — Юлиана, VIII — Гентус. В последнюю IX группу вошли индивидуальные образцы сортов Диана и Гентус, определившиеся с помощью SCAR-маркера как образцы хемотипа II по каннабиноидам. Сорт Диана (группа V), занимает промежуточное положение, что может быть связано с использованием селекционного материала этих двух селекционных центров.

Выводы

Использование набора SSR-маркеров при индивидуальном анализе растений районированных сортов конопли посевной позволило выявить наличие внутрисортной изменчивости у всех оцененных образцов. Кластерный анализ выявил наличие двух групп сортов,

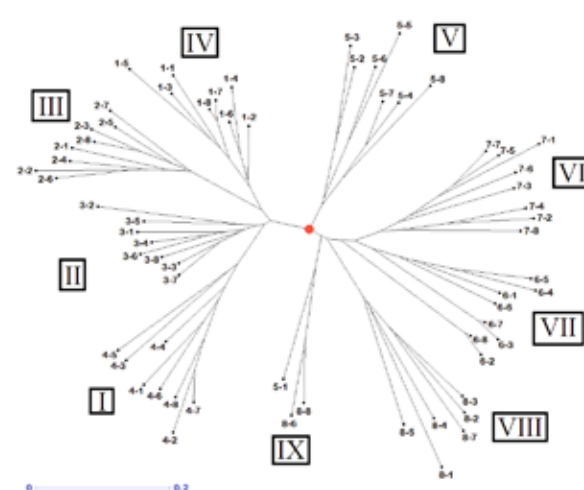
Рис. 1. Электрофореграмма маркера B1080/B1192 для восьми индивидуальных образцов сорта «Гентус»

Fig. 1. Electrophoregram of marker B1080/B1192 for eight individual samples of the "Gentus"



Рис. 2. Дендрограмма генетического подобия исследованных образцов конопли на основе применения SSR маркеров

Fig. 2. Dendrogram of genetic similarity of the studied hemp samples based on the use of SSR markers



созданных двумя различными селекционными центрами. Дендрограмма, построенная по результатам кластерного анализа, показывает на достаточную генетическую близость изученных сортов не только внутри каждого из кластеров, но и между ними. ДНК маркер SCAR B1080/B1192 позволяет определить наличие растений с несвойственным для сортов конопли посевной промежуточным хемотипом II, что может быть использовано как в семеноводстве высших репродукций для выявления засорения, так и в селекционной работе для создания форм с различными профилями каннабиноидов.

ЛИТЕРАТУРА / REFERENCES

- Small E. (2017) Classification of *Cannabis sativa* L. in Relation to Agricultural, Biotechnological, Medical and Recreational Utilization. In: Chandra S., Lata H., ElSohly M. (eds) *Cannabis sativa* L. — *Botany and Biotechnology*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-54564-6_1
- Серков В.А., Климова Л.В., Данилов М.В. Формирование перспективного селекционного материала для создания безнаркотических сортов конопли посевной. *Нива Поволжья*. 2018;3(48):62-67. [Serkov V.A., Klimova L.V., Danilov M.V. Formation of a promising breeding material for the creation of drug-free varieties of seed hemp. *Niva of the Volga region*. 2018;3(48):62-67. (In Russ.)]
- Григорьев С.В. Новые источники селекционно значимых признаков конопли из коллекции ВИР. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2018;179(4):50-57. DOI: 10.30901/2227-8834-2018-4-50-57 [Grigoriev S.V. New sources of selectively significant cannabis traits from the VIR collection. *Works on applied botany, genetics and breeding*. 2018;179(4):50-57. (In Russ.) DOI: 10.30901/2227-8834-2018-4-50-57]
- Ушаповский 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.). *Сельскохозяйственная биология*. 2016;51(5):602-616. DOI: 10.15389/agrobiology.2016.5.602rus [Uschapovskiy I.V., Lemesh V.A., Bogdanova M.V., Guzenko E.V. Features of breeding and prospects for the application of molecular genetic methods in genetic selection studies of flax (*Linum usitatissimum* L.). *Agricultural biology*. 2016;51(5):602-616. (In Russ.) DOI: 10.15389/agrobiology.2016.5.602rus]
- Alghanim H.J., Almirall J.R. Development of microsatellite markers in *Cannabis sativa* for DNA typing and genetic relatedness analyses. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*. 2003;376(8):1225-1233. DOI: 10.1007/S00216-003-1984-0
- Pacifico D., Miselli F., Carboni A., Moschella A., Mandolino G. Time course of cannabinoid accumulation and chemotype development during the growth of *Cannabis sativa* L. *Euphytica*. 2008;160(2):231-240. DOI: 10.1007/s10681-007-9543-y
- Small E., Beckstead H.D. Common cannabinoid phenotypes in 350 stocks of Cannabis. *Lloydia*. 1973;36(2):144-165.
- Fournier G. Les chemotypes du chanvre (*Cannabis sativa* L.) Interet pour un programme de selection. *Agronomie*. 1981;1(8):679-688. [in French] DOI: 10.1051/agro:19810809.

9. Kojoma M., Seki H., Yoshida S., Muranaka T. DNA polymorphisms in the tetrahydrocannabinolic acid (THCA) synthase gene in "drug-type" and "fiber-type" *Cannabis sativa* L. *Forensic Sci Int.* 2006 Jun 2;159(2-3):132-40. doi: 10.1016/j.forsciint.2005.07.005

10. Pacifico D., Miselli F., Micheler M., Carboni A., Ranalli P., Mandolino G. Genetics and marker-assisted selection of the chemotype in *Cannabis sativa* L. *Mol Breeding.* 2006;17(3):257-268. DOI: 10.1007/s11032-005-5681-x.

11. Köhnemann S., Nedele J., Schwotzer D., Morzfeld J., Pfeiffer H. The validation of a 15 STR multiplex PCR for *Cannabis* species. *International Journal of Legal Medicine.* 2012;126(4):601-606. DOI: 10.1007/s00414-012-0706-6.

12. Presinszka M., Stiasna K., Vyhnanek T., Trojan V., Mrkvicova E., Hrivna L. et al. Analysis of microsatellite markers in hemp

(*Cannabis sativa* L.). *International Ph.D. Students Conference on MendelNet*; 2015 November; At Fac Agron, Brno, Czech Republic; 2015. p.434-438. Available from: <https://www.researchgate.net/publication/283715201> [accessed Sep 09, 2020].

13. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences.* 1973;70(12):3321-3323. DOI: 10.1073/pnas.70.12.3321.

14. Welling M.T., Liu L., Shapter T., Raymond C.A., King G. Characterisation of cannabinoid composition in a diverse *Cannabis sativa* L. germplasm collection. *Euphytica.* 2016;208(3):463-475. DOI: 10.1007/s10681-015-1585-y.

15. Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution.* 1987;(44):406-425.

ОБ АВТОРАХ:

Базанов Тарас Александрович, кандидат химических наук, t.bazanov@fncl.ru

Ушаповский Игорь Валентинович, кандидат биологических наук, заместитель директора по науке, заведующий лабораторией

Логина Наталья Николаевна, научный сотрудник

Смирнова Екатерина Витальевна, младший научный сотрудник

Михайлова Полина Дмитриевна, младший научный сотрудник

ABOUT THE AUTHORS:

Taras A. Bazanov, candidate of chemical sciences, t.bazanov@fncl.ru

Igor V. Uschapovsky, Cand. Sci. (Biology), Deputy Director for Science, Head of the Laboratory

Natalya N. Loginova, Researcher

Ekaterina V. Smirnova, junior researcher

Polina D. Mikhailova, junior researcher

НОВОСТИ • НОВОСТИ • НОВОСТИ • НОВОСТИ • НОВОСТИ •

Инновационные технологии позволяют выпускать около 25 тысяч видов продукции с использованием конопляных волокон

В рамках совещания по вопросам возрождения технологий производства промышленной продукции из конопли, состоявшегося в Минпромторге России, был рассмотрен ряд мер господдержки, направленных на увеличение глубокой переработки и производства продукции с использованием конопли. В ходе мероприятия статс-секретарь – заместитель министра промышленности и торговли РФ Виктор Евтухов сообщил, что инновационные технологии позволяют выпускать около 25 тысяч видов продукции с использованием конопляных волокон в различных отраслях промышленности. Он напомнил, что наша страна исторически обладала высокими профессиональными компетенциями в области технологий выращивания и производства продукции из конопли, как и в случае с льняной отраслью.

Техническая (или промышленная) конопля была запрещена к выращиванию во всем мире после принятия Конвенции 1961 года по борьбе с наркотическими средствами. И только около 10 лет назад в РФ допустили к культивированию промышленные сорта конопли, не относящиеся к наркотическим веществам. Участники мероприятия отметили, что интерес инвесторов к проектам переработки конопляных волокон в Российской Федерации растет, что стимулирует как производителей отечественной сельскохозяйственной техники и оборудования, так и предприятия, ориентированные на выпуск готовой продукции на основе данной лубяной культуры.

Также перспективным направлением развития традиционных лубяных культур является лен. Ведомством разработана комплексная программа поддержки производства изделий из льна до 2025 года. В дальнейшем вопрос внедрения механизма субсидирования предприятий рассмотрят и для производителей продукции с содержанием технической конопли.

В настоящее время в Удмуртии семена льна-долгунца засыпаны в объеме 323 тонн

На текущий момент аграрии Удмуртии обеспечили себя семенным материалом зерновых культур собственного урожая на 95%. После уборки зерновых специалисты занимаются засыпкой семян под весенний сев 2021 года. В настоящее время в республике, благодаря хорошим погодным условиям, засыпано 68,4 тыс. т семян яровых зерновых культур при потребности 72 тыс. т. Подготовка семян многолетних кормовых трав также значительно превышает прошлогодние показатели: засыпано 521 т (в 2019 году на аналогичную дату было всего 30 т). Сейчас обмолачиваются последние гектары семенников многолетних трав. В частности, семена льна-долгунца засыпаны в объеме 323 т (в прошлом году было 193 т). Планируются хорошие запасы озимых культур – 4,9 тыс. т (3,2 тыс. т в 2019 году).

По данным экспертов, семенам необходимо так называемое послеуборочное дозревание, тогда они лучше всходят, приносят богатый урожай (и более устойчивы к зиме). В целом ожидается, что сельхозпредприятия республики в этом году улучшат качество урожая, прежде всего, по всхожести.

