

---

Научная статья/Research Article

УДК 581.19:631.52:633.112.1

DOI: 10.36718/1819-4036-2022-12-32-41

Анна Валерьевна Любимова<sup>1✉</sup>, Дмитрий Иванович Еремин<sup>2</sup>, Дарья Алексеевна Кочнева<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Северного Зауралья – филиал Тюменского научного центра СО РАН, п. Московский, Тюменский район, Тюменская область, Россия

<sup>1</sup>ostapenkoav88@yandex.ru

<sup>2</sup>soil-tyumen@yandex.ru

<sup>3</sup>gnu\_niicx@mail.ru

## ИЗМЕНЕНИЕ ПОКАЗАТЕЛЕЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОПУЛЯЦИИ СОРТОВ ОВСА, ВОЗДЕЛЫВАЕМЫХ В ТЮМЕНСКОЙ ОБЛАСТИ, ЗА 90-ЛЕТНИЙ ПЕРИОД

*Изучение показателей генетической структуры популяции и их изменений с течением времени важно для повышения эффективности селекционного процесса и грамотного управления развитием популяций сортов. Высокую эффективность в таких исследованиях показали проламин-кодирующие локусы. Целью исследований была оценка изменений во времени показателей генетической структуры популяций сортов овса посевного, включенных в Государственный реестр селекционных достижений по Тюменской области, с 1929 по 2021 г. с использованием множественных аллелей авенин-кодирующих локусов. Материалом для исследования послужили 19 сортов овса посевного. По локусу Avn A выявлено 8 различных аллелей, по локусу Avn B – 7 и по локусу Avn C – 6. В исследованных группах сортов по локусу Avn A максимальную частоту встречаемости имели аллели A2 и A11, по локусу Avn B – B8 и B4, а по локусу Avn C – C2 и Cnew. Аллельные варианты A1, A5, Anew, B1, Bnew1, Bnew2 и C1 имели низкую частоту встречаемости и элиминировались из популяции в течение нескольких десятков лет. Наиболее стабильные во времени значения внутривидового разнообразия и доли редких морф характерны для локуса Avn A. Значение внутривидового разнообразия по локусам Avn B и Avn C волнообразно изменялось, при этом периоды снижения величины данного показателя по одному из локусов сопровождалось его повышением по другому. Внутривидовое разнообразие сортов овса в настоящее время характеризуется как высокое. Показатель доли редких морф имеет низкое значение (0,04–0,09), что указывает на стабильность анализируемой популяции. Аллели локусов Avn B и Avn C перспективны для изучения в качестве маркеров ассоциаций генов, определяющих адаптивно-значимые признаки, а локуса Avn B – хозяйственно ценные признаки в условиях Тюменской области.*

**Ключевые слова:** овес, электрофорез, авенин, проламин-кодирующие локусы, генетическое разнообразие, доля редких морф, генетическая структура популяции, генетическая эрозия, маркер-ориентированная селекция

**Для цитирования:** Любимова А.В., Еремин Д.И., Кочнева Д.А. Изменение показателей генетической структуры популяции сортов овса, возделываемых в Тюменской области, за 90-летний период // Вестник КрасГАУ. 2022. № 12. С. 32–41. DOI: 10.36718/1819-4036-2022-12-32-41.

**Благодарности:** работа выполнена по госзаданию № 122011300103-0 и при поддержке Западно-Сибирского межрегионального научно-образовательного центра мирового уровня.

Anna Valerievna Lyubimova<sup>1✉</sup>, Dmitry Ivanovich Eremin<sup>2</sup>, Daria Alekseevna Kochneva<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Research Institute of Agriculture of the Northern Trans-Urals – branch of the Tyumen Scientific Center of the Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Moskovsky, Tyumensky District, Tyumen Region, Russia

<sup>1</sup>ostapenkoav88@yandex.ru

<sup>2</sup>soil-tyumen@yandex.ru

<sup>3</sup>gnu\_niicx@mail.ru

## CHANGES IN INDICATORS OF THE OAT VARIETIES POPULATION GENETIC STRUCTURE CULTIVATED IN THE TYUMEN REGION OVER A 90-YEAR PERIOD

*The study of indicators of the genetic structure of the population and their changes over time is important for improving the efficiency of the breeding process and competent management of the development of populations of varieties. High efficiency in such studies was shown by prolamin-coding loci. The aim of research was to assess changes over time in the indicators of the genetic structure of the populations of oat varieties included in the State Register of Breeding Achievements in the Tyumen Region from 1929 to 2021 using multiple alleles of avenin-coding loci. The material for the study was 19 varieties of oats. Eight different alleles were identified for the Avn A locus, 7 for the Avn B locus, and 6 for the Avn C locus. C2 and Cnew. Allelic variants A1, A5, Anew, B1, Bnew1, Bnew2 and C1 had a low frequency of occurrence and were eliminated from the population within several decades. The most stable values of intrapopulation diversity and the proportion of rare morphs over time are typical for the Avn A locus. The value of intrapopulation diversity at the Avn B and Avn C loci changed in waves, while periods of a decrease in the value of this indicator for one of the loci were accompanied by its increase for another. The intrapopulation diversity of oat varieties is currently characterized as high. The indicator of the proportion of rare morphs has a low value (0.04–0.09), which indicates the stability of the analyzed population. The alleles of the Avn B and Avn C loci are promising for study as markers of gene associations that determine adaptively significant traits, and the Avn B locus is economically valuable traits in the conditions of the Tyumen Region.*

**Keywords:** oats, electrophoresis, avenin, prolamin-coding loci, genetic diversity, proportion of rare morphs, population genetic structure, genetic erosion, marker-based selection

**For citation:** Lyubimova A.V., Eremin D.I., Kochneva D.A. Changes in indicators of the oat varieties population genetic structure cultivated in the Tyumen Region over a 90-year period // Bulliten KrasSAU. 2022;(12): 32–41. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2022-12-32-41.

**Acknowledgments:** the work has been carried out according to the state task No. 122011300103-0 and with the support of the West Siberian Interregional Scientific and Educational Center of the World Level.

**Введение.** Овес (*Avena sativa* L.) – культура азиатского происхождения, используемая для производства продуктов питания человека, а также на корм животным [1, 2]. В отличие от других зерновых культур овес не требователен к почвенному плодородию и способен формировать высокие урожаи даже в условиях пониженных температур. Это делает его культурой, наиболее перспективной для возделывания в условиях Западной Сибири. С начала XX в. в Государственный реестр селекционных достижений по Тюменской области было включено 19 сортов посевного овса, из них 6 – сорта селекции НИИСХ Северного Зауралья (филиал ТюмНЦ СО РАН). Селекционная работа с этой культурой в регионе направлена на создание

сортов интенсивного типа, характеризующихся высокой урожайностью, качеством зерна, скороспелостью и устойчивостью к неблагоприятным факторам среды.

Однако активная селекционная работа может привести к снижению генетического разнообразия вида [3, 4]. Для повышения эффективности селекции и грамотного управления развитием популяций сортов важно понимание процессов, протекающих в этих популяциях, что требует изучения их генетической структуры и ее изменений с течением времени. К наиболее часто анализируемым показателям относятся внутривидовое разнообразие ( $\mu$ ), доля редких морф ( $h$ ) и среднее генное разнообразие ( $\bar{H}$ ). Вычисление этих показателей позволяет

оценить разнообразие популяций по полиморфному признаку, варьирование распределения частот морф в популяции в пределах ареала и во времени; выявить отличия популяций по такому распределению и т.п. [5]. Для этой цели используются различные системы, основанные на методах молекулярно-генетического и биохимического маркирования [6, 7]. Высокую эффективность в оценке генетики и структуры популяций сортов овса показали авенин-кодирующие локусы. Авенины – высокополиморфные запасные спирторастворимые белки зерна, синтез которых контролируется тремя независимыми кластерами генов. На основе данных о частоте встречаемости аллелей авенин-кодирующих локусов проводится оценка изменений, происходящих в популяции сортов, в том числе динамики внутривидового и внутривидового

разнообразия и процессов генетической эрозии вида [8].

**Цель исследований** – оценка изменений во времени показателей генетической структуры популяций сортов овса посевного, включенных в Государственный реестр селекционных достижений по Тюменской области, с использованием множественных аллелей авенин-кодирующих локусов с 1929 по 2021 г.

**Материалы и методы.** Исследования проводили на базе лаборатории геномных исследований в растениеводстве Тюменского научного центра СО РАН в 2022 году. Материалом для изучения послужили сорта овса посевного, включенные в Государственный реестр селекционных достижений по Тюменской области, в период с 1929 по 2021 гг. (табл. 1).

Таблица 1

## Проанализированные сорта овса посевного

Сорт	Происхождение	Год районирования	Год снятия с районирования	Формула авенина
Победа	Швеция	1929	1963	<i>Avn 2+11.8.new</i>
Золотой дождь	Швеция	1929	1976	<i>Avn 2.8.2+new</i>
Орел	Швеция	1939	1982	<i>Avn 11.8.2+new</i>
Ударник У-883	Красноярский край, РФ	1957	1960	<i>Avn 9.new1.3</i>
Нидар	Норвегия	1957	1963	<i>Avn 2.8.2</i>
Северянин	Архангельская обл., РФ	1966	1974	<i>Avn 9+new.new1+new2.3</i>
Скороспелый	Кировская обл., РФ	1974	1981	<i>Avn new.new2.3</i>
Нарымский 943	Томская обл., РФ	1975	1996	<i>Avn 5+2.1+4.1+2</i>
Таежник	Томская обл., РФ	1977	2001	<i>Avn 2+1.8.2</i>
Астор	Нидерланды	1978	2000	<i>Avn 2.4.2</i>
Сельма	Швеция	1981	1993	<i>Avn 4.4+1.2</i>
Перона	Нидерланды	1985	2018	<i>Avn 11.4.2</i>
Мегион	Тюменская обл., РФ	1993	–	<i>Avn 2+9.7.5</i>
Новосибирский 88	Новосибирская обл., РФ	1994	2004	<i>Avn 2.4.2</i>
Тюменский голозерный	Тюменская обл., РФ	2000	–	<i>Avn 2.7.3</i>
Талисман	Тюменская обл., РФ	2002	–	<i>Avn 11.4.2</i>
Отрада	Тюменская обл., РФ	2014	–	<i>Avn 10+11.4.8</i>
Фома	Тюменская обл., РФ	2015	–	<i>Avn 11.11.8</i>
Тобояк	Тюменская обл., РФ	2020	–	<i>Avn 4.8.2</i>

Биохимические формулы авенина, представленные в таблице 1, описаны нами в работе [8], уточнены и дополнены в процессе идентификации новых блоков компонентов проламинов [9]. Аллели авенин-кодирующих локусов определяли в соответствии с каталогом, разработанным В.А. Портянко [10], с дополнениями А.В. Любимовой [9]. В случае, если найденный вариант блока отсутствовал в каталоге, его обозначали пометкой «new».

Для того чтобы оценить динамику изменений показателей структуры популяции во времени, все сорта были разделены на группы. В одну группу объединяли сорта, возделываемые в один и тот же десятилетний период времени.

Генное разнообразие на локус (H) рассчитывали по формуле

$$H = \frac{n}{n-1} \times \left(1 - \sum_{i=1}^k p_i^2\right), \quad (1)$$

где  $p_i$  – популяционная частота  $i$ -го аллеля;  $k$  – количество аллелей локуса;  $n$  – объем выборки [11]. Для расчета среднего генного разнообразия ( $\bar{H}$ ) усредняли количество аллелей на локус по всем локусам.

Показатели внутривидового разнообразия ( $\mu$ ) и доли редких морф ( $h$ ) рассчитывали по формулам:

$$\mu = (\sqrt{p_1} + \sqrt{p_2} + \sqrt{p_3} + \dots + \sqrt{p_m})^2, \quad (2)$$

$$h = 1 - \frac{\mu}{m}, \quad (3)$$

где  $p_1, p_2, \dots, p_m$  – частоты аллелей в долях от единицы;  $m$  – число вариаций признака, выделенных в данной выборке [12].

Расчеты проводили с использованием программы Arlequin Ver 3.5.2.2 (Copyright 2015 L. Excoffier. CPMG, University of Berne) и в MS Excel.

**Результаты и их обсуждение.** В результате исследований установлено, что из 19 проанализированных сортов 9 были гетерогенными по компонентному составу авенина и состояли из двух биотипов: Победа, Золотой дождь, Орел, Северянин, Нарымский 943, Таежник, Сельма, Мегион и Отрада. При расчете показателей генетической структуры популяций каждый обнаруженный биотип рассматривался как отдель-

ный образец. Таким образом, всего было проанализировано 28 образцов.

Ряд из исследованных образцов имели идентичные спектры авенина: Победа (I биотип) и Золотой дождь (II биотип); Победа (II биотип) и Орел (II биотип); Золотой дождь (I биотип), Нидар и Таежник; Северянин (II биотип) и Скороспелый; Нарымский 943 (II биотип), Астор и Новосибирский 88; Перона и Талисман (см. табл. 1). К совпадению электрофоретических спектров приводит множество факторов – от общности происхождения, как в случае с сортами Победа, Золотой дождь и Орел, выведенными из сорта овса Milton (=Propsteier), до отбора в процессе селекции генотипов, характеризующихся определенными адаптивными генными комплексами и маркирующими их аллелями авенин-кодирующих локусов [8].

Установлено, что по локусу *Avn A* в сортах овса посевного встречалось 8 различных аллелей, по локусу *Avn B* – 7 и по локусу *Avn C* – 6. Как видно из рисунка 1, частота встречаемости аллелей авенин-кодирующих локусов в популяциях сортов изменялась с течением времени. При этом за все годы по локусу *Avn A* максимальную частоту встречаемости имели аллели *A2* и *A11*, по локусу *Avn B* – *B8* и *B4*, а по локусу *Avn C* – *C2* и *Cnew*. По нашему мнению, такие аллели могут выступать в качестве маркеров ассоциаций генов, имеющих высокую хозяйственную или адаптивную ценность для данного региона. Кроме того, по каждому из локусов были выявлены аллели, имеющие относительно низкую частоту встречаемости и элиминировавшиеся из популяции в течение нескольких десятков лет. К такому можно отнести варианты *A1*, *A5*, *Anew*, *B1*, *Bnew1*, *Bnew2* и *C1*. В наших предыдущих исследованиях установлено, что смена одних аллелей АКЛ другими связана с процессом сортосмены и, в частности, замены сортов иностранного происхождения на сорта российской, а затем и региональной селекции [8]. При этом источником «новых» аллелей становится генетически отличающийся исходный материал, вовлекаемый в селекционный процесс.

От частоты встречаемости и разнообразия аллелей зависят такие показатели структуры популяции, как внутривидовое разнообразие ( $\mu$ ) и доля редких морф ( $h$ ) (табл. 2).

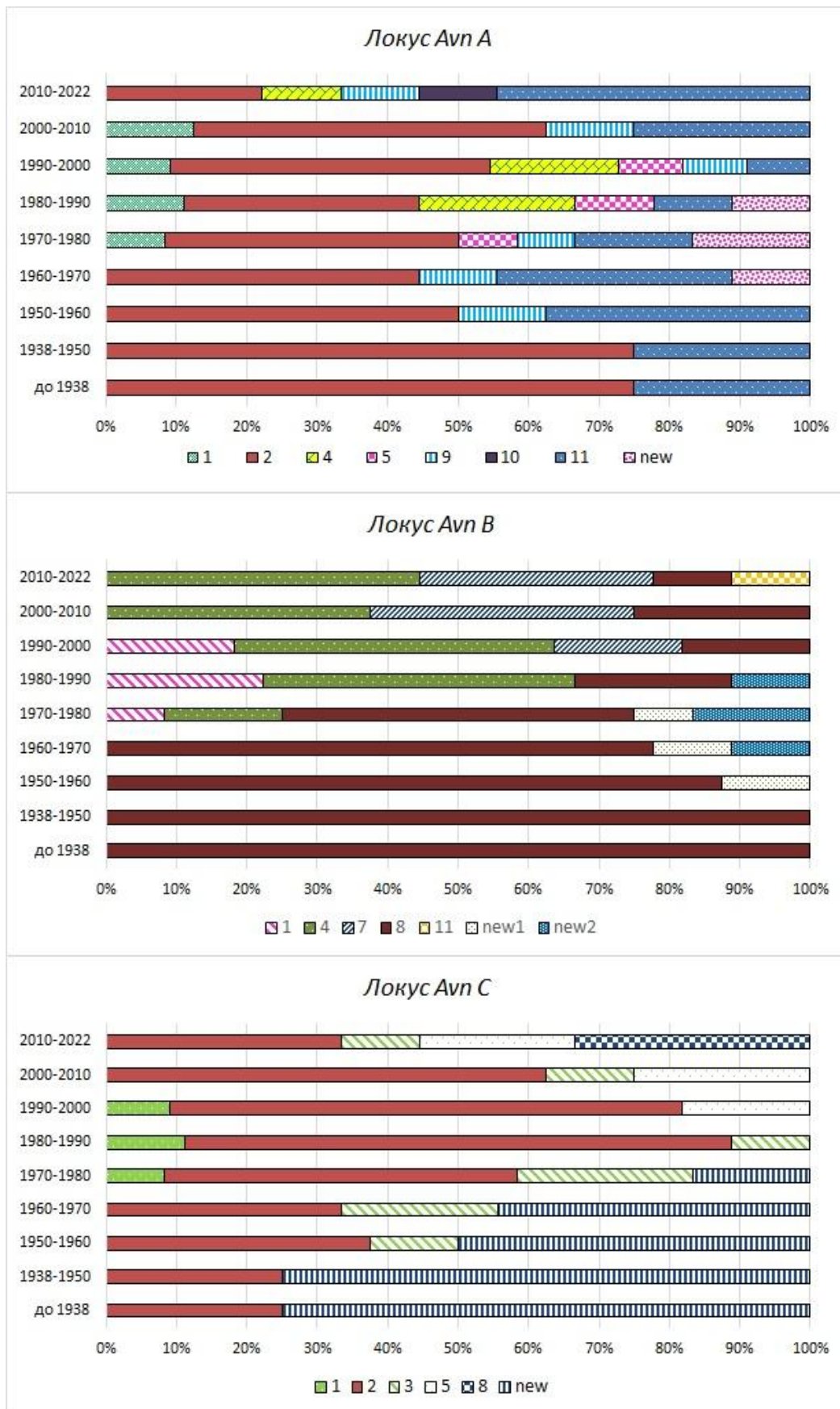


Рис. 1. Частота встречаемости аллелей авенин-кодирующих локусов у сортов овса посевного, возделываемых в Тюменской области, в период с 1929 по 2021 г., %

**Генное разнообразие (H), внутрипопуляционное разнообразие ( $\mu$ )  
и доля редких морф (h) в популяциях исследованных сортов овса посевного**

Период возделывания, годы	Генное разнообразие H	Число вариаций признака в выборке m	Внутрипопуляционное разнообразие $\mu$	Доля редких морф h	Период возделывания, годы	Генное разнообразие H	Число вариаций признака в выборке m	Внутрипопуляционное разнообразие $\mu$	Доля редких морф h
До 1938	0,50	2	1,87±0,250	0,07	До 1938	0,00	1	1,00±0,000	0,00
1938–1950	0,50	2	1,87±0,250	0,07	1938–1950	0,00	1	1,00±0,000	0,00
1950–1960	0,68	3	2,80±0,265	0,07	1950–1960	0,25	2	1,66±0,265	0,17
1960–1970	0,75	4	3,65±0,376	0,09	1960–1970	0,41	3	2,40±0,400	0,20
1970–1980	0,81	6	5,42±0,512	0,10	1970–1980	0,74	5	4,41±0,464	0,12
1980–1990	0,88	6	5,67±0,453	0,05	1980–1990	0,77	4	3,77±0,308	0,06
1990–2000	0,80	6	5,32±0,573	0,11	1990–2000	0,76	4	3,82±0,253	0,05
2000–2010	0,75	4	3,66±0,392	0,08	2000–2010	0,75	3	2,97±0,097	0,01
2010–2022	0,80	5	4,57±0,467	0,09	2010–2022	0,75	4	3,65±0,367	0,09
	Локус <i>Avn C</i>					Среднее генное разнообразие $\bar{H}$			
До 1938	0,50	2	1,87±0,250	0,07	До 1938	0,333			
1938–1950	0,50	2	1,87±0,250	0,07	1938–1950	0,333			
1950–1960	0,67	3	2,80±0,265	0,07	1950–1960	0,535			
1960–1970	0,72	3	2,94±0,137	0,02	1960–1970	0,629			
1970–1980	0,71	4	3,63±0,336	0,09	1970–1980	0,757			
1980–1990	0,41	3	2,40±0,400	0,20	1980–1990	0,694			
1990–2000	0,47	3	2,50±0,337	0,17	1990–2000	0,678			
2000–2010	0,60	3	2,70±0,317	0,10	2000–2010	0,702			
2010–2022	0,80	4	3,84±0,262	0,04	2010–2022	0,782			

Внутрипопуляционное разнообразие ( $\mu$ ) – это показатель, позволяющий оценить степень разнокачественности особей в популяции в единицах «число морф». Чем равномернее распределение аллелей в популяции, тем ближе  $\mu$  к общему числу вариаций признака в выборке (m). При одинаковой частоте всех признаков  $\mu$  будет равно m. Так как число выявленных аллелей в группах сортов, возделываемых в разные периоды, отличалось, чтобы нагляднее оценить изме-

нения внутрипопуляционного разнообразия во времени, его значения были пересчитаны нами в процентном отношении от общего числа вариаций признака в выборке. Это позволило сравнить значения  $\mu$  в разных группах сортов. На основе показателя  $\mu$  рассчитывали показатель доли редких морф (h), по которому можно судить о стабильности анализируемой популяции. По полученным данным были построены графики, представленные на рисунке 2.

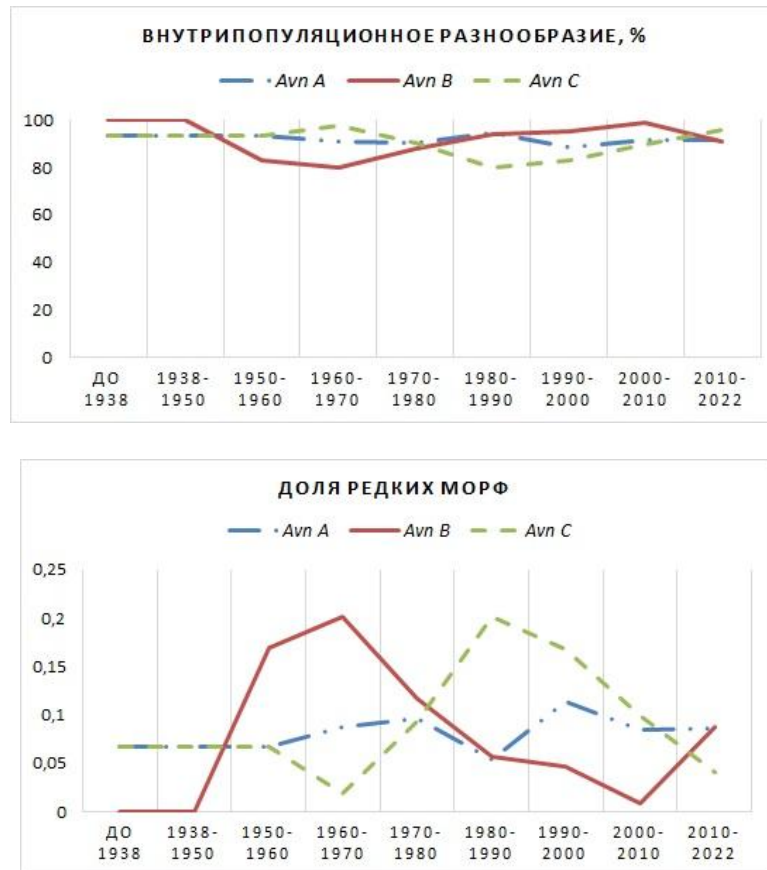


Рис. 2. Внутрипопуляционное разнообразие ( $\mu$ ), % и доля редких морф ( $h$ ) в популяции сортов овса посевного с 1929 по 2021 г.

Как видно из рисунка 2 и таблицы 2, наиболее стабильные во времени значения  $\mu$  и  $h$  для популяций характерны по локусу *Avn A*. Это связано с тем, что во всех проанализированных группах сортов, независимо от происхождения и периода возделывания, преобладали два аллеля по данному локусу – *A2* и *A11*. Вероятно, эти два аллельных варианта сцеплены с генами или генными ассоциациями, дающими особые преимущества несущим их генотипам в условиях Тюменской области. Так как данные аллели характерны не только для сортов местной селекции, но и образцов иностранного происхождения, по нашему мнению, их встречаемость в большей степени связана с маркированием хозяйственно ценных, а не адаптивно-значимых признаков. При этом значения генного разнообразия ( $H$ ) по локусу *Avn A* во многих группах сортов имеют более высокие значения, чем по локусам *Avn B* и *Avn C*. Это связано с тем, что в изученных популяциях данный локус характеризуется максимальным разнообразием выявленных аллелей, многие из которых имеют частоту встречаемости не более 12 % и в процессе сортосмены элиминируются из популяции. Многие авторы отме-

чают снижение величины среднего генного разнообразия в популяциях современных сортов и связывают это с введением в селекционный процесс одних и тех же генотипов [13, 14]. Величина этого показателя у популяций сортов мягкой пшеницы европейской селекции составляет 0,62–0,76 [15], украинской селекции – 0,5–0,6 [16], а для сортов твердой пшеницы – 0,42–0,64 [13].

Показатель внутрипопуляционного разнообразия по локусам *Avn B* и *Avn C* в исследуемый период времени волнообразно изменялся. Например, по локусу *Avn B* отмечено его снижение со 100,0 до 79,9 % (от величины  $m$ ) в 1929–1970 гг., а затем возрастание до 99,1 % к 2010 г. Такие же изменения отмечены и для локуса *Avn C*. Периоды снижения величины  $\mu$  по одному из этих локусов сопровождаются его повышением по другому. Например, с 1960 по 1990 г. отмечается снижение внутрипопуляционного разнообразия по локусу *Avn C*, но одновременное его повышение по локусу *Avn B*. При этом низким значениям внутрипопуляционного разнообразия всегда соответствуют высокие значения доли редких морф. И.Е. Трофимов (2008) отмечает,

что значение  $h$  возрастает в неблагоприятных условиях при снижении генотипического разнообразия. Частое проявление редких признаков в популяции является отражением ее адаптивных способностей к неблагоприятным условиям среды [17]. Это подтверждают П.Ю. Волкова, С.А. Гераськин (2012), выявившие возрастание биохимического полиморфизма в популяциях сосны обыкновенной, подвергшейся хроническому облучению, а также Е.В. Ульянова и В.Н. Позолотина (2006), оценившие редкие фены в ценопопуляциях одуванчика. Причина данного явления в том, что в результате сильного влияния отрицательных факторов на популяцию происходит гибель наиболее чувствительных особей. Это ведет к снижению внутривидового разнообразия. При этом происходит увеличение генетической изменчивости, что является реакцией популяции на стрессовые воздействия [18, 19]. Выявленные нами изменения величин  $\mu$  и  $h$  хорошо согласуются с этим утверждением. Вероятно, аллели локусов *Avn B* и *Avn C* маркируют ассоциации генов, определяющие адаптивно-значимые признаки генотипов. При этом в разные периоды времени важность этих ассоциаций для отбора генотипов в селекционном процессе меняется.

В целом внутривидовое разнообразие по всем трем авенин-кодирующим локусам в настоящее время можно охарактеризовать как высокое. Показатель доли редких морф имеет низкое значение (0,04–0,09), что свидетельствует о стабильности популяции сортов, возделываемых в Тюменской области. Значение среднего генетического разнообразия ( $\bar{H}$ ), начиная с 1970-х гг., характеризуется как высокое, и с 1980 г. по настоящее время его величина возрастает. Это свидетельствует об отсутствии генетической эрозии в популяции сортов овса, возделываемых в Тюменской области.

### Заключение

1. Наиболее стабильные во времени значения внутривидового разнообразия и доли редких морф для популяций характерны по локусу *Avn A*. Показатель внутривидового разнообразия по локусам *Avn B* и *Avn C* в период с 1929 по 2021 г. волнообразно изменялся, при этом периоды снижения величины  $\mu$  по одному из этих локусов сопровождаются его повышением по другому локусу.

2. Внутривидовое разнообразие районированных сортов овса в настоящее время характеризуется как высокое, а показатель доли

редких морф имеет низкое значение (0,04–0,09), что свидетельствует о стабильности популяции. Среднее генное разнообразие с 1980 г. по настоящее время возрастает и оценивается как высокое.

3. Аллели локусов *Avn B* и *Avn C* перспективны для изучения в качестве маркеров ассоциаций генов, определяющих адаптивно-значимые, а локуса *Avn B* – хозяйственно ценные признаки генотипов в условиях Тюменской области.

### Список источников

1. Translating insights from the seed metabolome into improved prediction for lipid composition traits in oat (*Avena sativa* L.) / M.T. Campbell [et al.] // Genetics. 2021. 217(3). DOI: 10.1093/genetics/iyaa043.
2. Nutritional and functional characterization of different oat (*Avena sativa* L.) cultivars / M.S. Ibrahim [et al.] // International Journal of Food Properties. 2020. 23(1). P. 1373–1385. DOI: 10.1080/10942912.2020.1806297.
3. Genetic diversity of gliadin-coding alleles in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) from Northern Kazakhstan / M. Utebayev [et al.] // PeerJ. 2019. DOI: 10.7717/peerj.7082.
4. Генетическое разнообразие современных российских сортов яровой и озимой твердой пшеницы по глиадинкодирующим локусам / А.М. Кудрявцев [и др.] // Генетика. 2014. Т. 50, № 5. С. 554–559.
5. Чертов Н.В. Анализ генетического разнообразия посадок дуба черешчатого (*Quercus robur* L.) на основании полиморфизма ISSR-маркеров // Фундаментальные и прикладные исследования в биологии и экологии: мат-лы регион. студ. науч. конф. с междунар. участием / Перм. гос. нац. исследовательский ун-т. Пермь, 2018. С. 43–46.
6. SSR marker-based DNA fingerprinting of Sub1 introgressed lines in the background of traditional rice varieties of Assam India / A. Gautam [et al.] // Indian Journal of Biochemistry and Biophysics. Vol. 59 (3). March 2022. P. 350–356.
7. Спектры проламинов в агроэкологической оценке коллекционного материала ячменя / Н.В. Зобова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. 2018. № 32 (5). С. 45–47. DOI: 10.24411/0235-2451-2018-10511.
8. Динамика генетического разнообразия сортов овса в Тюменской области по авенин-кодирующим локусам / А.В. Любимова [и др.] // Вавиловский журнал генетики и се-



- лекции. 2020. Т. 24 (2). С. 123–130. DOI: 10.18699/VJ20.607.
9. Любимова А.В. Изучение характера наследования компонентов авенина у гибридов F<sub>2</sub> от скрещивания овса посевного сибирской селекции // Аграрный вестник Урала. 2022. № 02 (217). С. 48–59. DOI: 10.32417/1997-4868-2022-217-02-48-59.
  10. Генетический контроль авенинов и принципы их классификации / В.А. Портянко [и др.] // Генетика. 1987. Т. 23, № 5. С. 845–853.
  11. Nei M., Li W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases // Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1979, Vol. 76. P. 5269–5273.
  12. Биометрия / Н.В. Глотов [и др.]. Л.: Ленинград. гос. ун-т им. А.С. Пушкина, 1982. 263 с.
  13. Генетическое разнообразие современных российских сортов яровой и озимой твердой пшеницы по глиадинкодирующим локусам / А.М. Кудрявцев [и др.] // Генетика. 2014. Т. 50, № 5. С. 554. DOI: 10.7868/S0016675814050099.
  14. Lyalina E.V., Boldyrev S.V., Pomortsev A.A. Current state of the genetic polymorphism in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) from Russia assessed by the alleles of hordein-coding loci // Russian Journal of Genetics. 2016. Vol. 52, № 6. P. 565–577. DOI: 10.1134/S1022795416060077.
  15. Сравнительный анализ динамики генетического разнообразия по глиадинкодирующим локусам среди сортов озимой мягкой пшеницы *Triticum aestivum* L., созданных за 40-летний период научной селекции в Сербии и Италии / А.Ю. Новосельская-Драгович [и др.] // Генетика. 2007. Т. 43, № 11. С. 1478–1485.
  16. Анализ генотипов сортов озимой мягкой пшеницы ННЦ «Институт земледелия НАН» по аллелям локусов запасных белков / Е.В. Заика [и др.] // Вестник Белорусской государственной сельскохозяйственной академии. 2014. № 4. С. 53–57.
  17. Трофимов И.Е. Некоторые результаты популяционно-фенетического анализа *Nicrophorus vespillo* (Coleoptera, Silphidae) из калужского городского бора // Зоологический журнал. 2008. № 87 (6). С. 658–664.
  18. Волкова П.Ю., Гераськин С.А. Анализ полиморфизма супероксиддисмутазы в хронически облучаемых популяциях сосны обыкновенной // Радиационная биология. Радиозология. 2012. Т. 52, № 4. С. 370.
  19. Ульянова Е.В., Позолотина В.Н. Клональное разнообразие и редкие фены в ценопопуляциях *Taraxacum officinale* S. L. из зоны Восточно-Уральского радиоактивного следа // Доклады Академии наук. 2006. Т. 406, № 5. С. 715–717.

### References

1. Translating insights from the seed metabolome into improved prediction for lipid-composition traits in oat (*Avena sativa* L.) / M.T. Campbell [et al.] // Genetics. 2021. 217(3). DOI: 10.1093/genetics/iyaa043.
2. Nutritional and functional characterization of different oat (*Avena sativa* L.) cultivars / M.S. Ibrahim [et al.] // International Journal of Food Properties. 2020. 23(1). P. 1373–1385. DOI: 10.1080/10942912.2020.1806297.
3. Genetic diversity of gliadin-coding alleles in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) from Northern Kazakhstan / M. Utebayev [et al.] // PeerJ. 2019. DOI: 10.7717/peerj.7082.
4. Geneticheskoe raznoobrazie sovremennyh rossijskih sortov yarovoj i ozimoj tverdoj pshenicy po gliadinkodiruyuschim lokusam / A.M. Kudryavcev [i dr.] // Genetika. 2014. Т. 50, № 5. S. 554–559.
5. Chertov N.V. Analiz geneticheskogo raznoobraziya posadok duba chereschatogo (*Quercus robur* L.) na osnovanii polimorfizma ISSR-markerov // Fundamental'nye i prikladnye issledovaniya v biologii i `ekologii: mat-ly region. stud. nauch. konf. s mezhdunar. uchastiem / Perm. gos. nac. issledovatel'skij un-t. Perm', 2018. S. 43–46.
6. SSR marker-based DNA fingerprinting of Sub1 introgressed lines in the background of traditional rice varieties of Assam India / A. Gautam [et al.] // Indian Journal of Biochemistry and Biophysics. Vol. 59 (3). March 2022. P. 350–356.
7. Spektry prolaminov v agro`ekologicheskoy ocenke kollekcionnogo materiala yachmenya / N.V. Zobova [i dr.] // Dostizheniya nauki i tehniki APK. 2018. № 32 (5). S. 45–47. DOI: 10.24411/0235-2451-2018-10511.
8. Dinamika geneticheskogo raznoobraziya sortov ovsa v Tyumenskoj oblasti po avenin-kodiruyuschim lokusam / A.V. Lyubimova [i dr.] // Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii. 2020. Т. 24 (2). S. 123–130. DOI: 10.18699/VJ20.607.
9. Lyubimova A.V. Izuchenie haraktera nasledovaniya komponentov avenina u gibridov F<sub>2</sub> ot

- skreschivaniya ovsa posevnogo sibirskoj selekcii // Agrarnyj vestnik Urala. 2022. № 02 (217). S. 48–59. DOI: 10.32417/1997-4868-2022-217-02-48-59.
10. Geneticheskij kontrol' aveninov i principy ih klassifikacii / V.A. Portyanko [i dr.] // Genetika. 1987. T. 23, № 5. S. 845–853.
  11. Nei M., Li W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases // Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1979, Vol. 76. P. 5269–5273.
  12. Biometriya / N.V. Glotov [i dr.]. L.: Leningrad. gos. un-t im. A.S. Pushkina, 1982. 263 s.
  13. Geneticheskoe raznoobrazie sovremennyh rossijskih sortov yarovoj i ozimoj tvrdoj pshenicy po gliadinkodiruyuschim lokusam / A.M. Kudryavcev [i dr.] // Genetika. 2014. T. 50, № 5. S. 554. DOI: 10.7868/S0016675814050099.
  14. Lyalina E.V., Boldyrev S.V., Pomortsev A.A. Current state of the genetic polymorphism in spring barley (*Hordeum vulgare* L.) from Russia assessed by the alleles of hordein-coding loci // Russian Journal of Genetics. 2016. Vol. 52, № 6. P. 565–577. DOI: 10.1134/S1022795416060077.
  15. Sravnitel'nyj analiz dinamiki geneticheskogo raznoobrazija po gliadinkodiruyuschim lokusam sredi sortov ozimoj myagkoj pshenicy *Triticum aestivum* L., sozdannyh za 40-letnij period nauchnoj selekcii v Serbii i Italii / A.Yu. Novosel'skaya-Dragovich [i dr.] // Genetika. 2007. T. 43, № 11. S. 1478–1485.
  16. Analiz genotipov sortov ozimoj myagkoj pshenicy NNC «Institut zemledeliya NAAN» po allelyam lokusov zapasnyh belkov / E.V. Zaika [i dr.] // Vestnik Belorusskoj gosudarstvennoj sel'skohozyajstvennoj akademii. 2014. № 4. S. 53–57.
  17. Trofimov I.E. Nekotorye rezul'taty populyacionno-feneticheskogo analiza *Nicrophorus vespillo* (Coleoptera, Silphidae) iz kaluzhskogo gorodskogo bora // Zoologicheskij zhurnal. 2008. № 87 (6). S. 658–664.
  18. Volkova P.Yu., Geras'kin S.A. Analiz polimorfizma superoksidmutazy v hronicheski obluchaemyh populyacijah sosny obyknovenoj // Radiacionnaya biologiya. Radio`ekologiya. 2012. T. 52, № 4. S. 370.
  19. Ul'yanova E.V., Pozolotina V.N. Klonal'noe raznoobrazie i redkie feny v cenopopulyacijah *Taraxacum officinale* S. L. iz zony Vostochno-Ural'skogo radioaktivnogo sleda // Doklady Akademii nauk. 2006. T. 406, № 5. S. 715–717.

Статья принята к публикации 07.11.2022 / The article accepted for publication 07.11.2022.

Информация об авторах:

**Анна Валерьевна Любимова**<sup>1</sup>, заведующая лабораторией геномных исследований в растениеводстве, кандидат биологических наук

**Дмитрий Иванович Еремин**<sup>2</sup>, ведущий научный сотрудник лаборатории геномных исследований в растениеводстве, доктор биологических наук, доцент

**Дарья Алексеевна Кочнева**<sup>3</sup>, стажер-исследователь лаборатории геномных исследований в растениеводстве

Information about the authors:

**Anna Valerievna Lyubimova**<sup>1</sup>, Head of the Laboratory of Genomic Research in Crop Production, Candidate of Biological Sciences

**Dmitry Ivanovich Eremin**<sup>2</sup>, Leading Researcher, Laboratory of Genomic Research in Crop Production, Doctor of Biological Sciences, Associate Professor

**Daria Alekseevna Kochneva**<sup>3</sup>, Trainee Researcher at the Laboratory of Genomic Research in Crop Production