

УДК 633.521:631.527

Научная статья



Открытый доступ

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-401-12-155-163

Т.А. Базанов ✉

И.В. Ущачповский

Т.А. Рожмина

Н.Н. Логинова

Е.В. Минина

П.Д. Вересова

Федеральный научный центр
лубяных культур, Тверь Россия

✉ t.bazanov@fncl.ru

Поступила в редакцию: 27.08.2025

Одобрена после рецензирования: 11.11.2025

Принята к публикации: 26.11.2025

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

Research article



Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-401-12-155-163

Taras A. Bazanov ✉

Igor V. Ushchapovsky

Tatiana A. Rozhmina

Natalya N. Loginova

Ekaterina V. Minina

Polina D. Veresova

Federal Research Center for Bast Fiber
Crops, Tver, Russia

✉ t.bazanov@fncl.ru

Received by the editorial office: 27.08.2025

Accepted in revised: 11.11.2025

Accepted for publication: 26.11.2025

© Bazanov T.A., Ushchapovsky I.V.,
Rozhmina T.A., Loginova N.N., Minina E.V.,
Veresova P.D.

Молекулярная оценка генетической однородности линий льна методом SSR-анализа

РЕЗЮМЕ

Проблема генетической однородности сортов сельскохозяйственных растительных культур является одной из ключевых в области сельскохозяйственной биологии, и ее значимость в аграрном секторе экономики постоянно возрастает. Однородность генотипических и фенотипических характеристик растений в пределах сорта позволяет сохранять его уникальные свойства из поколения в поколение. Однако из-за влияния множества факторов от естественного мутагенеза, дрейфа генов, переопыления и нарушений технологий семеноводства чистота сорта может значительно снижаться. Внедрение технологий молекулярно-генетического маркирования в селекционно-семеноводческую практику будет способствовать эффективной и быстрой оценке генетической однородности сортов.

Цель данной работы — оценка генетической однородности линий льна с применением различных комплексов SSR-маркеров.

Объектами исследования стали 4 линии льна, каждая была представлена 16 образцами. Выделение геномной ДНК из листьев растений проводили с использованием модифицированного СТАВ-метода. В работе были использованы SSR-маркерные комплексы отечественной и зарубежной разработки. После проведения ПЦР с каждой линейкой SSR-маркеров был выполнен фрагментный анализ, на основании которого проведены оценка и сравнение генетической однородности исследованных линий льна. Анализ данных показал, что все исследованные линии в разной степени неоднородны по составу, при этом наиболее вариативной оказалась линия М-326, а наименее — П-268. Оба использованных маркерных комплекса показали высокую информативность и комплементарность получаемых данных. По результатам работы определены наиболее перспективные SSR-маркеры, дальнейшее использование которых обеспечит наилучшие результаты и точность в интерпретации данных.

Ключевые слова: лен, молекулярные маркеры, SSR-маркеры, ПЦР, генетическая однородность, селекция

Для цитирования: Базанов Т.А., Ущачповский И.В., Рожмина Т.А., Логинова Н.Н., Минина Е.В., Вересова П.Д. Молекулярная оценка генетической однородности линий льна методом SSR-анализа. *Аграрная наука*. 2025; 401 (12): 155–163.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-155-163>

Molecular assessment of genetic homogeneity of flax lines using SSR-analysis

ABSTRACT

The problem of genetic purity of agricultural crop varieties is one of the key issues in the field of agricultural biology and its importance in the agricultural sector of the economy is constantly increasing. The uniformity of the genotypic and phenotypic characteristics of plants within the variety makes it possible to preserve its unique properties from generation to generation. However, due to the influence of many factors from natural mutagenesis, gene drift, over-pollination and violations of seed production technologies, the purity of the variety can decrease significantly. The introduction of molecular genetic labeling technologies into seed breeding practice will contribute to an effective and rapid assessment of the genetic purity of varieties.

The purpose of this work is to evaluate the genetic uniformity of flax lines using various SSR marker complexes.

The objects of the study were 4 flax lines, each represented by 16 samples. Genomic DNA was isolated from plant leaves using a modified CTAB-method. SSR-marker complexes of domestic and foreign development were used in the work. After PCR was performed with each line of SSR-markers, a fragmentary analysis was performed, based on which the genetic uniformity of the studied flax lines was evaluated and compared. Data analysis showed that all the lines studied were heterogeneous in composition to varying degrees, with the M-326 line being the most variable and the P-268 line being the least variable. Both marker complexes used showed high information content and complementarity of the data obtained. Based on the results of the research, the most promising SSR-markers have been identified, the further use of which will ensure the best results and accuracy in data interpretation.

Key words: flax, molecular markers, SSR-markers, polymerase chain reaction (PCR), genetic purity, selection

For citation: Bazanov T.A., Ushchapovsky I.V., Rozhmina T.A., Loginova N.N., Minina E.V., Veresova P.D. Molecular assessment of genetic homogeneity of flax lines using SSR-analysis. *Agrarian science*. 2025; 401 (12): 155–163 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-401-12-155-163>

Введение/Introduction

Лен (*Linum usitatissimum*) на протяжении многих лет остается важной сельскохозяйственной культурой благодаря своим уникальным свойствам и многофункциональности.

Хотя лен считается самоопыляющимся растением, некоторые исследования показывают, что в определенных условиях возможно незначительное перекрестное опыление [1, 2]. Это может привести к снижению однородности, что, с одной стороны, способствует появлению новых фенотипических признаков и изменению характеристик, обогащая генетический фонд, а с другой — вызывать потерю сортовых качеств [3–5].

Таким образом, для обеспечения устойчивости и стабильности возделываемых культур важно поддерживать их генетическую однородность, которая позволяет селекционерам более эффективно разрабатывать новые сорта, соответствующие современным требованиям рынка и потребителей [6, 7].

Генетическая однородность сортов льна определяется на основе различных характеристик, включая морфологические и фенотипические признаки. Однако данные методы определения, хоть и являясь традиционными, имеют ряд ограничений — требуют значительных ресурсов, а результаты таких измерений во многом зависят от условий выращивания, что усложняет работу селекционеров. Помимо этого, морфологических параметров не всегда достаточно, так как сорта льна внешне очень похожи между собой [8, 9]. Поэтому для точного определения сортов необходимо дополнительно использовать молекулярно-генетические маркерные комплексы, которые дают более надежные и объективные результаты [10]. Они позволяют достаточно точно определять генетическую однородность, выявляя как генетическое разнообразие, так и сходства между сортами.

В современных исследованиях сельскохозяйственных культур, включая оценку их генетической однородности, широкое распространение получило применение молекулярных маркеров. Под генетической однородностью понимают степень однородности генома в сортовой линии или популяции, в то время как полиморфизм отражает наличие в нем различных аллелей [11].

Для анализа генетической однородности сортов часто применяют метод SSR-маркирования. Его популярность обусловлена рядом преимуществ. Во-первых, он обеспечивает точную идентификацию и кодоминантность, что позволяет различать аллели, унаследованные от каждого из родителей. Во-вторых, благодаря высокому уровню полиморфизма данных маркеров можно выявить множество различий в генетическом материале. Это особенно ценно при изучении разнообразия внутри конкретной популяции [12, 13].

Используя данные о полиморфизме, можно разрабатывать маркерные системы, которые

дают возможность оценивать генетическую однородность и проводить генотипирование образцов льна, что особенно важно для сортов, которые мало отличаются друг от друга по внешним характеристикам [14]. С помощью SSR-маркеров осуществляют идентификацию сортов, отслеживают их родословные. Это делает их незаменимыми в селекции при создании новых конкурентоспособных сортов различных сельскохозяйственных культур [15].

Различные SSR-маркеры характеризуются определенным уровнем полиморфизма и показывают взаимосвязь с разными фенотипическими признаками растений [16, 17], поэтому их выбор для исследования многих сельскохозяйственных растений, в том числе льна, требует особого подхода. Часто для подбора оптимальных маркерных комплексов проводят их предварительное тестирование для конкретной исследовательской цели. Их эффективность может увеличиваться или уменьшаться в зависимости от исследуемого сорта или популяции. В связи с этим правильный выбор молекулярных маркеров и адаптация методов их использования являются ключевыми задачами для получения надежных результатов исследования.

Цель данной работы — оценка генетической однородности линий льна с применением различных комплексов SSR-маркеров.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследования проводили в 2024–2025 гг. в лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции Федерального научного центра лубяных культур.

Объектами исследования стали 4 линии льна (М-326, П-268, 157/Д-5, Р-256-02) из коллекции обособленного подразделения «Институт льна» ФНЦ ЛК (г. Торжок). Данные линии были получены методом линейной селекции. Каждая линия была представлена 16 отдельными растениями, отобранными с учетом однородности морфологических характеристик.

Выделение геномной ДНК из листьев растений осуществляли модифицированным СТАВ-методом [18]. Для каждой линии были получены уникальные образцы ДНК 16 отдельных растений. Определение концентрации и чистоты полученных образцов ДНК осуществляли на спектрофотометре NanoPhotometer NP80 (Implen GmbH, Германия).

Каждый образец ДНК был проанализирован с помощью молекулярных маркеров методом ПЦР с целью определения ее генетической однородности. Для достижения этой цели были сформированы два комплекса молекулярных SSR-маркеров.

Первый SSR-комплекс включал в себя микросателлитные маркеры, ранее использованные авторами в предыдущих работах по изучению

генетического полиморфизма и паспортизации льна [19]. Их выбор основывался на анализе информации, содержащейся в различных базах данных нуклеотидных последовательностей, а также на изучении научных публикаций и литературных источников, связанных с молекулярно-маркерными исследованиями генетического разнообразия сортов льна и их паспортизации.

В результате по таким критериям, как высокий уровень полиморфизма, стабильность, был отобран ряд SSR-маркеров и проведен молекулярно-генетический анализ различных сортов льна. Анализ выявил корреляцию маркеров с оригинатором. В связи с этим для достижения целей данного исследования была сформирована линейка из 11 SSR-маркеров, обладающая высоким и средним уровнями полиморфизма и способная эффективно различать сорта, происходящие из разных селекционных центров.

Нуклеотидные последовательности данного SSR-комплекса представлены в таблице 1.

Вторая маркерная система состояла из линейки высокоинформативных микросателлитных маркеров, разработанной специалистами Института генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси [20]. Данный набор из 10 SSR-маркеров был разработан на основе обширного анализа данных полиморфизма различных микросателлитных локусов льна, что позволило выделить наиболее высокополиморфные маркеры, обладающие значительной информативностью для молекулярно-генетических исследований.

Нуклеотидные последовательности данного маркерного комплекса представлены в таблице 2.

Для проведения ПЦР была подготовлена реакционная смесь объемом 25 мкл, в состав которой входили 20 нг исследуемой ДНК, прямой и обратный праймер (оптимальные концентрации определяли экспериментально), 200 мкМ dNTP, 2,5 мкМ MgCl₂ и 1 единица Taq-полимеразы. Реакция проводилась на амплификаторе T100 MyCycler™ (Bio-Rad Laboratories, Inc., США) при следующих условиях: начальная денатурация проходила

Таблица 1. Нуклеотидные последовательности SSR-комплекса разработки ФНЦ ЛК

Table 1. Nucleotide sequences of the SSR-complex developed by the FRC BFC

№	SSR-маркер	Прямой праймер (5'-3')	Обратный праймер (5'-3')
1	Lin1	TTGGGATTGAGAAGAGGG	ATAAGCCAAATAGAGAGGAA
2	Lin2	AGGATTACAACAAGAGAC	ATATTGACAGGGGAGGAAATA
3	Lin3	TTTGCAACGTCAATACCG	ATATCGCCTCAATAAACAACA
4	Lin4	CCTCAGTAGCATCGGTG	ATATTGGCCTATAAAAAGACA
5	Lin5	GAAGAAGAAGGCGGTAC	ATACACAGCTGAAAGCAAGAT
6	Lin6	GGGAGAACAACAAGAGAG	ATACGACAGGAACAACACG
7	Lin7	GCCGCCAGAAGAAATG	ATACTGGCAGCTTAATCAACC
8	Lin8	TCTGGGTACAACCAGAAA	ATAGACTTAGAGACGATTGG
9	Lin9	CGTCTACAACCTGGAGACA	ATAGGCGACAAGGGAGG
10	Lin10	CAACGGAGACCAATCAG	ATACCCAGTCTACTCAGCTAG
11	Lin11	TAGTAATAAGAAGGAGCC	ATAGCATCCAACAAGGGTG

в течение 5 мин. при температуре 94 °С, затем следовали 35 циклов, включающих денатурацию при 94 °С (30 сек.), отжиг при температуре, подобранной для данной пары праймеров (45 сек.), и элонгацию при 72 °С (40 сек.). Завершающую терминальную элонгацию проводили при 72 °С в течение 5 мин.

Полученные продукты ПЦР были денатурированы формамидом и разделены методом капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе НАНОФОР 05 (ООО «НПФ Синтол», Россия) с использованием молекулярного маркера СД-450 (ООО «НПФ Синтол», Россия). Результаты анализа интерпретировались с учетом наличия или отсутствия аллелей определенной длины в конкретном локусе.

Статистический анализ SSR-локусов был проведен с использованием надстройки для электронной таблицы MS Excel (США) — GenAEx 6.41 [21].

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Для статистического анализа SSR-локусов были рассчитаны значения параметров «число аллелей на локус», «частота основного аллеля» и PIC. Расчетные показатели, характеризующие маркерные комплексы, приведены в таблице 3.

В целом для всех исследованных образцов льна были выявлены 72 аллели. Число аллелей на локус в изученной выборке сортов варьировало от 1 (локус *Lin1*) до 5 (локусы *Lin8* и *Flu28*). Среднее значение показателя коэффициента полиморфизма PIC у SSR-комплекса разработки ФНЦ ЛК оказалось ниже, чем у комплекса разработки ИГиЦ НАН Беларуси, — 0,357 и 0,473 соответственно.

Средний показатель числа аллелей на локус показывает такую же зависимость — 3,3 аллеля на локус против 3,7. Это говорит о более высокой разрешающей способности белорусских маркеров. Частота

Таблица 2. Нуклеотидные последовательности SSR-комплекса разработки ИГиЦ НАН Беларуси

Table 2. Nucleotide sequences of SSR-complex developed by the IGC NASB

№	SSR-маркер	Прямой праймер (5'-3')	Обратный праймер (5'-3')
1	Flu 7	CATCCAACAAGGGTGGTG	GGAACAAGGGTATGCCATGA
2	Lu 8	ACACTTGCTATTAGTACAAGAGAG	CAGCATCCAGAGGTTCTCAC
3	Lu 17	ATGATCGCATGAGCAAATTG	GTTTGTGAGGTGACGGTGAG
4	Lu 28	TCCCAGCGAGTTTGGTGAG	TGGAGGAACATAATTGTGGCAAG
5	Lu 3	CTTTTTGAGTCAACCAAGCC	CGTGGAGTCTGAATCCTAG
6	Lu 21	CCGAGTCCGAAAGAATCTGG	CAGCTCCCATTTGTTCCC
7	Lu 13	TGTGCCAATAGCCATGTGAG	GTATGGCTTCCTATGGGCTAAC
8	Lu 23	CATGACCATGTGATTAGCATCG	CATAGGAGGTGGGTTGCTGC
9	Flu 8	TCCCGTAATATTCTATGTTCTTCC	TGAGTTGGACCTTACAAGACTCA
10	Flu 25	TCTACAGAGTTCAATCCCGTAA	GTTGGACCTTACAAGACTCACTG

встречаемости различных аллелей в изученной выборке варьировала от 0,046 до 1. При этом подавляющее большинство основных аллелей встречалось с частотой более 0,5. Вместе с низкими показателями PIC и числа аллелей на локус это является следствием небольшой выборки исследуемых образцов, ограниченной четырьмя линиями.

Результаты фрагментного анализа представлены в таблицах 4–7, в которых значение 0 указывает на отсутствие полиморфизма, а значение 1 — на его наличие у данного образца.

Для линии 157/Д-5 (табл. 4) лишь два маркера (Lin6 и Lin8) из маркерного комплекса собственной разработки проявили полиморфизм. При этом Lin6 выявил генетическое разнообразие только у четырех образцов (3, 8, 10 и 12), в то время как Lin8 — у шести (3, 8, 10, 12, 5 и 7). Белорусская линейка маркеров показала более высокий уровень полиморфизма: три маркера из десяти не обнаружили разнообразия, тогда как остальные продемонстрировали полиморфизм в пределах от одного до пяти образцов (1, 3, 5, 6, 8–10 и 12).

Когда образец гетерогенен относительно основной части выборки, это выявляют оба маркерных комплекса. Например, для образца 3 пять маркеров из обеих линеек были полиморфны, для образца 8 — семь маркеров, для образцов 10 и 11 — по шесть маркеров. При этом были несколько образцов, для которых гетерогенность показала одна линейка (образцы 1, 6 и 9 — только вторая, а образец 7 — только первая). Среднее количество полиморфных маркеров на образец для этой линии составило 2.

Из линейки ФНЦ ЛК для линии Р-256-02 (табл. 5) полиморфизм продемонстрировали шесть маркеров (Lin4, Lin5, Lin7, Lin8, Lin9 и Lin11) для двух образцов (2 и 5).

В белорусской линейке генетическое разнообразие показали пять маркеров (Lu17, Lu28, Lu8, Flu7, Lu23), при этом количество образцов варьировалось от одного до шести (образцы 3–5, 7, 8, 11–14, 16). Только один образец (5) продемонстрировал гетерогенность с помощью обеих линеек праймеров, для остальных образцов полиморфизм был выявлен при помощи или только первого (образец 2), или второго (образцы 3, 4, 7, 8, 11–14, 16) маркерного комплекса. Для данной линии показатель «среднее количество полиморфных маркеров на образец» составляет 1,63.

В отечественной линейке для линии П-268 (табл. 6) полиморфизм был выявлен у пяти маркеров: Lin5, Lin6, Lin7 и Lin11 проявили активность у одного образца (7), в то время как Lin8 — у пяти.

Во второй группе генетическое разнообразие продемонстрировали пять маркеров (Lu3, Lu28, Flu7, Flu8, Flu25), при этом количество образцов варьировалось от одного до трех (образцы 5, 7, 10).

Гетерогенность была зафиксирована у двух образцов (5 и 7) с использованием обеих линеек, в то время как остальные образцы проявили

Таблица 3. Характеристика SSR-локусов использованных маркерных комплексов

Table 3. Characteristics of SSR-loci of the marker complexes used

SSR-локус	Число аллелей	Частота основного аллеля	PIC
<i>SSR-комплекс разработки ФНЦ ЛК</i>			
Lin1	1	1	0
Lin2	2	0,851	0,255
Lin3	3	0,735	0,427
Lin4	4	0,685	0,321
Lin5	4	0,664	0,335
Lin6	3	0,765	0,358
Lin7	4	0,624	0,434
Lin8	5	0,552	0,562
Lin9	4	0,723	0,369
Lin10	2	0,784	0,366
Lin11	3	0,642	0,464
Среднее значение на локус	3,3	0,722	0,357
<i>SSR-комплекс разработки ИГиЦ</i>			
Flu 7	3	0,634	0,418
Lu 8	4	0,533	0,434
Lu 17	4	0,724	0,363
Lu 28	5	0,456	0,587
Lu 3	3	0,575	0,504
Lu 21	3	0,511	0,632
Lu 13	3	0,622	0,418
Lu 23	4	0,486	0,555
Flu 8	4	0,712	0,335
Flu 25	4	0,642	0,481
Среднее значение на локус	3,7	0,589	0,473

полиморфизм либо только с отечественным маркерным комплексом (образцы 12–14 и 16), либо исключительно с белорусским (образец 10). У этой линии отмечен самый низкий показатель среднего количества полиморфных маркеров на образец — 0,94.

Для линии М-326 (табл. 7) полиморфизм продемонстрировали 7 маркеров комплекса ФНЦ ЛК из 11 (Lin4, Lin5, Lin6, Lin7, Lin8, Lin9 и Lin11) для пяти образцов (1, 2, 9, 11, 13).

В маркерной линейке разработки ИГиЦ активность показали восемь маркеров (Lu17, Lu3, Lu8, Flu7, Flu8, Flu25, Lu21, Lu23), при этом количество образцов варьировалось от одного до шести (образцы 1, 2, 8, 9, 11, 13).

Для образцов 1, 2 и 11 14 маркеров из обеих линеек были полиморфны, для образца 9 — 13, для образца 13 — только по одному. Для образца 8 гетерогенность показал только один маркер из второй маркерной линейки. Данная линия продемонстрировала самое высокое значение показателя среднего количества полиморфных маркеров на образец — 3,63.

В целом следует отметить достаточно высокую согласованность данных между двумя маркерными комплексами, составившую 65% совпадений результатов.

Таблица 4. Полиморфизм, наблюдаемый при использовании двух маркерных комплексов для линии льна 157/Д-5
Table 4. Polymorphism observed using two marker complexes for flax line 157/D-5

Образец	SSR-комплекс разработки ФНЦ ЛК											SSR-комплекс разработки ИГиЦ								Общее кол-во маркеров, показавших полиморфизм				
	Lin1	Lin2	Lin3	Lin4	Lin5	Lin6	Lin7	Lin8	Lin9	Lin10	Lin11	Кол-во маркеров, показавших полиморфизм	Lu17	Lu3	Lu28	Lu8	Flu7	Flu8	Lu13		Flu25	Lu21	Lu23	Кол-во маркеров, показавших полиморфизм
157/Д-5 (1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
157/Д-5 (2)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
157/Д-5 (3)	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	2	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	3	5
157/Д-5 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
157/Д-5 (5)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	3
157/Д-5 (6)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	2	2
157/Д-5 (7)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	1
157/Д-5 (8)	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	2	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	5	7
157/Д-5 (9)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
157/Д-5 (10)	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	2	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	4	6
157/Д-5 (11)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
157/Д-5 (12)	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	2	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	4	6
157/Д-5 (13)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
157/Д-5 (14)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
157/Д-5 (15)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
157/Д-5 (16)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
Кол-во образцов, показавших полиморфизм	-	-	-	-	-	4	-	6	-	-	-	-	1	5	5	-	-	1	4	1	4	-	-	-

Таблица 5. Полиморфизм, наблюдаемый при использовании двух маркерных комплексов для линии льна Р-256-02
Table 5. Polymorphism observed using two marker complexes for flax line R-256-02

Образец	SSR-комплекс разработки ФНЦ ЛК											SSR-комплекс разработки ИГиЦ								Общее кол-во маркеров, показавших полиморфизм				
	Lin1	Lin2	Lin3	Lin4	Lin5	Lin6	Lin7	Lin8	Lin9	Lin10	Lin11	Кол-во маркеров, показавших полиморфизм	Lu17	Lu3	Lu28	Lu8	Flu7	Flu8	Lu13		Flu25	Lu21	Lu23	Кол-во маркеров, показавших полиморфизм
P-256-02 (1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
P-256-02 (2)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	1
P-256-02 (3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	3	3
P-256-02 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	2	2
P-256-02 (5)	0	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1	6	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1	4	10
P-256-02 (6)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
P-256-02 (7)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	2	2
P-256-02 (8)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1
P-256-02 (9)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
P-256-02 (10)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
P-256-02 (11)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1
P-256-02 (12)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1
P-256-02 (13)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	2	2
P-256-02 (14)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1
P-256-02 (15)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
P-256-02 (16)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	2	2
Кол-во образцов, показавших полиморфизм	-	-	-	1	1	-	1	1	2	-	1	-	1	-	5	4	6	-	-	-	-	3	-	-

Таблица 6. Полиморфизм, наблюдаемый при использовании двух маркерных комплексов для линии льна П-268
Table 6. Polymorphism observed using two marker complexes for flax line P-268

Образец	SSR-комплекс разработки ФНЦ ЛК											SSR-комплекс разработки ИГиЦ											Общее кол-во маркеров, показавших полиморфизм	
	Lin1	Lin2	Lin3	Lin4	Lin5	Lin6	Lin7	Lin8	Lin9	Lin10	Lin11	Кол-во маркеров, показавших полиморфизм	Lu17	Lu3	Lu28	Lu8	Flu7	Flu8	Lu13	Flu25	Lu21	Lu23		Кол-во маркеров, показавших полиморфизм
П-268 (1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (2)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (5)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2	3
П-268 (6)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (7)	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	4	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	3	7
П-268 (8)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (9)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (10)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
П-268 (11)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (12)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	1
П-268 (13)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	1
П-268 (14)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	1
П-268 (15)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
П-268 (16)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	1
Кол-во образцов, показавших полиморфизм	-	-	-	-	1	1	1	5	-	-	1	-	-	1	1	-	1	1	-	2	-	-	-	-

Таблица 7. Полиморфизм, наблюдаемый при использовании двух маркерных комплексов для линии льна М-326
Table 7. Polymorphism observed using two marker complexes for flax line M-326

Образец	SSR-комплекс разработки ФНЦ ЛК											SSR-комплекс разработки ИГиЦ											Общее кол-во маркеров, показавших полиморфизм	
	Lin1	Lin2	Lin3	Lin4	Lin5	Lin6	Lin7	Lin8	Lin9	Lin10	Lin11	Кол-во маркеров, показавших полиморфизм	Lu17	Lu3	Lu28	Lu8	Flu7	Flu8	Lu13	Flu25	Lu21	Lu23		Кол-во маркеров, показавших полиморфизм
М-326 (1)	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	7	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	7	14
М-326 (2)	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	7	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	7	14
М-326 (3)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (4)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (5)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (6)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (7)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (8)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1
М-326 (9)	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	7	1	0	0	1	1	1	0	1	1	0	6	13
М-326 (10)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (11)	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	7	1	1	0	1	1	1	0	1	1	0	7	14
М-326 (12)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (13)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	2
М-326 (14)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (15)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
М-326 (16)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-
Кол-во образцов, показавших полиморфизм	-	-	-	4	4	4	4	5	4	-	4	-	4	1	-	4	6	4	-	4	4	2	-	-

Анализ полученных экспериментальных данных позволяет сделать вывод о том, что обе маркерные системы выявили значительную степень гетерогенности, что указывает на их высокую разрешающую способность. Для всех исследованных образцов можно отметить следующие закономерности:

- совпадение результатов обоих комплексов наблюдается преимущественно у образцов с высокой степенью гетерогенности;
- различия в показателях комплексов чаще выявлялись у образцов с низкой степенью полиморфизма;
- наиболее информативными оказались комбинации обеих систем для выявления генетической неоднородности.

Выводы/Conclusions

Была оценена генетическая однородность линий льна с применением двух комплексов SSR-маркеров собственной и зарубежной разработки. В результате проведенного анализа установлены достоверные различия между индивидуальными образцами исследованных линий льна. Наибольшая степень вариабельности была характерна для линии М-326, у шести образцов которой выявлена значительная гетерогенность в диапазоне от 7 до 14 полиморфных значений маркеров.

Наименьшее генетическое разнообразие продемонстрировала линия П-268, где лишь образец под номером 7 имел выраженное отличие, в то время как остальные образцы показали единичные или малые случаи полиморфизма.

Выявленная генетическая неоднородность исследованных образцов подтвердила высокую разрешающую способность примененных маркерных комплексов. Сравнительная характеристика коэффициента полиморфизма PIC показала, что SSR-комплекс разработки ФНЦ ЛК обладает меньшей разрешающей способностью, чем комплекс белорусской разработки, продемонстрировавший более высокую информативность. При этом оба использованных комплекса можно считать комплементарными, поскольку каждый из них способен выявлять уникальные аллели для индивидуальных образцов.

Данный подход станет одной из основ комплекса методов, применяемых для сохранения стабильности и чистоты сортов. Следующим этапом исследования должно стать применение выявленных информативных маркеров к более широкой выборке сортов льна, прошедших несколько последовательных циклов репродукции, для определения закономерностей и особенностей накопления генетических примесей в сортовом материале.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России по теме FGSS-2024-0002.

FUNDING

Scientific research was carried out within the framework of the state assignment of the Ministry of Education and Science of Russia on topic FGSS 2024-0002.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Базанов Т.А., Ушаповский И.В., Логинова Н.Н., Смирнова Е.В., Михайлова П.Д. Использование SSR-маркеров для определения генетической однородности сортов технических и масличных культур. *Технические культуры*. 2023; 3(4): 3–16. <https://doi.org/10.54016/SVITOK.2023.27.37.001>
2. Hoque A., Fiedler J.D., Rahman M. Genetic diversity analysis of a flax (*Linum usitatissimum* L.) global collection. *BMC Genomics*. 2020; 21: 557. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06922-2>
3. Markulin L. et al. On "The Most Useful" Oleaginous Seeds: *Linum usitatissimum* L., A Genomic View with Emphasis on Important Flax Seed Storage Compounds. Tombuloglu H., Unver T., Tombuloglu G., Hakeem K.R. (eds.). *Oil Crop Genomics*. Cham: Springer. 2021; 135–157. https://doi.org/10.1007/978-3-030-70420-9_8
4. Симагин А.Д., Ханбабаева О.Е., Голиванов Я.Ю., Захарова С.А. Биологические особенности цветения и опыления у льна обыкновенного (*Linum usitatissimum* L.). *Международный научно-исследовательский журнал*. 2023; (6). <https://doi.org/10.23670/IRJ.2023.132.54>
5. Gulla B., Jadhav V., Dudhare M.S. Assessment of genetic diversity and physicochemical analysis of linseed (*Linum usitatissimum* L.) genotypes. *The Pharma Innovation Journal*. 2021; 10(2): 328–331.
6. Янышина А.А. Сортная идентификация партий семян льна-долгунца в первичном семеноводстве научно-исследовательских учреждений Российской Федерации. *Аграрная наука*. 2022; (7–8): 157–161. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-361-7-8-157-161>

REFERENCES

1. Bazanov T.A., Ushchapovsky I.V., Loginova N.N., Smirnova E.V., Mikhaylova P.D. The use of SSR-markers to determine the genetic homogeneity of industrial and oil crop species. *Technical crops*. 2023; 3(4): 3–16 (in Russian). <https://doi.org/10.54016/SVITOK.2023.27.37.001>
2. Hoque A., Fiedler J.D., Rahman M. Genetic diversity analysis of a flax (*Linum usitatissimum* L.) global collection. *BMC Genomics*. 2020; 21: 557. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06922-2>
3. Markulin L. et al. On "The Most Useful" Oleaginous Seeds: *Linum usitatissimum* L., A Genomic View with Emphasis on Important Flax Seed Storage Compounds. Tombuloglu H., Unver T., Tombuloglu G., Hakeem K.R. (eds.). *Oil Crop Genomics*. Cham: Springer. 2021; 135–157. https://doi.org/10.1007/978-3-030-70420-9_8
4. Simagin A.D., Khanbabaeva O.E., Golivanov Ya.Yu., Zakharova S.A. Biological specifics of blooming and pollination in common flax (*Linum usitatissimum* L.). *International Research Journal*. 2023; (6) (in Russian). <https://doi.org/10.23670/IRJ.2023.132.54>
5. Gulla B., Jadhav V., Dudhare M.S. Assessment of genetic diversity and physicochemical analysis of linseed (*Linum usitatissimum* L.) genotypes. *The Pharma Innovation Journal*. 2021; 10(2): 328–331.
6. Yanyshina A.A. Varietal identification of flax seeds batches in primary seed breeding of the Russian Federation research institutions. *Agrarian science*. 2022; (7–8): 157–161 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2022-361-7-8-157-161>

7. Paliwal S. *et al.* Molecular Advances to Combat Different Biotic and Abiotic Stresses in Linseed (*Linum usitatissimum* L.): A Comprehensive Review. *Genes*. 2023; 14(7): 1461. <https://doi.org/10.3390/genes14071461>
8. 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. <https://doi.org/10.3390/genes13112097>
9. Koçak M.Z., Kumlay A.M., Alma M.H. Morphological and molecular characterization of flax (*Linum usitatissimum* L.) accessions obtained from different locations in Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2023; 70(8): 2235–2261. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01589-6>
10. Bharathi Y., Prabhavathi K. A review on genetic purity assessment of seeds using molecular markers. *Environment and Ecology*. 2022; 40(4B): 2359–2363.
11. 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(8): 4763–4777. <https://doi.org/10.1007/s10722-024-01933-4>
12. Zhernova D.A. *et al.* History and prospects of flax genetic markers. *Frontiers in Plant Science*. 2024; 15: 1495069. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1495069>
13. Azeem A., Hafeez A., Ul-Allah S. Molecular Breeding for Crop Plants: Improvement and Practices. Husen A. (ed.). *Agricultural Crop Improvement*. Boca Raton: CRC Press. 2025; 64–74. <https://doi.org/10.1201/9781032630366-5>
14. Sinha S., Singh R.S., Kumar A., Kesari R., Kumari A., Singh P.K. Molecular Markers and Their Applications in Marker-Assisted Selection in Industrial Crops. Kumar N. (ed.). *Industrial Crops Improvement. Biotechnological Approaches for Sustainable Agricultural Development*. Cham: Springer. 2025; 79–96. https://doi.org/10.1007/978-3-031-75937-6_5
15. Li P., Moumen I., Cloutier S., You F.M. Flax Genomic Resources and Databases. You F.M., Fofana B. (eds.). *The Flax Genome*. Cham: Springer. 2023; 273–294. https://doi.org/10.1007/978-3-031-16061-5_13
16. Nair R.J., Pandey M.K. Role of Molecular Markers in Crop Breeding: A Review. *Agricultural Reviews*. 2024; 45(1): 52–59. <https://doi.org/10.18805/ag.R-2322>
17. Doyle J.J., Doyle J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*. 1987; 19(1): 11–15.
18. Qi Y. *et al.* Genetic analysis and identification of major locus and candidate genes linked to thousand-seed weight in flax (*Linum usitatissimum*). *Industrial Crops and Products*. 2025; 230: 121006. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2025.121006>
19. 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. <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-1-163-176>
20. 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*. 2021; (6): 48–52.
21. Peakall R., Smouse P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 2006; 6(1): 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>
7. Paliwal S. *et al.* Molecular Advances to Combat Different Biotic and Abiotic Stresses in Linseed (*Linum usitatissimum* L.): A Comprehensive Review. *Genes*. 2023; 14(7): 1461. <https://doi.org/10.3390/genes14071461>
8. 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. <https://doi.org/10.3390/genes13112097>
9. Koçak M.Z., Kumlay A.M., Alma M.H. Morphological and molecular characterization of flax (*Linum usitatissimum* L.) accessions obtained from different locations in Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2023; 70(8): 2235–2261. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01589-6>
10. Bharathi Y., Prabhavathi K. A review on genetic purity assessment of seeds using molecular markers. *Environment and Ecology*. 2022; 40(4B): 2359–2363.
11. 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(8): 4763–4777. <https://doi.org/10.1007/s10722-024-01933-4>
12. Zhernova D.A. *et al.* History and prospects of flax genetic markers. *Frontiers in Plant Science*. 2024; 15: 1495069. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1495069>
13. Azeem A., Hafeez A., Ul-Allah S. Molecular Breeding for Crop Plants: Improvement and Practices. Husen A. (ed.). *Agricultural Crop Improvement*. Boca Raton: CRC Press. 2025; 64–74. <https://doi.org/10.1201/9781032630366-5>
14. Sinha S., Singh R.S., Kumar A., Kesari R., Kumari A., Singh P.K. Molecular Markers and Their Applications in Marker-Assisted Selection in Industrial Crops. Kumar N. (ed.). *Industrial Crops Improvement. Biotechnological Approaches for Sustainable Agricultural Development*. Cham: Springer. 2025; 79–96. https://doi.org/10.1007/978-3-031-75937-6_5
15. Li P., Moumen I., Cloutier S., You F.M. Flax Genomic Resources and Databases. You F.M., Fofana B. (eds.). *The Flax Genome*. Cham: Springer. 2023; 273–294. https://doi.org/10.1007/978-3-031-16061-5_13
16. Nair R.J., Pandey M.K. Role of Molecular Markers in Crop Breeding: A Review. *Agricultural Reviews*. 2024; 45(1): 52–59. <https://doi.org/10.18805/ag.R-2322>
17. Doyle J.J., Doyle J.L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*. 1987; 19(1): 11–15.
18. Qi Y. *et al.* Genetic analysis and identification of major locus and candidate genes linked to thousand-seed weight in flax (*Linum usitatissimum*). *Industrial Crops and Products*. 2025; 230: 121006. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2025.121006>
19. Bazanov T.A., Ushchapovsky I.V., Loginova N.N., Smirnova E.V., Mikhailova P.D. Molecular genetic diversity of flax cultivars (*Linum usitatissimum* L.) represented in the State Register for Selection Achievements of the Russian Federation. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2023; 184(1): 163–176 (in Russian). <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2023-1-163-176>
20. Bogdan V.Z., Lemesh V.A., Bogdanova M.V., Bogdan T.M., Litarnaya M.A. Genetic passport system of Belarusian selection new fiber flax varieties with the use of molecular markers. *Crop Farming and Plant Growing*. 2021; (6): 48–52 (in Russian).
21. Peakall R., Smouse P.E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 2006; 6(1): 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>

ОБ АВТОРАХ

Тарас Александрович Базанов

кандидат химических наук,
ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией
t.bazanov@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0001-9544-5528>

Игорь Валентинович Ушаповский

кандидат биологических наук,
ведущий научный сотрудник, заместитель директора
по науке
i.uschapovsky@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0602-1211>

Татьяна Александровна Рожмина

доктор биологических наук,
ведущий научный сотрудник, заведующая лабораторией
t.rozhmina.trk@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0002-8204-7341>

ABOUT THE AUTHORS

Taras Aleksandrovich Bazanov

Candidate of Chemical Sciences,
Leading Researcher, Head of the Laboratory
t.bazanov@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0001-9544-5528>

Igor Valentinovich Ushchapovsky

Candidate of Biological Sciences,
Leading Researcher, Deputy Director
of Science
i.uschapovsky@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0602-1211>

Tatiana Aleksandrovna Rozhmina

Doctor of Biological Sciences,
Leading Researcher, Head of the Laboratory
t.rozhmina.trk@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0002-8204-7341>

Наталья Николаевна Логинова

научный сотрудник
n.loginova@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4633-392X>

Екатерина Витальевна Минина

младший научный сотрудник, аспирант
ev.smirnova@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6559-9577>

Полина Дмитриевна Вересова

младший научный сотрудник
p.mikhaylova@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0001-7797-2578>

Федеральный научный центр лубяных культур,
Комсомольский пр-т, 17/56, Тверь, 170041, Россия

Natalya Nikolaevna Loginova

Research Associate
n.loginova@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4633-392X>

Ekaterina Vitalievna Minina

Junior Researcher, Graduate Student
ev.smirnova@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0001-6559-9577>

Polina Dmitrievna Veresova

Junior Researcher
p.mikhaylova@fncl.ru
<https://orcid.org/0000-0001-7797-2578>

Federal Research Center for Bast Fiber Crops,
17/56 Komsomolsky prospekt, Tver, 170041, Russia