УДК 633.521:631.527
Код ВАК 4.1.2
https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1861-1872

Китайские сорта льна как источник новых аллелей: SSR-паспортизация и генетическая характеристика

Т. А. Базанов[1]✉, И. В. Ущаповский[1], Н. Н. Логинова[1], Е. В. Минина[1], П. Д. Вересова[1], Гуанвэнь У[2]
[1] Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия
[2] Институт технических культур, Хэйлунцзянская академия сельскохозяйственных наук, Харбин, Китай
✉*E-mail: t.bazanov@fnclk.ru*

Аннотация. Лен обыкновенный (*Linum usitatissimum* L.) – важная сельскохозяйственная культура двойного назначения, используемая для получения волокна и масла. Современные отечественные селекционные программы по льну сталкиваются с проблемой сужения генетического разнообразия используемого материала. Перспективным решением данной проблемы является привлечение генетически отдаленных форм из мировых коллекций, что позволяет расширить генетическую базу и получить новые ценные аллели. **Цель** исследования – проведение SSR-анализа китайских сортов *Linum usitatissimum* L. из двух селекционных серий Института технических культур (г. Харбин) с последующим сопоставлением их генетических профилей с сортами льна, включенными в Государственный реестр селекционных достижений РФ, и составление генетических паспортов для применения в селекционной практике. **Научная новизна** работы заключается в получении новых знаний о молекулярно-генетической структуре сортов льна китайских селекционных программ и паспортизации с использованием SSR-маркеров. Объектами исследования были 26 сортов льна (6 китайских и по 10 льна масличного и льна-долгунца, включенных в Госреестр РФ). **Методы.** Генотипирование выполнено с использованием 21 микросателлитного маркера. Оценка генетического разнообразия проведена методами NJ-кластеризации, анализа главных координат PCoA и AMOVA. **Результаты.** Среднее число аллелей на локус составило 5,6, PIC – 0,59, что показало высокую информативность использованных маркеров. Исследование показало обособленный филогенетический характер китайских сортов, а также использование европейского генетического материала в китайской селекции. Выявлены уникальные аллели, характерные только для китайских сортов. Показано, что три китайских сорта по SSR-профилям генетически ближе к масличным льнам, несмотря на долгунцовый фенотип. Для всех китайских сортов разработаны генетические паспорта, пригодные для контроля идентичности сортов. Полученные данные свидетельствуют о перспективности использования китайских сортов для расширения генетической базы российского льноводства.

Ключевые слова: лен, китайские сорта, SSR-маркеры, генетическое разнообразие, маркер-ассоциированная селекция (МАС)

Благодарности. Работа выполнена в рамках государственного задания Минобрнауки России по теме FGSS-2024-0002. Авторы выражают благодарность китайским коллегам за предоставленные образцы.

Для цитирования: Базанов Т. А., Ущаповский И. В., Логинова Н. Н., Минина Е. В., Вересова П. Д., У Гуанвэнь. Китайские сорта льна как источник новых аллелей: SSR-паспортизация и генетическая характеристика // Аграрный вестник Урала. 2026. Т. 26, № 10. С. 1861–1872. https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1861-1872.

Дата поступления статьи: 13.07.2026, ***дата рецензирования:*** 03.08.2026, ***дата принятия:*** 21.08.2026.

© Bazanov T. A., Ushchapovskiy I. V., Loginova N. N., Minina E. V., Veresova P. D., Wu Guangwen, 2026

Chinese flax varieties as a source of new alleles: SSR fingerprinting and genetic characterization

T. A. Bazanov[1]✉, I. V. Ushchapovskiy[1], N. N. Loginova[1], E. V. Minina[1], P. D. Veresova[1], Guangwen Wu[2]

[1] Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russia

[2] Institute of Industrial Crops, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, China

✉*E-mail: t.bazanov@fnclk.ru*

Abstract. Flax (*Linum usitatissimum* L.) is an important dual-purpose crop used for fiber and oil production. Current domestic flax breeding programs face the challenge of declining genetic diversity. A promising solution to this problem is to incorporate genetically distant forms from global collections, which allows for expanding the genetic base and obtaining new valuable alleles. **The purpose** of this study was to conduct an SSR-analysis of Chinese *Linum usitatissimum* L. varieties from two breeding series at the Institute of Industrial Crops (Harbin), followed by a comparison of their genetic profiles with flax varieties included in the State Register of Breeding Achievements of the Russian Federation, and the compilation of genetic passports for use in breeding practices. **The scientific novelty** of the study lies in obtaining new knowledge about the molecular genetic structure of flax varieties from Chinese breeding programs and certification using SSR markers. The objects of the study were 26 flax varieties (6 Chinese varieties, 10 varieties of oil flax and 10 varieties of fiber flax included in the State Register of the Russian Federation). **Method**s. Genotyping was performed using 21 microsatellite markers. Genetic diversity was assessed using NJ clustering, PCoA, and AMOVA. **Results.** The average number of alleles per locus was 5.6, and the PIC was 0.59, demonstrating the high informativeness of the markers. The study demonstrated the distinct phylogenetic nature of Chinese varieties, as well as the use of European genetic material in Chinese breeding. Unique alleles characteristic only of Chinese varieties were identified. Three Chinese varieties were shown to be genetically closer to oil flax in terms of SSR-profiles, despite their fiber-fibred phenotype. Genetic passports suitable for cultivar identity verification were developed for all Chinese varieties. The obtained data demonstrate the potential of using Chinese varieties to expand the genetic base of Russian flax cultivation.

Keywords: flax, Chinese varieties, SSR-markers, genetic diversity, marker-associated selection (MAS)

Acknowledgements. This study was carried out as part of the state assignment of the Russian Ministry of Education and Science, topic FGSS-2024-0002. The authors are grateful to their Chinese colleagues for providing the samples.

For citation: Bazanov T. A., Ushchapovskiy I. V., Loginova N. N., Minina E. V., Veresova P. D., Wu Guangwen. Chinese flax varieties as a source of new alleles: SSR-certification and genetic characterization. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2026; 26 (10): 1861–1872. https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1861-1872. (In Russ.)

Date of paper submission: 13.07.2026, ***date of review:*** 03.08.2026, ***date of acceptance:*** 21.08.2026.

Постановка проблемы (Introduction)

Лен обыкновенный (*Linum usitatissimum* L.) – одна из наиболее значимых сельскохозяйственных культур, возделываемых человеком на протяжении нескольких тысячелетий. Хозяйственная ценность вида определяется возможностью его комплексного использования: стебли льна-долгунца служат источником высококачественных волокна и целлюлозы, а семена масличных форм – сырьем для получения масла, характеризующегося высоким содержанием незаменимых полиненасыщенных жирных кислот [1].

Селекция льна исторически ориентирована на улучшение основных хозяйственно ценных признаков – урожайности, содержания масла в семенах или волокна в стеблях, устойчивости к болезням и полеганию. Для достижения этих целей селекционеры использовали гибридизацию и отбор в расщепляющихся популяциях. Анализ родословных современных сортов указывает, что в исходные и возвратные скрещивания вовлекаются с наибольшей частотой высокопродуктивные сорта, демонстрирующие стабильное наследование целевых признаков. Селекционная работа, основанная на этом базовом принципе, имеет существенное ограничение. Длительное и интенсивное использование генетически близких родительских форм ведет к снижению генетического разнообразия создаваемых сортов льна и, как следствие, повышению риска гибели посевов или недобора урожая из-за резкого увеличения

© Базанов Т. А., Ущаповский И. В., Логинова Н. Н., Минина Е. В., Вересова П. Д., У Гуанвэнь, 2026

давления лимитирующего климатического фактора или возникновения провокационного фитопатогенного фона. Методы оценки генетического родства вовлекаемых в гибридизацию форм во многом повышают эффективность селекционной работы на льне [2–4].

Один из перспективных путей решения данной проблемы – поиск и вовлечение в селекционные программы генетически отдаленных форм льна, потенциально содержащих ценные аллели, отсутствующие в современном селекционном материале. Их введение в культуру в сочетании с современными методами селекции (включая маркер-ассоциированную селекцию – МАС) позволит расширить генетическую базу получаемых сортов, повысить их продуктивность и устойчивость к неблагоприятным факторам, а также улучшить показатели качества продукции [4].

Значительный интерес для российских селекционных программ могут представлять современные достижения учреждений КНР, работающих с культурой льна [5]. Китай имеет более чем 7000-летнюю традицию ее возделывания, причем изначально она культивировалась исключительно для получения масла и семян. Прядильное направление использования начало активно развиваться лишь с начала XX века, хотя археологические находки свидетельствуют о том, что одежда из льняного сырья была знакома местному населению за 4000 лет до н. э. Научная селекционная работа с культурой берет свое начало в 1950–60-х годах в северных регионах и направлена на создание масличных форм (селекционные учреждения Ганьсу и других северо-западных провинций) и долгунцовых (селекционные учреждения провинции Хэйлунцзян) [6].

В настоящее время в перечень Министерства сельского хозяйства Китая включено более 35 прядильных и 55 масличных сортов, созданных специалистами 16 научных учреждений и рекомендованных для производства в стране [7]. Традиционно в местной селекции предусматривается создание серий сортов на основе различных программ. Такой подход предполагает не столько единый исходный материал в качестве селекционной платформы, сколько четкую стратегию в рамках конкретного направления. Так, в Институте технических культур Хэйлунцзянской академии сельскохозяйственных наук созданы линейки Хэйя и Шуанья, насчитывающие 32 и 18 сортов соответственно. Первая охватывает основные хозяйственно полезные признаки, тогда как вторая нацелена на улучшение отдельных свойств, а именно устойчивости к патогенам, полеганию и засухе [8].

Согласно литературным данным, современные китайские сорта льна-долгунца произошли как от высокопродуктивных российских и западноевропейских форм, так и от китайских селекционных линий [9]. Около трети этой коллекции составляют местные формы и формы народной селекции [10].

Таким образом, китайские сорта можно рассматривать как потенциальный источник генетического разнообразия для дальнейших исследований российских и западноевропейских селекционеров. Однако в работе с сортовым материалом необходимо проверить уровень генетической близости.

Среди различных методов анализа генетического разнообразия и паспортизации коллекционных образцов наиболее перспективным является SSR-маркирование. Преимущество такой системы заключается в высокой воспроизводимости результатов, а также в простоте детекции с помощью ПЦР [11–13]. Благодаря своим характеристикам SSR-маркеры являются эффективным и наиболее удобным инструментом для генотипирования [4; 14]. Микросателлитный анализ способствует однозначной идентификации образцов, обеспечиванию количественной оценки генетического разнообразия сортов, выявляя при этом перспективных доноров новых аллелей, степень родства между линиями, что, несомненно, важно для рационального планирования селекционного процесса. Эффективность использования SSR-маркеров в работе со льном ранее была подтверждена в исследованиях, посвященных идентификации сортов льна, оценке их генетической чистоты и анализу степени генетического сходства между образцами [15; 16].

Цель данной работы – проведение SSR-анализа китайских сортов *Linum usitatissimum* L. из двух селекционных серий Института технических культур (г. Харбин) с последующим сравнением их генетических профилей с сортами льна, включенными в Государственный реестр селекционных достижений РФ, и составление генетических паспортов для применения в селекционной практике.

Методология и методы исследования (Methods)

Исследование было проведено в лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции в Федеральном научном центре лубяных культур (г. Тверь) в 2026 году. В исследование включили 26 образцов льна: 6 китайских сортов, 10 сортов льна масличного и 10 сортов льна-долгунца различного географического происхождения, полученных из коллекции ФНЦ ЛК и включенных в Государственный реестр селекционных достижений РФ (таблица 1).

Геномную ДНК извлекали листьев 4-недельных растений с помощью модифицированного CTAB-метода [17]. SSR-анализ проводили с помощью 21 микросателлитного маркера, применявшегося в наших предыдущих исследованиях [15; 16]. Качество экстрагированной ДНК оценивали с помощью спектрофотометрии на приборе NanoPhotometer NP80, определяя степень чистоты и концентрацию нуклеиновых кислот.

Таблица 1

Список исследованных образцов льна

№	Название	Оригинатор
Китайские сорта льна		
1	Хэйя 15	Институт технических культур Хэйлунцзянской академии сельскохозяйственных наук, КНР
2	Хэйя 17	
3	Хэйя 19	
4	Хэйя 20	
5	Хэйя 21	
6	Шуанья 12	
Сорта льна масличного, включенные в Госреестр РФ		
7	Бирюза	ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК
8	ВНИИМК 630	
9	Радуга	
10	Ручеек	
11	Илим	РУП «Институт льна»
12	Исток	ФГБНУ Пензенский НИИСХ
13	Кинельский 2000	ФГБНУ Поволжский НИИСС
14	ЛМ 98	ФГБНУ ВНИИЛ
15	Уральский	ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН
16	Чибис	Бараник В. А.
Сорта льна-долгунца, включенные в Госреестр РФ		
17	Агата	Limagrain Nederland B.V.
18	Василек	РУП «Институт льна»
19	Мерилин	Van de Bilt Zaden en Vlas B.V.
20	Надежда	ФГБНУ ВНИИЛ
21	Тверской	ФГБНУ ВНИИЛ
22	Прибой	ФГБНУ Псковский НИИСХ
23	С 108	ГБНУ Смоленская ГОСХОС
24	Синичка	ФГБОУ ВО Вятская ГСХА
25	Сурский	ФГБНУ ВНИИЛ / ОАО «Студенецкий мукомольный завод»
26	Тост 3	ФГБНУ СФНЦА РАН

Table 1

The studied flax samples

No.	*Name*	*Originator*
Chinese varieties of flax		
1	*Heiya15*	*Institute of Industrial Crops, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, China*
2	*Heiya 17*	
3	*Heiya 19*	
4	*Heiya 20*	
5	*Heiya 21*	
6	*Shuangya 12*	
Varieties of linseed included in the State Register of the Russian Federation		
7	*Biryuza*	*FSBSI FSC VNIIMK*
8	*VNIIMK 630*	
9	*Raduga*	
10	*Rucheek*	
11	*Ilim*	*RUE "Institute of Flax"*
12	*Istok*	*FSBSI Penza RIA*
13	*Kinel'skiy 2000*	*FSBSI Povolzhsky RIBSP*
14	*LM 98*	*FSBSI VNIIL*
15	*Ural'skiy*	*FSBSI UFARC Ural Branch of RAS*
16	*Chibis*	*Baranik V. A.*
Varieties of flax included in the State Register of the Russian Federation		
17	*Agata*	*Limagrain Nederland B.V.*
18	*Vasilek*	*RUE "Institute of Flax"*
19	*Merilin*	*Van de Bilt Zaden en Vlas B.V.*
20	*Nadezhda*	*FSBSI VNIIL*
21	*Tverskoy*	*FSBSI VNIIL*
22	*Priboy*	*FSBSI Pskov RIA*
23	*S 108*	*SBSI Smolensk SAES*
24	*Sinichka*	*FSBEI HE Vyatka SAA*
25	*Surskiy*	*FSBSI VNIIL / JSC "Studenetskskiy Flour Mill"*
26	*Tost 3*	*FSBSI SFSCA RAS*

ПЦР-реакцию проводили в объеме 25 мкл. В смесь входили 20 нг исследуемой ДНК, 2,5 мкМ $MgCl_2$, 200 мкМ dNTP, 1 ед. Taq-полимеразы, концентрацию праймеров подбирали экспериментально. Анализ осуществляли на амплификаторе T100 MyCycler (Bio-Rad, США) по следующей схеме: 94 °С – 5 мин.; затем 35 циклов (94 °С – 30 с, 55 °С – 45 с, 72 °С – 40 с); финальная элонгация 72 °С – 5 мин.

Разделение продуктов ПЦР осуществляли методом капиллярного электрофореза с использованием анализатора «НАНОФОР 05» (производство ООО «НПФ Синтол», Россия). В качестве стандарта длины фрагментов применяли маркер СД-450. Обработку электрофореграмм и определение размеров аллелей выполняли в программном обеспечении «ДНК-ФА».

В рамках статистического анализа полученных данных генетические расстояния были рассчитаны по методу Нея с помощью функции *nei.dist* пакета *poppr* в среде R [17]. Дендрограмма методом NJ и анализ методом главных координат выполнены в программе Darwin v.6. Межгрупповая изменчивость была оценена с помощью AMOVA при 999 перестановках с использованием пакета *poppr.amova* [19; 20]. Для определения того, к какой группе сортов льна (лен масличный или лен-долгунец) генетически ближе китайские сорта, были рассчитаны их средние генетические расстояния до центроидов групп масличных и прядильных сортов.

Результаты (Results)

Характеристика SSR-маркеров. Анализ 21 SSR-локуса выявил их полиморфность во всей выборке образцов (характеристика исследованных SSR-маркеров представлена в таблице 2). Среднее число аллелей на локус составило 5,6, а среднее значение коэффициента PIC – 0,59, что свидетельствует о высокой информативности использованной маркерной системы.

Таблица 2

Характеристика исследованных SSR-маркеров

Локус	Число аллелей	Аллели (п. н.)	PIC
Lin1	2	323, 330	0,35
Lin2	3	425, 434, 437	0,42
Lin3	3	194, 207, 216	0,46
Lin4	3	307, 312, 315	0,54
Lin5	2	406, 419	0,37
Lin6	7	162, 164, 177, 182, 186, 192, 195	0,68
Lin7	3	379, 382, 388	0,55
Lin8	5	117, 140, 147, 149, 153	0,51
Lin9	3	289, 292, 295	0,48
Lin10	7	246, 251, 254, 257, 264, 267, 270	0,67
Lin11	6	163, 166, 171, 173, 179, 182	0,73
Lu17	6	246, 251, 254, 257, 264, 267	0,63
Lu3	3	148, 155, 157	0,45
Lu28	6	166, 168, 174, 178, 180, 187	0,62
Lu8	6	197, 205, 209, 211, 213, 217	0,68
Flu7	8	135, 137, 138, 143, 145, 148, 155, 157	0,71
Flu8	9	146, 150, 163, 168, 183, 200, 204, 220, 223	0,78
Lu13	6	197, 205, 209, 211, 213, 217	0,66
Flu25	8	161, 176, 182, 197, 213, 216, 219, 234	0,70
Lu21	7	199, 202, 204, 212, 214, 216, 218	0,75
Lu23	6	242, 244, 246, 248, 250, 252	0,63
Среднее	5,6		0,59

Table 2

Characteristics of the studied SSR markers

Locus	*Number of alleles*	*Alleles (b. p.)*	*PIC*
Lin1	*2*	*323, 330*	*0.35*
Lin2	*3*	*425, 434, 437*	*0.42*
Lin3	*3*	*194, 207, 216*	*0.46*
Lin4	*3*	*307, 312, 315*	*0.54*
Lin5	*2*	*406, 419*	*0.37*
Lin6	*7*	*162, 164, 177, 182, 186, 192, 195*	*0.68*
Lin7	*3*	*379, 382, 388*	*0.55*
Lin8	*5*	*117, 140, 147, 149, 153*	*0.51*
Lin9	*3*	*289, 292, 295*	*0.48*
Lin10	*7*	*246, 251, 254, 257, 264, 267, 270*	*0.67*
Lin11	*6*	*163, 166, 171, 173, 179, 182*	*0.73*
Lu17	*6*	*246, 251, 254, 257, 264, 267*	*0.63*
Lu3	*3*	*148, 155, 157*	*0.45*
Lu28	*6*	*166, 168, 174, 178, 180, 187*	*0.62*
Lu8	*6*	*197, 205, 209, 211, 213, 217*	*0.68*
Flu7	*8*	*135, 137, 138, 143, 145, 148, 155, 157*	*0.71*
Flu8	*9*	*146, 150, 163, 168, 183, 200, 204, 220, 223*	*0.78*
Lu13	*6*	*197, 205, 209, 211, 213, 217*	*0.66*
Flu25	*8*	*161, 176, 182, 197, 213, 216, 219, 234*	*0.70*
Lu21	*7*	*199, 202, 204, 212, 214, 216, 218*	*0.75*
Lu23	*6*	*242, 244, 246, 248, 250, 252*	*0.63*
Average	*5.6*		*0.59*

Генетическая структура исследуемых сортов. На рис. 1 представлена дендрограмма генетического подобия исследованных сортов льна, выполненная методом NJ в программе Darwin по генетическим дистанциям Нея на основе 21 SSR-локуса. Все три исследуемые группы льна образовали три выраженных генетических кластера. Реестровые сорта льна масличного и льна-долгунца характеризуются разделением по направлению использования. Внутри своего кластера китайские сорта не образуют характерных подгрупп. Филогенетический интерес представляет включение голландского сорта Агата в кластер китайских сортов, что подтверждает использование европейского генетического материала в их селекции.

Анализ главных координат (PCoA), выполненный для 26 сортов льна на основании матрицы попарных генетических расстояний по 21 SSR-локусу (рис. 2), также продемонстрировал обособленность китайских сортов. Первые две координаты объясняют 38,1 % общей изменчивости: доля PCo1 составляет 20,1 %, доля PCo2 – 18,0 %.

Фенотипические характеристики китайских сортов льна и их сопоставление с данными генетического анализа. По совокупности хозяйственно ценных признаков (высота растения, техническая длина, содержание волокна) все шесть изученных китайских сортов льна относятся к долгунцовому типу (таблица 3). Их средняя техническая длина составила 75,8 см, что сопоставимо со средним показателем 78,0 см для сортов льна-долгунца коллекции ФНЦ ЛК (среднее по 10 изученным сортам). При этом она значительно выше, чем у масличных сортов, у которых этот показатель составляет 59,8 см. Содержание общего волокна у китайских сортов находится в пределах 26,9–31,0 %, что является характерным показателем для долгунцовой группы льна.

На основании данных, полученных при сопоставлении генетических расстояний китайских образцов льна (таблица 4) с их характерными фенотипическими показателями, было выявлено, что сорта Хэйя 20, Хэйя 21 и Шуанья 12, классифицируемые как долгунцы, генетически близки к масличному льну. Это говорит о том, что в их родословной были формы, имеющие по некоторым маркерам генетическое сходство с сортами, являющимися источниками генетического материала для российского масличного льна. Данный факт возможно связан с видовыми генами устойчивости растений к болезням, засухе и другим.

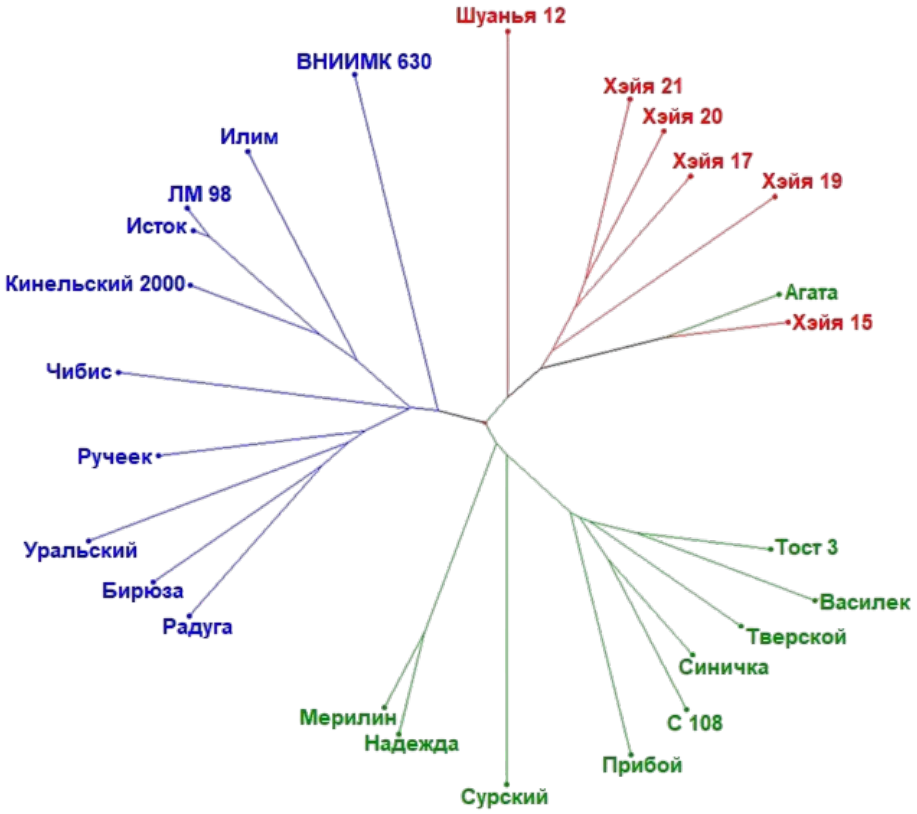


Рис. 1. Дендрограмма генетического сходства 26 сортов льна, построенная методом NJ на основе 21 SSR-локуса. Красным цветом обозначены китайские сорта, синим – масличные, зеленым – сорта льна-долгунца

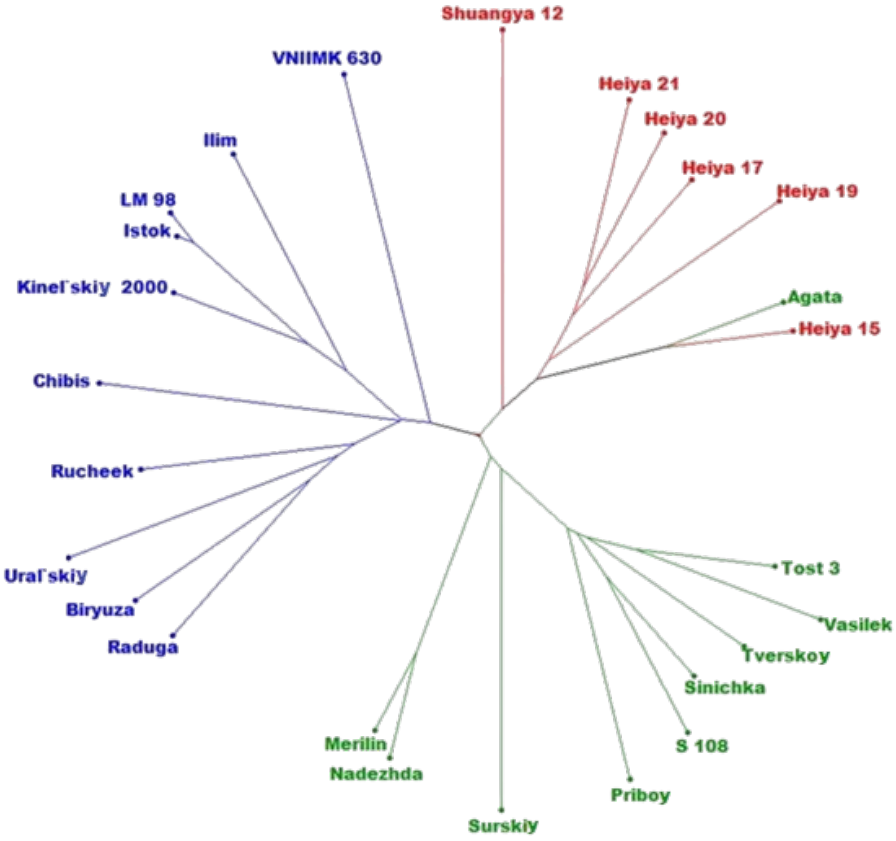


Fig. 1. Dendrogram of genetic similarity of 26 flax varieties constructed by the NJ method based on 21 SSR loci. Chinese varieties are marked in red, linseed varieties in blue, and flax varieties in green

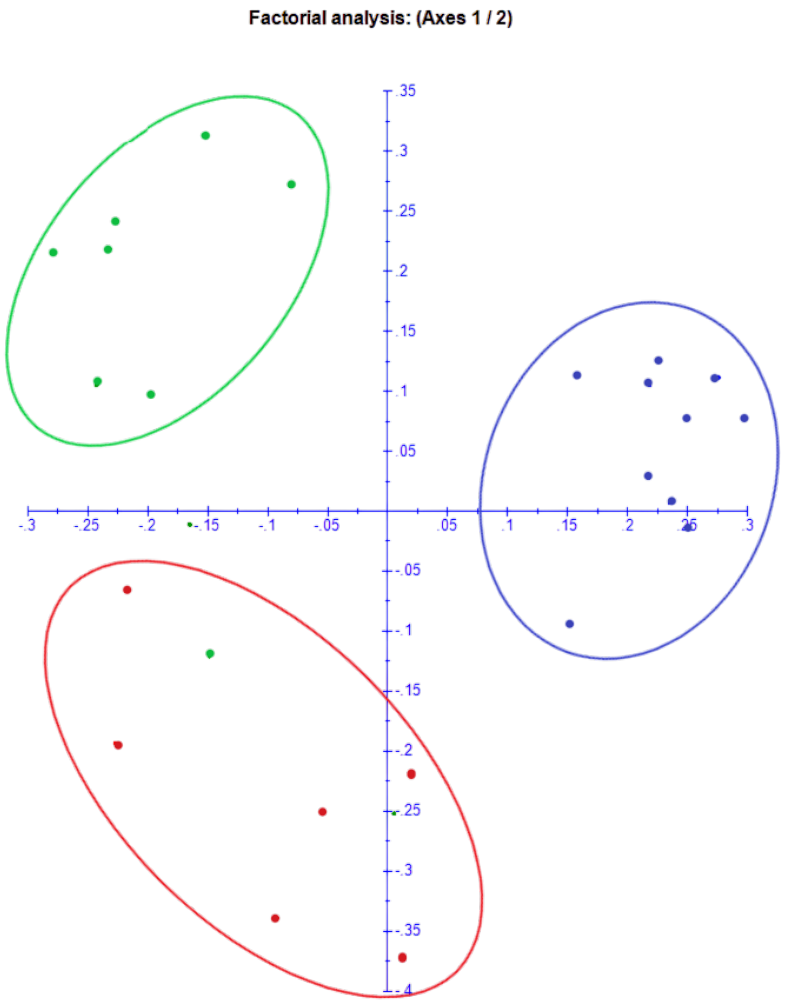


Рис. 2. Анализ главных координат (PCoA) 26 сортов льна по 21 SSR-локусу.
Красным цветом обозначены китайские сорта, синим – масличные, зеленым – сорта льна-долгунца
Fig. 2. Principal coordinate analysis (PCoA) of 26 flax varieties at 21 SSR loci.
Chinese varieties are marked in red, linseed varieties in blue, and flax varieties in green

Таблица 3

Фенотипические характеристики китайских сортов льна (по данным Института технических культур ХААН)

Сорт	Высота растения, см	Техническая длина, см	Содержание общего волокна, %
Хэйя 15	78,7	65,1	26,9–31,0
Хэйя 17	86,8	73,0	29,9–30,7
Хэйя 19	82,9	71,0	29,4–29,7
Хэйя 20	100,2	86,2	29,1–30,0
Хэйя 21	90,2	79,3	31,0
Шуанья 12	110,0	80,0	29,8–30,2

Table 3

Phenotypic characteristics of Chinese flax varieties (according to data from the Institute of Industrial Crops of the HAAS)

Variety	*Plant height, cm*	*Technical length, cm*	*Total fiber content, %*
Heiya 15	*78.7*	*65.1*	*26.9–31.0*
Heiya 17	*86.8*	*73.0*	*29.9–30.7*
Heiya 19	*82.9*	*71.0*	*29.4–29.7*
Heiya 20	*100.2*	*86.2*	*29.1–30.0*
Heiya 21	*90.2*	*79.3*	*31.0*
Shuangya 12	*110.0*	*80.0*	*29.8–30.2*

Таблица 4

Генетические расстояния до центроидов групп (по Нею)

Сорт	Расстояние до центроида группы льна масличного	Расстояние до центроида группы льна-долгунца
Хэйя 15	0,37	**0,28**
Хэйя 17	0,35	0,32
Хэйя 19	0,41	0,34
Хэйя 20	0,31	0,36
Хэйя 21	**0,27**	0,39
Шуанья 12	0,33	0,37

Примечание. Полужирным выделены наименьшие значения.*

Table 4

Genetic distances to group centroids (according to Nei)

Variety	*Distance to the centroid of the linseed group*	*Distance to the centroid of the flax group*
Heiya 15	*0.37*	***0.28***
Heiya 17	*0.35*	*0.32*
Heiya 19	*0.41*	*0.34*
Heiya 20	*0.31*	*0.36*
Heiya 21	***0.27***	*0.39*
Shuangya 12	*0.33*	*0.37*

*Note: * Lowest values are shown in bold.*

Таблица 5

Генетические паспорта китайских сортов льна

Сорт	Генетический паспорт
Хэйя 15	$A_{323}B_{425,437}C_{216}D_{315}E_{419}F_{162,186}G_{379}H_{153}I_{292}J_{264}K_{173}L_{287}M_{155}N_{168,178}O_{197}P_{137}Q_{163}R_{377}S_{176}T_{214}U_{248}$
Хэйя 17	$A_{323}B_{425,437}C_{216}D_{315}E_{419}F_{162,186}G_{388}H_{153}I_{292}J_{264}K_{182}L_{285}M_{148,157}N_{168,178}O_{213}P_{145}Q_{163}R_{377}S_{176}T_{214}U_{248}$
Хэйя 19	$A_{323}B_{425}C_{216}D_{315}E_{419}F_{192}G_{388}H_{153}I_{289}J_{264}K_{182}L_{289}M_{155}N_{168,178}O_{211}P_{145}Q_{150}R_{377}S_{161}T_{216}U_{248}$
Хэйя 20	$A_{323}B_{425}C_{216}D_{307}E_{419}F_{177,186}G_{379}H_{140,147}I_{292}J_{264}K_{182}L_{285}M_{155}N_{168,178}O_{197}P_{145}Q_{163}R_{377}S_{176}T_{214}U_{248}$
Хэйя 21	$A_{323}B_{425}C_{216}D_{307}E_{419}F_{182,192}G_{381}H_{140,147}I_{292}J_{264}K_{182}L_{287}M_{148,157}N_{178,187}O_{217}P_{145}Q_{163}R_{377}S_{176}T_{216}U_{248}$
Шуанья 12	$A_{323}B_{425}C_{207}D_{307}E_{406}F_{182,192}G_{388}H_{140,147}I_{292}J_{264}K_{173}L_{289}M_{155}N_{168,178}O_{205}P_{137}Q_{200}R_{377}S_{213}T_{214}U_{246}$

Примечание. Соответствие буквенных обозначений и локусов: A – Lin1; B – Lin2; C – Lin3; D – Lin4; E – Lin5; F – Lin6; G – Lin7; H – Lin8; I – Lin9; J – Lin10; K – Lin11; L – Lu17; M – Lu3; N – Lu28; O – Lu8; P – Flu7; Q – Flu8; R – Lu13; S – Flu25; T – Lu21; U – Lu23.

Table 5

Genetic passports of Chinese flax varieties

Variety	*Genetic passport*
Heiya 15	$A_{323}B_{425,437}C_{216}D_{315}E_{419}F_{162,186}G_{379}H_{153}I_{292}J_{264}K_{173}L_{287}M_{155}N_{168,178}O_{197}P_{137}Q_{163}R_{377}S_{176}T_{214}U_{248}$
Heiya 17	$A_{323}B_{425,437}C_{216}D_{315}E_{419}F_{162,186}G_{388}H_{153}I_{292}J_{264}K_{182}L_{285}M_{148,157}N_{168,178}O_{213}P_{145}Q_{163}R_{377}S_{176}T_{214}U_{248}$
Heiya 19	$A_{323}B_{425}C_{216}D_{315}E_{419}F_{192}G_{388}H_{153}I_{289}J_{264}K_{182}L_{289}M_{155}N_{168,178}O_{211}P_{145}Q_{150}R_{377}S_{161}T_{216}U_{248}$
Heiya 20	$A_{323}B_{425}C_{216}D_{307}E_{419}F_{177,186}G_{379}H_{140,147}I_{292}J_{264}K_{182}L_{285}M_{155}N_{168,178}O_{197}P_{145}Q_{163}R_{377}S_{176}T_{214}U_{248}$
Heiya 21	$A_{323}B_{425}C_{216}D_{307}E_{419}F_{182,192}G_{381}H_{140,147}I_{292}J_{264}K_{182}L_{287}M_{148,157}N_{178,187}O_{217}P_{145}Q_{163}R_{377}S_{176}T_{216}U_{248}$
Shuangya 12	$A_{323}B_{425}C_{207}D_{307}E_{406}F_{182,192}G_{388}H_{140,147}I_{292}J_{264}K_{173}L_{289}M_{155}N_{168,178}O_{205}P_{137}Q_{200}R_{377}S_{213}T_{214}U_{246}$

Note. Correspondence of letter designations and loci: A – Lin1; B – Lin2; C – Lin3; D – Lin4; E – Lin5; F – Lin6; G – Lin7; H—Lin8; I – Lin9; J – Lin10; K – Lin11; L – Lu17; M – Lu3; N – Lu28; O – Lu8; P—Flu7; Q – Flu8; R – Lu13; S – Flu25; T – Lu21; U – Lu23.

Специфичные аллели китайских сортов льна. В результате сравнения аллельных профилей китайских сортов и сортов из Госреестра РФ были обнаружены уникальные аллели, характерные исключительно для китайской выборки (таблица 6).

Генетические паспорта китайских сортов. В результате проведенного анализа по 21 микросателлитному локусу для каждого из шести исследованных китайских сортов льна были разработаны генетические паспорта. Для их составления применялся буквенно-цифровой метод, согласно которому каждому SSR-маркеру присваивается буква латинского алфавита, а размеры аллелей обозначаются подстрочным индексом. Такой формат записи удобен для визуального сопоставления генотипов и последующей автоматизированной обработки информации. Генетические паспорта китайских сортов льна представлены в таблице 5.

В исследованной выборке сорта льна Хэйя 15, Хэйя 17, Хэйя 20 и Шуанья 12 характеризуются наибольшим числом уникальных аллелей. Результаты анализа подтверждают наличие специфичных генетических вариантов в китайском генофонде льна, при этом дальнейшие исследования требуют расширения анализируемой выборки для оценки их видовой уникальности [21; 22].

Согласно результатам анализа молекулярной дисперсии (AMOVA), между китайскими сортами льна и сортами, включенными в Государственный реестр селекционных достижений РФ, наблюдается значимая межгрупповая разница. Ее доля составила 24 % ($p < 0{,}001$), что указывает на обособленность китайского генофонда льна относительно российского.

Таблица 6

Аллели, специфичные для исследованных китайских сортов льна

Локус	Специфичные аллели (п. н.)	Носители среди китайских сортов
Flu8	150	Хэйя 19
Flu8	163	Хэйя 15, Хэйя 17, Хэйя 20, Хэйя 21
Flu8	200	Шуанья 12
Lu13	205	Шуанья 12
Lu21	214	Хэйя 15, Хэйя 17, Хэйя 20, Шуанья 12

Table 6

Alleles specific to the studied Chinese varieties

Locus	*Specific alleles (b. p.)*	*Carriers among Chinese varieties*
Flu8	*150*	*Heiya 19*
Flu8	*163*	*Heiya 15, Heiya 17, Heiya 20, Heiya 21*
Flu8	*200*	*Shuangya 12*
Lu13	*205*	*Shuangya 12*
Lu21	*214*	*Heiya 15, Heiya 17, Heiya 20, Shuangya 12*

По результатам исследования можно сделать вывод, что китайские сорта льна могут стать ценным ресурсом в работе российских селекционеров благодаря своему уникальному генетическому материалу. Их четкое филогенетическое положение и высокая межгрупповая дифференциация говорят о том, что китайский и российский генофонды формировались независимо [23–25]. Сравнение данных SSR-анализа по некоторым маркерам с фенотипическими характеристиками позволило выявить генетическое родство ряда образцов типичного долгунцового фенотипа с масличными льнами. Это свидетельствует о том, что SSR-маркеры играют важную роль в выявлении закономерностей, неочевидных при фенотипическом анализе.

Генетические паспорта шести китайских сортов, сформированные в данном исследовании, имеют практическую ценность для последующих работ отечественных селекционеров. Молекулярные маркеры, на основе которых они созданы, позволяют однозначно идентифицировать образцы, контролировать процесс селекции на всех этапах и обеспечивать сохранение генетической чистоты линий. Разрабатываемые молекулярно-генетические характеристики направлены на упрощение процедуры регистрации новых селекционных достижений, где требуется объективность оценки и воспроизводимость данных.

Углубленный анализ генетического потенциала выявленных аллелей и их селекционной ценности требует проведения дальнейших исследований, включая ассоциативное картирование [26; 27]. Тем не менее, даже на данном этапе полученные результаты позволяют рассматривать китайские сорта льна как ценный источник генетического разнообразия для участия в российских селекционных программах для расширения генофонда культуры льна.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

SSR-анализ показал значимое генетическое отличие исследованных сортов китайской селекции от сортов льна, включенных в Государственный реестр селекционных достижений РФ. Для эффективной идентификации китайского генетического материала наиболее перспективными являются локусы Flu8, Lu13 и Lu21. Полученные результаты свидетельствуют о том, что китайские сорта можно использовать в качестве дополнительного источника ценных аллелей с целью расширения генетического разнообразия отечественной селекции льна.

Анализ полученных генетических данных ряда китайских сортов льна-долгунца выявил наличие маркеров, характерных для масличного льна.

Для каждого китайского сорта составлен генетический паспорт, который может быть полезен в селекционных программах и для подтверждения сортовой идентичности. Полученные данные свидетельствуют о том, что включение китайских сортов в селекционные программы способно обогатить генофонд российских сортов льна.

Библиографический список

1. Захарчук Д. Д., Болтовский В. С. Комплексная переработка льна с получением инновационной продукции (обзор) // Труды БГТУ. Серия 2, Химические технологии, биотехнологии, геоэкология. 2024. Т. 2, № 283. С. 77–91. DOI: 10.52065/2520-2669-2024-283-10.

2. Diederichsen A., Kusters P. M., Kessler D., et al. Assembling a core collection from the flax world collection maintained by Plant Gene Resources of Canada // Genetic Resources and Crop Evolution. 2013. Vol. 60, No. 4. Pp. 1479–1485. DOI: 10.1007/s10722-012-9936-1.

3. Xie D., Dai Z., Yang Z., et al. Genomic variations and association study of agronomic traits in flax // BMC Genomics. 2018. Vol. 19, No. 1. Article number 512. DOI: 10.1186/s12864-018-4899-z.

4. Kaur V., Singh M., Wankhede D. P., et al. Diversity of Linum genetic resources in global genebanks: from agro-morphological characterisation to novel genomic technologies – a review // Frontiers in Nutrition. 2023. Vol. 10. Article number 1165580. DOI: 10.3389/fnut.2023.1165580.

5. Павлов А. В., Брач Н. Б., Пороховинова Е. А., Кутузова С. Н. Образцы льна-долгунца китайской селекции как источники хозяйственно-ценных признаков // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2015. Т. 176, № 1. С. 68–75. DOI: 10.30901/2227-8834-2015-1-68-75.

6. Hua K. Q., Yi S. Z., Sheng Q. C., et al. The study progress on breeding of flax and industrial hemp in China // Journal of Natural Fibers. 2024. Vol. 21, No. 1. Article number 2389159. DOI: 10.1080/15440478.2024.2389159.

7. Министерство сельского хозяйства и сельских дел Китайской Народной Республики [Электронный ресурс]. URL: https://www.moa.gov.cn/ (дата обращения: 16.03.2026).

8. Ji Y. R., Liu Y. F., Han C. W., et al. Breeding report of new fiber flax variety Shuangya No. 16 // Plant Fiber Sciences in China. 2012. Vol. 34, No. 3. Pp. 109–111.

9. Wang Y. F., Kang Q. H., Zhu X., et al. Advances in flax (*Linum usitatissimum* L.) breeding and biotechnology strategies // In: Breeding and Biotechnology of Grass and Bast Fiber Crops. Cham: Springer Nature Switzerland, 2025. Pp. 463–506. DOI: 10.1007/978-3-032-00403-1_10.

10. Dai Z. G., Yang Z. M., Chen J. Q., et al. Research progress of national infrastructure for bast fiber crop germplasm resources during the 12th five-year plan // Plant Fiber Sciences in China. 2017. Vol. 39, No. 6. Pp. 321–326.

11. Bickel C. L., Gadani S., Lukacs M., Cullis C. A. SSR markers developed for genetic mapping in flax (*Linum usitatissimum* L.) // Research and Reports in Biology. 2011. Vol. 2. Pp. 23–29. DOI: 10.2147/RRB.S16091.

12. 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. Vol. 71, No. 8. Pp. 4763–4777. DOI: 10.1007/s10722-024-01933-4.

13. Zhernova D. A., Pushkova E. N., Rozhmina T. A., et al. History and prospects of flax genetic markers // Frontiers in Plant Science. 2025. Vol. 15. Article number 1495069. DOI: 10.3389/fpls.2024.1495069.

14. Raut V. K., Ngangkham U., Yadav A., et al. Cross-species transferability and genetic diversity analysis in Linum species using microsatellite markers // Scientific Reports. 2026. Vol. 16. Article number 13358. DOI: 10.1038/s41598-026-42744-0.

15. Базанов Т. А., Ущаповский И. В., Рожмина Т. А. [и др.]. Молекулярная оценка генетической однородности линий льна методом SSR-анализа // Аграрная наука. 2025. Т. 401, № 12. С. 155–163. DOI: 10.32634/0869-8155-2025-401-12-155-163.

16. Базанов Т. А., Ущаповский И. В., Логинова Н. Н. [и др.]. Молекулярно-генетическое разнообразие сортов льна (*Linum usitatissimum* L.), представленных в Госреестре селекционных достижений Российской Федерации // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2023. Т. 184, № 1. С. 163–176. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-1-163-176.

17. Doyle J. J., Doyle J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue // Phytochemical Bulletin. 1987. Vol. 19. Pp. 11–15.

18. Nei M. Genetic distance between populations // American Naturalist. 1972. Vol. 106, No. 949. Pp. 283–292.

19. Paradis E., Schliep K. P. ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R // Bioinformatics. 2018. Vol. 35, No. 3. Pp. 526–528. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty633.

20. Kamvar Z. N., Tabima J. F., Grünwald N. J. Poppr: an R package for genetic population structure and genetic diversity analysis // PeerJ. 2014. Vol. 2. Article number e281. DOI: 10.7717/peerj.281.

21. Zhang J., Long Y., Wang L., et al. Consensus genetic linkage map construction and QTL mapping for plant height-related traits in linseed flax (*Linum usitatissimum* L.) // BMC Plant Biology. 2018. Vol. 18, No. 1. Article number 160. DOI: 10.1186/s12870-018-1366-6.

22. Xie D., Dai Z., Yang Z., et al. Genome-wide association study identifying candidate genes influencing important agronomic traits of flax (*Linum usitatissimum* L.) using SLAF-seq // Frontiers in Plant Science. 2018. Vol. 8. DOI: 10.3389/fpls. 2017.02232.

23. Рожмина Т. А., Мясникова А. В. Идентификация генов устойчивости к фузариозному увяданию у образцов льна масличного с различным жирнокислотным составом // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2023. Т. 24, № 6. С. 980–988. DOI: 10.30766/2072-9081.2023.24.6.980-988.

24. Богдан В. З., Лемеш В. А., Богданова М. В. [и др.]. Генетическая паспортизация новых сортов льна-долгунца белорусской селекции с использованием молекулярных маркеров // Земледелие и растениеводство. 2021. № 6. С. 48–52.

25. Ахметшина А. О., Стрыгина К. В., Хлесткина Е. К. [и др.]. Высокопроизводительное секвенирование в генетике и селекции льна // Экологическая генетика. 2020. Т. 18, № 1. С. 103–124. DOI: 10.17816/ecogen16126.

26. Guo D., Jiang H., Yan W., et al. Resequencing 200 flax cultivated accessions identifies candidate genes related to seed size and weight and reveals signatures of artificial selection // Frontiers in Plant Science. 2020, Vol. 10. Article number 1682. DOI: 10.3389/fpls.2019.01682.

27. Kumar S., You F. M., Duguid S., et al. QTL for fatty acid composition and yield in linseed (*Linum usitatissimum* L.) // Theoretical and Applied Genetics. 2015. Vol. 128, No. 5. Pp. 965–984. DOI: 10.1007/s00122-015-2483-3.

Об авторах:

Тарас Александрович Базанов, кандидат химических наук, заведующий лабораторией молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, ведущий научный сотрудник, Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия; ORCID 0000-0001-9544-5528, AuthorID 166977. *E-mail: t.bazanov@fnclk.ru*

Игорь Валентинович Ущаповский, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, заместитель директора по науке, Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия; ORCID 0000-0002-0602-1211, AuthorID 103288. *E-mail: i.uschapovsky@fnclk.ru*

Наталья Николаевна Логинова, научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия; ORCID 0000-0003-4633-392X, AuthorID 1099174. *E-mail: n.loginova@fnclk.ru*

Екатерина Витальевна Минина, аспирант, младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия; ORCID 0000-0001-6559-9577, AuthorID 1060911. *E-mail: ev.smirnova@fnclk.ru*

Полина Дмитриевна Вересова, младший научный сотрудник лаборатории молекулярно-генетических исследований и клеточной селекции, Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Россия; ORCID 0000-0001-7797-2578, AuthorID 1062261. *E-mail: p.mikhaylova@fnclk.ru*

Гуанвэнь У, доктор сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник, Институт технических культур, Хэйлунцзянская академия сельскохозяйственных наук, Харбин, Китай; ORCID 0000-0002-7068-655X. *E-mail: wuguangwenflax@haas.cn*

References

1. Zakharchuk D. D., Boltovskiy V. S. Complex processing of flax with the production of innovative products (review). *Proceedings of BSTU. Series 2. Chemical Engineering, Biotechnologies, Geoecology*. 2024; 2 (283): 77–91. DOI: 10.52065/2520-2669-2024-283-10. (In Russ.)

2. Diederichsen A., Kusters P. M., Kessler D., et al. Assembling a core collection from the flax world collection maintained by Plant Gene Resources of Canada. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 2013; 60 (4): 1479–1485. DOI: 10.1007/s10722-012-9936-1.

3. Xie D., Dai Z., Yang Z., et al. Genomic variations and association study of agronomic traits in flax. *BMC Genomics*. 2018; 19: 512. DOI: 10.1186/s12864-018-4899-z.

4. Kaur V., Singh M., Wankhede D. P., et al. Diversity of Linum genetic resources in global genebanks: from agro-morphological characterisation to novel genomic technologies – a review. *Frontiers in Nutrition*. 2023; 10: 1165580. DOI: 10.3389/fnut.2023.1165580.

5. Pavlov A. V., Brutch N. B., Porokhovinova E. A., Kutuzova S. N. Fiber flax accessions of Chinese breeding as sources of valuable agronomic characters. *Proceedings on applied botany, genetics and breeding*. 2015; 176 (1): 68–75. DOI: 10.30901/2227-8834-2015-1-68-75. (In Russ.)

6. Hua K. Q., Yi S. Z., Sheng Q. C., et al. The study progress on breeding of flax and industrial hemp in China. *Journal of Natural Fibers*. 2024; 21 (1): 2389159. DOI: 10.1080/15440478.2024.2389159.

7. *Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China* [Internet]. 2018 [cited 2026 Mar 16]. Available from: https://www.moa.gov.cn/.

8. Ji Y. R., Liu Y. F., Han C. W., et al. Breeding report of new fiber flax variety Shuangya No. 16. *Plant Fiber Sciences in China.* 2012; 34 (3): 109–111.

9. Wang Y. F., Kang Q. H., Zhu X., et al. Advances in flax (*Linum usitatissimum* L.) breeding and biotechnology strategies. In: *Breeding and Biotechnology of Grass and Bast Fiber Crops*. Cham: Springer Nature Switzerland, 2025. Pp. 463–506. DOI: 10.1007/978-3-032-00403-1_10.

10. Dai Z. G., Yang Z. M., Chen J. Q., et al. Research progress of national infrastructure for bast fiber crop germplasm resources during the 12th Five-year plan. *Plant Fiber Sciences in China*. 2017; 39 (6): 321–326.

11. Bickel C. L., Gadani S., Lukacs M., Cullis C. A. SSR markers developed for genetic mapping in flax (*Linum usitatissimum* L.). *Research and Reports in Biology*. 2011; 2: 23–29. DOI: 10.2147/RRB.S16091.

12. 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. DOI: 10.1007/s10722-024-01933-4.

13. Zhernova D. A., Pushkova E. N., Rozhmina T. A., et al. History and prospects of flax genetic markers. *Frontiers in plant science.* 2025; 15: 1495069. DOI: 10.3389/fpls.2024.1495069.

14. Raut V. K., Ngangkham U., Yadav A., et al. Cross-species transferability and genetic diversity analysis in Linum species using microsatellite markers. *Scientific Reports.* 2026; 16: 13358 DOI: 10.1038/s41598-026-42744-0.

15. Bazanov T. A., Ushchapovskiy I. V., Rozhmina T. A., et al. Molecular assessment of genetic homogeneity of flax lines using SSR-analysis. *Agrarian Science*. 2025; 12: 155–163. DOI: 10.32634/0869-8155-2025-401-12-155-163. (In Russ.).

16. Bazanov T. A., Ushchapovskiy I. V., Loginova N. N., et al. 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. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-1-163-176. (In Russ.)

17. Doyle J. J., Doyle J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin.* 1987; 19: 11–15.

18. Nei M. Genetic distance between populations. *American Naturalist.* 1972; 106 (949): 283–292.

19. Paradis E., Schliep K. P. ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. *Bioinformatics.* 2018; 35 (3): 526–528. DOI: 10.1093/bioinformatics/bty633.

20. Kamvar Z. N., Tabima J. F., Grünwald N. J. Poppr: an R package for genetic population structure and genetic diversity analysis. *PeerJ.* 2014; 2: e281. DOI: 10.7717/peerj.281.

21. Zhang J., Long Y., Wang L., et al. Consensus genetic linkage map construction and QTL mapping for plant height-related traits in linseed flax (*Linum usitatissimum* L.). *BMC Plant Biology.* 2018; 18 (1): 160. DOI: 10.1186/s12870-018-1366-6.

22. Xie D., Dai Z., Yang Z., et al. Genome-wide association study identifying candidate genes influencing important agronomic traits of flax (*Linum usitatissimum* L.) using SLAF-seq. *Frontiers in Plant Sciences.* 2018; 8. DOI: 10.3389/fpls.2017.02232.

23. Rozhmina T. A., Myasnikova A. V. Identification of resistance genes to Fusarium wilt in oil flax samples with different fatty acid composition. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2023; 24 (6): 980–988. DOI: 10.30766/2072-9081.2023.24.6.980-988. (In Russ.)

24. Bogdan V. Z., Lemesh V. A., Bogdanova M. V., et al. 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 Russ.).

25. Akhmetshina A., Strygina K., Khlestkina E., et al. High-throughput sequencing techniques to flax genetics and breeding. *Ecological Genetics*. 2020; 18 (1): 103–124. DOI: 10.17816/ecogen16126. (In Russ.)

26. Guo D., Jiang H., Yan W., et al. Resequencing 200 flax cultivated accessions identifies candidate genes related to seed size and weight and reveals signatures of artificial selection. *Frontiers in Plant Sciences*. 2020; 10: 1682. DOI: 10.3389/fpls.2019.01682.

27. Kumar S., You F. M., Duguid S., et al. QTL for fatty acid composition and yield in linseed (*Linum usitatissimum* L.). *Theoretical and Applied Genetics.* 2015; 128 (5): 965–984. DOI: 10.1007/s00122-015-2483-3.

Authors' information:

Taras A. Bazanov, candidate of chemical science, head of the laboratory of the molecular-genetic researches and cell selection, leading researcher, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russia; ORCID 0000-0001-9544-5528, AuthorID 166977. *E-mail: t.bazanov@fnclk.ru*

Igor V. Ushchapovskiy, candidate of biological science, leading researcher of the laboratory of the molecular-genetic researches and cell selection, deputy director for science, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russia; ORCID 0000-0002-0602-1211, AuthorID 103288. *E-mail: i.uschapovsky@fnclk.ru*

Natalya N. Loginova, researcher of the laboratory of the molecular-genetic researches and cell selection, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russia; ORCID 0000-0003-4633-392X, AuthorID 1099174. *E-mail: n.loginova@fnclk.ru*

Ekaterina V. Minina, postgraduate, junior researcher of the laboratory of the molecular-genetic researches and cell selection, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russia; ORCID 0000-0001-6559-9577, AuthorID 1060911. *E-mail: ev.smirnova@fnclk.ru*

Polina D. Veresova, junior researcher of the laboratory of the molecular-genetic researches and cell selection, Federal Research Center for Bast Fiber Crops, Tver, Russia; ORCID 0000-0001-7797-2578, AuthorID 1062261. *E-mail: p.mikhaylova@fnclk.ru*

Guangwen Wu, doctor of agricultural science, leading researcher, Institute of Industrial Crops, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, China; ORCID 0000-0002-7068-655X. *E-mail: wuguangwenflax@haas.cn*