

**Научная статья**

УДК: 577.21:575:577.29:633.34:633.85

EDN: QLWVUS

<https://doi.org/10.24412/2949-2211-2024-2-2-69-77>**РАСШИРЕНИЕ НАБОРА ИНФОРМАТИВНЫХ SSR-ПРАЙМЕРОВ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ СОРТОВ СОИ****Ольга Николаевна Бондаренко**

Всероссийский научно-исследовательский институт сои, г. Благовещенск, Россия, ton@vniisoi.ru

**Аннотация.** Применение SSR-праймеров для изучения полиморфизма ДНК сортов сои стало широко распространённой практикой и позволяет сделать более точные выводы о генетическом разнообразии и эволюции данного вида. В лаборатории биотехнологии ВНИИ сои проводится анализ генетических систем сои с применением экспериментально отобранных ранее 8 пар SSR-праймеров. При увеличении числа образцов возникли сложности в идентификации некоторых сортообразцов. Цель исследований состояла в подборе новых праймеров, оптимальных температурных условий ПЦР и выявлении полиморфизма амплифицированных фрагментов ДНК сортов сои селекции ФГБНУ ФНЦ ВНИИ сои. Отобрали 6 пар SSR-локусов (*Satt149*, *Satt286*, *Satt307*, *Sat\_413*, *Satt532*, *Satt547*), с помощью которых проанализировали популяцию из 9 сортов сои селекции ВНИИ сои (Бонус, Грация, Евгения, Журавушка, Куханна, МК 100, Лебёдушка, Невеста, Статная). Лocus *Sat\_413* не обнаружили в сортах Евгения, МК 100 и Невеста. В результате ПЦР-анализа образцов выявлено 16 аллелей. Число аллелей на locus варьировало от 2 до 5 (среднее – 2,15). Показатель уровня полиморфности (*ne*) варьировал от 1,25 до 3,86 (среднее – 2,44). Установили, что из изученных SSR-локусов 3 имели PIC > 0,5, что указывает на их высокую информативность в качестве маркёров для оценки степени генетического родства. Среднее значение PIC составило 0,53. В итоге установили, что 3 из 6 ген могут быть рекомендованы для различения генотипов. Предложили новую маркёрную систему идентификации генотипов сои, состоящую из локусов *Satt286*, *Satt307*, *Satt547*, использованных в рамках данной работы, и *Satt1*, *Satt2*, *Satt5*, *Satt9*, *Satt681*, *Sat\_263*, *Satt181*, предложенных ранее. Благодаря применению данного набора селекционеры могут эффективно оценить генетическое разнообразие сортов сои и выбрать наиболее перспективные для дальнейшего развития.

**Ключевые слова:** соя, SSR-анализ, ДНК-маркёры, микросателлитные локусы, молекулярно-генетическая паспортизация.

**Для цитирования:** Бондаренко О. Н. Расширение набора информативных SSR-праймеров для изучения генетического разнообразия сортов сои // *Агронаука*. 2024. Том 2. № 2. С. 69–77. EDN: QLWVUS. <https://doi.org/10.24412/2949-2211-2024-2-2-69-77>

**Original article****EXPANDING THE SET OF INFORMATIVE SSR PRIMERS FOR STUDYING THE GENETIC DIVERSITY OF SOYBEAN VARIETIES****Olga N. Bondarenko**

All-Russian Scientific Research Institute of Soybean, Blagoveshchensk, Russia, ton@vniisoi.ru

**Abstract.** The use of SSR primers to study the DNA polymorphism of soybean varieties has become a widespread practice and allows us to draw more accurate conclusions about the genetic diversity and evolution of this species. The Laboratory of Biotechnology at the FRC ARSRIS analyzes the genetic systems of soybeans using 8 pairs of SSR primers experimentally selected earlier. With an increase in the number of samples, difficulties arose in identifying some varieties. The purpose of the research was to select new primers, optimal PCR temperature conditions and identify polymorphism of amplified DNA fragments of

© Бондаренко О.Н., 2024

soybean varieties selected by the FRC ARSRIS. 6 pairs of SSR loci were selected (*Satt149*, *Satt286*, *Satt307*, *Sat\_413*, *Satt532*, *Satt547*), with which a population of 9 soybean varieties, selected by the Soy Research Institute (Bonus, Gratsiya, Yevgeniya, Zhuravushka, Kukhanna, MK 100, Lebedushka, Nevesta, Statnaya) was analyzed. The locus *Sat\_413* was not found in the varieties Yevgeniya, MK 100 and Nevesta. PCR analysis of the samples revealed 16 alleles. The number of alleles per locus varied from 2 to 5 (average – 2,15). The polymorphism level index (pe) ranged from 1,25 to 3,86 (average – 2,44). It was found that 3 of the studied SSR loci had a PIC>0,5, which indicates their high informativeness as markers for assessing the degree of genetic kinship. The average PIC value was 0,53. As a result, it was found that 3 out of 6 can be recommended for distinguishing genotypes. A new marker system for the identification of soybean genotypes was proposed, consisting of the loci *Satt286*, *Satt307*, *Satt547* used in this work, and *Satt1*, *Satt2*, *Satt5*, *Satt9*, *Satt681*, *Sat\_263*, *Satt181* proposed earlier. Thanks to the use of this set, breeders can effectively assess the genetic diversity of soybean varieties and choose the most promising ones for further development.

**Keywords:** soybean, SSR-analysis, DNA markers, microsatellite loci, molecular genetic certification.

**For citation:** Bondarenko ON. Rasshirenije nabora informativnykh SSR-praimerov dlya izucheniya geneticheskogo raznoobraziya sortov soi [Expanding the set of informative SSR primers for studying the genetic diversity of soybean varieties]. *Agronauka. Agrosience*. 2024;2:2:69–77. (in Russ.). EDN: QLWVUS. <https://doi.org/10.24412/2949-2211-2024-2-2-69-77>

## Введение

Использование современных биотехнологических подходов в селекции растений становится всё более актуальным. Однако для эффективного использования сортового материала необходимо оценивать его чистоту и генетическое разнообразие. Применение молекулярных маркеров позволяет это сделать, в том числе применяя микросателлитный анализ с использованием специфических SSR-праймеров (Simple Sequence Repeats) [1]. Кроме того, маркеры позволяют выявить генетическую изменчивость внутри и между популяциями исследуемого растения, а также генетическое разнообразие в сортах, что полезно для создания новых гибридов [2]. Использование молекулярных маркеров значительно ускоряет и упрощает процесс селекции, делая его более точным и эффективным. Внедрение этих технологий в селекционные программы является важным шагом на пути к повышению качества и урожайности сельскохозяйственных культур.

Для анализа полиморфизма ДНК сортов сои применяются специфические наборы праймеров, разработанные на основе консервативных участков микросателлитов [3]. Изучение в конце прошлого века генотипов сои с использованием микросателлитных локусов подтвердило их высокую информативность. Анализ большого числа

генотипов показал преимущества использования микросателлитов перед другими методами [4]. Высокий уровень полиморфизма в микросателлитах обеспечил возможность идентификации сортов сои [5–7]. Эти результаты были использованы многими авторами из разных стран, в том числе отечественными учёными [8–10]. Анализ генетических систем культурной и форм дикой сои с помощью SSR-маркеров в лаборатории биотехнологии ФНЦ ВНИИ сои проводится с 2019 года [11–13]. В ходе проведённых исследований была установлена высокая эффективность использования микросателлитных маркеров для идентификации различных сортов и диких форм сои, и отобраны 8 пар SSR-праймеров, пригодных для анализа генетического разнообразия сои. Предыдущие исследования позволили получить некоторые результаты, но они не окончательны и нуждаются в дальнейшем уточнении.

**Цель исследования** – подбор новых праймеров, оптимальных температурных условий ПЦР и выявление полиморфизма амплифицированных фрагментов ДНК сортов сои селекции ФГБНУ ФНЦ ВНИИ сои.

## Условия, материалы и методы

Для проведения исследования были выбраны 6 микросателлитных локусов ДНК (*Satt149*, *Satt286*, *Satt307*, *Sat\_413*, *Satt532*,

*Satt547*), предложенных ранее разными авторами и пригодных для идентификации и паспортизации сортов культурной сои [11, 14]. Объектом исследования послужили 9 сортов селекции Всероссийского научно-исследовательского института сои: Бонус, Грация, Евгения, Журавушка, Куханна, МК 100, Лебёдушка, Невеста и Статная.

Экстракцию суммарной ДНК выполняли с использованием набора реагентов для «ДНК-Экстран» (ООО «Синтол», Россия) из семян сои с предварительной подготовкой [15]. Концентрацию и качество двухцепочечной ДНК измеряли с помощью нано-спектрофотометра EzDrop 1000 (Blue-Ray, Тайвань) и при необходимости концентрацию образцов выделенной ДНК разбавляли до 100 нг/мкл.

ПЦР в 2-аналитической повторности осуществляли в финальном объеме реакционной смеси – 25 мкл, которая включала в себя 12,5 мкл готовой реакционной смеси «БиоМастер» HS-Taq ПЦР-Color (2×) (ООО «Биолабмикс», Россия), содержащей 100 мМ Трис-НСI, рН = 8,5 (при 25 °С), 100 мМ КСI, 0,4 мМ каждого дезоксинуклеозидтрифосфата, 4 мМ MgCl<sub>2</sub>, 0,06 ед. акт/мкл Taq ДНК-полимеразы, 0,2 % Tween 20, стабилизаторы HS-Taq ДНК-полимеразы и красители; 10 нг образца выделенной ДНК; по 10 пМ прямого и обратного праймеров; 9,5 мкл стерильной воды. Амплификацию выделенных фрагментов ДНК сои проводили с помощью амплификатора CFX96 (Real-time) (Bio-Rad laboratories Inc., США) при следующих температурных режимах: начальная денатурация – при 96 °С в течение 2 минут, затем

32 цикла при температурно-временном режиме: денатурация – при 94 °С в течение 30 секунд, отжиг праймера при температуре 45...60 °С (в зависимости от праймера) в течение 40 секунд, элонгация – при температуре 70 °С в течение 1 минуты; финальная элонгация – при температуре 70 °С в течение 2 минут.

Продукты реакции были разделены методом электрофореза в 2 %-м агарозном геле окрашенном бромистым этидием, в 0,5×TBE с использованием камеры для горизонтального электрофореза SE-1 (ООО «Компания Хеликон», Россия) в течение 1,5...2 часов при силе тока 50 мА и напряжении 90–100 В. Визуализация осуществлена путём облучения геля ультрафиолетом с использованием гель-документирующей системы GelDoc EZ (Bio-Rad laboratories Inc., США). Идентификацию и определение размеров аллелей микросателлитных локусов проводили с использованием программы Image Lab Version 6.0.14 Standard Edition. Размер фрагментов определяли относительно маркера молекулярной массы 50bp DNA Ladder (ЗАО «Евроген», Россия). Выявленные аллели по каждому локусу обозначали цифрами, соответствующими приблизительному молекулярному весу в п. н.

Анализ информативности микросателлитных локусов включал определение количества аллелей (na), эффективного числа аллелей (ne) и индекса полиморфного информационного содержания (PIC) [16]. Расчёт показателей ne и PIC проводили по следующим формулам:

$$n_e = 1 / \sum_{j=1}^n P_{ij}^2, \quad (1)$$

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

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

### Результаты и обсуждение

Важно учитывать, что при увеличении числа исследуемых образцов возможны некоторые ограничения в идентификации

сортообразцов, а именно невозможность различить некоторые генотипы [10]. Дальнейшие исследования в этой области подразумевают усовершенствование методов и

улучшение точности определения генетических особенностей сои с помощью наборов праймеров, обладающих большим уровнем полиморфности. С целью улучшения имеющейся системы идентификации генотипов сои с использованием микросателлитных локусов (*Satt1*, *Satt2*, *Satt5*, *Satt9*, *Satt681*, *Sat\_263*, *Satt181*) были проведены дополнительные исследования по расширению имеющейся маркерной системы [12]. Нуклеотидные последовательности фланкирующих праймеров представлены в таблице 1 [17].

Для каждой из представленных пар праймеров была рассчитана температура отжига (в веб-версии программы OligoAnalyzer™

Tool) и проведена их оптимизация экспериментальным путём (таблица 2). Выбор оптимального значения температуры отжига основывался на получении чётких, хорошо различимых амплифицированных фрагментов в характерном для каждого локуса диапазоне количества пар нуклеотидов (п.н.).

В результате амплификации получили межсортовые полиморфные картины распределения фрагментов ДНК по всем локусам. Выявленные аллели, по каждому локусу обозначали цифрами, соответствующими приблизительному молекулярному весу в п.н. (таблица 3). Из используемых 6 пар праймеров, несмотря на проведённую

**Таблица 1 – Характеристика микросателлитных локусов ДНК сои, полученная из базы данных Soybase**

**Table 1 – Characterization of soybean DNA microsatellite loci obtained from the SoyBase Database**

| Локус          | Локализация | Мотив                                     | Нуклеотидные последовательности фланкирующих праймеров               | Размер фрагмента, п. н. |
|----------------|-------------|---|--|-------------------------|
| <i>Sat_413</i> | 1           | (AT) <sub>35</sub>                        | F: GCGCTCCCTTCTTTCCACTGAATTGA<br>R: GCGTTTTCTCTCGGTTTCTCTTCTTATTA    | 200                     |
| <i>Satt149</i> | 13          | (ATT) <sub>17</sub>                       | F: TTGCACATTCTTTTGGTAAACAGTCATAA<br>R: GTTGGAGGCCATAGTCCATTAATCTTAGA | 274                     |
| <i>Satt286</i> | 6           | (ATT) <sub>17</sub>                       | F: GCGGCGTTAATTTATGCCGAAA<br>R: GCGTTTGGTCTAGAATAGTTCTCA             | 217                     |
| <i>Satt307</i> | 6           | (ATT) <sub>12</sub>                       | F: GCGCTGGCCTTTAGAAC<br>R: GCGTTGTAGGAAATTTGAGTAGTAAG                | 162                     |
| <i>Satt547</i> | 16          | (CAT) <sub>4</sub><br>(TAT) <sub>17</sub> | F: GCGCTATCCGATCCATATGTG<br>R: TGATTTGCTAGGTAAAATCA                  | 220                     |
| <i>Satt532</i> | 1           | (ATT) <sub>1</sub>                        | F: GCGCCAATATTATCATGCTTTATGT<br>R: GCGGTGAAAAATCTTTGAATCTTGA         | 168                     |

**Таблица 2 – Оптимальные температуры отжига для ПЦР-анализа микросателлитных локусов ДНК сои**

**Table 2 – Optimal annealing temperatures for PCR-analysis of soybean DNA microsatellite loci**

| Локус          | Температура отжига, °C |                                 |
|----------------|------------------------|---------------------------------|
|                | Расчётная              | Экспериментальная (оптимальная) |
| <i>Sat_413</i> | 61,3                   | 60,2                            |
| <i>Satt149</i> | 59,0                   | 59,1                            |
| <i>Satt286</i> | 58,0                   | 54,5                            |
| <i>Satt307</i> | 49,5                   | 55,0                            |
| <i>Satt547</i> | 49,2                   | 53,4                            |
| <i>Satt532</i> | 55,2                   | 54,1                            |

**Таблица 3 – Полиморфизм микросателлитных локусов ДНК сортов сои селекции ФНЦ ВНИИ сои**  
**Table 3 – Polymorphism of microsatellite DNA loci of soybean varieties**

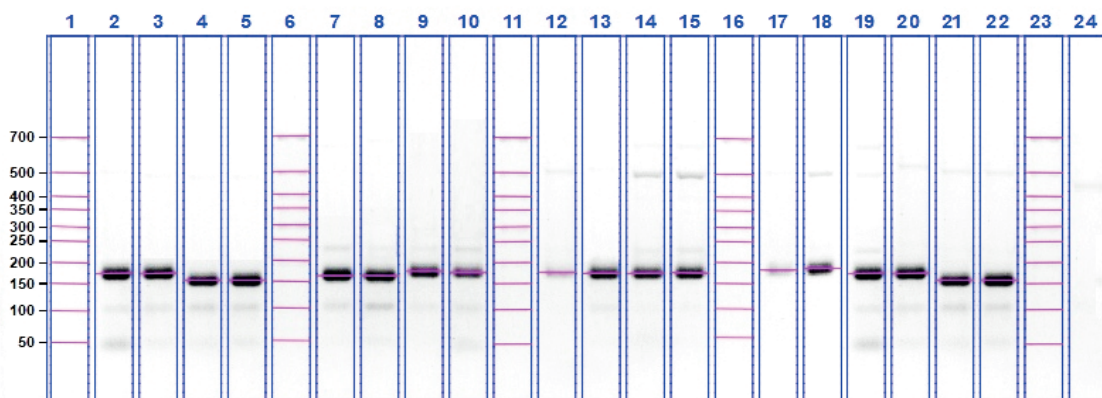
| Локус          | Наименование сорта |        |         |           |         |        |           |         |         |
|----------------|--------------------|--------|---------|-----------|---------|--------|-----------|---------|---------|
|                | Бонус              | Грация | Евгения | Журавушка | Куханна | МК 100 | Лебёдушка | Невеста | Статная |
| <i>Satt149</i> | 238*               | 238    | 245     | 245       | 245     | 245    | 238       | 238     | 238     |
| <i>Satt286</i> | 200                | 208    | 200     | 208       | 208     | 208    | 213       | 208     | 200     |
| <i>Satt307</i> | 170                | 154    | 165     | 175       | 175     | 175    | 185       | 175     | 175     |
| <i>Sat_413</i> | 172                | 201    | –       | 172       | 195     | –      | 172       | –       | 172     |
| <i>Satt532</i> | 165                | 165    | 165     | 165       | 165     | 165    | 148       | 165     | 165     |
| <i>Satt547</i> | 245                | 225    | 220     | 220       | 210     | 210    | 225       | 210     | 245     |

Примечание: \*в единицах п. н.

дополнительную оптимизацию температуры отжига, локус *Sat\_413* не обнаружен в сортах Евгения, МК 100 и Невеста. Таким образом, из 6 микросателлитных локусов для идентификации и паспортизации, имеющих генотипов сои, пригодны 5.

ПЦР-анализ исследуемых образцов позволил выявить всего 16 аллелей. Число аллелей на локус варьировало от 2 до 5 (в

среднем 2,15). Наибольшее число аллелей отметили у пары праймеров, фланкирующих локус *Satt307*, – 5. На рисунке 1 представлены продукты амплификации ДНК исследуемых сортообразцов сои по данному локусу, которые достаточно информативно отображают его высокий уровень полиморфности.



Дорожки: образцы сортов сои: 2, 3 – Бонус; 4, 5 – Грация; 7, 8 – Евгения; 9, 10 – Журавушка; 12, 13 – Куханна, 14, 15 – МК 100; 17, 18 – Лебёдушка; 19, 20 – Невеста; 21, 22 – Статная; 1, 6, 11, 16, 23 – маркер молекулярной массы 50bp DNA Ladder; 24 – контроль

**Рисунок 1 – Электрофореграмма продуктов амплификации ДНК сои по локусу *Satt307***  
**Figure 1 – Electropherogram of soybean DNA amplification products at the *Satt307* locus**

Учитывая, что уровень полиморфности, по сути, является показателем эффективно действующих в популяции аллелей ( $n_e$ ), эта величина коррелирует с числом аллелей,

выявленных в каждом из исследованных локусов, то есть чем больше выявлено аллелей, тем больше уровень полиморфности [18]. Среднее  $n_e$  на локус, или средний по-

казатель уровня полиморфности составил 2,44 единицы. Для исследуемых образцов этот показатель варьировал от 1,25 до 3,86 (таблица 4).

Кроме того, была рассчитана величина информативной ценности использованных маркёров (PIC). Чем больше величина PIC для данного локуса, тем информативнее оказывается он в качестве маркёра. Принято следующее разделение величин PIC: при  $PIC > 0,5$  – локус очень информативен, при  $0,5 > PIC > 0,25$  – достаточно информативен и при  $PIC < 0,25$  – слегка информативен [19–21]. В проведённых нами исследованиях было установлено, что 3 из изученных SSR-локусов имели  $PIC > 0,5$ , что указыва-

ет на их высокую информативность в качестве молекулярно-генетических маркёров для оценки степени генетического родства. Среднее значение PIC для изученных сортов сои составило 0,53. У локуса *Satt532* индекс полиморфности самый низкий – 0,20, что в большей степени обусловлено высокой частотой встречаемости одного из аллелей. В данном случае изучаемый нами набор генотипов имел недостаточную выборку, что наложило свой отпечаток на полиморфность микросателлитных локусов, и как итог – на сниженные величины информативной ценности использованных маркёров и их уровень полиморфности.

**Таблица 4 – Характеристика исследованных микросателлитных локусов**

| Локус          | Молекулярная масса, п.н. | Наблюдаемое число аллелей | $n_e$ | PIC  |
|----------------|--------------------------|---------------------------|-------|------|
| <i>Satt149</i> | 235...245                | 2                         | 1,98  | 0,49 |
| <i>Satt286</i> | 200...213                | 3                         | 2,31  | 0,57 |
| <i>Satt307</i> | 154...185                | 5                         | 2,79  | 0,64 |
| <i>Satt532</i> | 148...165                | 2                         | 1,25  | 0,20 |
| <i>Satt547</i> | 210...245                | 4                         | 3,86  | 0,74 |
| Среднее        | –                        | 3,20                      | 2,44  | 0,53 |

### Выводы

Апробированы новые полиморфные локусы *Satt149*, *Satt286*, *Satt307*, *Satt413*, *Satt532*, *Satt547*, по каждому из которых были оптимизированы температурные условия отжига ПЦР для увеличения эффективности анализа. Средний показатель уровня полиморфности использованных локусов составил 2,44 единицы, среднее значение PIC – 0,53. Установили, что 3 из 6 локусов демонстрировали достаточный уровень полиморфизма и могли использо-

ваться для оценки уровня генетической изменчивости в популяции сои. Новая маркёрная система, состоящая из локусов *Satt286*, *Satt307*, *Satt547*, использованных в рамках данной работы, и *Satt1*, *Satt2*, *Satt5*, *Satt9*, *Satt681*, *Satt263*, *Satt181*, предложенных ранее, позволит значительно увеличить точность и скорость процесса идентификации генетических различий между образцами сортов сои, что является важным шагом в совершенствовании селекции и повышении урожайности и качества семян.

### Список источников

1. Хлесткина Е. К. Молекулярные маркёры в генетических исследованиях и в селекции // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2013. Т. 17. № 4 (2). С. 1044–1054.
2. Сухарева А. С., Кулуев Б. Р. ДНК-маркёры для генетического анализа сортов культурных растений // Биомика. 2018. Т. 10. № 1. С. 069–084. <https://doi.org/110.31301/2221-6197.bmcs.2018-15>
3. ДНК-маркёры в растениеводстве / К. Р. Канукова, И. Х. Газаев, Л. К. Сабанчиева, З. И. Боготова, С. П. Аппаев // Известия Кабардино-Балкарского научного центра РАН. 2019. № 6 (92). С. 220–232. <https://doi.org/10.35330/1991-6639-2019-6-92-220-232>

4. Morgante M., Rafalski A., Biddle P., Tingey S., Olivieri A. M. Genetic mapping and variability of seven soybean simple sequence repeat loci // *Genome*. 1994. Vol. 37. № 5. P. 763–769.
5. Ghosh J., Ghosh P. D., Choudhury P. R. An assessment of genetic relatedness between soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] cultivars using SSR markers // *American Journal of Plant Sciences*. 2014. № 5. P. 3089–3096.
6. Mukuze C., Tukamuhabwa P., Maphosa M., Dari S., Dramadri I. O., Obua T., Kongai H. and Rubaihayo P. Genetic diversity analysis among soybean genotypes using SSR markers in Uganda // *African Journal of Biotechnology*. 2020. Vol. 19 (7). P. 439–448. <https://doi.org/10.5897/AJB2020.17152>
7. Bisen A., Khare D., Nair P., Tripathi N. SSR analysis of 38 genotypes of soybean (*Glycine Max* (L.) Merr.) genetic diversity in India // *Physiology and Molecular Biology of Plants*. 2015. № 21 (1). P. 109–115. <https://doi.org/10.1007/s12298-014-0269-8>
8. Аbugалиева С. И., Волкова Л. А., Нурланова А. А., Жанпеисова А. С., Туруспеков Е. К. ДНК-фингерпринтинг сортов сои Казахстана с использованием SSR маркёров // *Биотехнология. Теория и практика*. 2013. № 3. С. 26–34.
9. Кезимана П., Романова Е. В., Трифонова (Кочумова) А. А., Шмелькова Е. О. Анализ вариабельности микросателлитных локусов сортов сои (*Glycine max*) // *Теоретические и прикладные проблемы АПК*. 2016. № 4. С. 3–7.
10. Поиск новых SSR-локусов ДНК для создания эффективной технологии генотипирования сои / С. А. Рамазанова, В. Г. Савиченко, Э. Г. Устарханова, Е. Д. Логинова, Р. Н. Рамазанов, А. Х. Гучетль // *Масличные культуры*. 2021. Вып. 4 (188). С. 18–24. <https://doi.org/10.25230/2412-608X-2021-4-188-18-24>
11. Бондаренко О. Н., Блинова А. А., Иваченко Л. Е., Лаврентьева С. И. Подбор микросателлитных локусов ДНК для создания молекулярно-генетических паспортов диких форм и сортов сои амурской селекции // *Вестник Дальневосточного отделения Российской академии наук*. 2022. №2 (222). С. 37–48. [https://doi.org/10.37102/0869-7698\\_2022\\_222\\_02\\_3](https://doi.org/10.37102/0869-7698_2022_222_02_3)
12. Оценка молекулярно-генетического полиморфизма сои Дальневосточного региона / С. И. Лаврентьева, О. Н. Бондаренко, А. А. Блинова, А. А. Пензин, П. Д. Тимкин, Л. Е. Иваченко, К. А. Никульчев, Т. А. Асеева, Е. С. Бутовец, К. С. Голохваст // *Достижения науки и техники АПК*. 2023. Т. 37. № 6. С. 12–18. [https://doi.org/10.53859/02352451\\_2023\\_37\\_6\\_12](https://doi.org/10.53859/02352451_2023_37_6_12)
13. Характеристика морфологических и хозяйственно ценных признаков форм дикой и сортов культурной сои ВНИИ сои и их идентификация методом микросателлитного анализа / С. И. Лаврентьева, О. Н. Бондаренко, А. А. Блинова, А. А. Пензин, Е. М. Фокина, Л. Е. Иваченко // *Российская сельскохозяйственная наука*. 2023. № 3. С. 9–13. <https://doi.org/10.31857/S250026272303002X>
14. Рамазанова С. А., Савиченко В. Г., Гучетль С. З. Изучение генетического разнообразия сортов сои разного происхождения с использованием микросателлитных локусов // *Агронаука*. 2023. Т. 1, № 1. С. 96–103.
15. Пензин А. А., Тимкин П. Д. Определение количества и качества ДНК, выделенной из семян и листьев сои: Материалы пула научно-практических конференций, Сочи, 23–27 января 2023 года. Донецкий национальный университет экономики и торговли имени Михаила Туган-Барановского; Керченский государственный морской технологический университет; Луганский государственный педагогический университет; Луганский государственный университет имени Владимира Даля. Керчь: ФГБОУ ВО «Керченский государственный морской технологический университет», 2023. С. 460–462.
16. Чесноков Ю. В., Артемьева А. М. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия // *Сельскохозяйственная биология*. 2015. Т. 50. № 5. С. 571–578.
17. SoyBase. Integrating Genetics and Genomics to Advance Soybean Research: [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://soybase.org> (дата обращения: 10.03.2024).
18. Глинская Н. А., Епишко Т. И., Епишко О. А. Анализ генетического разнообразия популяций черно-пёстрого крупного рогатого скота по STR-локусам // *Актуальные проблемы сельскохозяйственной биотехнологии: материалы VIII международной научно-практической конференции, 24–26 октября 2012 г. Гродно: «Гродненский государственный университет имени Янки Купалы»*, 2012. В 2 ч. Ч. 1. С. 84–85.
19. Yu G. X., Wise R. P. An anchored AFLP – and retrotransposon-based map of diploid Avena // *Genome*. 2000. Vol. 43. № 5. P. 736–749.
20. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) – anchored polymerase chain reaction amplification // *Genomics*. 1994. Vol. 20. № 2. P. 176–183.
21. Сиволап Ю. М., Солоденко А. Е., Бурлов В. В. RAPD – анализ молекулярно генетического полиморфизма подсолнечника (*Helianthus annuus*) // *Генетика*. 1998. № 2. С. 37–43.

## References

1. Khlestkina YeK. Molekulyarnyye markery v geneticheskikh issledovaniyakh i v seleksii [Molecular markers in genetic research and selection]. *Vavilovskiy zhurnal genetiki i seleksii. Vavilov Journal of Genetics*

*and Breeding* 2013;17:4:2:1044–1054. (in Russ.).

2. Sukhareva AS, Kuluyev BR. DNK-markery dlya geneticheskogo analiza sortov kul'turnykh rasteniy [DNA markers for genetic analysis of cultivated plant varieties]. *Biomika. Biomics*. 2018;10:1:069–084. (in Russ.). <https://doi.org/110.31301/2221-6197.bmcs.2018-15>

3. Kanukova KR, Gazeav IKh, Sabanchieva LK, Bogotova ZI, Appaev SP. DNK-markery v rasteniyevodstve [DNA markers in plant breeding]. *Izvestiya Kabardino-Balkarskogo nauchnogo tsentra RAN. Journal of the Kabardino-Balkarian Scientific Center of the Russian Academy of Sciences*. 2019;6:92:220–232. (in Russ.). <https://doi.org/10.35330/1991-6639-2019-6-92-220-232>

4. Morgante M, Rafalski A, Biddle P, Tingey S, Olivieri AM. Genetic mapping and variability of seven soybean simple sequence repeat loci. *Genome*. 1994;37:5:763–769.

5. Ghosh J, Ghosh PD, Choudhury PR. An assessment of genetic relatedness between soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] cultivars using SSR markers. *American Journal of Plant Sciences*. 2014;5:3089–3096.

6. Mukuze C, Tukamuhabwa P, Maphosa M, Dari S, Dramadri IO, Obua T. [et al]. Genetic diversity analysis among soybean genotypes using SSR markers in Uganda. *African Journal of Biotechnology*. 2020;19:7:439–448. <https://doi.org/10.5897/AJB2020.17152>

7. Bisen A, Khare D, Nair P, Tripathi N. SSR analysis of 38 genotypes of soybean (*Glycine Max* (L.) Merr.) genetic diversity in India. *Physiology and Molecular Biology of Plants*. 2015;21:1:109–115. <https://doi.org/10.1007/s12298-014-0269-8>

8. Abugaliyeva SI, Volkova LA, Nurlanova AA, Zhanpeisova AS, Turuspekov YeK. DNK-fingerprinting sortov soi Kazakhstan s ispol'zovaniyem SSRmarkerov [DNA fingerprinting of Kazakhstan soybean varieties using SSR markers]. *Biotehnologiya. Teoriya i praktika. Biotechnology. Theory and practice*. 2013;3:26–34. (in Russ.).

9. Kezimana P., Romanova Ye.V., Trifonova (Kochumova) A.A., Shmel'kova Ye.O. Analiz variabel'nosti mikrosatellitnykh lokusov sortov soi (*Glycine max*) [Analysis of the variability of microsatellite loci of soybean varieties (*Glycine max*)]. *Teoreticheskiye i prikladnyye problemy APK. Theoretical and applied problems of agro-industrial complex*. 2016;4:3–7. (in Russ.).

10. Ramazanova SA, Savichenko VG, Ustarkhanova EG, Loginova ED, Ramazanov RN, Guchetl' AKh. Poisk novykh SSR-lokusov DNK dlya sozdaniya effektivnoy tekhnologii genotipirovaniya soi [Search for new SSR DNA loci to create an effective soybean genotyping technology]. *Maslichnyye kul'tury. Oilseeds*. 2021;4:188:18–24. (in Russ.). <https://doi.org/10.25230/2412-608X-2021-4-188-18-24>

11. Bondarenko ON, Blinova AA, Ivachenko LE, Lavrent'eva SI. Podbor mikrosatellitnykh lokusov DNK dlya sozdaniya molekulyarno-geneticheskikh pasportov dikikh form i sortov soi amurskoi selektsii [Selection of microsatellite DNA loci for creating molecular genetic passports of wild forms and varieties of soybeans of the Amur selection]. *Vestnik Dal'nevostochnogo otdeleniya Rossiiskoi akademii nauk. Bulletin of the Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences*. 2022;2:222:37–48. (in Russ.). [https://doi.org/10.37102/0869-7698\\_2022\\_222\\_02\\_3](https://doi.org/10.37102/0869-7698_2022_222_02_3)

12. Lavrent'eva SI, Bondarenko ON, Blinova AA, Penzin AA, Timkin PD, Ivachenko LE. [et al.] Otsenka molekulyarno-geneticheskogo polimorfizma soi Dal'nevostochnogo regiona [Assessment of molecular genetic polymorphism of soybeans in the Far Eastern region]. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK. Achievements of science and technology of the agro-industrial complex*. 2023;37:6:12–18. (in Russ.). [https://doi.org/10.53859/02352451\\_2023\\_37\\_6\\_12](https://doi.org/10.53859/02352451_2023_37_6_12)

13. Lavrent'eva SI, Bondarenko ON, Blinova AA, Penzin AA, Fokina EM, Ivachenko LE. Kharakteristika morfologicheskikh i khozyaystvenno tsennykh priznakov form dikoy i sortov kul'turnoy soi VNII soi i ikh identifikatsiya metodom mikrosatellitnogo analiza [Characteristics of morphological and economically valuable characters of wild and cultivated soybean varieties of the All-Russian Research Institute of Soybeans and their identification by microsatellite analysis]. *Rossiyskaya sel'skokhozyaystvennaya nauka. Russian agricultural science*. 2023;3:9–13. (in Russ.). <https://doi.org/10.31857/S250026272303002X>

14. Ramazanova SA, Savichenko VG, Guchetl' SZ. Izucheniye geneticheskogo raznoobraziya sortov soi raznogo proiskhozhdeniya s ispol'zovaniyem mikrosatellitnykh lokusov [Study of genetic diversity of soybean varieties of different origins using microsatellite loci]. *Agronauka. Agrosience*. 2023;1:1:96–103. (in Russ.).

15. Penzin AA, Timkin PD. Opredeleniye kolichestva i kachestva DNK, vydelennoy iz semyan i list'yev soi [Determination of the quantity and quality of DNA isolated from soybean seeds and leaves]. *Materialy pula nauchno-prakticheskikh konferentsiy, Sochi, January [23–27, 2023]. Materials of the pool of scientific and practical conferences, Sochi, 23–27 January, 2023. Donetskii natsional'nyy universitet ekonomiki i torgovli imeni Mikhaila Tugan-Baranovskogo; Kerchenskiy gosudarstvennyy morskoy tekhnologicheskii universitet; Luganskiy gosudarstvennyy pedagogicheskii universitet; Luganskiy gosudarstvennyy universitet imeni Vladimira Dalya. Kerch: Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Kerch State Marine Technological University", 2023:460–462. (in Russ.).*

16. Chesnokov YuV, Artem'yeva AM. Otsenka mery informatsionnogo polimorfizma geneticheskogo



raznoobraziya [Assessment of the measure of information polymorphism of genetic *diversity*]. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya. Agricultural biology*. 2015;50:5:571–578. (in Russ.).

17. SoyBase. Integrating Genetics and Genomics to Advance Soybean Research: [Electronic resource]. Available from: <https://soybase.org/> (Accessed: 3 October 2024).

18. Glinskaya NA, Epishko TI, Epishko OA. Analiz geneticheskogo raznoobraziya populyatsiy cherno-pestrogo krupnogo rogatogo skota po STR-lokusam [Analysis of genetic diversity of black-and-white cattle populations by STR loci]. *Aktual'nyye problemy sel'skokhozyaystvennoy biotekhnologii: materialy VIII mezhdunarodnoi nauchno-prakticheskoi konferentsii. Current problems of agricultural biotechnology: materials of the VIII international scientific and practical conference, 24–26 October 2012*. Grodno: "Grodno State University named after Yanka Kupala", 2012;1:84–85. (in Russ.).

19. Yu GX, Wise RP. An anchored AFLP – and retrotransposon-based map of diploid Avena. *Genome*. 2000;43:5:736–749.

20. Zietkiewicz E, Rafatski A, Labuda D. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) – anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*. 1994;20:2:176–183.

21. Sivolap YuM, Solodenko AYe, Burlov VV. RAPD-analiz molekulyarno–geneticheskogo polimorfizma podsolnechnika (*Helianthus annuus*) [RAPD analysis of molecular genetic polymorphism of sunflower (*Helianthus annuus*)]. *Genetika. Genetics*. 1998;2:37–43.

#### **Информация об авторе**

О. Н. Бондаренко – науч. сотр.

#### **Information about the author**

O. N. Bondarenko – Researcher

**Статья поступила в редакцию 15.04.2024;  
одобрена после рецензирования 03.05.2024;  
принята к публикации 14.05.2024**

**The article was submitted 15.04.2024;  
approved after reviewing 03.05.2024;  
accepted for publication 14.05.2024**