

УДК 633.854.54:633.52:575

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-358-4-57-61>  
исследования/research**Челюстникова Т.А.<sup>1</sup>,  
Аверина А.А.<sup>1</sup>,  
Гучетль С.З.<sup>1</sup>,  
Золотавина М.Л.<sup>2</sup>,  
Рамазанова С.А.<sup>1</sup>,  
Волошко А.А.<sup>1</sup>,  
Логинова Е.Д.<sup>1</sup>**<sup>1</sup> Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта», 350038, Россия, Краснодар, ул. им. Филатова, д. 17  
E-mail: saida.guchetl@mail.ru<sup>2</sup> Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кубанский государственный университет», 350040, Россия, Краснодар, ул. Ставропольская, д. 149**Ключевые слова:** лен, ДНК, полимеразная цепная реакция, микросателлиты, генотипирование, оптимизация**Для цитирования:** Челюстникова Т.А., Аверина А.А., Гучетль С.З., Золотавина М.Л., Рамазанова С.А., Волошко А.А., Логинова Е.Д. Оптимизация маркерной системы для генотипирования сортов льна масличного коллекции ВНИИМК. *Аграрная наука*. 2022; 358 (4): 57–61.<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-358-43-52-60>**Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи, несут равную ответственность за плагиат и представленные данные.****Авторы объявили, что нет никаких конфликтов интересов.****Tatyana A. Chelyustnikova<sup>1</sup>,  
Anastasiya A. Averina<sup>1</sup>,  
Saida Z. Guchetl<sup>1</sup>,  
Mariya L. Zolotavina<sup>2</sup>,  
Svetlana A. Ramazanova<sup>1</sup>,  
Anastasiya A. Voloshko<sup>1</sup>,  
Elizaveta D. Loginova<sup>1</sup>**<sup>1</sup> All-Russian Research Institute of Oil Crops named after V.S. Pustovoyt, 17 Filatova street, 350038, Krasnodar, Russia

E-mail: saida.guchetl@mail.ru

<sup>2</sup> Kuban State University, 149 Stavropolskaya st., 350040, Krasnodar, Russia**Key words:** flax, DNA, polymerase chain reaction, microsatellite, genotyping, optimization**For citation:** Chelyustnikova T.A., Averina A.A., Guchetl S.Z., Zolotavina M.L., Ramazanova S.A., Voloshko A.A., Loginova E.D. Optimization of marker system for genotyping oil flax varieties from the collection of VNIIMK. *Agrarian Science*. 2022; 358 (4): 57–61. (In Russ.)<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-358-4-57-61>**The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism and presented data.****The authors declare no conflict of interest.**

# Оптимизация маркерной системы для генотипирования сортов льна масличного коллекции ВНИИМК

## РЕЗЮМЕ

**Актуальность.** В настоящее время в России возрастают посевные площади масличного льна (*Linum usitatissimum* L.), в связи с чем важными задачами являются расширение сортимента, быстрое внедрение в производство новых, высокоадаптивных сортов. Методы идентификации, основанные на использовании генетических паспортов, полезны как на стадии изучения исходного материала, так и при защите авторских прав селекционеров. Оптимальная система для идентификации должна равномерно охватывать весь геном. В связи с этим целью настоящей работы является оптимизация существующей маркерной системы для генотипирования сортов масличного льна коллекции ВНИИМК с помощью увеличения числа используемых полиморфных микросателлитных локусов. Материалы и методы. В качестве объекта исследования использовали 17 образцов масличного льна из коллекции ВНИИМК, созданных как селекционерами ВНИИМК, так и других селекционных центров. В качестве инструмента для исследования — 8 пар праймеров, фланкирующих микросателлитные локусы. Определение локализации исследуемых праймеров в референсном геноме *L. usitatissimum* выполняли с помощью веб-версии программы Primer-BLAST. ДНК экстрагировали из проростков со СТАВ-буфером. Дискриминационную силу системы маркеров определяли, используя такие параметры, как индекс информационного полиморфного содержания (PIC), частота, наблюдаемое и эффективное число аллелей. Кластерный анализ и графическое построение дендрограмм проведены с помощью пакета программ Statistica 6.0.

**Результаты.** Определили локализацию исследуемых праймеров на семи хромосомах. Три пары праймеров локализованы одновременно на двух хромосомах. В результате тестирования праймеров выявлено 6 полиморфных локусов. Число наблюдаемых аллелей на локус варьировало от 2 до 3 (в среднем 2,1 аллеля на локус). Эффективное число аллелей составило от 1,13 до 1,99 (среднее значение — 1,62), значение индекса полиморфного информационного содержания PIC варьировало от 0,111 до 0,498 (среднее значение — 0,358). Расширение набора полиморфных SSR-локусов позволило дифференцировать все использованные генотипы.

## Optimization of marker system for genotyping oil flax varieties from the collection of VNIIMK

## ABSTRACT

**Relevance.** Currently, in Russia, oil flax (*Linum usitatissimum* L.) crop acreage is increasing, therefore, expansion of the range of varieties and rapid introduction of new, highly adaptive varieties into production are important tasks. Identification methods based on the use of genetic passports are useful both at the stage of studying parent material and when protecting breeders' copyrights. An optimal system for identification should cover evenly the entire genome. Therefore, the purpose of this work is the optimization of the existing marker system for genotyping oil flax varieties from the collection of All-Russian Research Institute of Oil Crops named after V.S. Pustovoyt (VNIIMK) by increasing the number of the used polymorphic microsatellite loci. Materials and methods. 17 samples of oil flax from the VNIIMK collection were used as object of the research. Eight pairs of primers flanking the microsatellite loci were used as tools for the research. Localization of the studied primers in the reference genome of *L. usitatissimum* was determined using the web version of Primer-BLAST. DNA was extracted from two-week-old seedlings with CTAB buffer. The discriminative power of the marker system was determined using parameters such as polymorphic information content (PIC), frequency, the observed and effective number of alleles. Cluster analysis and graphical composition of dendrograms were carried out using Statistica 6.0 software package.

**Results.** We determined the localization of the studied primers on seven chromosomes. Three pairs of primers were localized simultaneously on two chromosomes. Testing of the primers revealed 6 polymorphic loci. The number of observed alleles per locus ranged from 2 to 3 (average of 2.1 alleles per locus). The effective number of alleles ranged from 1.13 to 1.99 (average value — 1.62), and the value of polymorphic information content (PIC) ranged from 0.111 to 0.498 (average value — 0.358). The extension of the set of polymorphic SSR loci allowed the differentiation of all used 17 genotypes.

Поступила: 3 декабря 2021

Принята к публикации: 4 апреля 2022

Received: 3 December 2021

Accepted: 4 April 2022

## Введение

Лен (*Linum usitatissimum* L.) — это древняя масличная культура, которая возделывается на протяжении более десяти тысяч лет. Широко применяется для различных целей, таких как производство пищевого масла, текстильных волокон, кормов для животных и других продуктов. Льняное масло содержит две незаменимые жирные кислоты — альфа-линоленовую и линолевую. Альфа-линоленовая кислота является предшественником синтеза полиненасыщенных жирных кислот, эйкозапентаеновой кислоты и докозагексаеновой кислоты, которые необходимы для функционального развития сетчатки глаза и затылочной части коры головного мозга, стабилизации циклов сна и бодрствования, нормализации сердечного ритма [1, 2].

В настоящее время в России наблюдается активное возрождение данной культуры. Возрастают посевные площади масличного льна, в связи с чем важными задачами являются расширение сортимента, быстрое внедрение в производство новых, высокоадаптивных сортов с показателями хозяйственно-ценных признаков мирового уровня [3, 4]. Знания структурной и функциональной организации генома культуры могут способствовать повышению эффективности селекционных процессов. В работах, направленных на изучение генетического разнообразия селекционных коллекций, микросателлитные маркеры продемонстрировали свою эффективность в качестве молекулярно-генетического инструмента [5].

Методы идентификации, основанные на использовании генетических паспортов, полезны как на стадии создания коллекций генетических ресурсов, так и при защите прав селекционеров на авторский селекционный материал. Оптимальная система для идентификации должна равномерно охватывать весь геном [6]. База данных микросателлитных локусов для льна достаточно обширна, что дает возможность вести работу по вовлечению новых микросателлитных локусов в маркерные системы для идентификации и паспортизации селекционного материала [7, 8, 9]. Ранее нами проводилась разработка микросателлитной маркерной системы для идентификации и паспортизации сортов масличного льна коллекции ВНИИМК, которая предположительно охватывает шесть из пятнадцати хромосом генома [10, 17]. Целью настоящей работы является оптимизация маркерной системы для генотипирования сортов масличного льна коллекции ВНИИМК с помощью увеличения числа используемых полиморфных микросателлитных локусов.

## Материал и методы

В качестве объекта исследования использовали 17 образцов масличного льна, созданных селекционерами ВНИИМК и других селекционных центров.

В качестве инструмента для исследования использовали 8 пар праймеров, фланкирующих микросателлитные локусы, отобранные из работы Deng et al. [11] как полиморфные при анализе восьми генотипов с различным географическим происхождением. Определение локализации и длины продуктов исследуемых праймеров в референсном геноме *L. usitatissimum* var. *usitatissimum*, секвенированном Wang et al. [12], проводились с помощью веб-версии программы Primer-BLAST.

ДНК выделяли из двухнедельных проростков со СТАВ-буфером [13]. Выделенную ДНК из трех проростков одного сортообразца объединяли для получения

средней пробы, которую использовали как образец исследования.

Амплификацию проводили в термоциклере S1000tm (BioRad, США) при условиях, оптимальных для нуклеотидных последовательностей праймеров.

Продукты амплификации разделяли электрофорезом в 8%-ном полиакриламидном геле в камере для вертикального электрофореза VE-20 (Хеликон, Россия). Окрашивание геля было проведено путем его погружения в водный раствор бромистого этидия. Размер фрагментов ДНК определяли с использованием программного обеспечения трансиллюминатора BioPrint (Vilber Lourmat, Франция) относительно маркера длины фрагментов ДНК GeneRuler 100 bp DNA Ladder Thermo Scientific (Сибэнзим, Россия).

Индекс информационного полиморфного содержания (PIC) и эффективное число аллелей ( $n_e$ ) вычисляли по формулам:

$$PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2;$$

$$n_e = 1 / \sum_{j=1}^n P_{ij}^2,$$

где —  $P$  частота  $j$  паттерна для локуса  $i$  и суммирование распространяется на  $n$  паттернов.

Обработка результатов и графическое построение дендрограмм проведено с помощью пакета программ Statistica 6.0.

## Результаты и обсуждение

Для оценки охвата генома использованными в работе праймерами был проведен анализ их хромосомной локализации в референсном геноме *L. usitatissimum* (4006). Результаты анализа представлены в таблице 1.

Использованный набор праймеров локализован на 7 из 15 хромосом генома масличного льна, а именно на хромосомах 1, 2, 3, 4, 5, 9 и 13. Предположительно три пары праймеров (Lu 27, Lu 31 и Lu 37) локализованы одновременно на двух хромосомах. Последовательности, фланкируемые праймером Lu 27, локализованы на 2-й и 13-й хромосомах, Lu 31 — на хромосомах 1 и 4, Lu 37 — на хромосомах 3 и 5. Довольно обширный охват генома

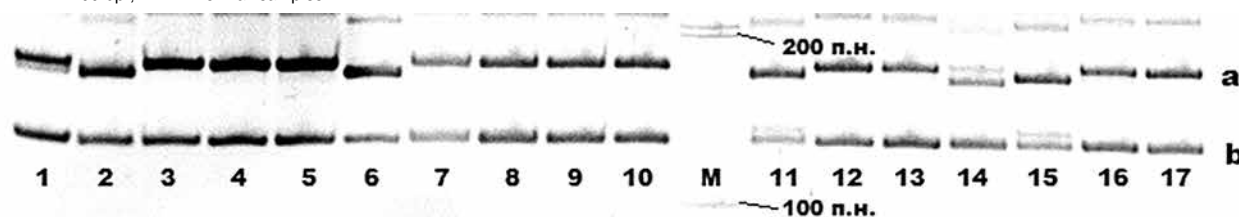
Таблица 1. Хромосомная локализация локусов в референсном геноме *L. usitatissimum* (4006)

Table 1. Chromosomal localization of loci in the reference genome of *L. usitatissimum* (4006)

Локус	Хромосома	Длина продукта, п.н.
Lu 2	4	124
Lu 6	4	116
Lu 15	1	111
Lu 18	9	142
Lu 27	2	176
	13	125
Lu 31	4	109
	1	97
Lu 32	9	128
Lu 37	3	125
	5	98

**Рис. 1.** Электрофореграмма результатов амплификации ДНК-образцов масличного льна с праймером Lu 27: а — locus Lu 27a, б — locus Lu 27b; М — маркер молекулярного веса 100 п.н.; 1–17 — образцы масличного льна

**Fig. 1.** Electrophoregram of DNA amplification results of oil flax samples with Lu 27 primer: а — locus Lu 27a, б — locus Lu 27b; М — molecular weight marker 100 bp.; 1–17 — oil flax samples



**Таблица 2.** Характеристика полиморфных микросателлитных локусов для паспортизации сортов льна коллекции ВНИИМК

**Table 2.** Characteristics of polymorphic microsatellite loci for certification of flax varieties of the VNIIMK collection

Локус	Число аллелей	Длина аллелей, п.н.	Частота аллелей	Эффективное число аллелей	РІС
Lu 2	2	170	0,529	1,99	0,498
		143	0,471		
Lu 6	2	156	0,382	1,89	0,472
		128	0,618		
Lu 18	2	170	0,794	1,49	0,327
		122	0,206		
Lu 27a	2	188	0,676	1,78	0,438
		180	0,324		
Lu 27b	2	140	0,059	1,13	0,111
		132	0,941		
Lu 31a	3	123	0,059	1,44	0,304
		119	0,118		
		116	0,824		
Среднее	2,1			1,62	0,358

**Таблица 3.** Аллельный состав микросателлитных локусов исследованных образцов льна масличного коллекции ВНИИМК

**Table 3.** Allelic composition of microsatellite loci of studied samples of oil flax from the VNIIMK collection

№	Генотип	Локус					
		Lu 2	Lu 6	Lu 18	Lu 27a	Lu 27b	Lu 31a
1	Даник	143	128	170	188 180	132	116
2	Ы-коричневый	170	156	170	188 180	132	116
3	Флиз	170	156	170 122	188	132	116
4	Август	143	128	122	188	132	119
5	Бирюза	170 143	128	170 122	188	132	116
6	Снегурок	143	128	170	180	132	123
7	Сапфир	170	156	170	188	132	119
8	Авангард	143	128	170 122	188	132	116
9	Нилин	170	128 156	170	188	132	116
10	ВНИИМК-620	170 143	128	170	188	132	116
11	Ы-117	170	156	170	180	140 132	116
12	ВНИИМК-620 ФН	143	128	170	188	132	116
13	РФН	143	128	170	188 180	132	116
14	ВНИИМК-630	170	128	170 122	188 180	132	116
15	ЛМ-98	170	156	170	180	140 132	116
16	К-4476	170	156	170 122	188 180	132	116
17	К-4195	143	128	170	188	132	116

позволяет считать данные праймеры потенциально пригодными для использования при идентификации и паспортизации сортообразцов льна (таблица 1).

Для оценки информативности исследуемых локусов проведено их тестирование на 17 образцах льна масличного коллекции ВНИИМК.

При амплификации исследуемых образцов с праймером Lu 27 наблюдался отжиг двух полиморфных локусов, имеющих размеры, близкие к предполагаемому размеру на хромосомах 2 и 13 в референсном геноме *L. usitatissimum*, что позволяет выделить два отдельных локуса Lu 27a и Lu 27b (рисунок 1).

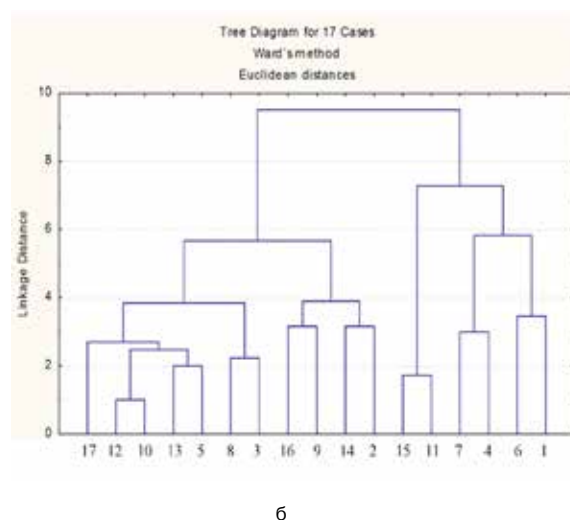
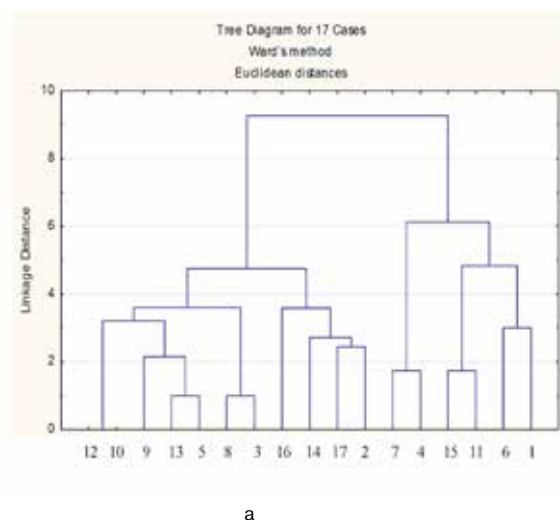
Оба локуса полиморфны. Локус Lu 27a имеет длины аллелей 180 п.н. и 188 п.н., Lu 27b — 132 п.н. и 140 п.н., что соотносится с предполагаемыми длинами локусов на хромосомах 2 и 13 соответственно (таблица 1). Незначительная разница допустима в связи с индивидуальными особенностями измерения длин продуктов, а также различиями опытных образцов и референсного генома. Так же по два локуса выявлено при амплификации с праймерами Lu 31 (Lu 31a и Lu 31b) и Lu 37 (Lu 37a и Lu 37b). Локусы Lu31b, Lu 37a и Lu 37b — мономорфны.

Суммарно с использованием 8 пар паймеров выявлено 11 локусов с 18 аллелями. Число аллелей на локус варьировало от 1 до 3. Максимальное число аллелей выявлено у локуса Lu 31a — три аллели. У локусов Lu 2, Lu 6, Lu 18, Lu 27a, Lu 27b выявили по две аллели. Размер выявленных аллелей варьировал от 99 до 188 пар нуклеотидов (таблица 2). Локусы Lu 15, Lu 31b, Lu 32, Lu 37a и 37b оценены как мономорфные.

Значение индекса полиморфного информационного содержания (PIC), который характеризует дискриминационную силу локуса по числу аллелей и относительным частотам их встречаемости, варьировало от 0,111 до 0,498 со средним

**Рис. 2.** Дендрограммы распределения в кластеры сортообразцов льна масличного на основании аллельного состава 10 SSR-локусов (а) и 16 SSR-локусов (б): 1 — Даник, 2 — Ы-коричневый, 3 — Флиз, 4 — Август, 5 — Бирюза, 6 — Снегурок, 7 — Сапфир, 8 — Авангард, 9 — Нилин, 10 — ВНИИМК-620, 11 — Ы-117, 12 — ВНИИМК-620 ФН, 13 — РФН, 14 — ВНИИМК-630, 15 — ЛМ-98, 16 — К 4476, 17 — К 4195

**Fig. 2.** Dendrograms of distribution into clusters of oil flax varieties based on allelic composition of 10 SSR loci (a) and 16 SSR loci (b): 1 — Danik, 2 — Y-korichnevyy, 3 — Fliz, 4 — Avgust, 5 — Biryuza, 6 — Snegurok, 7 — Sapfir, 8 — Avangard, 9 — Nilin, 10 — VNIIMK-620, 11 — Y-117, 12 — VNIIMK-620 FN, 13 — RFN, 14 — VNIIMK-630, 15 — LM-98, 16 — K 4476, 17 — K 4195



значением параметра 0,358. Эффективное число аллелей для локусов определено в диапазоне 1,13–1,99 со средним значением 1,62. Максимальная частота была отмечена у аллеля Lu 31a116 — 0,824, минимальная — у Lu 31a119 — 0,118. Средние показатели информативности использованного набора SSR-локусов ниже, чем таковые у микросателлитных маркерных систем, которые использовались для идентификации наборов генотипов из коллекций с ограничением в географическом происхождении [7, 16]. Но локусы с обнаруженным полиморфизмом могут использоваться для идентификации и паспортизации сортов масличного льна в дополнение к разработанной ранее маркерной системе SSR-локусов [17]. Аллельный состав генотипов по выявленным полиморфным локусам представлен в таблице 3.

При анализе аллельного состава полиморфных локусов выявлены образцы, аллельный состав которых по 6 локусам гомогенный (по одной аллели на локус): Август, Снегурок, Сапфир, ВНИИМК-620 ФН и К-4195. Большая часть образцов гетерогенна по одному или нескольким локусам.

Для тестирования дифференцирующего потенциала набора SSR-локусов нами использована та же коллекция генотипов масличного льна, что и в предыдущих исследованиях [17]. На основании данных предыдущего исследования и суммарных данных о разнообразии аллельного состояния 10 и 16 микросателлитных локусов соответственно, а также частоте встречаемости их аллелей, оценена степень генетической дистанцированности изученных генотипов льна. Для этой цели проведена кластеризация с использованием дисперсионного анализа оценки расстояний между кластерами (метод Ward). Графической иллюстрацией генотипических различий между исследованными сортообразцами являются дендрограммы, представленные на рисунке 2.

На дендрограммах А и Б на уровне объединения около 9,5 можно выделить по два кластера. В первый кластер объединены: Ы-коричневый, К-4195, ВНИИМК 630, К-4476, ФЛИЗ, Авангард, Бирюза, РФН, Нилин, ВНИИМК-620 и ВНИИМК-620 ФН. Вторым кластером группировал образцы Даник, Снегурок, Ы-117, ЛМ 98, Август

и Сапфир. Дендрограммы характеризует генетические расстояния между сортообразцами льна. Сопоставление результатов кластеризации по 10 SSR-локусам (рисунок 2, а) и 16 SSR-локусам (рисунок 2, б) показывает, что сортовой состав основных кластеров сохранен. Несколько изменилось соподчинение генотипов внутри кластеров. Расширение набора использованных полиморфных локусов позволило дифференцировать весь набор использованных генотипов из 17 сортообразцов. В частности, идентичные по аллельному составу 10 SSR-локусов [17] образцы ВНИИМК 620 и ВНИИМК 620 ФН дифференцированы с использованием набора из 16 полиморфных SSR-локусов.

### Выводы

Определена локализация восьми пар праймеров, фланкирующих микросателлитные локусы, на семи хромосомах в референсном геноме *L. usitatissimum*. Три пары праймеров (Lu 27, Lu 31 и Lu 37) локализованы одновременно на двух хромосомах. В результате тестирования праймеров с использованием 17 сортообразцов культуры коллекции ВНИИМК выявлено 6 полиморфных локусов. Число выявленных аллелей на локус варьировало от 2 до 3 (в среднем 2,1 аллеля на локус). Эффективное число аллелей не составило от 1,13 до 1,99 (среднее значение — 1,62), значение индекса полиморфного информационного содержания PIC варьировало от 0,111 до 0,498 (среднее значение — 0,358). При использовании суммарных данных о разнообразии аллельного состояния 16 микросателлитных локусов и частоте встречаемости их аллелей оценена степень генетической дистанцированности изученных генотипов льна. Максимальная дистанция между сортами составила 9,5. Расширение набора полиморфных SSR-локусов позволило дифференцировать все 17 использованных генотипов.

Авторы выражают благодарность заведующему лабораторией селекции льна ВНИИМК Рябенко Л.Г. за предоставленные семена образцов льна.

Работа выполнена в рамках Государственного задания (№ 0493–2019-0002).



## ЛИТЕРАТУРА/REFERENCES

- Xie D., Dai Z., Yang Z., Qing Tang., Sun J., Yang X., Song X., Lu Y., Zhao D., Zhang L., Su J. Genomic variations and association study of agronomic traits in flax. *BMC Genomics*. 2018;19(1): 512. <https://doi.org/10.1186/s12864-018-4899-z>
- Uauy R., Peirano P., Hoffman D., Mena P., Birch D., Birch E. Role of essential fatty acids in the function of the developing nervous system. *Lipids*. 1996; 31(1): 167-176. <https://doi.org/10.1007/BF02637071>
- Степанова Н.В., Чирик Д.П. Оценка сырьевого потенциала льна масличного. *Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии*. 2021;1: 126-129. [Stepanova N.V., Chirik D.P. Assessment of the raw material potential of oil flax. *Bulletin of the Belarusian State Agricultural Academy*. 2021;1: 126-129 (In Russ.)].
- Прахова Т.Я., Прахов В.А., Бражникова В.Н., Бражникова О.Ф. Масличные культуры – биоразнообразие, значение и продуктивность. *Нива Поволжья*. 2019; 3(52): 30-37. [Prakhova T.Y., Prakhov V.A., Brazhnikova V.N., Brazhnikova O.F. Oilseeds - biodiversity, value and productivity. *Niva of the Volga region*. 2019;3(52): 30-37 (In Russ.)]
- Liu C., Tang Q., Cheng C., Xu Y., Yang Z., Dai Z., Su J. Mining, characterization and application of transcriptome-based SSR markers in Chinese jiaotou. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*. 2018;16(4): 306-314. <https://doi.org/10.1017/S1479262117000338>
- Леонова И.Н. Молекулярные маркеры: использование в селекции зерновых культур для идентификации, интрогрессии и пирамидирования генов. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2013;17(2): 314-323. [Leonova I.N. Molecular markers: use in cereal breeding for identification, introgression and gene pyramiding. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2013;17(2): 314-323. (In Russ.)]
- Базанов Т.А., Ушаповский И.В., Лемеш В.А., Богданова М.В., Лагуновская Е.В. Генетический полиморфизм современных сортов льна-долгунца (*Linum usitatissimum* L.) российской селекции с использованием SSR-маркеров. Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2019;180(4): 81-87. [Bazanov T.A., Ushchapovskii I.V., Lemesh V.A., Bahdanava M.V., Lahunovskaya A.V. Genetic polymorphism of modern common flax (*Linum usitatissimum* L.) cultivars developed at Russian breeding centers using SSR markers. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2019;180(4): 81-87. (In Russ.)] <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2019-4-81-87>
- Bickel C., Gadani S., Lukacs M., Cullis, C. SSR markers developed for genetic mapping in flax (*Linum usitatissimum* L.). *Research and Reports in Biology*. 2011;2: 23-29. <https://doi.org/10.2147/RRB.S16091>
- Wang Z., Hobson N., Galindo L., Zhu S. *et al.* The genome of flax (*Linum usitatissimum*) assembled de novo from short shotgun sequence reads. *The Plant Journal*. 2012;72(3): 461-473. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113X.2012.05093.x>
- Аверина А.А., Челюстикова Т.А., Гучетль С.З. Поиск и отбор перспективных микросателлитных локусов для молекулярно-ге-

- нетической паспортизации масличного льна коллекции ВНИИМК. *Актуальные вопросы биологии, селекции, технологии возделывания и переработки сельскохозяйственных культур: материалы 11-й Всероссийской конференции молодых ученых и специалистов*. 2021;(11): 7-11. [Averina AA, Chelyustnikova TA, Guchetl SZ. Search and selection of promising microsatellite loci for molecular genetic certification of oil flax from the VNIIMK collection. *In: Actual questions of biology, selection, technology of cultivation and processing of agricultural crops: materials of the 11th All-Russian conference of young scientists and specialists*. 2021;(11): 7-11. (In Russ.)] DOI: 10.25230/conf11-2021-7-11
- Deng X., Long S., He D., Li X., Wang Y., Hao D., Qiu C., Chen X. Isolation and characterization of polymorphic microsatellite markers from flax (*Linum usitatissimum* L.). *African Journal of Biotechnology*. 2011;10(5): 734-739. URL: [https://www.researchgate.net/publication/224826039\\_Isolation\\_and\\_characterization\\_of\\_polymorphic\\_microsatellite\\_markers\\_from\\_flax\\_Linum\\_usitatissimum\\_L](https://www.researchgate.net/publication/224826039_Isolation_and_characterization_of_polymorphic_microsatellite_markers_from_flax_Linum_usitatissimum_L)
  - Wang Z., Hobson N., Galindo L., Zhu S. *et al.* The genome of flax (*Linum usitatissimum*) assembled de novo from short shotgun sequence reads. *The Plant Journal*. 2012;72(3): 461-473. doi:10.1111/j.1365-3113X.2012.05093.x.
  - Saghai-Marouf M.A., Soliman K.M., Jorgensen R.A., Allard R.W. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *PNAS USA*. 1984;81: 8014-8018. doi: 10.1073/pnas.81.24.8014.
  - Сиволоп Ю.М. Использование ПЦР-анализа в генетико-селекционных исследованиях. Научно-методическое руководство. Киев: *Аграрна наука*. 1998. 156 с. [Sivolop YM. The use of PCR analysis in genetic selection studies. Scientific and methodological guidance. Kiev: *Agrarian Science*, 1998. 156 p. (In Russ.)]
  - Айала Ф., Кайгер Д. Современная генетика. М: *Мир*. 1988. Т. 3. 332 с. [Ayala F, Keiger J. Modern genetics. M: *Mir*. 1988. V. 3. 332 p. (In Russ.)]
  - Егоров С.В., Порхунцова О.А. Оценка генотипов льна масличного по критериям внутренней структуры на основе молекулярных маркеров семян. *Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии*. 2019;(1): 70-74. [Egorov SV, Porkhuntsova OA. Evaluation of oil flax genotypes according to the criteria of internal structure based on molecular markers of seeds. *Bulletin of the Belarusian State Agricultural Academy*. 2019;(1): 70-74. (In Russ.)]
  - Гучетль С.З., Челюстикова Т.А. Генотипирование сортов льна масличного с использованием системы микросателлитных ДНК маркеров. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2020;21(5): 531-539. [Guchetl SZ, Chelyustnikova TA. Genotyping oil flax varieties using the microsatellite DNA marker system. *Agricultural science of the Euro-North-East*. 2020; 21(5): 531-539. (In Russ.)] <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.5.531-539>

## ОБ АВТОРАХ:

**Гучетль Саида Заурбиевна**, кандидат биологических наук, заведующая лабораторией молекулярно-генетических исследований отдела биологических исследований Федерального научного центра «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта» ORCID ID 0000-0002-2193-5230

**Челюстикова Татьяна Аркадьевна**, аналитик лаборатории молекулярно-генетических исследований отдела биологических исследований Федерального научного центра «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта»

**Золотавина Мария Леонидовна**, кандидат биологических наук, доцент кафедры генетики, микробиологии и биохимии Кубанского государственного университета ORCID: 0000-0002-2949-6578

**Рамзанова Светлана Алексеевна**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований отдела биологических исследований Федерального научного центра «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта»

**Аверина Анастасия Александровна**, лаборант-исследователь лаборатории молекулярно-генетических исследований отдела биологических исследований Федерального научного центра «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта»

**Волошко Анастасия Александровна**, лаборант-исследователь лаборатории молекулярно-генетических исследований отдела биологических исследований Федерального научного центра «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта»

**Логинава Елизавета Дмитриевна**, лаборант-исследователь лаборатории молекулярно-генетических исследований отдела биологических исследований, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научного центра «Всероссийский научно-исследовательский институт масличных культур имени В.С. Пустовойта»

## ABOUT THE AUTHORS:

**Guchetl Saida Zaurbievna**, Candidate of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Molecular Genetic Research of the Department of Biological Research of the Federal Scientific Center "All-Russian Research Institute of Oilseeds named after V.S. Pustovoyt" ORCID ID 0000-0002-2193-5230

**Chelyustnikova Tatiana Arkadyevna**, Analyst of the Laboratory of Molecular Genetic Research of the Biological Research Department of the Federal Scientific Center "All-Russian Research Institute of Oilseeds named after V.S. Pustovoyt"

**Zolotavina Maria Leonidovna**, Candidate of Biological Sciences, Associate Professor of the Department of Genetics, Microbiology and Biochemistry of the Kuban State University ORCID: 0000-0002-2949-6578

**Ramazanova Svetlana Alekseevna**, Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher of the Laboratory of Molecular Genetic Research, Department of Biological Research of the Federal Scientific Center "All-Russian Research Institute of Oilseeds named after V.S. Pustovoyt"

**Averina Anastasia Alexandrovna**, Laboratory Researcher of the Laboratory of Molecular Genetic Research of the Biological Research Department of the Federal Scientific Center "All-Russian Research Institute of Oilseeds named after V.S. Pustovoyt"

**Voloshko Anastasia Alexandrovna**, Laboratory Researcher of the Laboratory of Molecular Genetic Research of the Biological Research Department of the Federal Scientific Center "All-Russian Research Institute of Oilseeds named after V.S. Pustovoyt"

**Loginova Elisaveta Dmitrievna**, Laboratory Researcher of the Laboratory of Molecular Genetic Research of the Biological Research Department of the Federal Scientific Center "All-Russian Research Institute of Oilseeds named after V.S. Pustovoyt"