

УДК 633.521:631.527

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2021-352-9-108-112>

Оригинальное исследование/Original research

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

ФГБНУ «Федеральный научный центр лубяных культур», г. Тверь, Комсомольский проспект, 17/56, 170041

E-mail: t.bazanov@fncl.ru

Ключевые слова: рыжик посевной, молекулярные маркеры, ПЦР, генетическое разнообразие, сорта, селекция

Для цитирования: Базанов Т.А., Ущачповский И.В., Логинова Н.Н., Смирнова Е.В., Михайлова П.Д. Оценка генетического разнообразия сортов рыжика посевного (*Camelina sativa* L.) с использованием SSR-маркеров. *Аграрная наука*. 2021; 352 (9): 108–112.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2021-352-9-108-112>

Конфликт интересов отсутствует

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

FSBSI "Federal research center of bast crops",
Komsomolsky Ave., 17/56, Tver, 17004

E-mail: t.bazanov@fncl.ru

Key words: camelina, molecular markers, PCR, genetic diversity, varieties, selection

For citation: Bazanov T.A., Ushchapovskii I.V., Loginova N.N., Smirnova E.V., Mikhailova P.D. Evaluation of the genetic diversity of varieties of camelina (*Camelina sativa* L.) using SSR markers. *Agrarian Science*. 2021; 352 (9): 108–112. (In Russ.)

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2021-352-9-108-112>

There is no conflict of interests

Оценка генетического разнообразия сортов рыжика посевного (*Camelina sativa* L.) с использованием SSR-маркеров

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Рыжик посевной (*Camelina sativa* L.) — географически широко распространенная масличная культура, характеризующаяся высоким содержанием ненасыщенных жирных кислот в масле семян и устойчивостью к большинству стрессовых абиотических и биотических факторов. Перспектива развития культуры рыжика связана с производством биотоплива и широкого спектра технических масел. Создание новых специализированных высокопродуктивных сортов рыжика связано с задачами химической, медицинской и пищевой промышленности. Повышение эффективности селекционного процесса предполагает развитие методов оценки и подбора исходного материала. Изучение генетического разнообразия культуры с использованием ДНК-маркирования, в том числе применение микросателлитных SSR-маркеров, рассматривается как эффективный способ предбридингового этапа селекционных работ. Целью данного исследования стало изучение полиморфизма и филогенетических взаимоотношений сортов рыжика посевного с использованием SSR-маркеров.

Методы. Объектом исследования стали 18 сортов рыжика посевного различного селекционного происхождения, включенных в Госреестр сортов Российской Федерации. Генетический анализ проводился методом ПЦР с использованием линейки из 8 SSR-маркеров с последующей детекцией продуктов на генетическом анализаторе.

Результаты. В изучаемой выборке было определено 40 аллелей с достаточно высокими показателями уровня полиморфизма. Выявлен характерный маркер, связанный с озимой формой жизни рыжика. Кластерный анализ с построением дендрограммы генетического подобия выявил значительные различия изученных образцов. Сорта распределились на два обособленных кластера — озимые и яровые формы рыжика. В каждом из кластеров сорта группировались преимущественно по признаку происхождения (оригинатор). Дальнейшее развитие и использование методов ДНК-маркирования будет содействовать повышению эффективности селекционного процесса и формированию системы генетической паспортизации масличных культур.

Evaluation of the genetic diversity of varieties of camelina (*Camelina sativa* L.) using SSR markers

ABSTRACT

Relevance. Camelina (*Camelina sativa* L.) is a geographically widespread oilseed crop characterized by a high content of unsaturated fatty acids in seed oil and resistance to most stress abiotic and biotic factors. The prospect for the development of camelina culture in agriculture is associated with the production of biofuels and a wide range of technical oils. The creation of new specialized highly productive varieties of camelina is associated with the tasks of the chemical, medical and food industries. Increasing the efficiency of the breeding process needs development of methods for the assessing and selecting of genetic material (lines, cultivars etc.). The study of the genetic diversity of a culture using DNA marking, including the microsatellite SSR markers, is considered as an effective way of the pre-breeding stage of breeding work. The aim of this study was to study the polymorphism and phylogenetic relationships of camelina cultivars using SSR markers.

Methods. The object of the study was 18 varieties of camelina of various breeding origin, included in the State Register of Varieties of the Russian Federation. Genetic analysis was carried out by PCR using a set of 8 SSR-markers, followed by detection of products on a genetic analyzer.

Results. During the study, 40 alleles were identified, with rather high indicators of the level of polymorphism. A specific marker associated with the winter form of life of camelina was revealed. Cluster analysis with the construction of a dendrogram of genetic similarity showed significant differences in the studied samples. The varieties were divided into two separate clusters — winter and spring forms of camelina. In each of the clusters, varieties were grouped mainly by origin (originator). Further development and use of DNA-marking methods will contribute to increasing the efficiency of the breeding process and the formation of a system of genetic certification of oilseeds.

Поступила: 5 апреля
После доработки: 30 мая
Принята к публикации: 10 сентября

Received: 5 April
Revised: 30 May
Accepted: 10 September

Введение

Рыжик посевной (*Camelina sativa L.*) как масличная культура с уникальным составом масла может возделываться в различных, в том числе и экстремальных, почвенно-климатических условиях благодаря своей устойчивости к засухе, отрицательным температурам, многочисленным болезням и вредителям [1]. В промышленных масштабах рыжик возделывается в Канаде, США, Евросоюзе, России на площади до 100 тыс. га [2]. Основные его посевы в России находятся в Сибири и Поволжье. В семенах современных сортов рыжика от 30 до 50% масла, в составе которого 80% — ненасыщенные жирные кислоты [3]. Перспектива возделывания рыжика связана с использованием его для производства биотоплива, новых промышленных липидов, специальных масел и полимеров, в том числе и медицинского назначения [4, 5, 6].

Основное конкурентное преимущество рыжика с другими масличными культурами — значительный резерв урожайности культуры, являющийся ключевым фактором снижения затрат на производство сырья и увеличения доходов от растениеводства [7]. Создание новых высокопродуктивных сортов рыжика различных жизненных форм — озимого и ярового — для топливной, медицинской и пищевой промышленности позволит увеличить площади посевов этой перспективной культуры. В настоящее время в Госреестре сортов Российской Федерации насчитывается 13 сортов ярового и 7 сортов озимого рыжика посевного российской селекции.

Эффективное решение селекционной задачи по созданию новых сортов рыжика предполагает научно-обоснованный подбор исходного материала, основанный

на изучении генетического разнообразия культуры с помощью современных генетических методов [8, 9, 10]. ДНК-маркеры давно зарекомендовали себя как надежный инструмент в идентификации сортов, в том числе со слабыми сортовыми различиями [11]. Эффективными ДНК-маркерами являются микросателлитные или SSR (*Simple Sequence Repeats*). Генотипирование линий и сортов, идентификация ценных сортов, маркирование отдельных генов растений — вот далеко не полный перечень возможностей использования SSR-маркеров [11, 12, 13].

Целью данной работы стало изучение полиморфизма и филогенетических взаимоотношений сортов рыжика посевного российской селекции с применением SSR-маркеров.

Работа выполнена в лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции ФГБНУ ФНЦ ЛК в 2021 г.

Методика

В качестве объекта исследований было использовано 18 сортов рыжика посевного различного географического происхождения (табл. 1), включенных в Государственный реестр селекционных достижений Российской Федерации.

Для генетического исследования использовался набор из 8 пар SSR-праймеров [14], меченых флуоресцентными красителями, произведенными ООО «НПФ Синтол» (Россия). Объединенную ДНК выделяли с помощью модифицированного СТАВ-метода из листьев четырех растений каждого сорта, выращенных в течение 4 недель.

Реакционная смесь ПЦР объемом 25 мкл содержала: 20 нг исследуемой ДНК, прямой и обратный праймер (оптимальные количества определялись экспериментально), 200 мкМ dNTP, 2,5 мкМ MgCl₂ и 1 единицу Taq-полимеразы. ПЦР осуществляли на амплификаторе T100 MyCycler™ (Bio-Rad Laboratories, Inc.) при условиях: начальная денатурация 5 мин при 94 °С; далее следовали 35 циклов: денатурация при 94 °С — 30 с, отжиг в течение 30 с (температуру подбирали в зависимости от праймеров), элонгация при 72 °С — 30 с, терминальная элонгация — 30 мин при 72 °С. ПЦР-продукты были проанализированы методом фрагментного анализа на генетическом анализаторе НАНОФОР 05 с использованием маркера молекулярного веса СД-450 СИНТОЛ (Россия). Определение размеров аллелей проводили в программе «ДНК-ФА» СИНТОЛ (Россия). Для оценки полиморфизма микросателлитных локусов использован индекс PIC (*Polymorphic Index Content*) [15]:

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

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

Таблица 1. Исследованные сорта

Table 1. Studied varieties

Название сорта	Оригинатор(ы)
Озимые сорта	
Барон	ФГБНУ «ФНЦ ЛК», г. Тверь / ФГБНУ «Пензенский НИИСХ», Пензенская обл.
Козырь	
Пезняк	
Адамас	ФГБНУ Российский НИПТИ СК, г. Саратов
Передовик	
Адонис	ФГБНУ «ФНЦ ЛК», г. Тверь
Карат	ФГБНУ «ФНЦ ВНИИМК», г. Краснодар
Яровые сорта	
Велес	ФГБНУ «ФНЦ ЛК», г. Тверь / ФГБНУ «Пензенский НИИСХ», Пензенская обл.
Юбиляр	
Исилькулец	ФГБНУ «ФНЦ ВНИИМК», г. Краснодар / ФГБНУ «СибОС ВНИИМК», Омская обл.
Омич	
ВНИИМК-520	ФГБНУ «ФНЦ ВНИИМК», г. Краснодар
Кристалл	
Ужурский	ФГБУН Сибирский ФНЦ агробиотехнологий РАН, Новосибирская обл.
Чулымский	
Вилла	Camelina company espana s.l. Madrid
Дебют	ФГБНУ Российский НИПТИ СК, г. Саратов
Екатерининский	Екатерининская ОС ВИР, Тамбовская обл.

Результаты

В результате исследования были получены данные по полиморфизму изученных сортов рыжика посевного. В таблице 2 приведены данные, отражающие количество и диапазон размера аллелей с расчетными показателями уровня полиморфизма. В последней графе таблицы приведены данные по коэффициенту полиморфизма *PIC*, рассчитанные для этих локусов по данным источника [14].

В представленной выборке из 18 сортов было определено 40 аллелей размером от 119 до 323 пар нуклеотидов. Среднее число аллелей на локус составило 5. Локус P4B3, как и в работе [14], не выявил полиморфизма и, вероятно, должен быть исключен из линейки SSR-маркеров, используемых для изучения генетики рыжика. Показатель информационного содержания (*PIC*) составил в среднем 0,58 на локус, в отличие от этого показателя 0,61 из работы [14], в которой были исследованы более географически отдаленные образцы сортов. Это указывает на существующую ограниченность генетического фонда отбора между сортами российской селекции. Для преодоления возможных ограничений в селекционной работе и повышения уровня генетического разнообразия необходимо расширить количество исходного материала, вовлекаемого в скрещивания, в том числе зарубежных сортов.

Полученные в исследовании результаты характеризуют использованную систему SSR-маркеров как эффективную для решения задач по генетической идентификации рыжика посевного, позволяющую различать генотипы на молекулярном уровне.

С использованием метода «*neighbor joining method*» [16] был выполнен кластерный анализ и построена дендрограмма генетического подобия для изучения филогенетических отношений между изученными образцами рыжика (рис. 1 (синим цветом выделены сорта озимой формы, красным — яровой)).

Исследованные сорта распределились по двум кластерам, отражающим две формы жизни культуры — рыжик озимый и рыжик яровой. Анализ данных показал, что такое разделение связано с локусом P4C11, в котором аллель размером 197 п.н. обнаружен только у озимых форм.

Яровые сорта Кристалл и Исилюлец (оригинатор ВНИИМК) с помощью использованного набора SSR-маркеров не разделяются, хотя они сильно разделены по времени создания, отличаются по месту селекции, цвету семян, длительности вегетационного периода и жирнокислотному составу масла. Они чрезвычайно схожи по показателям урожайности, масличности, массы тысячи семян, а также оба сорта имеют неопушенный лист. Можно предположить, что использованные в работе локусы могут характеризовать генетическую близость данных сортов по одному или нескольким схожим показателям.

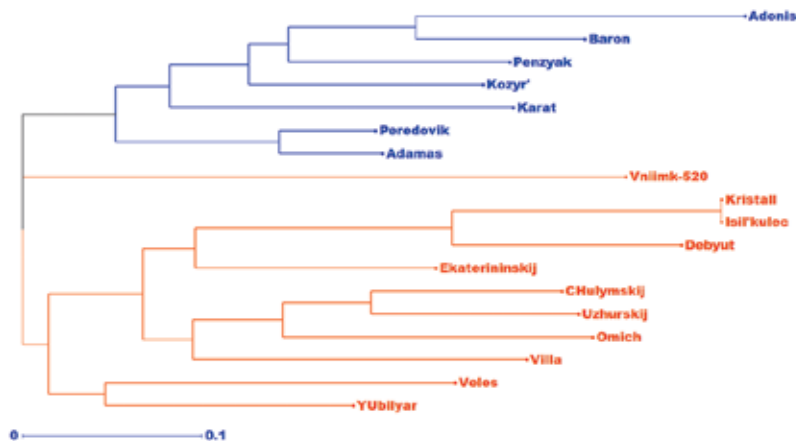
Таблица 2. Характеристика изученных полиморфных SSR-локусов

Table 2. Characteristics of the studied polymorphic SSR-LOCI

SSR-локус	Диапазон полученных аллелей	Число аллелей	<i>PIC</i>	<i>PIC</i> [14]
P4E6	294–323	5	0,50	0,66
P6E4	209–225	4	0,64	0,56
LIB19	119–153	9	0,85	0,69
P4C11	184–229	6	0,74	0,84
P3C3	165–220	4	0,57	0,72
P4C7	280–296	6	0,77	0,78
P4B3	212	1	0	0
P4C2	177–187	5	0,63	0,63
Среднее на локус	5	0,58	0,61	

Рис. 1. Дендрограмма генетического подобия сортов рыжика

Fig. 1. Dendrogram of genetic similarity of camelina varieties



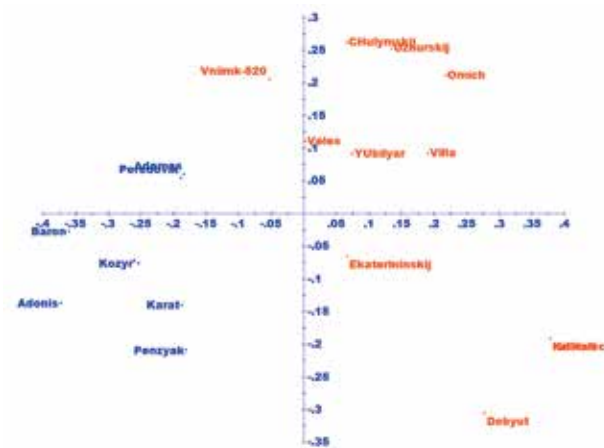
Внутри двух групп сортов, разделенных по жизненной форме, можно отметить достаточно характерное деление по оригинатору. Среди озимых сортов выделяются Передовик и Адамас. Эти сорта т.н. «саратовской селекции» имеют очень малую генетическую дистанцию 0,11 (при средней 0,52), что указывает на высокую степень родства. Достаточно хорошо группируются «пензенские озимые сорта» — Козырь, Пензяк, Барон. Сорт Адонис близок к этой группе, но демонстрирует достаточно большое генетическое расстояние от них по причине наличия в его родословной сорта Козырь и формы украинского происхождения (г. Чернигов, Украина). Сорт Карат не проявляет выраженного филогенетического сродства.

Среди яровых сортов также выявляется деление по месту происхождения: кластеризуются «пензенские сорта» Велес и Юбияр, группируются сибирские сорта: старые Ужурский и Чулымский и более новый Омич. Испанский сорт Вилла проявляет сродство к группе «сибирских сортов».

Сорта Исилюлец и Кристалл группируются с сортами селекции среднерусских селекционных учреждений — Дебют (г. Саратов) и Екатеринбургский (Тамбовская обл.). Интерес представляет старый сорт ВНИИМК-520, занимающий в данной дендрограмме промежуточное положение между яровыми и озимыми сортами.

Особенностью кластерного анализа является иерархический алгоритм, предполагающий изначальное

Рис. 2. Результаты PCA-метода
Fig. 2. Results of the PCA method



существование упорядоченной структуры между объектами анализа, но при этом они могут быть не связаны между собой и объединены в группы на основе усредненной схожести характеристик. В связи с этим в дополнение к кластерному анализу был использован метод факторного анализа — метод главных компонент «*principal component analysis, PCA*». Этот метод не предполагает существования упорядоченных взаимоотношений между объектами анализа [17]. Проведенный анализ полученных SSR-маркеров (рис. 2) подтверждает и дополняет полученные результаты: озимые сорта (выделены синим цветом) образуют достаточно плотную генетическую группу, а яровые сорта

(выделены красным цветом) формируют более широкое распределение. Это говорит о том, что расширению генетического разнообразия озимых сортов рыжика следует уделить больше внимания. Использование метода главных компонент также определило местоположение сорта ВНИИМК-520 в пограничной зоне между озимыми и яровыми сортами, что соответствует предыдущему выводу.

Выводы

Разнообразие сортов рыжика посевного, как и других культур, включенных в Государственный реестр Российской Федерации, необходимо оценивать с привлечением современных молекулярных маркеров. Использование определенного набора SSR-маркеров, сформированного из существующего многообразия, представленного в базах данных ДНК-маркеров, позволило выявить достаточно высокий уровень полиморфизма исследованных 18 сортов озимого и ярового рыжика. Выявлен характерный маркер, связанный с озимой формой жизни рыжика. Кластерный анализ выявил генетическую близость исследованных сортов, подтверждаемую генеалогическими данными о селекционном происхождении сорта. Расширение масштабов выполненной работы позволит применить данный метод в работе селекционеров и Госсортомиссии, а также содействовать созданию системы генетической паспортизации культуры рыжика посевного.

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

ЛИТЕРАТУРА

- Eynck C, Shrestha D, Vollmann J, Falk KC, Friedt W, Singh HP, Obeng E. Sustainable Oil Crops Production. In: Singh B. *Biofuel Crop Sustainability*. John Wiley & Sons, Inc. 2013. p. 165–204. Available from: DOI:10.1002/9781118635797.ch5 [Accessed 01th April 2021]
- Zanetti F, Alberghini B, Marjanović Jeromela A, Nada L G. et al. Camelina, an ancient oilseed crop actively contributing to the rural renaissance in Europe. A review. *Agron. Sustain. Dev.* 2021;2: 41. Available from: <https://doi.org/10.1007/s13593-020-00663-y> [Accessed 05th April 2021]
- Прахова ТЯ, Прахов ВА. Масличные культуры семейства Brassicaceae в условиях Среднего Поволжья: монография. Пенза: РИО ПГАУ. 2018. 220 с. [Prahova TyA, Prahov VA. Oilseeds of the Brassicaceae in the conditions of the Middle Volga region: monograph. Penza: RIO PGU. 2018. 220 p. (In Russ.)]
- Bansal S, Durrett TP. *Camelina sativa*: an ideal platform for the metabolic engineering and field production of industrial lipids. *Biochimie*. 2016;120: 9–16. Available from: DOI: 10.1016/j.biochi.2015.06.009. [Accessed 01th April 2021]
- Berti M, Gesch R, Eynck C, Anderson J, Cermak S. Camelina uses, genetics, genomics, production, and management. *Industrial Crops and Products*. 2016;94: 690–710. Available from: DOI:10.1016/j.indcrop.2016.09.034 [Accessed 01th April 2021]
- Уханова ЮВ, Воскресенский АА, Уханов АП. Сравнительная оценка свойств растительных масел, используемых в качестве биодобавки к нефтяному дизельному топливу. *Нива Поволжья*. 2017;2(43): 98–105. [Uhanova YuV, Voskresensky AA, Uhabov AP. Comparative assessment of the properties of vegetable oils used as a bioadditive to petroleum diesel fuel. *Niva of the Volga Region*. 2017; 2(43): 98–105. (In Russ.)]
- Natelson RH, Wang W, Roberts WL, Zering KD. Technoeconomic analysis of jet fuel production from hydrolysis, decarboxylation, and reforming of camelina oil. *Biomass and Bioenergy*. 2015;75: 23–34. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.biombioe.2015.02.001> [Accessed 01th April 2021]
- Гужов ЮЛ, Фукс А, Величек П. Селекция и семеноводство культивируемых растений. М.: Мир. 2003. 536 с. [Guzhov YuL, Fuks A, Velichek P. Selection and seed breeding of cultivated plants. М.: Mir. 2003. 536 p. (In Russ.)]
- Вавилов НИ. Селекция как наука. В кн: *Избранные произведения в двух томах*. Т. 1. Л.: Наука. 1967. 328–342 с. [Vavilov NI. Selection as a science. In: *Selected works in two volumes*. V. 1. L.: Nauka. 1967. p. 328–342. (In Russ.)]
- Luo Z, Brock J, Dyer JM, Kutchan T, Schachtman D. et al. Genetic diversity and population structure of a *Camelina sativa* spring panel. *Front Plant Sci*. 2019;10: 184. Available from: doi: 10.3389/fpls.2019.00184 [Accessed 01th April 2021]
- Ущуповский ИВ, Лемеш ВА, Богданова МВ, Гузенко ЕВ. Особенности селекции и перспективы применения молекулярно-генетических методов в генетико-селекционных исследованиях льна (*Linum usitatissimum* L.). *Сельскохозяйственная биология*. 2016;51(5): 602–616. Режим доступа: DOI: 10.15389/agrobiol.2016.5.602rus [Дата обращения 1 апреля 2021]. [Uschupovskiy IV, Lemesh VA, Bogdanova MV, Guzenko EV. 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. Available from: doi: 10.15389/agrobiol.2016.5.602rus [Accessed 01th April 2021]. (In Russ.)]
- Wu J, Zhao Q, Wu G, Zhang S, Jiang T. Development of novel SSR markers for flax (*Linum usitatissimum* L.) using reduced-representation genome sequencing. *Frontiers in Plant Science*. 2017;7: 2018. Available from: doi:10.3389/fpls.2016.02018 [Accessed 01th April 2021].
- Базанов ТА, Ущуповский ИВ, Лемеш ВА, Богданова МВ, Лагуновская ЕВ. Генетический полиморфизм современных сортов льна-долгунца (*Linum usitatissimum* L.) российской селекции с использованием SSR-маркеров. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2019;180(4): 81–87. Режим доступа: doi: 10.30901/2227-8834-2019-4-81-87 [Дата обращения 1 апреля 2021]. [Bazanov TA, Uschupovskiy IV, Lemesh VA, Bogdanova MV, Lagunovskaya EV. Genetic polymorphism of modern common flax (*Linum usitatissimum* L.) cultivars developed at russian breeding centers using SSR markers. *Proceeding of applied botany, genetics and breeding*. 2019;180(4): 81–87. Available from: doi: 10.30901/2227-8834-2019-4-81-87 [Accessed 01th April 2021]. (In Russ.)]
- Manca A, Pecchia P, Mapelli S, Masella P, Galasso I. Evaluation of genetic diversity in a *Camelina sativa* (L.) Crantz

collection using microsatellite markers and biochemical traits. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2013;60(4): 1223-1236. Available from: <https://doi.org/10.1007/s10722-012-9913-8> [Accessed 01th April 2021]

15. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*. 1973;70(12): 3321-3323. Available from: <https://doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321> [Accessed 01th April 2021]

16. Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new

method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 1987;4(4): 406-425. Available from: DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454 [Accessed 01th April 2021]

17. Rozalia GM. Q-Factor Analysis (Q-Methodology) as data analysis technique. *Annals of the University of Oradea, Economic Science Series*. – 2008;17(4): 871-876. Available from: <https://docplayer.net/21886039-Q-factor-analysis-q-methodology-as-data-analysis-technique.html> [Accessed 01th April 2021].

ОБ АВТОРАХ:

Базанов Тарас Александрович, ведущий научный сотрудник
Ущাপовский Игорь Валентинович, ведущий научный сотрудник

Логина Наталья Николаевна, научный сотрудник
Смирнова Екатерина Витальевна, младший научный сотрудник

Михайлова Полина Дмитриевна, младший научный сотрудник

ABOUT THE AUTHORS:

Bazanov Taras Alexandrovich, Leading Researcher
Uschapovsky Igor Valentinovich, Leading Researcher
Loginova Natalia Nikolaevna, Researcher
Smirnova Ekaterina Vitalevna, Junior Researcher
Mikhailova Polina Dmitrievna, Junior Researcher

НОВОСТИ • НОВОСТИ • НОВОСТИ • НОВОСТИ • НОВОСТИ •

В мире растет производство биодизеля

Согласно прогнозам экспертов Oil World, мировое производство биодизеля в этом году может достичь рекордных 47,9 млн тонн. Как сообщает Зерно Он-Лайн, это на 0,6 млн тонн ниже предыдущего прогноза экспертов.

Понижительную корректировку выработки биотоплива в этом году аналитики сделали по причине роста цен на сырье и снижения спроса на продукт. Так, эксперты понизили прогноз для США – до 8,6 млн тонн (7,85 млн тонн в 2020 г.), Бразилии – до 5,9 (5,62) млн тонн, Индонезии – до 7,6 (7,35) млн тонн и Малайзии – до 0,93 (1,11) млн тонн. При этом за последний год цены на нефть и ключевые растительные масла выросли более чем на 60%.

Напомним, что рыжик является перспективной культурой для производства биодизеля. Ранее правительство Германии заявило о планах прекратить потребление пальмового масла в качестве сырья для производства биотоплива с 2023 г.



Продажи органических продуктов растут ускоренными темпами

Продажи органических продуктов питания за 12 месяцев – с мая 2020 г. по апрель 2021 г. выросли на 13% в денежном выражении, по сравнению с аналогичным периодом прошлого года. Такие данные приводят «Ведомости» со ссылкой на исследовательскую компанию NielsenIQ.

Темпы роста вдвое обогнали обычные продукты питания, которые за тот же период прибавили только 6%. Цифры в натуральном выражении компания не указывает. По данным Национального органического союза, продажи органических продуктов по итогам 2020 г. составили 192–194 млн евро, это на 15–18% больше, чем годом ранее. Темпы роста при этом увеличились: например, в 2019 г. этот показатель составлял только 10–12%.