

ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ КЛАСТЕРИЗАЦИЯ СОРТООБРАЗЦОВ ЧЕЧЕВИЦЫ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SSR-МАРКЕРОВ

Т. В. Маракаева, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент кафедры агрономии, селекции и семеноводства, tv.marakaeva@omgau.org, ORCID ID: 0000-0001-9384-8112; Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Омский государственный аграрный университет им. П. А. Столыпина», 644008, г. Омск, ул. Институтская площадь, д. 1

Чечевица – важная сельскохозяйственная культура, которая широко применяется в различных сферах производства и играет важную роль в обеспечении устойчивого развития сельского хозяйства страны. Однако ограниченность генетического разнообразия создает существенные трудности для дальнейшего прогресса в её совершенствовании. В связи с этим для селекционеров становится важным определение уровня полиморфизма генотипов и характеристик, связанных с урожайностью. Это позволит расширить генетический потенциал и выбрать оптимальные родительские формы для программ гибридизации. Цель исследования – оценка генетического разнообразия среди генотипов крупносеменной чечевицы российской и иностранной селекции на основе SSR-маркеров. В ходе исследования изучены 40 коллекционных образцов чечевицы российской и зарубежной селекции. Молекулярно-генетическую характеристику проводили с помощью 33 микросателлитных маркеров (SSR), разработанных компанией ООО «Биолабмикс» (Россия). Из образцов выделялась геномная ДНК. Полученные ампликоны разделяли в 2%-м агарозном геле. В результате выявлено всего 157 полиморфных аллелей (N_a), что в среднем составляет 4,76 аллелей на один маркер. Наибольшее количество наблюдаемых аллелей (N_a) зафиксировано у SSR 90 (8), в то время как у SSR 96, SSR 130, SSR 204 и SSR 107 отмечено по три аллеля в каждом. Число эффективных аллелей (N_e) варьировало от 1,72 (SSR 48) до 6,32 (SSR 90). Наиболее информативными являлись маркеры SSR 113, SSR 119, SSR 124, SSR 156 и SSR 199, демонстрирующие высокое разрешение в выявлении молекулярно-генетического разнообразия среди генотипов чечевицы. Самым полиморфным оказался праймер SSR 90, с максимальным количеством аллелей (8). Построенная по методу UPGMA дендрограмма разделила все изученные генотипы на пять кластеров, характеризующихся не только генетической контрастностью, но и достоверными различиями по комплексу хозяйственно ценных признаков.

Ключевые слова: чечевица; *Lens culinaris*; сортобразец; генотипирование; SSR-маркеры; электрофореграмма; дендрограмма.

Для цитирования: Маракаева, Т. В. Генотипическая кластеризация сортобразцов чечевицы с использованием SSR-маркеров // Зерновое хозяйство России. 2026. Т. 18, №4. С. 38–44. DOI: 10.31367/2079-8725-2026-105-4-38-44.



GENOTYPIC CLUSTERING OF LENTIL VARIETY SAMPLES USING SSR-MARKERS

T.V. Marakaeva, Candidate of Agricultural Sciences, associate professor of the department of agronomy, breeding and seed production, tv.marakaeva@omgau.org, ORCID ID: 0000-0001-9384-8112
FSBEI HE “Omsk State Agrarian University named after P.A. Stolypin” (FSBEI HE Omsk SAU)
644008, Omsk region, Omsk, Institutskaya Sq., 1

Lentils are an important agricultural crop, widely used in various production sectors and playing a vital role in ensuring the sustainable development of the agriculture. However, limited genetic diversity poses significant challenges to further progress in its improvement. Therefore, it is becoming increasingly important for breeders to determine the level of polymorphism in genotypes and productivity-related traits. This will allow expanding their genetic potential and selecting optimal parental forms for hybridization programs. The purpose of the current study was to evaluate genetic diversity among large-seeded lentil genotypes of Russian and foreign breeding using SSR markers. There have been studied 40 collection lentil samples of Russian and foreign breeding. Molecular genetic characterization was performed using 33 microsatellite markers (SSR) developed by Biolabmix LLC (Russia). Genomic DNA was isolated from the samples. The resulting amplicons were separated on a 2% agarose gel. There were identified 157 polymorphic alleles (N_a), averaging 4,76 alleles per marker. The largest number of studied alleles (N_a) was recorded for SSR 90 (8), while each of SSR 96, SSR 130, SSR 204, and SSR 107 had three alleles. The number of effective alleles (N_e) ranged from 1,72 (SSR 48) to 6,32 (SSR 90). The most informative markers were SSR 113, SSR 119, SSR 124, SSR 156, and SSR 199, demonstrating high resolution in identifying molecular genetic diversity among lentil genotypes. Primer SSR 90 was the most polymorphic, with the largest number of alleles (8). A dendrogram constructed using the UPGMA method has divided all studied genotypes into five clusters characterized not only by genetic contrast but also by significant differences in a range of economically valuable traits.

Keywords: lentil; *Lens culinaris*; variety sample; genotyping; SSR-markers; electropherogram; dendrogram.

Введение. Чечевица (*Lens culinaris* Medik.) – популярная бобовая культура, выращиваемая практически на всех континентах мира. Это автогамная, диплоидная ($2n = 2X = 14$) культура с размером генома примерно 4 Гбп (Маракаева, 2025). Российская Федерация является одним из крупнейших в мире производителем бобовых. Чечевица в стране занимает почетное третье место после гороха и сои, с площадью посевов более 644,7 тысячи гектаров, валовым сбором – более 567,9 тысяч тонн и урожайностью 9,2 ц/га (Маракаева, 2025). Однако, из-за низкой конкурентоспособности, восприимчивости к болезням и плохой технологичности, сельхозтоваропроизводителям тяжело добиться истинного биологического потенциала, а соответственно, высокой урожайности культуры во многих регионах страны (Полунина, 2025). Повысить общий уровень производства возможно не только за счет увеличения посевных площадей культуры, а также совершенствованием сортов и внедрением подходящих агротехнических методов (Полунина, 2025).

Ключевым условием для любой программы улучшения сельскохозяйственных культур является генетическая изменчивость. Знание уровня генетического разнообразия и связей между признаками и урожайностью играет важную роль для селекционера, особенно при улучшении качественных характеристик, которые зачастую плохо реагируют на прямую селекцию. В современной селекции растений выбор подходящих и разнообразных родительских форм для гибридизации имеет решающее значение перед планированием мероприятий по улучшению урожая (Tripathi et al., 2022).

Для оценки генетического разнообразия используются различные методы. Их сравнение помогает получить дополнительные данные для программ улучшения и сохранения генетического потенциала.

Молекулярные маркеры – это мощные и точные инструменты, позволяющие выявлять вариации в генофонде сельскохозяйственных культур и изучать эволюционные связи. Они широко применяются для оценки генетической изменчивости как на уровне популяций, так и среди близкородственных видов. Для генетического анализа культурных растений применяются различные типы маркеров: полиморфизмы длин амплифицированных фрагментов (AFLP), полиморфизмы длин рестрикционных фрагментов (RFLP), однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) и простые повторяющиеся последовательности (SSR) (Sharma et al., 2022).

На сегодняшний день в исследованиях генотипических особенностей растений широко распространен метод SSR-анализа. Данный метод довольно точен и надежен благодаря применению микросателлитов, которые встречаются в геномах большинства эукариот. К тому же SSR-маркеры отличаются высокой информативностью, многоаллельностью и хорошей воспроизводимостью (Pawar et al., 2022).

Микросателлитные маркеры уже использовались в ряде исследований для характеристики генотипов чечевицы в некоторых странах: Непал (Yadav et al., 2016), Греция (Gleridou et al., 2022), Индия (Singh et

al. 2016, Sharma et al., 2022), Бангладеш (Pawar et al., 2022), Иран (Saidi et al., 2022). В данных исследованиях применение SSR маркеров позволило быстро и динамично оценить полиморфизм на уровне ДНК и проанализировать генетическую изменчивость коллекционных образцов.

Ввиду вышеизложенного, целью данного исследования была оценка генетического разнообразия среди генотипов тарелочной чечевицы российской и иностранной селекции на основе SSR-маркеров.

Материалы и методы исследований. Исследования проводили в научно-учебной лаборатории генетики зерновых культур Международного селекционно-генетического центра ФГБОУ ВО Омский ГАУ. Материал для исследования представлен 40 образцами тарелочной чечевицы российской и иностранной селекции (Канада, Германия, Турция, Греция, Молдова, Болгария, Казахстан).

Для проведения исследований отбирали листья свежесрезанных растений чечевицы (не более 100 мг) на тридцатый день после посева. Выделение геномной ДНК проведено по протоколу коммерческого набора D-Plants (ООО «Биолабмикс», Россия). Для контроля на спектрофотометре EZdrop (Китай) определяли степень очистки и концентрацию ДНК. При соотношении длин волн 260/280 ($1,8 \pm 0,1$) образцы считались чистыми.

Для амплификации фрагментов ДНК синтезированы 33 праймера (Биолабмикс, Россия).

ПЦР (полимеразную цепную реакцию) проводили на амплификаторе CFX96 (Real-time, Bio-Rad, США) с применением расширенного набора для ПЦР, содержащего HS-Taq (ООО «Биолабмикс»), в объеме 50 мкл готовой реакционной смеси. ПЦР-программа включала 2 минуты денатурации при температуре 95 °C, с последующими 30 циклами по 30 секунд при той же температуре. После этого следовал отжиг в течение 60 секунд при индивидуальной температуре для каждого праймера (51–56 °C), а затем 1 минута элонгации при 72 °C. Финальная элонгация проводилась при 72 °C в течение 7 минут. Амплифицированные продукты разделяли методом электрофореза в вертикальной электрофоретической камере VE.2 (Хеликон, Россия) в 2 % агарозном геле, окрашенном бромистым этидием. Полученные результаты документировали в системе с помощью системы Image Lab Software (Bio-Rad, США). Для определения размера ампликона применяли маркер молекулярной массы 50–1500 п.н. (Биолабмикс, Россия).

Идентификацию и измерение размеров аллелей микросателлитных локусов выполняли с помощью программы Image Lab версии 6.0.1. Standard Edition. Аллельное состояние каждого локуса определяли по длине амплифицированных фрагментов, выраженной в парах нуклеотидов (п.н.). Статистическую обработку данных осуществляли с помощью пакета программ POPGENE версии 1.32.

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

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

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

где Р – частота j паттерна для локуса i и суммирование распространяется на n паттернов.

Для дифференциации образцов тарелочной чечевицы по молекулярно-генетическим маркерам выполнен кластерный анализ с построением диаграммы методом UPGMA в программе Past версии 4.10.

Результаты и их обсуждение. Для оценки генетического разнообразия чечевицы и определения пригодности известных микросателлитов в создании исходного материала культуры нами валидировано 33 SSR-маркера на коллекции из 40 образцов (табл. 1).

Таблица 1. Перечень и описание SSR-маркеров, использованных для генотипирования чечевицы

Table 1. The list and description of SSR-markers used for lentil genotyping

SSR-маркер	Последовательность олигонуклеотидов		T _{отж} , °C	Длина ПЦР фрагментов, п.н
	Forward (5' - 3')	Reverse (3' - 5')		
SSR 19	GACTCATACTTTGTTCTTAGCAG	GAACGGAGCGGTACACATTAG	58	250
SSR 28	GAGGGCATAAATTCAGATTC	GGACAACGCACATTTGATG	53	383
SSR 33	CAAGCATGACGCCTATGAAG	CTTTCACCTCACTCAACTCTC	56	289
SSR 34-2	CGGCGGATGAAACTAAAG	CATTTCTTCACAAACCAAC	53	185
SSR 48	CATGGTGGAAATAGTGATGGC	CTCCATACACCACTCATTAC	57	165
SSR 66	GGTAGTGGTGAGGAATGAC	GCATCACTGCAACAGACC	55	253
SSR 72	CAAACAGTACAAGGAAAGGAG	CTGACTGAGCTGCTTGAAC	55	253
SSR 90	CCGTGTACACCCCTAC	CGTCTTAAAGAGAGTGACAC	55	181
SSR 96	GTTATCTTCCAGCGTC	GATATACAATCAGAGATG	49	210
SSR 99	GGGAATTTGTGGAGGGAAG	CCTCAGAATGTCCCTGTC	57	161
SSR 107	GCGGCGAGCAAATAAAT	GGAGAATAAGAGTGAAATG	51	161
SSR 113	CCGTAAGAATTAGGTGTC	GGAAAATAGGGTGGAAG	51	211
SSR 119	GAACCTCAGTTTCTCATTG	GAACATATCCAATTATCATC	49	266
SSR 124	GTATGTGACTGTATGCTTC	GCATTGCATTTCAAAACC	52	174
SSR 130	CCACGTATGTGACTGTATG	GAAAGAGAGGCTGAACTTG	55	196
SSR 156	GTACATTGAACAGCATCATC	CAAATGGGCATGAAAGGAG	53	176
SSR 167	CACATATGAAGATTGGTCAC	KATTTATGTTCTAKAKAKA	54	160
SSR 183	GCTCGCATTGGTGAAAC	CATATATAGCAGACCGTG	52	119
SSR 191	GCAAATTTCTTGGTCTACAC	GGGCACAGATTCTAAGG	53	238
SSR 197	CACCAATCACCAACACAC	GAGCTGTGAAGCTTATCTG	54	173
SSR 199	GTGTGCATGGTGTGTG	CCATCCCCCTCTATC	51	182
SSR 202	CAACCTCACTTACCTTAC	GCTCTTTATCATCATTCTAC	52	220
SSR 204	CACGACTATCCCACTTG	CTTACTTTCTTAGTGCTATTAC	53	186
SSR 207	GAGAGATACGTCAGAGTAG	GATTGTGCTTCGGTGGTTC	55	227
SSR 212-1	GACTCATTGTTGTACCC	GCGAGAAGAATGGTTG	50	181
SSR 213	CACTCGCACCTCTTATG	GAAATTGTCTCTTAGCAAG	51	151
SSR 230	CCAACAACAATTCACCATAC	AACATTGTACTGAGAGGTG	53	251
SSR 309-2	GTATGTCGTTAACTGTCGTG	GAGGAAGGAAGTATTCGTC	50	182
SSR 317-1	GTGGGTGTAATTATTGCTAC	GTATCAAACCTTATGGTGAAATC	53	308
SSR 317-2	CACGTAACATCTTGCTTATG	GTAGCAATAATTACACCCAC	53	120
SSR 323	AGTGACAACAAAATGTGAGT	GTACCTAGTTTCATCATTG	51	250
SSR 336	GTGTAACCCAACTGTTCC	GGCCGAGGTTGTAACAC	54	253

Для каждого коллекционного образца результаты электрофореза по всем изученным маркерам представлены электрофореграммой (рис. 1).

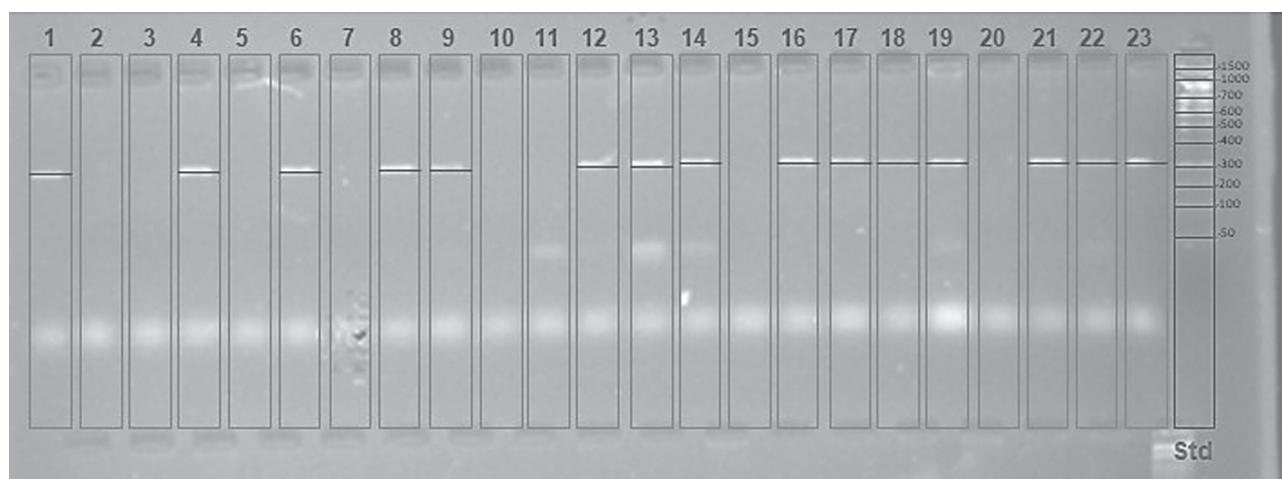


Рис. 1. Фрагмент электрофореграммы продуктов амплификации ДНК с использованием SSR 132RN

Fig. 1. Fragment of an electropherogram of DNA amplification products using SSR 132RN

Результаты электрофореграммы подтвердили, что каждая пара праймеров была специфически гибридизирована со своей целевой последовательностью. Эффект off-target не обнаружен. Таким образом, выбранные праймеры и температурные режимы обеспечивают высокую точность реакции.

На основании генотипического анализа

установлено, что все исследуемые маркеры выявили полиморфизм в пределах изученной коллекции образцов. Число аллелей (N_a) варьировало от 3 до 8, эффективное число аллелей (N_e) – от 1,72 до 6,32, индекс полиморфного информационного содержания (PIC) – от 0,35 до 2,24 (табл. 2).

Таблица 2. Информативность полиморфных SSR-локусов

Table 2. Information content of polymorphic SSR-loci

SSR-маркер	Количество выявленных аллелей (N_a)	Эффективное число аллелей (N_e)	Информационный полиморфизм (PIC)
SSR 34-2	4	2,45	0,58
SSR 66	4	2,50	0,58
SSR 90	8	6,32	0,83
SSR 132RN	4	2,98	0,65
SSR 191	4	2,63	0,59
SSR 197	5	2,96	0,63
SSR 207	4	2,67	0,63
SSR 230	4	2,79	0,63
SSR 33	5	3,11	0,62
SSR 19	7	3,14	0,63
SSR 48	4	1,72	0,77
SSR 96	3	2,35	0,59
SSR 99	6	2,44	0,62
SSR 107	3	2,46	0,58
SSR 113	7	4,48	0,99
SSR 119	4	2,48	1,00
SSR 124	4	2,82	1,17
SSR 130	3	2,17	0,53
SSR 156	6	3,32	1,91
SSR 167	4	2,44	0,58
SSR 199	5	3,48	2,24
SSR 204	3	2,38	0,57
SSR 212-1	4	2,41	0,59
SSR 213	5	3,23	0,66

Продолжение табл. 2

SSR 309-2	6	2,22	0,52
SSR 317-1	4	2,58	0,61
SSR 317-2	4	2,84	0,64
SSR 323	7	5,05	0,79
SSR 336	4	2,65	0,63
SSR 183	6	4,59	0,76
SSR 202	6	3,58	0,71
SSR 28	5	1,83	0,35
SSR 72	5	2,99	0,65
Среднее	4,76	2,97	0,75

Набор из 33 SSR-маркеров выявил 157 полиморфных аллелей (N_a) со средним числом 4,76 аллелей на маркер. Среди протестированных SSR-маркеров наибольшее число наблюдаемых аллелей (N_a) зафиксировано у SSR 90 (восемь аллелей), а наименьшее – SSR 96, SSR 130, SSR 204 и SSR 107 (по три аллеля в каждом). Наибольшее эффективное число аллелей (N_e) отмечено у SSR 90 – 6,32 аллелей,

а наименьшее – у SSR 48 – 1,72 аллели.

Для определения взаимосвязи между генотипами проведен кластерный анализ. Учитывая, что дендрограмма, построенная по методу UPGMA, разделила 40 генотипов тарелочной чечевицы на 5 отдельных кластеров, можно сделать вывод, что большинство образцов имеют общие родительские формы (рис. 2).

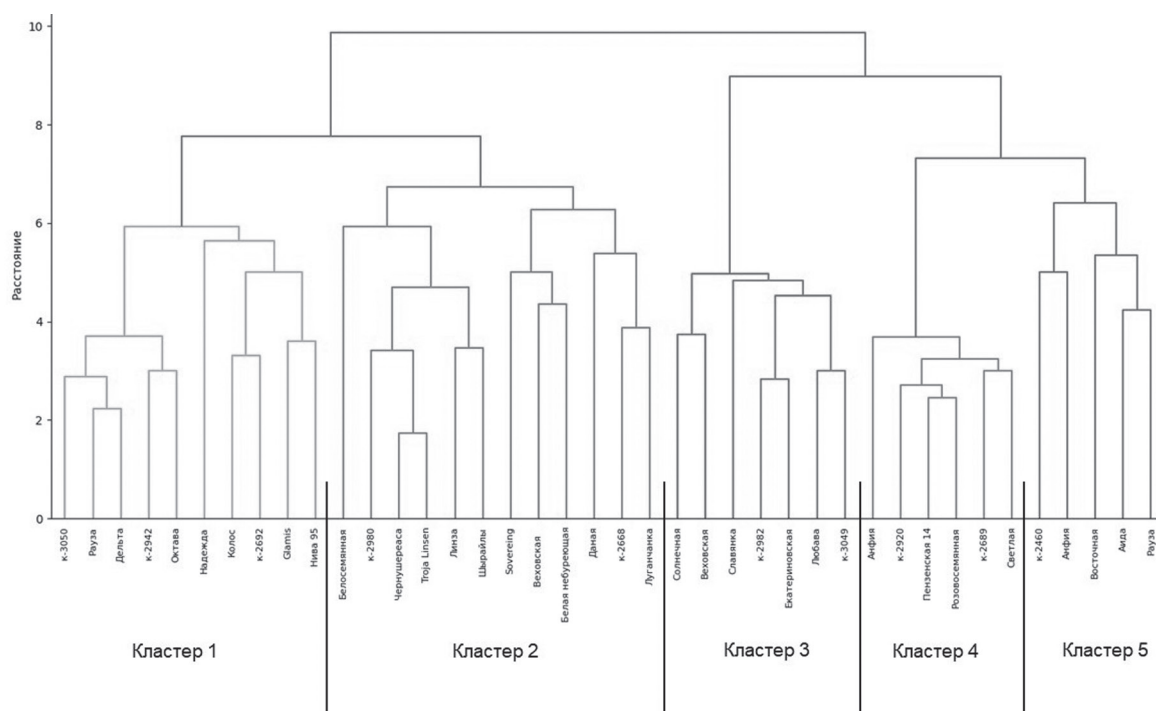


Рис. 2. Дендрограмма 40 сортов образцов чечевицы российской и иностранной селекции

Fig. 2. Dendrogram of 40 lentil variety samples of Russian and foreign breeding

Первый кластер объединил образцы Центрального (Орловская и Тамбовская области) и Приволжского (Саратовская и Пензенская области) федеральных округов. Отдельная субветвь данного кластера представлена образцами из Канады (Glamis) и Алтайского края (Нива 95). Во второй кластер вошли практически все образцы разных стран: Молдова (Чернушереаса), Германия (Troja Linsen), Украина

(Линза), Казахстан (Шырайлы), Канада (Sovereign) и Греция (к-2668). Третий, четвертый и пятый кластеры объединили генотипы европейской, южной и центральной частей России.

Проведенная генотипическая кластеризация с использованием SSR-маркеров позволила выявить четкую дифференциацию образцов чечевицы по комплексу хозяйственно ценных признаков (табл. 3).

Таблица 3. Кластеризация коллекционных образцов чечевицы по хозяйственно-ценным признакам
Table 3. Clustering of lentil collection samples according to economically valuable traits

Показатель	Кластер				
	1	2	3	4	5
Высота растений, см	53,6	50,4	40,2	47,6	47,1
Высота прикрепления нижнего боба, см	21,9	24,3	19,6	19,0	20,1
Количество бобов с растения, шт.	36,6	45,4	30,1	45,5	44,0
Количество семян в бобе, шт.	1,2	1,0	1,2	1,3	2,0
Масса семян с растения, г	1,5	1,3	0,5	1,4	0,5
Масса 1000 семян, г	58,1	59,3	65,8	59,1	48,4
Урожайность, г/м ²	289,1	330,2	277,5	281,0	212,0
Продолжительность вегетационного периода, сут.	75,5	88,0	73,5	70,1	62,0

Кластер 1 объединил образцы, характеризующиеся высокорослостью (53,6 см), высоким прикреплением нижнего боба (21,9 см), что благоприятно для механизированной уборки. Кроме этого, они отличаются высокой урожайностью (289,1 г/м²) и массой 1000 семян (58,1 г).

Образцы второго кластера демонстрируют наибольшую урожайность (330,2 г/м²), высокое прикрепление бобов (24,3 см) и крупность семян (59,3 г), хотя и отличаются позднеспелостью (88 сут.).

Образцы третьего кластера выделяются как самые крупносеменные (масса 1000 семян 65,8 г) при средней урожайности (277,5 г/м²).

Образцы, вошедшие в четвертый кластер, показывают высокое значение количества бобов с растения (45,5 шт.), урожайности 281,0 г/м², крупносемянности (59,1 г) и отличаются скороспелостью (70,1 сут.), что перспективно для селекции на продуктивность в сочетании с сокращением продолжительности вегетационного периода.

Образцы, составляющие пятый кластер, рекомендуются как источники скороспелости (62 сут.), но требуют улучшения продуктивности и технологичности.

Выводы. Проведённое в рамках данного исследования генотипирование с использованием 33 SSR-маркеров подтвердило высокий уровень генетического полиморфизма изучаемой коллекции образцов крупносеменной чечевицы. Выявленный диапазон общего числа (от 3 до 8 на маркер) и эффективного числа аллелей

(от 1,72 до 6,32) свидетельствует о значительном аллельном разнообразии, а анализ полиморфного информационного содержания (PIC) показал различную степень дискриминационной способности использованных маркеров.

Кластерный анализ (метод UPGMA) позволил чётко дифференцировать 40 исследуемых генотипов на пять групп, что отражает не только географическое происхождение образцов (Россия, Канада, Молдова, Германия, Украина, Казахстан, Греция), но и их генетическое родство.

Наиболее важным результатом работы является установление связи между кластерами, выделенными на основе SSR-маркеров, и комплексом хозяйственно ценных признаков.

Таким образом, полученные данные обосновывают необходимость комплексного подхода, сочетающего генотипическую кластеризацию SSR-маркерами с фенотипической оценкой. Для ускоренной селекции высокоурожайных и устойчивых сортов чечевицы предложенная стратегия группировки образцов позволяет целенаправленно подбирать генетически контрастные родительские пары, минимизировать риск инбридинга и сокращать объём полевых испытаний, что в итоге повышает эффективность селекционного процесса.

Финансирование. Научно-исследовательская работа выполнена за счет гранта Российского научного фонда № 24-26-20033 (<https://rscf.ru/project/24-26-20033/>).

Библиографический список

1. Маракаева Т. В. Применение молекулярно-генетических методов в селекции мелкосеменной чечевицы на пригодность к механизированной уборке // Зерновое хозяйство России. 2025. Т. 17, № 5. С. 34–41. DOI: 10.31367/2079-8725-2025-100-5-34-41
2. Маракаева Т. В. Идентификация генов пригодности к механизированной уборке среди сортообразцов чечевицы Отечественной селекции // Вестник Казанского государственного аграрного университета. 2025. Т. 20, № 4(80). С. 58–62. DOI: 10.12737/2073-0462-2025-20-4-58-62
3. Полунина Н. Ю. Растущий экспорт и новые перспективы Российской чечевицы // Модели, системы, сети в экономике, технике, природе и обществе. 2025. № 2(54). С. 60–74. DOI: 10.21685/2227-8486-2025-2-5
4. Gleridou A., Polidoros A., Tokatlidis I. Genetic Variation of a Lentil (*Lens culinaris*) Landrace during Three Generations of Breeding // Applied Sciences (Switzerland). 2022. Vol. 12, №. 1. P. 450. DOI: 10.3390/app12010450
5. Pawar, M.V., Muralidhar, S., Kamble, B., Bhosale, R., Sampada, S.B. Genetic variability, correlation and path coefficient analysis of yield contributing characters in lentil // The Pharma Innovation Journal. 2022. Vol. 11, №. 1. P. 180–183.
6. Saidi A., Sarvmeili J., Pouresmael M. Saidi, A. Genetic diversity study in lentil (*Lens culinaris* Medik.) Germplasm: a comparison of CAAT Box Derived Polymorphism (CBDP) and simple sequence repeat (SSR) markers // Biologia. 2022. Vol. 77. P. 2793–2803. DOI: 10.1007/s11756-022-01089-5
7. Sharma R., Chaudhary L., Kumar M., Panwar N. Analysis of Genetic Parameters and Trait Relationship for Seed

Yield and its Attributing Components in Lentil (*Lens culinaris* Medik.) // Legume Research. 2022. P. 1–7. DOI: 10.18805/Lr-4969

8. Singh V., Kudesia R., Bhadauria S. Simple Sequence Repeats Marker based Detection of Genetic Diversity of Indian Bean *Dolichos lablab* (L.) of Family Fabaceae // Legume Research. 2021. Vol. 45. Issue 12. P. 1476–1483. DOI: 10.18805/LR-4617

9. Tripathi N., Tripathi M.K., Tiwari S., Payasi D.K. Molecular Breeding to Overcome Biotic Stresses in Soybean: Update // Plants. 2022. Vol. 11, № 15. P. 1967. DOI: 10.3390/plants11151967.

10. Yadav N.K., Ghimire S.K., Shakya S.M., Sah S.K., Sah B.P., Sarker A., Kushwaha U.K.S. Genetic diversity analysis of lentil (*Lens culinaris* L.) germplasm using DNA based SSR markers // American Journal of Food Science and Health. 2016. Vol. 2, № 3. P. 18–24.

References

1. Marakaeva T. V. Primenenie molekulyarno-geneticheskikh metodov v selekcii melkosemennoj chechevicy na prigodnost' k mekhanizirovannoj uborke [Application of molecular genetic methods in breeding small-seed lentils with suitability for mechanical harvesting] // Zernovoe hozjajstvo Rossii. 2025. T. 17, № 5. S. 34–41. DOI: 10.31367/2079-8725-2025-100-5-34-41.

2. Marakaeva T. V. Identifikaciya genov prigodnosti k mekhanizirovannoj uborke sredi sortoobrazcov chechevicy Otechestvennoj selekcii [Identification of genes of suitability for mechanical harvesting among domestic lentil variety samples] // Vestnik Kazanskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. 2025. T. 20, № 4(80). S. 58–62. DOI: 10.12737/2073-0462-2025-20-4-58-62.

3. Polunina N. YU. Rastushchij eksport i novye perspektivy Rossijskoj chechevicy [Growing export and new prospects for Russian lentils] // Modeli, sistemy, seti v ekonomike, tekhnike, prirode i obshchestve. 2025. № 2(54). S. 60–74. DOI: 10.21685/2227-8486-2025-2-5.

4. Gleridou A., Polidoros A., Tokatlidis I. Genetic Variation of a Lentil (*Lens culinaris*) Landrace during Three Generations of Breeding // Applied Sciences (Switzerland). 2022. Vol. 12, № 1. P. 450. DOI: 10.3390/app12010450

5. Pawar, M.V., Muralidhar, S., Kamble, B., Bhosale, R., Sampada, S.B. Genetic variability, correlation and path coefficient analysis of yield contributing characters in lentil // The Pharma Innovation Journal. 2022. Vol. 11, № 1. P. 180–183.

6. Saidi A., Sarvmeili J., Pouresmael M. Saidi, A. Genetic diversity study in lentil (*Lens culinaris* Medik.) Germplasm: a comparison of CAAT Box Derived Polymorphism (CBDP) and simple sequence repeat (SSR) markers // Biologia. 2022. Vol. 77. P. 2793–2803. DOI: 10.1007/s11756-022-01089-5

7. Sharma R., Chaudhary L., Kumar M., Panwar N. Analysis of Genetic Parameters and Trait Relationship for Seed Yield and its Attributing Components in Lentil (*Lens culinaris* Medik.) // Legume Research. 2022. P. 1–7. DOI: 10.18805/Lr-4969

8. Singh V., Kudesia R., Bhadauria S. Simple Sequence Repeats Marker based Detection of Genetic Diversity of Indian Bean *Dolichos lablab* (L.) of Family Fabaceae // Legume Research. 2021. Vol. 45. Issue 12. P. 1476–1483. DOI: 10.18805/LR-4617

9. Tripathi N., Tripathi M.K., Tiwari S., Payasi D.K. Molecular Breeding to Overcome Biotic Stresses in Soybean: Update // Plants. 2022. Vol. 11, № 15. P. 1967. DOI: 10.3390/plants11151967

10. Yadav N.K., Ghimire S.K., Shakya S.M., Sah S.K., Sah B.P., Sarker A., Kushwaha U.K.S. Genetic diversity analysis of lentil (*Lens culinaris* L.) germplasm using DNA based SSR markers // American Journal of Food Science and Health. 2016. Vol. 2, № 3. P. 18–24.

Поступила: 18.03.26; доработана после рецензирования: 15.05.26; принята к публикации: 19.05.26.

Критерии авторства. Автор статьи подтверждает, что имеет на статью полное право и несет ответственность за плагиат.

Конфликт интересов. Автор заявляет об отсутствии конфликта интересов.

Авторский вклад. Маракаева Т. В. – выполнение полевых и лабораторных опытов, сбор данных, концептуализация исследования, анализ данных и их интерпретация, подготовка рукописи.

Все авторы прочитали и одобрили окончательный вариант рукописи.