

УДК 633.34:575.174.015.3

UDC 633.34:575.174.015.3

4.1.2. Селекция, семеноводство и биотехнология растений

4.1.2. Plant Breeding, seed production and biotechnology

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ И ИДЕНТИФИКАЦИЯ СОРТООБРАЗЦОВ СОИ (GLYCINE MAX L.) НА ОСНОВЕ МИКРОСАТЕЛЛИТНОГО АНАЛИЗА

GENOTYPING AND IDENTIFICATION OF SOYBEAN (GLYCINE MAX L.) VARIETIES BASED ON MICROSATELLITE ANALYSIS

Сазонова Оксана Владимировна
заведующий лабораторией по биотехнологическому и молекулярно-генетическому исследованию растений
SPIN-код автора: 1962-6836
E-mail: oksana_ragik@mail.ru
*ФГБОУ ВО Воронежский ГАУ.
Россия, 394087, г. Воронеж, ул. Мичурина, 1*

Sazonova Oksana Vladimirovna
Head of the Laboratory for Biotechnological and Molecular Genetic Research of Plants
Author SPIN-code: 1962-6836
E-mail: oksana_ragik@mail.ru
Voronezh State Agrarian University, Russia, 394087, Voronezh, Michurina, 1

Тороп Елена Александровна
директор Центра биотехнологических исследований, доктор биол. наук
SPIN-код автора: 5660-3680
*ФГБОУ ВО Воронежский ГАУ
Россия, 394087, г. Воронеж, ул. Мичурина, 1*

Torop Elena Aleksandrovna
Director of the Center for Biotechnological Research, Doctor of Biological Sciences
Author SPIN-code: 5660-3680
Voronezh State Agrarian University, Russia, 394087, Voronezh, Michurina, 1

Голева Галина Геннадьевна
заведующий кафедрой селекции, семеноводства и биотехнологии, доктор с.-х. н., доцент
SPIN-код автора: 6848-5409
*ФГБОУ ВО Воронежский ГАУ
Россия, 394087, г. Воронеж, ул. Мичурина, 1*

Goleva Galina Gennadievna
Head of the Department of Breeding, Seed Production, and Biotechnology, Doctor of Agricultural Sciences, Associate Professor
Author SPIN-code: 6848-5409
Voronezh State Agrarian University, Russia, 394087, Voronezh, Michurina, 1

Рагозина Людмила Андреевна
ведущий инженер-биотехнолог
SPIN-код автора: 2601-1293
*ФГБОУ ВО Воронежский ГАУ
Россия, 394087, г. Воронеж, ул. Мичурина, 1*

Ragozina Lyudmila Andreevna
Leading Biotechnologist Engineer
Author SPIN-code: 2601-1293
Voronezh State Agrarian University, Russia, 394087, Voronezh, Michurina, 1

Макаров Андрей Дмитриевич
старший преподаватель кафедры селекции, семеноводства и биотехнологии
SPIN-код автора: 4532-8241
*ФГБОУ ВО Воронежский ГАУ
Россия, 394087, г. Воронеж, ул. Мичурина, 1*

Makarov Andrey Dmitrievich
Senior Lecturer at the Department of Breeding, Seed Production, and Biotechnology
Author SPIN-code: 4532-8241
Voronezh State Agrarian University, Russia, 394087, Voronezh, Michurina, 1

В настоящей статье представлены результаты апробации 15 маркеров к микросателлитным локусам генома сои культурной. Все использованные микросателлитные маркеры группы Satt характеризовались высоким уровнем полиморфизма (PIC) – от 0,60 до 0,87, с наибольшим значением для локуса Satt100 (PIC = 0,87). Размер выявленных ампликонов у сортообразцов сои варьировал в пределах 102 – 336 п.н. С применением метода фрагментного анализа у 48 сортообразцов сои были получены индивидуальные молекулярно-генетические профили для каждого генотипа. Посредством кластерного анализа была проведена

This article presents the results of the validation of 15 markers for microsatellite loci in the soybean genome. All the Satt microsatellite markers used had a high level of polymorphism (PIC) ranging from 0.60 to 0.87, with the highest value for the Satt100 locus (PIC = 0.87). The size of the identified amplicons in soybean varieties varied between 102 and 336 bp. Using the fragment analysis method, 48 soybean varieties were analyzed to obtain individual molecular genetic profiles for each genotype. Cluster analysis was used to assess the genetic distances between the studied genotypes. It was found that the varieties Oressa and Vlada were the most genetically similar, while Vasilisa

оценка генетических расстояний изучаемых генотипов. Установлено, что генетически наиболее близкими являются сортообразцы Оресса и Влада, а наиболее далекими Василиса и Гритиказ 80. Полученные результаты позволяют подбирать родительские компоненты для гибридизации, что значительно повышает эффективность селекционного процесса

Ключевые слова: СОЯ КУЛЬТУРНАЯ, ГЕНОТИПИРОВАНИЕ, МИКРОСАТЕЛЛИТНЫЕ МАРКЕРЫ, ПЦР-АНАЛИЗ, ФРАГМЕНТНЫЙ АНАЛИЗ, ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РАССТОЯНИЯ

and Gritikaz 80 were the most distant. The results obtained make it possible to select parental components for hybridization, which significantly increases the efficiency of the selection process

Keywords: SOYBEAN, GENOTYPING, MICROSATELLITE MARKERS, PCR-ANALYSIS, FRAGMENT ANALYSIS, GENETIC DISTANCES

<http://dx.doi.org/10.21515/1990-4665-218-025>

Введение

В основе современной селекционной науки лежит фундаментальное изучение генетического разнообразия культурных растений. Эта работа направлена на систематический поиск и идентификацию новых перспективных источников хозяйственно-ценных признаков — таких как устойчивость к болезням, адаптивность к абиотическим стрессам, повышенная продуктивность. Эти источники должны в полной мере соответствовать актуальным запросам селекционеров. Таким образом, анализ генетической разнородности выступает не просто вспомогательным методом, а важнейшим, неотъемлемым звеном и стратегической основой всего селекционного процесса.

Применительно к такой значимой культуре, как соя, данный подход приобретает особую актуальность. Разработка эффективных и конкурентоспособных программ по ее селекционно-генетическому улучшению невозможна без глубокого и всестороннего установления особенностей генетического полиморфизма данного вида. Тщательное исследование спектра и характера генетических вариаций, их распределения в разных популяциях и эколого-географических группах позволяет не только оценить существующее разнообразие, но и целенаправленно отбирать уникальные генотипы. Именно они служат источниками целевых аллелей для создания но-

<http://ej.kubagro.ru/2026/04/pdf/25.pdf>

вых сортов с улучшенными хозяйственно-биологическими признаками, что, в конечном итоге, определяет успех всей селекционной программы.

В настоящее время особенно актуальны исследования направленные на разработку методов идентификации генотипов, в том числе и сои. Для этого используют молекулярно-генетические и биохимические маркеры, т.е. маркеры на основе макромолекул (запасных белков, изоферментов и полиморфных фрагментов ДНК), поскольку генетическое разнообразие организмов напрямую связано с изменчивостью последовательности ДНК [5, 8].

Наиболее популярными для выявления генетического полиморфизма культур являются микросателлитные маркеры [6]. Важной особенностью микросателлитных (или SSR – simple sequence repeat) локусов, tandemно повторяющихся ди-, три-, тетра- и пентануклеотидных мотивов является их большая подверженность мутационной изменчивости по сравнению со структурными генами. Микросателлиты очень полиморфны. Высокий полиморфизм в сочетании с распространенным мультиаллелизмом делает их перспективными молекулярными маркерами в селекции растений [1,13,4].

Соя (*Glycine max* (L.) Merr.), как зернобобовая культура с уникальным химическим составом, имеет важное продовольственное, кормовое и техническое значение. Высокое содержание белка и жира обуславливают ее востребованность в качестве сырья для пищевой промышленности и кормопроизводства [2]. Способность к симбиотической азотфиксации позволяет использовать сою в качестве хорошего предшественника в севообороте для многих сельскохозяйственных культур.

В изучении генома сои ключевую роль играет SSR-анализ. Благодаря кодоминантному наследованию, высокому полиморфизму и воспроизводимости, микросателлитные маркеры могут применяться для паспортизации сортов, оценки генетической дивергенции исходного материала и определения филогенетического родства генотипов [3,7,11,12].

В связи с этим целью данного исследования было проведение молекулярно-генетического скрининга селекционного материала сои.

Для достижения поставленной цели необходимо было решить ряд задач:

1. Провести классический ПЦР-анализ с применением микросателлитных маркеров;
2. Выявить генетический профиль изучаемых генотипов с помощью данных маркеров;
3. Отобрать высокополиморфные SSR-маркеры для дальнейшего использования при генотипировании сортообразцов сои.

Материалы и методы исследования

Объектом исследований стали 48 сортообразцов сои различного эколого-географического происхождения (табл. 1).

Таблица 1 – Перечень изучаемых генотипов

№	Сортообразец	№	Сортообразец	№	Сортообразец
1	Василиса	17	Османь	33	Витязь 50
2	Влада	18	Чера 1	34	Приморская 69 (Фортуна)
3	Вера	19	Юг 30	35	Приморская 81
4	Везелица	20	Амурская 100	36	Сфера
5	Виктория	21	Augusta	37	Окская
6	Дуэт	22	Снежок	38	ДСС 2509
7	Нежеголь	23	Gaillard	39	Ланцетная
8	Л-171-19	24	N1 элиты 405	40	Aldana
9	Л-274-19	25	Дина	41	Оресса
10	Зуша	26	Топаз	42	Дун-нун 36
11	Л-7-19	27	Проня	43	Регина
12	Л-243-19	28	Елена	44	Бара
13	Л-128-19	29	Без названия 4951	45	Даурия
14	Мезенка	30	Рекорд Северный	46	Образец 32
15	Л-244-19	31	Лазурная	47	Мерлин
16	Л-278-19	32	Гритиказ 80	48	Фарга

Для генотипирования сои был проведен микросателлитный анализ (SSR-анализ). На основе анализа литературных данных [5,12] и базы данных SoyBase (data.soybase.org) для работы были выбраны 15 SSR-маркеров (табл.2).

Таблица 2 – Характеристика микросателлитных праймеров

SSR-маркер	Последовательность 5/...3/	Мотив	Tm °C
Satt229	F: TGGCAGCACACCTGCTAAGGGAATAAA R: GCGAGGTGGTCTAAAATTATTACCTAT	(AAT)22	53
Satt529	F: GCGCATTAAGGCATAAAAAAGGATA R: GCACAATGACAATCACATACA	(ATT)13	55
Satt211	F: GAAAAAGCCCACATCCAA R: CATGGGCATGCAGTAACA	(TAA)11	56
Satt100	F: ACCTCATTTTGGCATAAA R: TTGGAAAACAAGTAATAATAACA	(TTA)13	55
Satt173	F: TGCGCCATTTATTCTTCA R: AAGCGAAATCACCTCCTCT	(TAT)18	56
Satt183	F: TAGGTCCCAGAATTTTCATTG R: CACCAACCAGCACAAAA	(TTA)13	58
Satt174	F: TTTCATTTCTTTGCCTTCT R: TTCGTAGTCCGTCTTTCAT	(TTA)10	56
Satt244	F: GCGCCCCATATGTTTAAATTATATGGAG R: GCGATGGGGATATTTTCTTTATTATCAG	(AAT)27	57
Satt288	F: GCGGGGTGATTTAGTGTTTGACACCT R: GCGCTTATAATTAAGAGCAAAAGAAG	(TAA)17	57
Satt365	F: TGCTCCCCTCTGCCTTTTTTTCTATTTT R: AAGGATGAGTTTGATAAACATGAATGAAGAA	(GAT)4	54
Satt319	F: CAACTCAGTAGGGGTCAATAACAA R: TGAAATAGGGAAAATAAGGGAACA	(ATT)16	53
Satt307	F: GCGCTGGCCTTTAGAAC R: GCGTTGTAGGAAATTTGAGTAGTAAG	(TTA)13	57
Satt156	F: CGCACCCCTCATCCTATGTA R: CCAACTAATCCCAGGGACTTACTT	(ATA)17	53
Satt440	F: TGAGAACGTTTGAAAAGAGAT R: GAAGAGATTAAGCATAAAGAATACTT	(AAT)14	58
Satt557	F: GCGGGATCCACCATGTAATATGTG R: GCGCACTAACCCSTTTATTGAA	(AAT)17 (GAT)4	58

Выделение тотальной ДНК из образцов растительной ткани осуществлялось наборами для выделения ДНК «Экстран-3» (ООО «Синтол»). Качество полученной ДНК оценивалось методом электрофореза в 1,5%-ном агарозном геле с бромистым этидием. Количественную оценку концентрации ДНК проводили на микроспектрофотометре Nano-300 (ALLSHENG, КНР). Для ПЦР использовалась выделенная ДНК, растворенная в 10 мМ трис-НСl-буфера, рН 8,0 с 0,1 мМ ЭДТА.

ПЦР-амплификацию проводили с использованием коммерческого набора 5X MasCFEaqMIX (ЗАО «Диалат ЛТД», РФ) на амплификаторе

нуклеиновых кислот T100™ Thermal Cycler (Bio-rad, США). Параметры проведения ПЦР-реакции следующие: предварительная денатурация 94°C в течение 5 мин, далее 30 циклов со следующими условиями: денатурация при температуре 94°C в течение 30 сек., отжиг праймеров при соответствующей праймерам температуре – 30 сек., элонгация при температуре 72°C – 30 сек., с заключительной элонгацией при температуре 72°C в течение 5 мин. Условия проведения ПЦР (время и температура отжига праймеров) были оптимизированы в процессе проведения исследований в соответствии с характеристиками используемых SSR-праймеров. Для амплификации целевых фрагментов ДНК применяли 15 локус-специфичных праймеров группы Satt, меченых флуоресцентными красителями FAM, R6G, TAMRA и ROX (набор Syntol-СК-5).

Разделение ПЦР-продуктов выполняли методом капиллярного электрофореза с высоким разрешением в денатурирующих условиях на генетическом анализаторе Нанофор 05 (ИАП РАН, РФ). Для оценки длины амплифицированных фрагментов готовили реакционную смесь, содержащую 1 мкл ПЦР-продукта, 0,5 мкл маркера молекулярной массы СД450 (ООО Синтол, РФ) и 9 мкл деионизированного формамида (ООО «Синтол», РФ). Денатурацию фрагментов проводили при 95°C в течение 5 мин.

Точные размеры амплифицированных SSR-фрагментов устанавливали с помощью капиллярного электрофореза с последующей компьютерной обработкой данных. Анализ проводили в программе «GeneMarker V3.0.1» (SoftGenetics, LLC., США), которая обеспечивала автоматизированное определение длины ПЦР-продуктов в парах нуклеотидов после калибровки по флуоресцентному размерному стандарту. В качестве размерного стандарта применяли СД450, канал LIZ (ООО «Синтол», РФ). В ходе анализа осуществляли визуальный мониторинг специфичности амплификации, оценивали профиль пиков (форму и высоту). Полученные цифровые дан-

ные (размеры аллелей) использовали для дальнейшего популяционно-генетического анализа.

Для расчета индекса полиморфизма (PIC) SSR-маркеров применяли метод, разработанный Botstein D. [10]. Все молекулярно-генетические исследования выполнены в трех биологических повторностях.

Генетические расстояния между генотипами сои культурной рассчитывали с использованием Евклидовой метрики [14]. Статистическая обработка данных проводилась с использованием пакета Statistica 6.1.

Результаты и обсуждение

В результате проведенного фрагментного анализа было выявлено генетическое разнообразие изучаемых сортообразцов сои и установлен полиморфизм исследованных микросателлитных локусов. С использованием SSR-маркеров для каждого генотипа получены индивидуальные ДНК-паттерны.

Типичные профили, демонстрирующие характер разделения фрагментов ДНК и выявленный аллельный полиморфизм у отдельных маркеров, приведены на рис. 1.

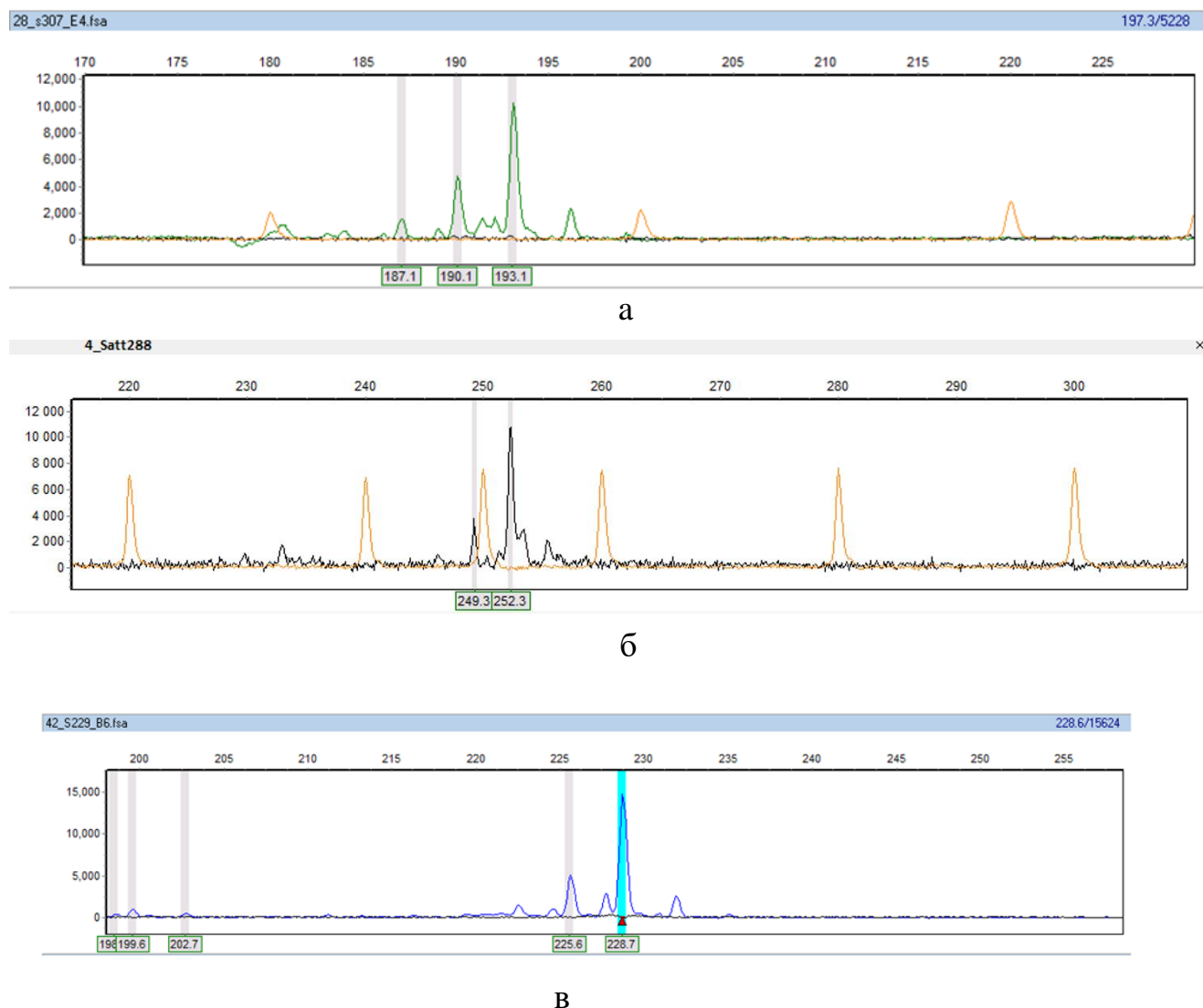


Рисунок 1 – Электрофореграммы ПЦР-продуктов: а) микросателлитного локуса Satt 307 сортообразца Елена; б) микросателлитного локуса Satt 288 сортообразца Везелица; в) микросателлитного локуса Satt 229 сортообразца Дун-нун 36

Для каждого праймера к микросателлитным локуса была рассчитана мера информационного полиморфизма PIC (polymorphism information content). Этот показатель определяет способность маркера выявлять полиморфизм в популяции в зависимости от числа обнаруживаемых аллелей и распределения их частот [9]. Наибольший уровень полиморфного обеспечения (PIC) отмечен для локуса Satt 100 (PIC=0,87) (табл.3).

Таблица 3 – Диапазон длин и уровень полиморфизма выявленных аллелей микросателлитных локусов

SSR-маркер	Уровень полиморфного обеспечения (PIC)	Размер выявленных ампликонов у сортообразцов сои, п.н
Satt 100	0,87	108-266
Satt 244	0,85	135-228
Satt 173	0,82	202-254
Satt 440	0,81	155-198
Satt 529	0,81	198-227
Satt 288	0,80	234-261
Satt 307	0,80	153-238
Satt 174	0,77	154-336
Satt 229	0,77	178-229
Satt 156	0,76	209-234
Satt 183	0,75	111-266
Satt 319	0,75	153-179
Satt 365	0,73	268-311
Satt 211	0,60	102-117
Satt 557	0,58	190-209

PIC более 0,80 установлен для маркеров Satt 244 (0,85), Satt 173 (0,82), Satt 440, Satt 529 (0,81), Satt 288, Satt 307 (0,80). Все праймеры имели высокий уровень полиморфизма (0,58-0,87, локусы Satt 557-Satt 100). Максимальное число аллелей на SSR-локус – 11.

Генетическая идентификация сортов растений основана на анализе полиморфизма (вариативности) их ДНК. Каждый сорт, являющийся результатом целенаправленной селекции, обладает уникальным генетическим профилем. Этот профиль формируется специфическим набором аллелей — альтернативных форм одного и того же гена или генетического локуса, которые определяют наследственные признаки.

На основе полученных данных были разработаны молекулярно-генетические формулы изучаемых сортообразцов, некоторые из них представлены в таблице 4.

Таблица 4 – Молекулярно-генетические формулы некоторых изученных генотипов сои культурной

№	Сортообразец	Молекулярно-генетические формулы
1	Василиса	A ₀ B ₂₃₄ C ₀ D _{179/336} E ₀ F _{102/108} G ₁₇₈ H _{150/207/210} I ₀ J _{178/181} K ₀ L ₀ M _{177/183} N ₀ O _{206/209}
2	Влада	A ₀ B ₀ C ₂₅₄ D _{179/336} E ₀ F _{102/108} G ₁₇₈ H _{150/207/210} I ₀ J _{178/181} K _{170/173/176} L ₀ M ₁₉₈ N ₀ O ₀
3	Вера	A ₀ B ₀ C ₂₁₄ D _{179/336} E _{111/266} F _{102/108} G ₂₁₀ H _{150/207/210} I ₀ J _{153/162} K ₁₇₀ L ₀ M _{155/161} N _{209/218} O _{206/209}
4	Везелица	A _{139/246} B ₂₀₉ C ₀ D _{176/179/207/336} E _{111/235/244} F _{102/108} G _{226/229} H _{135/150/204/207/210/228} I ₀ J ₁₈₁ K ₀ L ₀ M _{177/183} N _{209/218} O _{206/209}
5	Виктория	A ₁₃₀ B ₂₃₀ C ₀ D _{179/336} E ₁₂₄ F _{111/117} G ₀ H _{135/150/207/210} I ₀ J _{153/162} K _{170/173} L ₀ M _{177/183} N _{202/211} O ₂₀₀
6	Дуэт	A ₁₆₉ B ₀ C _{251/254} D _{176/179/336} E _{235/244/266} F _{102/108} G ₂₂₉ H _{150/207} I ₀ J ₁₈₁ K _{153/170/173} L ₂₉₉ M _{177/183} N ₀ O _{200/209}
7	Нежеголь	A ₀ B ₀ C ₂₁₄ D _{179/336} E _{111/235/244} F _{102/108} G ₂₁₀ H _{150/207/210} I ₀ J ₀ K ₀ L ₀ M _{177/183} N ₀ O _{200/209}
8	Л-171-19	A ₁₃₀ B ₀ C ₀ D ₀ E ₀ F _{102/108} G ₀ H _{150/207/210} I ₀ J ₀ K ₀ L ₂₆₈ M _{177/183} N ₀ O ₂₀₀
9	Л-274-19	A ₀ B ₂₂₁ C ₂₁₁ D _{179/336} E _{111/250} F _{102/108} G ₂₂₉ H _{150/210/213} I ₀ J ₀ K _{170/173} L ₀ M ₁₉₅ N ₀ O ₂₀₉
10	Зуша	A ₀ B ₀ C ₀ D _{179/336} E _{235/244} F _{102/108} G ₂₂₆ H _{150/204/207} I ₀ J ₀ K _{170/173} L ₂₆₈ M ₁₉₅ N ₀ O ₂₀₉

Примечание. Латинскими буквами обозначены маркеры: А – Satt 100, В – Satt 156, С - Satt 173, D - Satt 174, Е - Satt 183, F – Satt 211, G – Satt 229, H – Satt 244, I – Satt 288, J – Satt 307, K – Satt 319, L – Satt 365; M – Satt 440; N – Satt 529; O – Satt 557. Цифровой индекс указывает размер выявленных аллелей (в парах нуклеотидов).

Полученные молекулярно-генетические профили генотипов сои могут служить основой для составления генетического паспорта, в котором отражаются данные по составу выявленных аллелей микросателлитных локусов. Это позволяет идентифицировать и паспортизировать сорта сои, вычислять генетические расстояния между ними и на их основе методом кластерного анализа осуществлять оценку генетического родства (рис. 2).

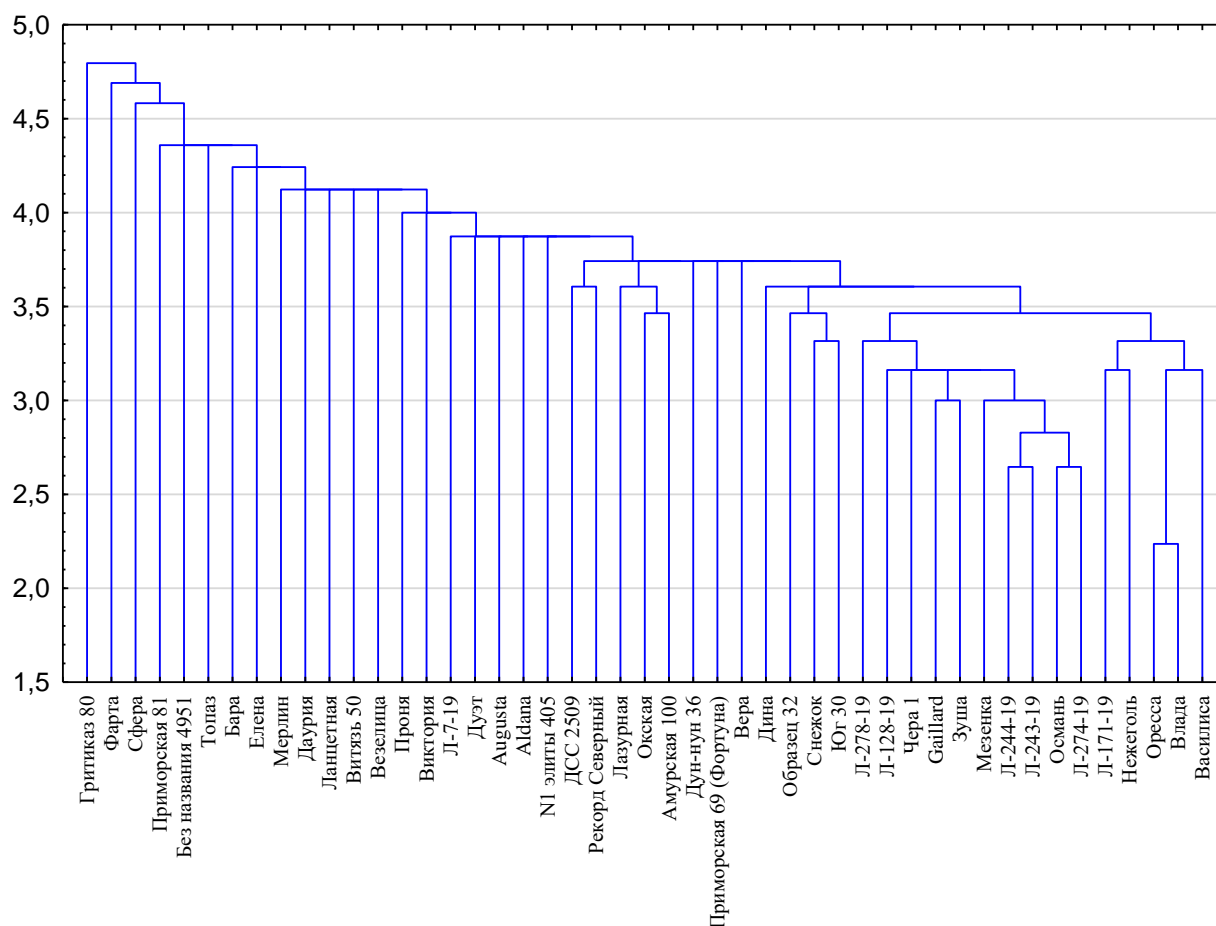


Рисунок 2 – Генетические расстояния между сортообразцами сои (Евклидово расстояние)

На основе анализа дендрограммы установлено, что наиболее генетически близкими являются сортообразцы Оресса и Влада, а наиболее дальними Василиса и Гритиказ 80. Полученные результаты позволяют не только проводить группировку изучаемых образцов, но и на ее основе подбирать родительские компоненты для гибридизации, что значительно повышает эффективность селекционного процесса.

Выводы

На основании проведенных молекулярно-генетических исследований и полученных результатов можно сделать следующие выводы:

1. Проведена апробация 15 маркеров к микросателлитным локусам генома сои культурной для идентификации. С применением данных марке-

ров установлена молекулярно-генетическая структура 48 генотипов, что может быть использовано для разработки генетического паспорта сорта.

2. По изученным SSR-локусам длина полученных ПЦР-фрагментов составляет от 102 до 336 п.н. Самые высокие значения критерия полиморфизма установлены для микросателлитных локусов Satt 100 (PIC=0,87), Satt 244 (PIC=0,85), Satt 173 (PIC=0,82).

3. С использованием полученных результатов определено генетическое расстояние сортообразцов сои на основе выявленных аллелей SSR-локусов. Эти данные позволяют оптимизировать процесс подбора родительских компонентов для гибридизации на основе принципа генетической разнородности генотипов.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках программы развития Передовых инженерных школ (ПИШ «Агроген» Воронежского ГАУ).

Список литературы

1. Аbugалиева С. И. Генетическое разнообразие сои (*Glycine max* (L.) Merrill) / С. И. Аbugалиева // Биотехнология. Теория и практика. – 2013. – № 4. – С. 13–19.
2. Виниченко Н. А., Салина Е. А., Кочетов А. В. Потенциал использования молекулярных маркеров в селекции сои / Н. А. Виниченко, Е. А. Салина, А. В. Кочетов // Письма в Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2020. – Т. 6, № 3. – С. 107–125. – DOI: 10.18699/Letters2020-6-15.
3. Голева Г.Г., Налбандян А.А., Федулова Т.П., Руденко Т.С., Ващенко Т.Г., Пушкарёва В.И. / Г.Г. Голева, А.А. Налбандян, Т.П. Федулова, Т.С. Руденко, Т.Г. Ващенко, В.И. Пушкарёва. Использование полиморфных микросателлитных маркеров для изучения генетического разнообразия *Triticum aestivum* L. // Труды Кубанского государственного аграрного университета. – 2023. – № 109. – С. 48-55. – DOI: 10.21515/1999-1703-109-48-55
4. Налбандян А. А., Федулова Т. П., Черепухина И. В., Руденко Т. С., Багмутова Т. Н. Молекулярно-генетическая идентификация и паспортизация гибридов сахарной свеклы с использованием микросателлитных маркеров / А. А. Налбандян, Т. П. Федулова, И. В. Черепухина, Т. С. Руденко, Т. Н. Багмутова // Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии. – 2024. – № 4. – С. 70–88. – DOI: 10.26897/0021-342X-2024-4-70-88.
5. Рамазанова С. А. Идентификация сортов сои (*Glycine max* L.) с использованием микросателлитных локусов ДНК / С. А. Рамазанова // Масличные культуры. – 2016. – № 2 (166). – С. 63–67.
6. Сулимова Г. Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения / Г. Е. Сулимова // Успехи современной биологии. – 2004. – Т. 124, № 3. – С. 260–271.

7. Тороп Е. А., Налбандян А. А., Сазонова О. В., Черкасских М. В., Рагозина Л. А. Исследование генетического разнообразия сои на основе молекулярно-генетического маркирования / Е. А. Тороп, А. А. Налбандян, О. В. Сазонова, М. В. Черкасских, Л. А. Рагозина // Агротехнологии Воронежского государственного аграрного университета. – 2024. – № 2 (6). – С. 37–46.

8. Чесноков Ю. В. Молекулярные маркеры и управление генетическими ресурсами растений / Ю. В. Чесноков // Идентифицированный генофонд растений и селекция. – Санкт-Петербург : ВИР, 2005. – С. 240–250.

9. Чесноков Ю. В., Артемьева А. М. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия / Ю. В. Чесноков, А. М. Артемьева // Сельскохозяйственная биология. – 2015. – Т. 50, № 5. – С. 571–578. – DOI: 10.15389/agrobiology.2015.5.571rus.

10. Botstein D. A theory of modular evolution for bacteriophages / D. Botstein // Annals of the New York Academy of Sciences. – 1980. – Vol. 354, № 1. – P. 484–491. – DOI: 10.1111/j.1749-6632.1980.tb27987.x.

11. Kumar S., Singh A., Shanker A. pSATdb: a database of mitochondrial common, polymorphic, and unique microsatellites / S. Kumar, A. Singh, A. Shanker // Life Science Alliance. – 2022. – Vol. 5, № 6. – P. e202101307. – DOI: 10.26508/lsa.202101307.

12. Rani R., Raza G., Tung M. H., Rizwan M., Ashfaq H., Shimelis H., Razzaq M. K., Arif M. Genetic diversity and population structure analysis in cultivated soybean (*Glycine max* [L.] Merr.) using SSR and EST-SSR markers / R. Rani, G. Raza, M. H. Tung, M. Rizwan, H. Ashfaq, H. Shimelis, M. K. Razzaq, M. Arif // PLOS ONE. – 2023. – Vol. 18, № 5. – P. e0286099. – DOI: 10.1371/journal.pone.0286099.

13. Taheri S., Abdullah T. L., Yusop M. R., Hanafi M. M., Sahebi M., Azizi P., Shamshiri R. R. Mining and Development of Novel SSR Markers Using Next Generation Sequencing (NGS) Data in Plants / S. Taheri, T. L. Abdullah, M. R. Yusop, M. M. Hanafi, M. Sahebi, P. Azizi, R. R. Shamshiri // Molecules. – 2018. – Vol. 23, № 2. – P. 399. – DOI: 10.3390/molecules23020399.

14. Zhang S., Wu X., You Z. Jaccard distance based weighted sparse representation for coarse-to-fine plant species recognition / S. Zhang, X. Wu, Z. You // PLoS ONE. – 2017. – Vol. 12, № 6. – P. e0178317. – DOI: 10.1371/journal.pone.0178317.

References

1. Abugalieva S. I. Geneticheskoe raznoobrazie soi (*Glycine max* (L.) Merrill) / S. I. Abugalieva // Biotekhnologija. Teorija i praktika. – 2013. – № 4. – S. 13–19.

2. Vinichenko N. A., Salina E. A., Kochetov A. V. Potencial ispol'zovanija molekulyarnyh markerov v selekcii soi / N. A. Vinichenko, E. A. Salina, A. V. Kochetov // Pis'ma v Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii. – 2020. – Т. 6, № 3. – S. 107–125. – DOI: 10.18699/Letters2020-6-15.

3. Goleva G.G., Nalbandjan A.A., Fedulova T.P., Rudenko T.S., Vashhenko T.G., Pushkarjova V.I. / G.G. Goleva, A.A. Nalbandjan, T.P. Fedulova, T.S. Rudenko, T.G. Vashhenko, V.I. Pushkarjova. Ispol'zovanie polimorfnyh mikrosatellitnyh markerov dlja izuchenija geneticheskogo raznoobrazija *Triticum aestivum* L. // Trudy Kubanskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. – 2023. – № 109. – S. 48-55. – DOI: 10.21515/1999-1703-109-48-55

4. Nalbandjan A. A., Fedulova T. P., Cherepuhina I. V., Rudenko T. S., Bagmutova T. N. Molekuljarno-geneticheskaja identifikacija i pasportizacija gibrinov saharnoj svek-ly s ispol'zovaniem mikrosatellitnyh markerov / A. A. Nalbandjan, T. P. Fedulova, I. V. Cherepuhina, T. S. Rudenko, T. N. Bagmutova // Izvestija Timirjazevskoj sel'skohozjaj-stvennoj akademii. – 2024. – № 4. – S. 70–88. – DOI: 10.26897/0021-342X-2024-4-70-88.

5. Ramazanova S. A. Identifikacija sortov soi (*Glycine max* L.) s ispol'zovaniem mikrosatellitnyh lokusov DNK / S. A. Ramazanova // *Maslichnye kul'tury*. – 2016. – № 2 (166). – S. 63–67.
6. Sulimova G. E. DNK-markery v geneticheskikh issledovanijah: tipy markerov, ih svojstva i oblasti primeneniya / G. E. Sulimova // *Uspehi sovremennoj biologii*. – 2004. – T. 124, № 3. – S. 260–271.
7. Torop E. A., Nalbandjan A. A., Sazonova O. V., Cherkasskih M. V., Ragozina L. A. Issledovanie geneticheskogo raznoobrazija soi na osnove molekuljarno-geneticheskogo markirovaniya / E. A. Torop, A. A. Nalbandjan, O. V. Sazonova, M. V. Cherkasskih, L. A. Ragozina // *Agrogen Voronezhskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. – 2024. – № 2 (6). – S. 37–46.
8. Chesnokov Ju. V. Molekuljarnye markery i upravlenie geneticheskimi resursami rastenij / Ju. V. Chesnokov // *Identificirovannyj genofond rastenij i selekcija*. – Sankt-Peterburg : VIR, 2005. – S. 240–250.
9. Chesnokov Ju. V., Artem'eva A. M. Ocenka mery informacionnogo polimor-fizma geneticheskogo raznoobrazija / Ju. V. Chesnokov, A. M. Artem'eva // *Sel'skohozjaj-stvennaja biologija*. – 2015. – T. 50, № 5. – S. 571–578. – DOI: 10.15389/agrobiology.2015.5.571rus.
10. Botstein D. A theory of modular evolution for bacteriophages / D. Botstein // *Annals of the New York Academy of Sciences*. – 1980. – Vol. 354, № 1. – P. 484–491. – DOI: 10.1111/j.1749-6632.1980.tb27987.x.
11. Kumar S., Singh A., Shanker A. pSATdb: a database of mitochondrial common, pol-ymorphic, and unique microsatellites / S. Kumar, A. Singh, A. Shanker // *Life Science Alliance*. – 2022. – Vol. 5, № 6. – P. e202101307. – DOI: 10.26508/lisa.202101307.
12. Rani R., Raza G., Tung M. H., Rizwan M., Ashfaq H., Shimelis H., Razzaq M. K., Arif M. Genetic diversity and population structure analysis in cultivated soybean (*Glycine max* [L.] Merr.) using SSR and EST-SSR markers / R. Rani, G. Raza, M. H. Tung, M. Rizwan, H. Ashfaq, H. Shimelis, M. K. Razzaq, M. Arif // *PLOS ONE*. – 2023. – Vol. 18, № 5. – P. e0286099. – DOI: 10.1371/journal.pone.0286099.
13. Taheri S., Abdullah T. L., Yusop M. R., Hanafi M. M., Sahebi M., Azizi P., Sham-shiri R. R. Mining and Development of Novel SSR Markers Using Next Generation Sequencing (NGS) Data in Plants / S. Taheri, T. L. Abdullah, M. R. Yusop, M. M. Hanafi, M. Sahebi, P. Azizi, R. R. Shamshiri // *Molecules*. – 2018. – Vol. 23, № 2. – P. 399. – DOI: 10.3390/molecules23020399.
14. Zhang S., Wu X., You Z. Jaccard distance based weighted sparse representation for coarse-to-fine plant species recognition / S. Zhang, X. Wu, Z. You // *PLoS ONE*. – 2017. – Vol. 12, № 6. – P. e0178317. – DOI: 10.1371/journal.pone.0178317.