

Молекулярно-генетический полиморфизм *Glycine soja* Sieb. & Zucc. из популяции Дальневосточного региона

(✉)Лаврентьева С.И.¹, Бондаренко О.Н.¹, Иванов А.А.¹, Блинова А.А.¹,
Иваченко Л.Е.¹, Голохваст К.С.²

¹Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт сои»
Благовещенск, Россия

²Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий Российской академии наук
Новосибирская область, р.п. Краснообск, Россия

(✉)e-mail: lana.lavrenteva.1984@mail.ru

Glycine soja Sieb. & Zucc. является предком культурной сои и имеет более широкую генетическую изменчивость по многим хозяйственно ценным признакам, в том числе по содержанию белка. В настоящее время наиболее популярным инструментом генетического анализа принято считать молекулярные маркеры, которые активно используются в изучении генетического разнообразия. Цели исследования – дифференциация форм дикой сои из коллекции Федерального научного центра «Всероссийский научно-исследовательский институт сои», а также составление на основе SSR-анализа молекулярно-генетических формул, необходимых для дальнейшей селекционной работы. Объектом исследования послужили 47 форм дикой сои из разных районов Амурской области и 4 формы из ближайших ареалов (Хабаровский и Приморский края, Китай). Для изучения молекулярно-генетического полиморфизма проведен стандартный ПЦР-анализ на готовой реакционной смеси с использованием 20 пар SSR-праймеров. Впервые на основе оценки степени полиморфизма ДНК дикой сои по микросателлитам составлены генетические формулы исследуемых коллекционных генотипов, построена дендрограмма для выявления их генетического разнообразия, установлена степень генетического родства. Максимальное количество уникальных аллелей (по девять) обнаружено у форм дикой сои, произрастающих в Благовещенском районе Амурской области (КБл-91) и Хабаровском крае (Хаб-1). Незначительным генетическим разнообразием отличались образцы из Архаринского района, в которых отмечено не более трех уникальных аллелей для каждой формы. Так как в селекционных программах рекомендуется использовать формы дикой сои с наибольшим разнообразием уникальных аллелей, апробированная маркерная система может быть применена для генетического дифференцирования форм дикой сои.

Ключевые слова: *Glycine soja*, генетическое разнообразие, ДНК-маркеры, микросателлитные локусы, SSR-анализ, молекулярно-генетические формулы

Molecular genetic polymorphism of *Glycine soja* Sieb. & Zucc. from the population of the Far East region

(✉)Lavrent'yeva S.I.¹, Bondarenko O.N.¹, Ivaniy A.A.¹, Blinova A.A.¹,
Ivachenko L.E.¹, Golokhvast K.S.²

¹Federal Research Center "All-Russian Scientific Research Institute of Soybean"
Blagoveshchensk, Russia

²Siberian Federal Scientific Centre of Agro-BioTechnologies of the Russian Academy of Sciences
Krasnoobsk, Novosibirsk region, Russia

(✉)e-mail: lana.lavrenteva.1984@mail.ru

Glycine soja Sieb. & Zucc. is the ancestor of cultivated soybean and has a wider genetic variability in many economically valuable traits, including protein content. Currently, the most popular tool of genetic analysis is considered to be molecular markers, which are actively used in the study of genetic diversity. The objectives of the study are differentiation of wild soybean forms from the collection of the Federal Research Center "All-Russian Scientific Research Institute of Soybean", as well as compilation of molecular-genetic formulas necessary for further breeding work on the basis of SSR-analysis. The object of the study were 47 forms of wild soybean from different districts of the Amur region and

4 forms from the nearest habitats (Khabarovsk and Primorsky Territories, China). A standard PCR analysis was performed on the finished reaction mixture using 20 pairs of SSR primers. For the first time, based on the assessment of the degree of polymorphism of wild soybean DNA by microsatellites, genetic formulas of the studied collection genotypes were compiled, a dendrogram was constructed to identify their genetic diversity and the degree of genetic kinship was established. The maximum number (9 each) of unique alleles was detected among the *G. soja* forms of the Blagoveshchensk region (KBl-91) and Khabarovsk region (Hub-1). The samples from the Arkharinsky district were characterized by insignificant genetic diversity, in which no more than three unique alleles for each form were noted. As it is recommended to use forms of *G. soja* with the greatest variety of unique alleles in breeding programs, the marker system tested in the work can be used for the genetic differentiation of *G. soja*.

Keywords: *Glycine soja*, genetic diversity, DNA markers, microsatellite loci, SSR-analysis, molecular genetic formulas

Для цитирования: Лаврентьева С.И., Бондаренко О.Н., Иваний А.А., Блинова А.А., Иваченко Л.Е., Голохваст К.С. Молекулярно-генетический полиморфизм *Glycine soja* Sieb. & Zucc. из популяции Дальневосточного региона // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2025. Т. 55. № 3. С. 25–34. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2025-3-3>

For citation: Lavrent'yeva S.I., Bondarenko O.N., Ivaniy A.A., Blinova A.A., Ivachenko L.E., Golokhvast K.S. Molecular genetic polymorphism of *Glycine soja* Sieb. & Zucc. from the population of the Far East region. *Sibirskii vestnik sel'skokhozyaystvennoi nauki* = *Siberian Herald of Agricultural Science*, 2025, vol. 55, no. 3, pp. 25–34. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2025-3-3>

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

Благодарность

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-26-00076 (<https://rscf.ru/project/23-26-00076/>).

Acknowledgements

The research was carried out at the expense of the Russian Science Foundation grant No. 23-26-00076 (<https://rscf.ru/project/23-26-00076/>).

ВВЕДЕНИЕ

Генетическое разнообразие является важнейшим условием повышения урожайности. В различные периоды культурная соя (*Glycine max* (L.) Merr.) претерпела значительные генетические изменения, включая интродукцию местных сортов в другие регионы страны и мира. Активное применение селективной селекции привело к снижению генетического разнообразия, став причиной ряда проблем при возделывании указанной культуры [1]. При этом у диких родственников сои, напротив, отмечается относительно высокий уровень генетического разнообразия. В этом плане среди диких форм сои можно особенно выделить уссурийскую сою

(*Glycine soja* Sieb. & Zucc.), которая по сравнению с *G. max* отличается обилием аллелей и может применяться для улучшения сортов. *G. soja* способна гибридизоваться с культурной соей благодаря отсутствию селекционного барьера между ними, что позволяет использовать ее для увеличения генетического разнообразия и расширения генофонда¹.

Анализ литературных источников показал, что дикая соя филогенетически диверсифицирована и адаптирована к различным средам обитания, обладает хорошей устойчивостью к биотическим и абиотическим стрессам (низкая температура, обезвоживание, солевой стресс, высокий уровень фенолпропаноидов и изофлавонов)² [2, 3]. Поэто-

¹Chung G., Singh R.J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach // *Critical Reviews in Plant Sciences*. 2008. Vol. 27. N 5. P. 295–341.

²Robison J., Arora N., Yamasaki Yu., Saito M., Boone J., Blacklock B., Randall S. *Glycine max* and *Glycine soja* are capable of cold acclimation // *Journal of Agronomy and Crop Science*. 2017. Vol. 203. N 6. P. 553–561.

му *G. soja* может являться источником генов для повышения устойчивости *G. max*³ [1, 3]. Гибридизация *G. max* и *G. soja* способствует созданию новых культурных сортов с повышенной стрессоустойчивостью [4].

Сбор различных генетических ресурсов и отбор ценных признаков посредством ботанической классификации, внешних морфологических характеристик и генетической оценки имеют важное значение⁴. На данном этапе наиболее популярным инструментом генетического анализа считаются молекулярные маркеры [5], особенно SSR-маркеры [6, 7]. Они не подвержены влиянию окружающей среды и не ограничены в количестве, могут эффективно применяться в управлении генетическими ресурсами, для анализа разнообразия количественных признаков, а также для совершенствования инструментов селекции [8]. Использование SSR-анализа для изучения дикой сои позволит проводить генетический мониторинг данных форм, будет способствовать сохранению генетического материала в банках генов [9].

В настоящее время существуют мировые банки генов, которые работают над сохранением гермоплазмы дикой сои. Например, Китай обладает крупнейшей в Юго-Восточной Азии коллекцией зародышевой плазмы дикой сои, насчитывающей 6172 образца. Коллекция «Chung G.» (Южная Корея) содержит 6012 образцов. В генетическом банке Национального института агробиологических наук в Японии хранится 1131 образец [10, 11].

В Амурской области расположен северный ареал распространения дикой сои, генетический потенциал которой пока мало изучен. В связи с этим целями нашего исследования стали дифференциация форм дикой сои из коллекции Федерального научного центра «Всероссийский научно-исследовательский институт сои» (ФНЦ ВНИИ сои), а также составление на основе SSR-анализа молекулярно-генетических формул, необходимых для дальнейшей селекционной работы.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Объект исследования – 51 форма дикой сои из коллекции ФНЦ ВНИИ сои. Формы были отобраны в шести районах Амурской области (Архаринский – КА, Белогорский – КБел, Благовещенский – КБл, Зейский – КЗ, Михайловский – КМ, Тамбовский – КТ), в Приморском (№ 5683) и Хабаровском краях (Хаб-1), а также на территории Китайской Народной Республики (№ 5673, 5674) (см. рис. 1). В 2023 г. на опытном поле ФНЦ ВНИИ сои (с. Садовое Тамбовского района Амурской области) на основе отобранных форм были выращены коллекционные образцы (см. рис. 2).

Для проведения молекулярно-генетического анализа с каждого образца было отобрано по десять семян. Экстракцию суммарной ДНК выполняли с использованием набора реагентов «ДНК-Экстран» (НПК «Синтол», Россия) из предварительно подготовленных семян сои (навеска по 0,05 г). Концентрацию и качество двухцепочечной ДНК измеряли с помощью нано-спектрофотометра EzDrop 1000 (Blue-Ray Biotech, Тайвань). Выделенную ДНК разбавляли до 100 нг/мкл.

ПЦР-анализ проводили в трех аналитических повторностях с применением перечисленных выше SSR-праймеров, для которых были оптимизированы температуры отжига. Финальный объем реакционной смеси составлял 25 мкл и состоял из:

- а) 12,5 мкл готовой реакционной смеси «БиоМастер HS-Taq ПЦР-Color (2×)» (ООО «Биолабмикс», Россия), содержащей 100 мМ Трис-HCl с pH = 8,5 (при 25 °C), 100 мМ KCl, 0,4 мМ каждого дезоксинуклеозидтрифосфата, 4 мМ MgCl₂, 0,06 ед. акт./мкл Таq ДНК-полимеразы, 0,2% Твин-20, стабилизаторы HS-Taq ДНК-полимеразы и красители;
- б) 10 нг образца выделенной ДНК;
- в) по 10 пМ прямого и обратного праймеров;
- г) 9,5 мкл стерильной воды.

³Li Y.H., Li W., Zhang Ch., Yang L., Chang R.-Zh., Gaut B., Qiu L.-J. Genetic diversity in domesticated soybean (*Glycine max*) and its wild progenitor (*Glycine soja*) for simple sequence repeat and single-nucleotide polymorphism loci // New Phytologist. 2010. Vol. 188. N 1. P. 242–253.

⁴Zhou Zh., Jiang Y., Wang Zh., Gou Zh., Lyu J., Li W. Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean // Nature Biotechnology. 2015. Vol. 33. N 4. P. 408–414.

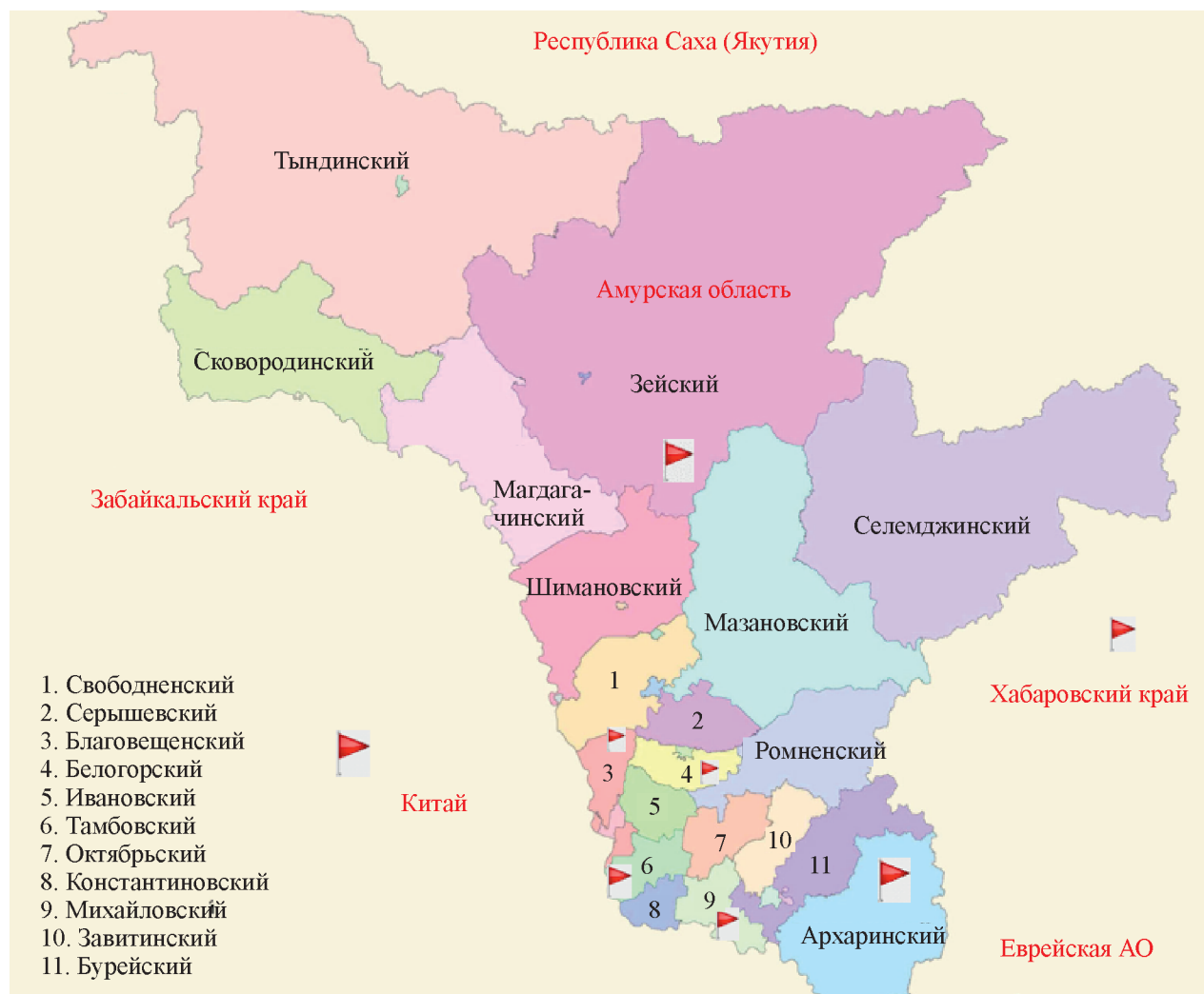


Рис. 1. Места сбора коллекционных форм дикой сои (обозначены красным флажком)

Fig. 1. Collection sites for wild soybeans (marked with a red flag)



Рис. 2. Коллекция *G. soja* на опытном поле ФНЦ ВНИИ сои

Fig. 2. The *G. soja* collection on the FRC ARSRI of Soybean experimental field

Амплификацию выделенных фрагментов ДНК сои проводили с помощью амплификатора Real-time CFX96 (Bio-Rad Laboratories Inc., США) в следующем температурно-временном режиме: начальная денатурация при 95 °C в течение 5 мин; затем 35 циклов амплификации, в том числе денатурация при 95 °C в течение 10 с, отжиг праймера при 49–60 °C (в зависимости от праймера) в течение 30 с, элонгация при 72 °C в течение 50 с; финальная элонгация при 72 °C в течение 12 мин.

Продукты реакции были разделены методом электрофореза в 2%-м агарозном геле, окрашенном бромистым этидием, и в 0,5 × TBE буфере с использованием камеры для горизонтального электрофореза SE-1 (ООО «Компания Хеликон», Россия) в течение 2 ч при силе тока 50 мА и напряжении 85 В. Визуализация осуществлена путем облучения геля ультрафиолетом с использованием гель-документирующей системы Gel Doc EZ (Bio-Rad Laboratories Inc., США). Идентификацию и определение размеров аллелей микросателлитных локусов проводили с помощью 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 приблизительной молекулярной массе (п.н.). Отсутствие амплифицированного фрагмента на электрофореграмме обозначали «0».

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В проведенных ранее исследованиях показано, что 20 пар праймеров, фланкирующих локусы *Satt236* и *Satt590*, не гибридизировались с матричной ДНК, остальные оказались мономорфными. Результаты биоинформационного поиска ассоциаций свидетельствовали о том, что не все локусы из 20 маркеров могут быть использованы для генотипирования определенных качеств, которые сцеплены с находящимися рядом участками (QTLs), ассоциированными с необходимыми признаками, такими как вегетационный период, масса

семян, содержание белка и масла в семенах [12]. Таким образом, полностью пригодными для дальнейшего исследования генотипов оказались только 12 SSR-локусов (см. табл. 1).

Одна из мер генетического разнообразия – число аллелей в популяции. Число аллелей легко измерить, но его недостаток в том, что оно зависит от численности выборки, по которой оценивается разнообразие. С одной стороны, чем большим числом аллелей представлена популяция и чем более равномерно они распределены, тем более вариабельным является генетический потенциал популяции. С другой – чем большим числом аллелей представлены SSR-локусы, тем более информативными они являются для характеристики популяции⁵. Общее число аллелей, выявленных в ходе серии анализов, составило 128 для 12 SSR-локусов, при этом по каждому локусу идентифицировано от 5 до 16 аллелей (см. табл. 1). Среднее число аллелей на локус составило 10,67.

Табл. 1. Характеристика исследуемых микросателлитных локусов

Table 1. Characteristics of the investigated microsatellite loci

Локус	Молекулярная масса, п.н.	Количество аллелей (n _a)	Эффективное число аллелей (n _e)	Величина информационного полиморфизма (PIC)
<i>Satt470</i>	222...255	5	3,58	0,72
<i>Satt556</i>	173...200	6	3,48	0,71
<i>Satt281</i>	163...200	9	5,62	0,82
<i>Satt005</i>	215...280	13	10,04	0,90
<i>Satt002</i>	115...166	10	5,48	0,82
<i>Satt517</i>	188...256	10	7,13	0,86
<i>Satt442</i>	200...325	14	10,79	0,91
<i>Satt431</i>	150...220	15	8,31	0,88
<i>Satt588</i>	103...134	6	3,42	0,71
<i>Satt373</i>	212...330	9	6,49	0,85
<i>Satt173</i>	240...326	16	10,53	0,91
<i>Satt234</i>	217...310	15	9,67	0,90
Среднее	103...330	10,67	7,04	0,83

⁵Backeljau T., De Bruyn L., De Wolfe H., Jordaens K., Van Dongen S., Winnepennincks B. Multiple UPGMA and neighbor-joining trees and the performance of some computer packages // Molecular Biology and Evolution. 1996. Vol. 13. N 2. P. 309–313.

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 (т.е. чем больше выявлено аллелей, тем выше уровень полиморфности). Средний показатель уровня полиморфности составил 7,04 ед.

Кроме того, была рассчитана величина информативной ценности использованных маркеров (PIC). Чем больше величина PIC для данного локуса, тем информативнее он в качестве маркера. Было принято следующее деление в зависимости от величины PIC: $PIC > 0,5$ – локус очень информативен; $0,5 > PIC > 0,25$ – достаточно информативен; $PIC < 0,25$ – мало информативен. Этот показатель характеризует дискриминационную силу локуса не только по количеству выявленных аллелей, но и по относительным частотам их встречаемости. Значение PIC приближается к единице, если локус имеет множество аллелей с приблизительно равной частотой встречаемости, равен нулю, если локус мономорфный [6]. В проведенных нами исследованиях установлено, что все изученные SSR-локусы имели $PIC > 0,5$, что указывает на их высокую информативность в качестве молекулярно-генетических маркеров для оценки степени генетического родства. Среднее значение PIC для изученных форм дикой сои составило 0,83. В данном случае исследуемый набор генотипов имел достаточную выборку, что повлияло на полиморфность микросателлитных локусов. В итоге выявлены высокие средние значения величины информативной ценности использованных маркеров и их уровня полиморфности.

Дискриминационные возможности представленной маркерной системы были оценены для форм дикой сои. В результате амплификации получены межсортовые полиморфные картины распределения фрагментов ДНК по всем локусам. Для каждой из 51 формы получены уникальные наборы аллелей с различием по более чем двум локусам. Для каждого сорта на основании выявленного набора аллелей микросателлитных локусов составлены молекулярно-генетические паспорта, или так называемые генетические формулы генотипов (см. табл. 2).

Для изучения генетического разнообразия дикой сои из коллекции ФНЦ ВНИИ сои определены уникальные аллели для каждого района произрастания. Для дикой сои из Зейского района большинство уникальных аллелей выявлено для формы КЗ-578 ($A_{234}, D_{230}, H_{198}, L_{310}$); из Тамбовского района – для формы КТ-158 ($A_{247}, D_{280}, F_{200}, G_{293}, H_{200}, L_{270}$); Белогорского района – для форм КБел-84 ($A_{234}, B_{185}, C_{188}, G_{315}, J_{267}$) и КБел-30 ($C_{200}, E_{120}, H_{175}, K_{331}, L_{304}$); Михайловского района – для формы КМ-6367 ($C_{181}, F_{188}, G_{205}, H_{180}$); Архаринского района – для формы КА-438 ($E_{150}, I_{110}, K_{300}$); Благовещенского района – для формы КБл-91 ($A_{234}, C_{200}, D_{244}, F_{250}, G_{275}, H_{175}, I_{110}, J_{272}, K_{250}$). Следует отметить форму дикой сои из Хабаровского края, в которой выявлено девять уникальных аллелей ($B_{173}, C_{188}, D_{222}, E_{145}, F_{235}, G_{275}, I_{130}, J_{304}, L_{240}$). Кроме того, по шесть уникальных аллелей выявлено для форм дикой сои из Китая: № 5673 – $A_{247}, C_{163}, D_{250}, E_{127}, G_{250}, H_{205}$; № 5674 – $A_{255}, B_{190}, C_{168}, D_{244}, G_{290}, L_{250}$.

Генетическое расстояние – это мера генетической дивергенции между видами, подвидами или популяциями одного вида. Чем оно меньше, тем больше генетическое сходство. Величина генетического расстояния может варьировать от 0 (между популяциями нет общих аллелей) до 1 (частоты аллелей в популяции одинаковые). В этом случае генетическая дистанция варьирует от 1 до 0. Если же генетическое расстояние между двумя популяциями составляет 1, то все гены этих популяций имеют аллели, принадлежащие только к одному из них. Такое расстояние соответствует завершению постепенной дивергенции популяции исходного вида и окончательному отделению нового вида.

Нами были произведены оценка степени генетического родства изученных генотипов сои и статистическая обработка полученных результатов с применением пакета программ POPGENE. На основе анализа бинарной матрицы рассчитаны генетическая идентичность (GI) и генетическое расстояние (GD) исследуемых сортов и диких форм сои. Для визуализации обнаруженных генетических дистанций методом невзвешенного попарно-группового анализа (UPGMA) построена дендрограмма (см. рис. 3).

Табл. 2. Молекулярно-генетические формулы коллекционных генотипов *G. soja*, полученные с использованием микросателлитного анализа

Table 2. Molecular genetic formulas of *G. soja* collection genotypes obtained using microsatellite analysis

Сорт	Формула*	Сорт	Формула*
КЗ-671	A ₂₄₇ B ₁₈₅ C ₂₀₀ D ₂₂₂ E ₁₄₀ F ₂₃₅ G ₂₅₀ H ₁₇₅ I ₁₀₃ J ₃₃₀ K ₂₇₈ L ₂₈₀	КМ-6361	A ₂₃₄ B ₂₀₀ C ₁₉₄ D ₂₇₅ E ₁₃₆ F ₃₅₆ G ₂₆₅ H ₁₇₅ I ₁₁₀ J ₂₆₇ K ₂₄₆ L ₂₆₆
КЗ-616	A ₂₄₀ B ₁₉₀ C ₂₀₀ D ₂₃₀ E ₁₄₀ F ₂₄₀ G ₂₅₀ H ₁₉₈ I ₁₂₄ J ₃₃₀ K ₂₆₃ L ₂₇₆	КМ-6368	A ₂₃₄ B ₂₀₀ C ₁₉₄ D ₂₈₀ E ₁₃₆ F ₂₅₀ G ₂₆₅ H ₂₂₀ I ₁₁₀ J ₂₆₇ K ₂₄₆ L ₂₆₆
КЗ-596	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₂₀₀ D ₂₄₄ E ₁₃₆ F ₂₃₅ G ₂₅₀ H ₁₇₅ I ₁₂₄ J ₃₃₀ K ₂₆₃ L ₂₅₈	КМ-6352	A ₂₃₄ B ₁₉₀ C ₁₉₄ D ₂₈₀ E ₁₄₀ F ₂₄₅ G ₂₆₅ H ₂₀₅ I ₁₁₀ J ₂₇₂ K ₂₄₀ L ₂₆₆
КЗ-599	A ₂₄₀ B ₂₀₀ C ₂₀₀ D ₂₅₀ E ₁₄₀ F ₂₃₅ G ₂₅₀ H ₁₈₀ I ₁₃₀ J ₃₁₂ K ₂₇₈ L ₂₅₈	КМ-6365	A ₂₃₄ B ₁₉₀ C ₁₉₄ D ₂₈₀ E ₁₃₆ F ₂₃₅ G ₂₁₅ H ₂₀₀ I ₁₁₀ J ₂₇₂ K ₂₄₀ L ₂₅₈
КЗ-578	A ₂₃₄ B ₂₀₀ C ₂₀₀ D ₂₃₀ E ₁₄₀ F ₂₂₈ G ₂₅₀ H ₁₉₈ I ₁₂₄ J ₃₀₄ K ₂₅₀ L ₃₁₀	КМ-6367	A ₂₂₂ B ₁₈₅ C ₁₈₁ D ₂₇₅ E ₁₃₆ F ₁₈₈ G ₂₀₅ H ₁₈₀ I ₁₁₀ J ₂₇₂ K ₂₄₆ L ₂₅₈
КЗ-592	A ₂₄₀ B ₂₀₀ C ₁₇₆ D ₂₅₀ E ₁₃₆ F ₂₃₅ G ₂₅₀ H ₁₇₅ I ₁₃₀ J ₃₀₄ K ₂₅₆ L ₂₉₆	КМ-6376	A ₂₂₂ B ₁₈₅ C ₂₀₀ D ₂₈₀ E ₁₃₆ F ₂₄₅ G ₂₀₀ H ₂₀₀ I ₁₁₀ J ₂₆₇ K ₂₄₆ L ₂₂₂
КЗ-642	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₁₈₁ D ₂₅₀ E ₁₃₆ F ₂₄₀ G ₂₃₅ H ₁₈₈ I ₁₀₃ J ₃₂₀ K ₂₅₀ L ₂₈₀	КМ-6360	A ₂₂₂ B ₁₈₅ C ₁₉₄ D ₂₈₀ E ₁₂₀ F ₂₄₅ G ₂₁₅ H ₁₉₅ I ₁₁₀ J ₂₆₇ K ₂₅₆ L ₂₂₂
КЗ-1209	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₁₇₆ D ₂₄₄ E ₁₃₆ F ₂₄₅ G ₂₃₅ H ₂₀₅ I ₁₀₃ J ₃₂₀ K ₂₅₆ L ₂₆₆	КМ-322	A ₂₂₂ B ₁₈₅ C ₁₉₄ D ₂₆₇ E ₁₂₇ F ₂₄₅ G ₂₁₅ H ₁₇₅ I ₁₁₀ J ₂₆₇ K ₂₆₃ L ₂₅₈
КТ-153	A ₂₃₄ B ₂₀₀ C ₁₉₄ D ₂₈₀ E ₁₅₅ F ₂₅₆ G ₃₂₀ H ₁₉₅ I ₁₁₈ J ₂₉₄ K ₃₁₃ L ₂₇₆	КА-346	A ₂₄₀ B ₁₈₅ C ₂₀₀ D ₂₃₀ E ₁₆₆ F ₂₄₅ G ₂₄₀ H ₁₇₅ I ₁₃₀ J ₂₆₇ K ₃₃₁ L ₂₆₆
КТ-156	A ₂₃₄ B ₂₀₀ C ₁₈₁ D ₂₇₅ E ₁₄₀ F ₂₅₆ G ₃₂₀ H ₂₀₅ I ₁₃₄ J ₃₀₄ K ₃₀₉ L ₂₅₀	КА-353	A ₂₄₀ B ₁₉₀ C ₂₀₀ D ₂₃₅ E ₁₆₆ F ₂₄₅ G ₂₄₀ H ₁₈₀ I ₁₃₀ J ₂₇₂ K ₃₃₁ L ₂₄₀
КТ-221	A ₂₃₄ B ₁₉₀ C ₁₉₄ D ₂₈₅ E ₁₅₅ F ₂₅₆ G ₃₂₀ H ₁₉₅ I ₁₂₄ J ₃₀₄ K ₃₂₆ L ₂₇₆	КА-360	A ₂₃₄ B ₁₉₀ C ₂₀₀ D ₂₃₅ E ₁₂₀ F ₂₄₅ G ₂₄₀ H ₁₈₅ I ₁₃₀ J ₂₇₂ K ₃₂₆ L ₂₂₈
КТ-158	A ₂₄₇ B ₂₀₀ C ₁₆₈ D ₂₈₀ E ₁₄₀ F ₂₀₀ G ₂₉₃ H ₂₀₀ I ₁₀₃ J ₃₂₀ K ₂₂₆ L ₂₇₀	КА-377	A ₂₃₄ B ₁₉₀ C ₁₉₄ D ₂₃₅ E ₁₄₅ F ₂₄₅ G ₂₄₀ H ₁₇₅ I ₁₂₄ J ₂₇₂ K ₃₂₆ L ₂₁₇
КТ-164	A ₂₃₄ B ₁₈₅ C ₁₆₈ D ₂₈₅ E ₁₄₀ F ₂₅₆ G ₃₁₅ H ₂₀₅ I ₁₀₃ J ₃₂₀ K ₃₀₉ L ₂₄₅	КА-494	A ₂₂₂ B ₁₉₀ C ₁₉₄ D ₂₃₀ E ₁₄₀ F ₂₄₅ G ₂₀₀ H ₁₆₀ I ₁₀₃ J ₂₉₄ K ₃₁₃ L ₂₁₇
КТ-165	A ₂₃₄ B ₁₉₀ C ₁₉₄ D ₂₉₅ E ₁₄₀ F ₂₅₆ G ₃₁₅ H ₂₁₀ I ₁₁₀ J ₃₂₀ K ₃₂₆ L ₂₆₆	КА-438	A ₂₄₇ B ₁₈₅ C ₂₀₀ D ₂₃₀ E ₁₅₀ F ₂₀₀ G ₂₀₀ H ₁₅₀ I ₁₁₀ J ₂₉₄ K ₃₀₀ L ₂₆₆
КТ-166	A ₂₃₄ C ₁₉₄ D ₂₉₀ E ₁₄₀ F ₂₅₆ G ₃₁₅ H ₂₁₀ I ₁₁₀ J ₃₂₀ K ₃₁₃ L ₂₆₆	КА-455	A ₂₄₇ B ₁₈₅ C ₂₀₀ D ₂₁₅ E ₁₄₀ F ₂₀₀ G ₂₁₅ H ₁₆₅ I ₁₃₀ J ₂₉₄ K ₃₃₁ L ₂₅₀
КБел-84	A ₂₃₄ B ₁₈₅ C ₁₈₈ D ₂₈₅ E ₁₄₀ F ₂₄₅ G ₃₁₅ H ₂₀₅ I ₁₁₀ J ₂₆₇ K ₃₂₆ L ₂₁₇	КА-444	A ₂₄₇ B ₁₈₅ C ₂₀₀ D ₂₁₅ E ₁₄₀ F ₂₀₀ G ₂₁₅ H ₁₈₀ I ₁₀₃ J ₂₉₄ K ₃₃₁ L ₂₂₂
КБел-107	A ₂₂₂ B ₁₉₀ C ₁₈₁ D ₂₉₀ E ₁₂₇ F ₂₅₀ G ₃₂₀ H ₂₀₅ I ₁₀₃ J ₂₇₂ K ₃₁₃ L ₂₁₇	КБл-77	A ₂₄₇ B ₂₀₀ C ₁₇₁ D ₂₂₂ E ₁₂₇ F ₂₀₀ G ₂₆₅ H ₁₈₅ I ₁₀₃ J ₂₉₄ K ₂₄₆ L ₂₂₂
КБел-50	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₁₈₁ D ₂₈₀ E ₁₄₀ F ₂₄₅ G ₃₂₀ H ₂₀₅ I ₁₀₃ J ₂₇₂ K ₃₂₆ L ₂₄₅	КБл-91	A ₂₃₄ B ₂₁₀ C ₂₀₀ D ₂₄₄ E ₁₂₀ F ₂₅₀ G ₂₇₅ H ₁₇₅ I ₁₁₀ J ₂₇₂ K ₂₅₀ L ₂₂₂
КБел-116	A ₂₅₅ B ₂₀₀ C ₁₆₃ D ₂₇₅ E ₁₂₇ F ₂₀₀ G ₃₂₀ H ₁₉₀ I ₁₁₀ J ₂₇₂ K ₃₀₅ L ₂₇₀	КБл-90	A ₂₄₇ B ₂₁₀ C ₁₇₁ D ₂₂₂ E ₁₂₀ F ₂₀₀ G ₂₅₀ H ₁₇₀ I ₁₀₃ J ₂₉₄ K ₂₂₄ L ₂₁₇
КБел-113	A ₂₅₅ B ₂₀₀ C ₁₆₈ D ₂₇₅ E ₁₂₇ F ₂₀₀ G ₂₉₀ H ₁₈₅ I ₁₁₀ J ₂₈₃ K ₃₀₅ L ₃₀₀	КБл-93	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₁₇₁ D ₂₃₀ E ₁₃₆ F ₁₉₄ G ₂₀₅ H ₁₈₀ I ₁₀₃ J ₂₉₄ K ₂₆₃ L ₂₂₂
КБел-156	A ₂₅₅ B ₂₀₀ C ₁₆₃ D ₂₈₀ E ₁₂₇ F ₂₁₀ G ₃₂₅ H ₁₈₀ I ₁₁₀ J ₂₈₃ K ₂₉₂ L ₃₁₀	КБл-5632	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₁₆₃ D ₂₃₀ E ₁₄₅ F ₁₉₄ G ₂₂₅ H ₁₈₀ I ₁₀₃ J ₂₉₄ L ₂₁₇
КБел-1275	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₁₆₃ D ₂₆₇ E ₁₁₅ F ₂₁₀ G ₃₂₅ H ₁₈₀ I ₁₁₀ J ₂₈₃ K ₃₀₅ L ₃₁₀	КБл-5625	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₁₈₁ D ₂₂₂ E ₁₆₀ F ₁₉₄ G ₂₀₀ H ₁₈₅ I ₁₀₃ J ₃₀₄ K ₂₄₆ L ₂₁₇
КБел-30	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₂₀₀ D ₂₆₇ E ₁₂₀ F ₂₁₀ G ₃₂₅ H ₁₇₅ I ₁₁₀ J ₂₇₂ K ₃₃₁ L ₃₀₄	КБл-5618	A ₂₄₇ B ₁₉₀ C ₁₈₁ D ₂₁₅ E ₁₆₆ F ₁₉₄ G ₂₀₀ H ₁₉₀ I ₁₀₃ J ₃₀₄ K ₂₄₆ L ₂₁₇
№ 5673	A ₂₄₇ B ₂₁₀ C ₁₆₃ D ₂₅₀ E ₁₂₇ F ₁₈₈ G ₂₅₀ H ₂₀₅ I ₁₀₃ J ₃₂₀ K ₃₂₆ L ₂₅₈	КБл-5630	A ₂₄₇ B ₁₈₅ C ₁₈₁ D ₂₂₂ E ₁₆₆ F ₂₀₀ G ₂₀₀ H ₁₈₅ I ₁₀₃ J ₂₁₂ K ₂₄₀ L ₂₁₇
№ 5674	A ₂₅₅ B ₁₉₀ C ₁₆₈ D ₂₄₄ E ₁₃₆ F ₁₈₈ G ₂₉₀ H ₂₀₀ I ₁₀₃ J ₃₂₀ K ₃₀₉ L ₂₅₀	№ 5683	A ₂₃₄ B ₂₁₀ C ₂₂₀ D ₂₈₅ E ₁₃₆ F ₁₈₈ G ₂₃₅ H ₂₀₀ I ₁₀₃ J ₃₂₀ K ₃₂₆ L ₂₅₈
		Ха6-1	A ₂₃₄ B ₁₇₃ C ₁₈₈ D ₂₂₂ E ₁₄₅ F ₂₃₅ G ₂₇₅ H ₂₀₀ I ₁₃₀ J ₃₀₄ K ₃₀₉ L ₂₄₀

*Коды локусов: А – *Satt470*, В – *Satt556*, С – *Satt281*, D – *Satt005*, E – *Satt002*, F – *Satt517*, G – *Satt442*, H – *Satt431*, I – *Satt588*, J – *Satt373*, K – *Satt173*, L – *Satt234*. Нижний индекс – аллельное состояние локуса (п.н.).

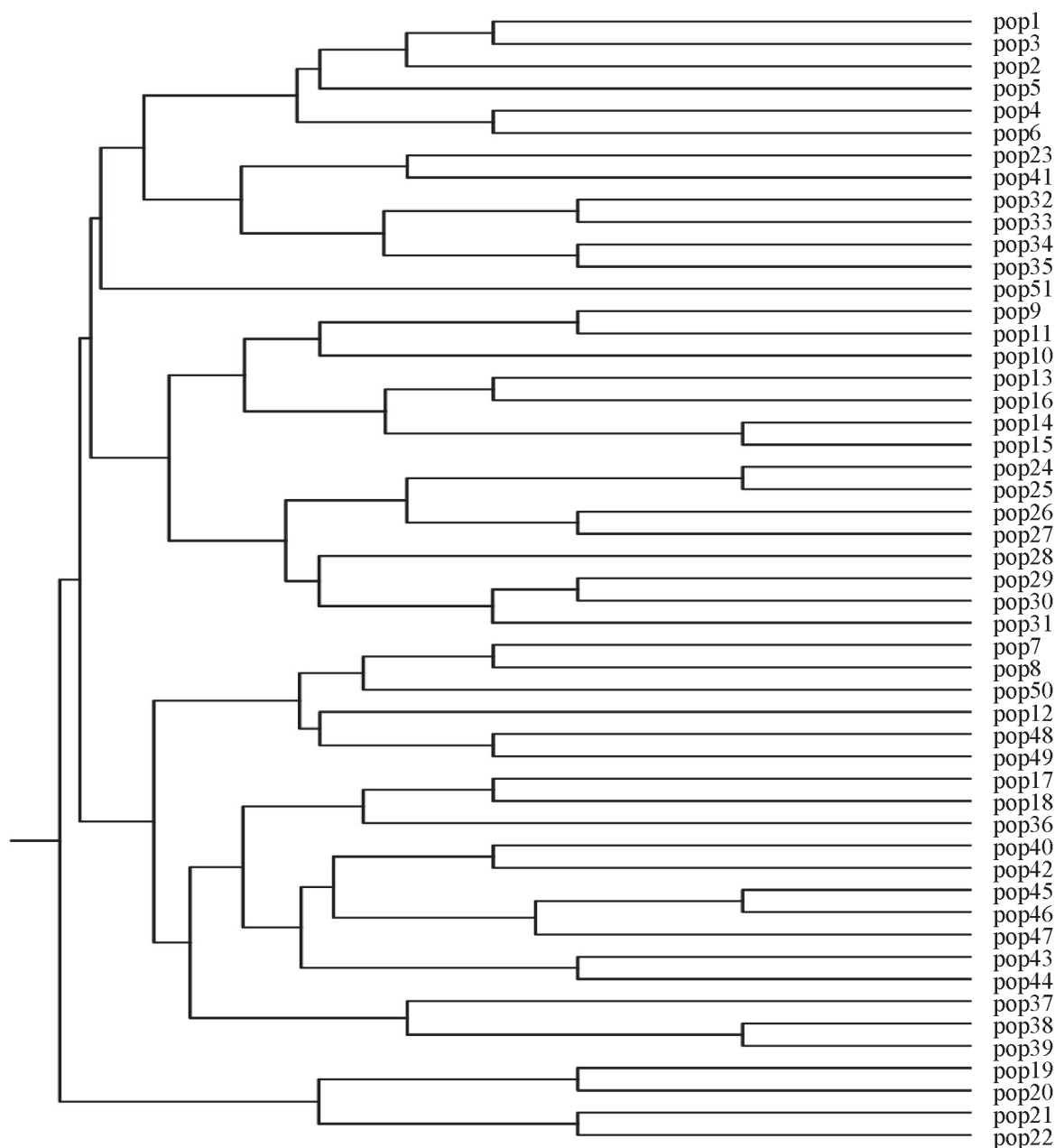


Рис. 3. Дендрограмма, демонстрирующая генетическую близость и отдаленность 51 формы дикой сои:

pop1 – K3-671, pop2 – K3-616, pop3 – K3-596, pop4 – K3-599, pop5 – K3-578, pop6 – K3-592, pop7 – K3-642, pop8 – K3-1209, pop9 – KT-153, pop10 – KT-156, pop11 – KT-221, pop12 – KT-158, pop13 – KT-164, pop14 – KT-165, pop15 – KT-166, pop16 – КБел-84, pop17 – КБел-107, pop18 – КБел-50, pop19 – КБел-116, pop20 – КБел-113, pop21 – КБел-156, pop22 – КБел-1275, pop23 – КБел-30, pop24 – КМ-6361, pop25 – КМ-6368, pop26 – КМ-6352, pop27 – КМ-6365, pop28 – КМ-6367, pop29 – КМ-6376, pop30 – КМ-6360, pop31 – КМ-322, pop32 – КА-346, pop33 – КА-353, pop34 – КА-360, pop35 – КА-377, pop36 – КА-494, pop37 – КА-438, pop38 – КА-455, pop39 – КА-444, pop40 – КБл-77, pop41 – КБл-91, pop42 – КБл-90, pop43 – КБл-93, pop44 – КБл-5632, pop45 – КБл-5625, pop46 – КБл-5618, pop47 – КБл-5630, pop48 – № 5683, pop49 – № 5673, pop50 – № 5674, pop51 – Хаб-1

Fig. 3. A dendrogram showing the genetic proximity and remoteness of 51 forms of wild soybeans:

pop1 – KZ-671, pop2 – KZ-616, pop3 – KZ-596, pop4 – KZ-599, pop5 – KZ-578, pop6 – KZ-592, pop7 – KZ-642, pop8 – KZ-1209, pop9 – KT-153, pop10 – KT-156, pop11 – KT-221, pop12 – KT-158, pop13 – KT-164, pop14 – KT-165, pop15 – KT-166, pop16 – KBel-84, pop17 – KBel-107, pop18 – KBel-50, pop19 – KBel-116, pop20 – KBel-113, pop21 – KBel-156, pop22 – KBel-1275, pop23 – KBel-30, pop24 – KM-6361, pop25 – KM-6368, pop26 – KM-6352, pop27 – KM-6365, pop28 – KM-6367, pop29 – KM-6376, pop30 – KM-6360, pop31 – KM-322, pop32 – KA-346, pop33 – KA-353, pop34 – KA-360, pop35 – KA-377, pop36 – KA-494, pop37 – KA-438, pop38 – KA-455, pop39 – KA-444, pop40 – KBl-77, pop41 – KBl-91, pop42 – KBl-90, pop43 – KBl-93, pop44 – KBl-5632, pop45 – KBl-5625, pop46 – KBl-5618, pop47 – KBl-5630, pop48 – no. 5683, pop49 – no. 5673, pop50 – no. 5674, pop51 – Hub-1

Анализ полученного иерархического дендрита позволил выделить в выборке исследованных генотипов дикой сои несколько основных кластеров, в основном соответствующих районам произрастания дикой сои. Следует отметить 100%-ю встречаемость форм дикой сои из Михайловского района в одном кластере, что свидетельствует об их высокой генетической идентичности. Заметим, что максимальная удаленность выявлена между формами дикой сои из Зейского и Белогорского районов.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Впервые проведены анализ генетического разнообразия и идентификация генофонда 47 форм дикой сои из разных районов Амурской области и 4 форм из ближайших ареалов (Хабаровский и Приморский края, Китай) с использованием 20 пар SSR-маркеров, дана оценка степени полиморфизма ДНК по микросателлитам, на основе чего составлены генетические формулы генотипов с целью молекулярно-генетической паспортизации и дифференциации форм дикой сои. Построена дендрограмма генетического сходства на основе SSR-анализа, установлена степень генетического родства исследуемых форм дикой сои из коллекции ФНЦ ВНИИ сои. Показано, что максимальное количество уникальных аллелей (по девять) выявлено среди форм из Благовещенского района (КБл-91) и Хабаровского края (Хаб-1). Незначительным генетическим разнообразием отличались формы дикой сои из Архаринского района (не более трех уникальных аллелей для каждой).

В селекционных программах рекомендуется использовать формы с наибольшим разнообразием уникальных аллелей. Таким образом, апробированная в работе маркерная система может быть использована для генетического дифференцирования форм дикой сои.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Zhuang Y., Li X., Hu J., Xu P., Zhang D. Expanding the gene pool for soybean improvement with its wild relatives // aBIOTECH. 2022. N 3. P. 115–125.
2. Ren Zh., Yin X., Liu L., Zhang L., Shen W., Fang Zh., Yu Q., Qin L., Chen L., Jia R., Wang X., Liu B. Flavonoid localization in soybean seeds: Comparative analysis of wild (*Glycine soja*) and cultivated (*Glycine max*) varieties // Food Chemistry. 2024. Vol. 456. P. 139883.
3. Chen Q., Wang X., Yuan X., Shi J., Zhang Ch., Yan N., Jing Ch. Comparison of phenolic and flavonoid compound profiles and antioxidant and α -glucosidase inhibition properties of cultivated soybean (*Glycine max*) and wild Soybean (*Glycine soja*) // Plants. 2021. Vol. 10. N 4. P. 813.
4. Chaudhary J., Deshmukh R., Mir Z.A., Bhat J.A. Metabolomics: An Emerging Technology for Soybean Improvement // Biotechnology Products in Everyday Life. 2019. January. P. 175–186.
5. Tiwari Sh., Tripathi N., Tsuji K., Tantai K. Genetic diversity and population structure of Indian soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) as revealed by microsatellite markers // Physiology and Molecular Biology of Plants. 2019. Vol. 25. N 4. P. 953–964.
6. Рамазанова С.А., Коломыцева А.С. Оптимизация технологии генотипирования сои на основе анализа полиморфизма SSR-локусов ДНК // Масличные культуры. 2020. № 1 (181). С. 42–48.
7. Hwang T.-Yo., Gwak B.S., Sung J.-K., Kim H.-S. Genetic diversity patterns and discrimination of 172 Korean Soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) varieties based on SSR analysis // Agriculture. 2020. Vol. 10. N 3. P. 77.
8. 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.
9. Калицкая Н.Г., Синеговская В.Т., Кобозева Т.П. Оценка межвидовых и внутривидовых гибридов сои первого поколения // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2021. № 6. С. 4–7.
10. Nawaz M.A., Lin X.A., Chan T.-F., Ham J., Shin T.-S., Ercisli S., Golokhvast K., Lam H.-M., Chung G. Korean Wild Soybeans (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.): Geographic Distribution and Germplasm Conservation // Agronomy. 2020. Vol. 10. N 2. Art. 214.
11. Li M.W., Wang Z., Jiang B., Kaga A., Wong F.-L., Zhang G., Han T., Chung G., Nguyen H., Lam H.-M. Impacts of genomic research on soybean improvement in East Asia // Theoretical and Applied Genetics. 2020. Vol. 133. N 5. P. 1655–1678.
12. Бондаренко О.Н., Галиченко А.П., Блинова А.А. Ассоциация между длинами микросателлитных локусов и проявлением ценных сельскохозяйственных признаков у дикой сои // BIOAsia-Altai. 2024. Т. 4. № 4. С. 278–282.

REFERENCES

1. Zhuang Y., Li X., Hu J., Xu P., Zhang D. Expanding the gene pool for soybean improvement with its wild relatives. *ABIOTECH*, 2022, no. 3, pp. 115–125.
2. Ren Zh., Yin X., Liu L., Zhang L., Shen W., Fang Zh., Yu Q., Qin L., Chen L., Jia R., Wang X., Liu B. Flavonoid localization in soybean seeds: Comparative analysis of wild (*Glycine soja*) and cultivated (*Glycine max*) varieties. *Food Chemistry*, 2024, vol. 456, p. 139883.
3. Chen Q., Wang X., Yuan X., Shi J., Zhang Ch., Yan N., Jing Ch. Comparison of phenolic and flavonoid compound profiles and antioxidant and α -glucosidase inhibition properties of cultivated soybean (*Glycine max*) and wild Soybean (*Glycine soja*). *Plants*, 2021, vol. 10, no. 4, p. 813.
4. Chaudhary J., Deshmukh R., Mir Z.A., Bhat J.A. Metabolomics: An Emerging Technology for Soybean Improvement. *Biotechnology Products in Everyday Life*, 2019, January, pp. 175–186.
5. Tiwari Sh., Tripathi N., Tsuji K., Tantai K. Genetic diversity and population structure of Indian soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) as revealed by microsatellite markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 2019, vol. 25, no. 4, pp. 953–964.
6. Ramazanov S.A., Kolomytseva A.S. Optimization of soybean genotyping process using analysis of a polymorphism of SSR loci in DNA. *Maslichnye kul'tury = Oil Crops*, 2020, no. 1 (181), pp. 42–48. (In Russian).
7. Hwang T.-Yo., Gwak B.S., Sung J.-K., Kim H.-S. Genetic diversity patterns and discrimination of 172 Korean Soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) varieties based on SSR analysis. *Agriculture*, 2020, vol. 10, no. 3, p. 77.
8. Bondarenko O.N., Blinova A.A., Ivachenko L.E., Lavrentieva S.I. Selection of microsatellite DNA loci for creating molecular genetic passports of wild forms and varieties of Amur soybean breeding. *Vestnik Dal'nevostochnogo otdeleniya Rossiyskoy akademii nauk = Vestnik of the Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences*, 2022, no. 2 (222), pp. 37–48. (In Russian).
9. Kalitskaya N.G., Sinogovskaya V.T., Kobozeva T.P. Assessment of intra- and inter species of the first-generation soybean hybrids. *Vestnik rossiyskoy sel'skokhozyaistvennoy nauki = Vestnik of the Russian Agricultural Science*, 2021, no. 6, pp. 4–7. (In Russian).
10. Nawaz M.A., Lin X.A., Chan T.-F., Ham J., Shin T.-S., Ercisli S., Golokhvast K., Lam H.-M., Chung G. Korean Wild Soybeans (*Glycine soja* Sieb. & Zucc.): Geographic Distribution and Germplasm Conservation. *Agronomy*, 2020, vol. 10, no. 2, art. 214.
11. Li M.W., Wang Z., Jiang B., Kaga A., Wong F.-L., Zhang G., Han T., Chung G., Nguyen H., Lam H.-M. Impacts of genomic research on soybean improvement in East Asia. *Theoretical and Applied Genetics*, 2020, vol. 133, no. 5, pp. 1655–1678.
12. Bondarenko O.N., Galichenko A.P., Blinova A.A. Association between the lengths of microsatellite loci and the manifestation of valuable agricultural traits in wild soybeans. *BIOAsia-Altai = BIOAsia-Altai*, 2024, vol. 4, no. 4, pp. 278–282. (In Russian).

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

(✉) **Лаврентьева С.И.**, ведущий научный сотрудник, кандидат биологических наук, доцент; SPIN-код 8020-9964; **адрес для переписки:** Россия, 675027, Благовещенск, Игнатьевское шоссе, 19; e-mail: lana.lavrenteva.1984@mail.ru

Бондаренко О.Н., научный сотрудник; SPIN-код 1592-0588

Иваний А.А., младший научный сотрудник; SPIN-код 2512-8754

Блинова А.А., научный сотрудник; SPIN-код 8575-0430

Иваченко Л.Е., ведущий научный сотрудник, доктор биологических наук, доцент; SPIN-код 4641-4820

Голохваст К.С., директор СФНЦА РАН, доктор биологических наук, профессор РАН; SPIN-код 7598-2190

AUTHOR INFORMATION

(✉) **Svetlana I. Lavrent'yeva**, Lead Researcher, Candidate of Science in Biology, Associate Professor; SPIN-code 8020-9964; **address:** 19, Ignatievskoe shosse, Blagoveshchensk, 675027, Russia; e-mail: lana.lavrenteva.1984@mail.ru

Olga N. Bondarenko, Researcher; SPIN-code 1592-0588

Alena A. Ivaniy, Junior Researcher; SPIN-code 2512-8754

Anastasia A. Blinova, Researcher; SPIN-code 8575-0430

Lyubov E. Ivachenko, Lead Researcher, Doctor of Science in Biology, Associate Professor; SPIN-code 4641-4820

Kirill S. Golokhvast, Director SFSCA RAS, Doctor of Science in Biology, Professor RAS; SPIN-code 7598-2190

Дата поступления статьи / Received by the editors 11.11.2024
Дата принятия к публикации / Accepted for publication 25.12.2024
Дата публикации / Published 15.04.2025