

1. Спосіб ідентифікації трансгенної рослини або її клітин чи тканин, що містять елітну подію MS-BN1, який **відрізняється** тим, що він включає встановлення, що геномна ДНК трансгенної рослини або її клітин чи тканин може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки від 260 до 300 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 12 і SEQ ID No. 19 відповідно.

2. Спосіб за п. 1, який **відрізняється** тим, що він включає встановлення того, чи може геномна ДНК трансгенної рослини або її клітини чи тканини використовуватися для ампліфікації фрагмента ДНК завдовжки приблизно 280 bp за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 12 і SEQ ID No. 19 відповідно.

3. Комплект для ідентифікації елітної події MS-BN1 у біологічних зразках, який **відрізняється** тим, що він містить принаймні один праймер або зонд, який розпізнає 5' фланкувальну послідовність події MS-BN1 в межах послідовності SEQ ID No. 13 або 3' фланкувальну послідовність події MS-BN1 в межах послідовності SEQ ID No. 18.

4. Комплект за п. 3, який **відрізняється** тим, що праймер або зонд, який розпізнає 5' фланкувальну послідовність події MS-BN1, містить послідовність SEQ ID No. 19.

5. Комплект за п. 3 або 4, який **відрізняється** тим, що додатково містить другий праймер або зонд, який розпізнає послідовність події MS-BN1 сторонньої ДНК в межах послідовності SEQ ID No. 1.

6. Комплект за п. 5, який **відрізняється** тим, що другий праймер або зонд розпізнає послідовність події MS-BN1 сторонньої ДНК в межах послідовності SEQ ID No. 13 або в межах послідовності SEQ ID No. 18.

7. Комплект за п. 5, який **відрізняється** тим, що другий праймер містить послідовність SEQ ID No. 12.

8. Комплект для ідентифікації трансгенної рослини, її клітин або тканин, що містять елітну подію MS-BN1, який **відрізняється** тим, що він містить принаймні два PCR-зонди, один із яких розпізнає послідовність події MS-BN1 сторонньої ДНК в межах послідовності SEQ ID No. 1, а інший розпізнає 5' фланкувальну послідовність події MS-BN1 в межах послідовності SEQ ID No. 13 або 3' фланкувальну послідовність події MS-BN1 в межах послідовності SEQ ID No. 18 для застосування у протоколі PCR-ідентифікації.

9. Комплект за п. 8, який **відрізняється** тим, що зонд, який розпізнає послідовність події MS-BN1 сторонньої ДНК, розпізнає послідовність події MS-BN1 сторонньої ДНК в межах послідовності SEQ ID No. 13 або в межах послідовності SEQ ID No. 18.

10. Комплект за п. 8, який **відрізняється** тим, що PCR-зонди містять нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 12 і SEQ ID No. 19 відповідно.

11. Спосіб ідентифікації трансгенної рослини або її клітин чи тканин, що містять елітну

подію RF-BN1, який **відрізняється** тим, що він включає встановлення, що геномна ДНК трансгенної рослини або її клітин чи тканин може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки від 195 до 235 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 23 і SEQ ID No. 41 відповідно.

12. Спосіб за п. 11, який **відрізняється** тим, що він включає встановлення, що геномна ДНК трансгенної рослини або її клітин чи тканин може використовуватись для ампліфікації фрагмента ДНК завдовжки приблизно 215 bp за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 23 і SEQ ID No. 41 відповідно.

13. Комплект для ідентифікації елітної події RF-BN1 у біологічних зразках, який **відрізняється** тим, що він містить принаймні один праймер або зонд, який розпізнає 5' фланкувальну послідовність події RF-BN1 в межах SEQ ID No. 24 або 3' фланкувальну послідовність події RF-BN1 в межах SEQ ID No. 30.

14. Комплект за п. 13, який **відрізняється** тим, що праймер або зонд, який розпізнає 5' фланкувальну послідовність події RF-BN1, містить послідовність SEQ ID No. 41.

15. Комплект за п. 13 або 14, який **відрізняється** тим, що додатково містить принаймні другий PCR-праймер або зонд, який розпізнає послідовність події RF-BN1 сторонньої ДНК в межах SEQ ID No. 2.

16. Комплект за п. 15, який **відрізняється** тим, що другий праймер або зонд розпізнає послідовність події RF-BN1 сторонньої ДНК в межах SEQ ID No. 24 або в межах SEQ ID No. 30 .

17. Комплект за п. 15, який **відрізняється** тим, що другий праймер або зонд містить послідовність SEQ ID No. 23.

18. Комплект для ідентифікації трансгенної рослини, її клітин або тканин, що містять елітну подію RF-BN1, який **відрізняється** тим, що він містить принаймні два PCR-зонди, один із яких розпізнає послідовність події RF-BN1 сторонньої ДНК в межах послідовності SEQ ID No. 2, а інший розпізнає 5' фланкувальну послідовність події RF-BN1 в межах SEQ ID No. 24 або 3' фланкувальну послідовність події RF-BN1 в межах SEQ ID No. 30 для застосування у протоколі PCR-ідентифікації.

19. Комплект за п. 18, який **відрізняється** тим, що зонд, який розпізнає послідовність події RF-BN1 сторонньої ДНК, розпізнає послідовність події RF-BN1 сторонньої ДНК в межах SEQ ID No. 24 або в межах SEQ ID No. 30.

20. Комплект за п. 18, який **відрізняється** тим, що PCR-зонди містять нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 23 і SEQ ID No. 41 відповідно.

21. Трансгенна рослина озимого олієнасіньового рапсу або її насіння, клітина чи тканина, що містить елітну подію RF-BN1, яка характеризується тим, що геномна ДНК може

використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки від 195 до 235 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 23 і SEQ ID No. 41 відповідно, де зазначена рослина є доступною з насіння, як його депонували в ATCC під номером доступу РТА-730.

22. Рослина, насіння, клітина чи тканина рослини за п. 21, яка характеризується тим, що геномна ДНК рослини, насіння, клітини чи тканини рослини може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки приблизно 215 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 23 і SEQ ID No. 41 відповідно.

23. Рослина, насіння, клітина чи тканина рослини за п. 21, що додатково містить елітну подію MS-BN1, яка характеризується тим, що геномна ДНК рослини, насіння, клітини чи тканини рослини може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки від 260 до 300 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 12 і SEQ ID No. 19 відповідно.

24. Рослина, насіння, клітина чи тканина рослини за п. 23, яка характеризується тим, що геномна ДНК рослини, насіння, клітини чи тканини рослини може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки 280 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 12 і SEQ ID No. 19 відповідно.

25. Рослина, насіння, клітина чи тканина рослини за будь-яким з пп. 21-24, яка може бути одержана шляхом схрещування рослини з рослиною озимого олієнасіньового рапсу, отриманою з насіння, депонованого в ATCC під номером доступу РТА-730.

26. Рослина, насіння, клітина чи тканина рослини за будь-яким з пп. 21-25, яка є гібридною рослиною, гібридним насінням, гібридною клітиною рослини або гібридною тканиною рослини.

27. Трансгенна рослина озимого олієнасіньового рапсу або її насіння, клітина чи тканина, що містить елітну подію MS-BN1, яка характеризуються тим, що геномна ДНК вказаної рослини, насіння, клітини чи тканини рослини може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки від 260 до 300 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 12 і SEQ ID No. 19 відповідно, де зазначена рослина є доступною з насіння, як його депонували в ATCC під номером доступу РТА-730.

28. Рослина, насіння, клітина чи тканина рослини за п. 27, яка характеризується тим, що геномна ДНК вказаної рослини, насіння, клітини чи тканини рослини може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки 280 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 12 і SEQ ID No. 19 відповідно.

29. Спосіб продукування трансгенного гібридного насіння, що містить елітну подію MS-BN1 та трансгенний ген відновлення фертильності, де спосіб містить етапи:

а) ідентифікації трансгенної рослини озимого олієнасіньового рапсу з чоловічою стерильністю, що містить елітну подію MS-BN1, яка характеризується тим, що геномна ДНК вказаної рослини може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки від 260 до 300 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 12 і SEQ ID No. 19 відповідно, де зазначена рослина, насіння, клітина чи тканина рослини є доступною з насіння, як його депонували в АТСС під номером доступу РТА-730,

б) схрещування трансгенної рослини озимого олієнасіньового рапсу з чоловічою стерильністю за пунктом а) з трансгенною відновлюючою фертильністю рослиною озимого олієнасіньового рапсу, що містить стабільно інтегрований в її геном ген відновлення фертильності, що містить ДНК, що кодує інгібітор рибонуклеази під керуванням промотору, який спрямовує експресію зазначеного ДНК принаймні в ті клітини, в котрих експресується ген чоловічої стерильності елітної події MS-BN1, та

с) збирання врожаю гібридного насіння від зазначеної рослини озимого олієнасіньового рапсу з чоловічою стерильністю.

30. Спосіб за п. 29, який **відрізняється** тим, що відновлююча фертильність рослина містить елітну подію RF-BN1 та характеризується тим, що геномна ДНК вказаної рослини може використовуватись для підсилення фрагмента ДНК завдовжки приблизно 215 bp, за допомогою полімеразно-ланцюгової реакції з двома праймерами, що мають нуклеотидні послідовності SEQ ID No. 23 і SEQ ID No. 41 відповідно, де зазначена відновлююча фертильність рослина є доступною з насіння, як його депонували в АТСС під номером доступу РТА-730.