

Ануарбек Ш.Н.,
Волкова Л.А.,
Туруспеков Е.К.,
Абугалиева С.И.

**Скрининг мировой коллекции
сои с использованием
ДНК-маркеров**

Коллекция сои (*Glycine max* (L.) Merrill) состоящая из 120 сортов и линий селекции 12 стран, характеризующаяся различным временем цветения и созревания, соответствующих группам спелости I, 0, 00 и 000, проанализирована с использованием ДНК-маркеров. В работе использовано 25 микросателлитных маркеров, связанных с фотопериодом, цветением и созреванием. Обнаружено 98 аллелей, со средним эффективным количеством аллелей, равным 2,9. Рассчитаны индексы генетического разнообразия Шеннона, Нея и PIC, равные 1,046; 0,557 и 0,509, соответственно. Полученная информация, наряду с результатами анализа генетического разнообразия коллекции по специфическим генам цветения и развития сои и полевых данных, будет использована совместно с селекционерами в программах, направленных на повышение адаптивности и продуктивности сои в различных регионах Казахстана.

Ключевые слова: соя, группы спелости, генетическое разнообразие, SSR-маркеры.

Anuarbek Sh.N.,
Volkova L.A.,
Turuspekov Ye.K.,
Abugaliyeva S.I.

**Screening of soybean world
collection using dna markers**

Collection of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) consisting from 120 cultivars and promising lines from 12 countries analyzed by using DNA markers. The collection well characterized earlier by flowering time and seed maturation phases of plant growth, and ranged according to ripening groups (I, 0, 00, and 000). In this study 25 microsatellite markers associated with photoperiod, flowering time, and seed maturation were used. It was determined that for those DNA markers, the collection has 98 alleles with average effective number of alleles 2.9/ Also, genetic indexes of Shannon, Nei and PIC were estimated (1.046, 0.557, 0.509, respectively). Obtained results on genetic diversity along with data for specific genes of flowering and plant development, and field data, will be implemented in breeding programs for improved adaptation, and higher productivity in different regions of Kazakhstan.

Key words: soybean, ripening groups, genetic diversity, SSR markers.

Әнуарбек Ш.Н.,
Волкова Л.А.,
Туруспеков Е.К.,
Абугалиева С.И.

**ДНК-маркерлерін қолдану
арқылы Сояның әлемдік
коллекциясының скринингі**

Әлемнің 12 елінің селекциясының 120 сорттары мен линияларынан құралған сояның (*Glycine max* (L.) Merrill) коллекциясы пісудің I, 0, 00 және 000 топтарына сәйкес, гүлдеуі мен дамуы уақыттарының әртүрлілігі ДНК-маркерлерін қолдану арқылы талданды. Аталған жұмыста фотопериодпен, гүлдеумен және пісіп-жетілумен байланысқан 25 микросателлитті маркерлер қолданылды. Барлығы 98 аллель анықталды. Орташа тиімді аллельдер саны 2,9 тең. Шеннон мен Нейдің генетикалық ауантүрлілік индекстері, сонымен қатар PIC есептелді. Олар өз кезегінде 1,046, 0,557 және 0,509 тең. Гүлдеудің және дамудың басқа да спецификалық гендері бойынша алынған коллекцияның генетикалық ауантүрлілігінің нәтижелерді және далалық мәліметтерді қоса алғандағы барлық нәтижелер селекционерлермен бірге, Қазақстанның әртүрлі аймақтарындағы сояның төзімділігі мен бейімделуін арттыруға бағытталған бағдарламаларда қолданылады.

Түйін сөздер: соя, пісудің топтары, генетикалық ауантүрлілік, SSR-маркерлер.

СКРИНИНГ МИРОВОЙ КОЛЛЕКЦИИ СОИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДНК-МАРКЕРОВ

Введение

Соя – одна из важнейших зернобобовых культур в мире, в т.ч. в Казахстане.

Правительство Республики Казахстан в последнее время придает ей большое значение как стратегической культуре, запланировано и начато значительное поэтапное расширение ее посевных площадей. Так, в начале 2000-х годов в республике соя занимала 40 тыс. га, а к 2020 году предусматривается расширение посевов сои до 400 тыс.га для обеспечения производства до 1 млн. тонн. В связи с этим, поставлена задача продвижения сои на Север, Восток страны [1, 2]. Для интродукции новых культур в новые условия выращивания необходимы целенаправленные научные исследования с целью идентификации наиболее адаптированных сортов и линий. Для этого ежегодно пополняются и изучаются генетические ресурсы сои, как на фенотипическом, так и на молекулярном уровне, для развития соответствующих селекционных программ.

В настоящее время в мировой практике различают до 13 групп созревания сои, обозначаемые как 000, 00, 0, и от I до X. Сорты групп 000 до IV рассматриваются как раннеспелые, адаптированные к более северным климатическим зонам с обозначением группы созревания с увеличением по мере продвижения на юг [3, 4]. Гермоплазма сои разных стран идентифицирована по группам созревания, молекулярным маркерам и аллельному состоянию генов цветения и созревания [4-8]. Однако, такая информация имеется только по группам созревания, в то время как информация по генетике признаков цветения и созревания отсутствует для генофонда сои Казахстана.

Одним из наиболее используемых и эффективных типов маркеров являются микросателлитные ДНК-маркеры, или SSR (Simple Sequence Repeats – простые повторяющиеся последовательности), преимущества которых заключаются в их воспроизводимости, высоком уровне полиморфизма, кодоминантном наследовании, они могут быть легко детектированы с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР) и обычно для них известна информация об их локализации [9]. SSR-маркеры широко используются в изучении генетического разнообразия

сои [4, 8]. картировании [10, 11]. Так, например, Zuo et al. [11], анализируя 275 образцов сои из Китая с использованием 118 микросателлитных маркеров с помощью метода ассоциативного картирования, обнаружили ряд QTL (локусов количественных признаков) и ДНК-маркеров нечувствительности к фотопериоду и температуре. Авторами был выявлено 20 «элитных» аллелей, связанных с нечувствительным ответом к фотопериоду и температуре (IRPT – an insensitive response to photoperiod and temperature), среди которых наиболее значимыми 5 аллелей Satt150-244, Satt308-164, Satt308-206, Satt440-176 и Satt440-206.

Ранее нами было осуществлено ДНК-генотипирование 40 сортов и линий сои Казахстана с использованием ДНК-маркеров – ISSR (inter simple sequence repeats) и SSR, созданы паспорта сортов сои казахстанской селекции по 20 информативным микросателлитным маркерам [12-14]. Целью данного исследования было изучение генетического разнообразия генофонда сои Казахстана с использованием микросателлитных маркеров для дальнейшего использования полученных результатов в селекции, в том числе молекулярной, а также при патентовании и регистрации вновь созданных или интродуцированных сортов.

Материалы и методы

В работе использовалась мировая коллекция сои, состоящая из 120 сортов и линий, характеризующаяся различным временем цветения и созревания (группы спелости I, 0, 00 и 000) (рисунок 1).

Выделение тотальной ДНК проводили по DeLaporta [15]. Концентрацию тотальной ДНК определяли спектрофотометрически на спектрофотометре BioRad (США).

Для изучения микросателлитных (или SSR) маркеров применяли метод ПЦР с использованием различных пар SSR-праймеров, с соответствующей оптимизацией условий реакции для конкретных пар праймеров [10]. Реакционная среда для SSR-амплификации включала 0,2 мМ каждого dNTP, 250 мкМ каждого праймера, 0,5-1,5 мМ MgCl₂, 1 ед. Taq-полимеразы, 30-50 нг исследуемой ДНК.

ПЦР, включающую предварительную денатурацию тотальной ДНК при 94°C в течение 1 мин, последующие 30-40 циклов (94°C – 1 мин, 50-60°C – 30-60 сек, 72°C – 1 мин) и элонгацию при 72°C – 7 мин., проводили, используя термоамплификатор Veriti (Applied Biosystems,

США). Количество циклов и температура отжига зависели от используемых в анализе пар праймеров.

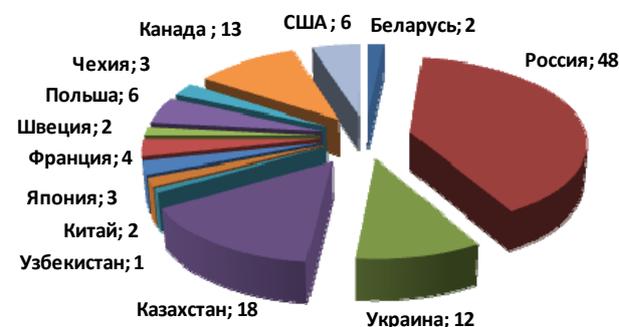


Рисунок 1 – Распределение сортов и линий коллекции сои по стране происхождения

Продукты ПЦР разделяли электрофоретически в 1,5% агарозном и 6% полиакриламидном гелях в трис-ЭДТА-боратном буфере pH 8,0.

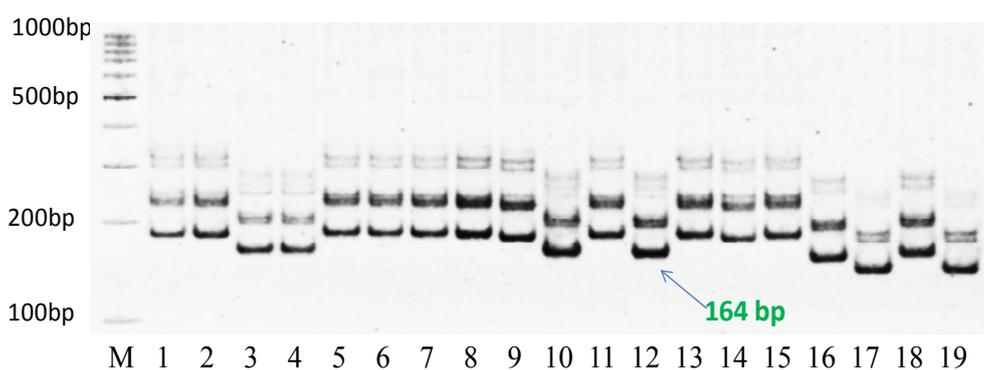
В работе также использованы статистические программы, основанные на методах для определения генетических расстояний и генетического разнообразия (PopGene32, UPGMA – Unweighted Pair-Group Methods) [16-17].

Результаты и их обсуждение

Коллекция сортов и линий сои проанализирована с использованием 25 микросателлитных маркеров, локализованных на 16 хромосомах сои – Gm2, Gm3, Gm4, Gm6, Gm7, Gm8, Gm9, Gm10, Gm12, Gm13, Gm14, Gm16, Gm17, Gm18, Gm19 и Gm20 (таблица 1). На рисунках 2 и 3 представлены электрофореграммы образцов изучаемой мировой коллекции сои SSR-маркерам Satt308 и Satt440, соответственно.

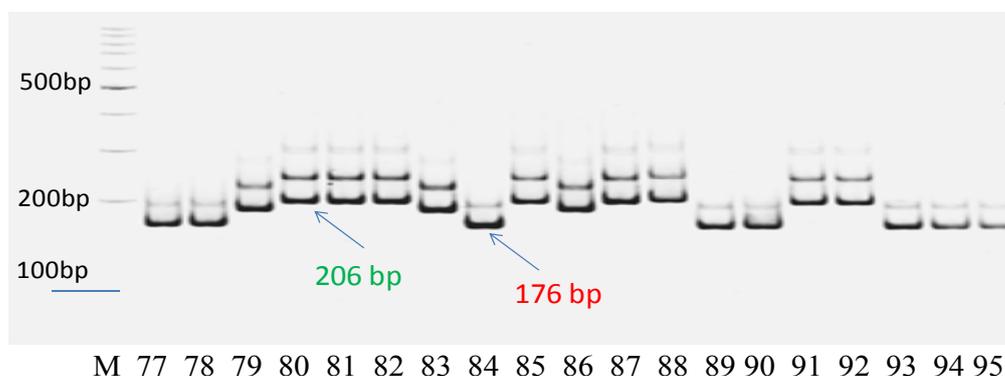
Для 5 из 120 изученных сортов Харбин (Китай), Maple Glen, Gaillard (Канада), Касатка, Северная 5 (Россия) был обнаружен аллель Satt308-164 (таблица 2), отмеченный китайскими авторами Zuo et al. (2013), как один из ДНК-маркеров нечувствительности к фотопериоду и температуре.

Обнаружено три аллеля по локусу Satt440, 2 из которых также были выявлены Zuo et al. (2013) – Satt440-176 и Satt440-206, обнаруженные для 40 и 56 сортов и линий (таблица 2). Причем, для сортов Харбин, Maple Glen, Gaillard, Касатка, Северная 5 было выявлено сочетание двух аллелей нечувствительности к фотопериоду.



М – маркер молекулярных весов (Fermentas, 100 bp), 1-19– сорта сои: 1 – Ясельда; 2 – Припять; 3 – ОАС Vision; 4 – Maplepresto; 5 – Emerson; 6 – P-73-3; 7 – Supra; 8 – Maple Ridge; 9 – Maplearrow; 10 – Mapleglen; 11 – Mapleamber; 12 – Gaillard; 13 – KG 20; 14 – Accord; 15 – AC Brant; 16 – Харбин; 17 – Хейхек 14; 18 – LMF; 19 – Chabem Wekoju

Рисунок 2 – Электрофореграммы сортов и линий коллекции сои по SSR-маркеру Satt308 (фрагмент)



М – маркер молекулярных весов (Fermentas, 100 bp), 77-95 – сорта сои: 77– Прикорпатська 81; 78 – Черновицкая 7; 79 – Спритна; 80 – Терек; 81 – Устя; 82 – Хорол; 83 – Юг 30; 84 – Естофита; 85 – Подяка; 86 – Викторина; 87 – Аннушка; 88 – Amour; 89 – Kalmit; 90 – Sepia; 91 – Amphor; 92 – Toury; 93 – Rana; 94 – Turijskaja masnaja; 95 – Fiskeby v

Рисунок 3 – Электрофореграммы сортов коллекции сои по SSR-маркеру Satt440 (фрагмент)

Образцы коллекции сои, имеющие указанные аллели нечувствительности к фотопериоду и температуре, распределились следующим образом:

Satt308-164 – Харбин, Mapleglen, Gaillard, Касатка, Северная 5;

Satt440-176 – Ясельда, Припять, Maple Ridge, Харбин, Хейхек 14, Arctic, Kolleksiyna, Warsawska, Амурская 401, ВНИИС -1, Лучезарная, ПЭП 27, Сибниик 315, ВНИИС2, Соер 4, Вега, Луч надежды, Зерница, Сибирячка, Гармония, Романтика, Вейделевская 17, Carola, SD-75, Прикорпатська 81, Черновицкая 7, Естофита, Kalmit, Sepia, Rana, Turijskaja masnaja, Fiskeby v, Fiskeby III, SD-98, Johnny, 126/1, 362/2, 371/2, Зара, Мисула;

Satt440-206 – ОАС Vision, Maplepresto, Emerson, P-73-3, Mapleglen, Mapleamber, Gaillard, KG 20, Accord, AC Brant, LMF, Chabem Wekoju, Nawiko, Касатка, Северная 5, Смена, Рассвет, Соер 3491, Омская 4, Соер -3, Брянская, Лидия, Золотистая, Магева, Соер-5, Окская, Светлая, Малета, Соната, Закат, Свапа, Ланцетная, Л315/07, Эльдorado, Белгородская 6, Янтарная, Алтом, СибНИИСХОЗ 6, Белор, Соер 345, Грибская Кормовая, Красивая мечта, Терек, Устя, Хорол, Подяка, Аннушка, Amour, Oyachi №2, SD 99, Semu 315, 422/1, 186/1, 261/1, 350/1, 370/2

Для 25 SSR-маркеров было всего идентифицировано 98 аллелей, что в среднем составило 3,9 аллеля на маркер (таблица 3). Количество ал-

лелей варьировало от 2 (*Sat_174, Satt234, Satt387, Satt564, Satt690, FT3*) до 7 (*Satt063, Satt458*) (таблица 3). При этом количество эффективных аллелей варьировало от 1,04 до 5,72 со средним значением 2,93. Информационный индекс Шеннона [28] варьировал в пределах 0,097-1,841, среднее

значение равнялось 1,046 (таблица 2). Индекс генетического разнообразия Нея составил в среднем 0,557. Среднее значение PIC, индекса информативности маркеров, при анализе сортов и линий сои составило 0,509, варьировавшее от 0,038 у *Satt690* до 0,802 у *Satt063* и *Satt458*.

Таблица 2 – Оценка уровня генетического разнообразия SSR-локусов, связанных с цветением, созреванием у 25 сортов и линий коллекции сои

Локус	na*	ne*	I*	Nei*	PIC*
FT3	2	1,051	0,117	0,049	0,048
FT6	5	4,580	1,558	0,782	0,746
Sat_174	2	1,851	0,653	0,460	0,354
Sat_404	6	4,786	1,658	0,791	0,760
Satt063	7	5,726	1,819	0,825	0,802
Satt150	3	1,812	0,674	0,448	0,357
Satt156	5	3,848	1,457	0,740	0,698
Satt180	4	3,797	1,358	0,737	0,688
Satt228	3	2,582	1,016	0,613	0,539
Satt234	2	1,161	0,266	0,139	0,129
Satt262	3	1,999	0,867	0,500	0,449
Satt307	6	4,083	1,519	0,755	0,716
Satt308	6	4,076	1,534	0,755	0,715
Satt387	2	1,600	0,562	0,375	0,305
Satt434	4	2,788	1,137	0,641	0,570
Satt440	4	3,635	1,331	0,725	0,675
Satt458	7	5,706	1,841	0,825	0,802
Satt489	5	3,816	1,458	0,738	0,697
Satt496	3	2,240	0,890	0,554	0,458
Satt557	4	2,745	1,143	0,636	0,570
Satt564	2	1,280	0,377	0,219	0,195
Satt567	5	3,170	1,276	0,685	0,629
Satt600	3	1,423	0,570	0,297	0,274
Satt659	3	2,493	0,985	0,599	0,521
Satt690	2	1,040	0,097	0,039	0,038
Mean	3,9	2,932	1,046	0,557	0,509
St. Dev	1,6	1,420	0,522	0,244	0,238

Примечание: na – количество аллелей на локус; ne – эффективное количество аллелей; I – информационный индекс Шеннона; Nei – индекс разнообразия Нея; PIC – индекс информативности маркеров; Mean – среднее значение; St.Dev. – стандартное отклонение

Таким образом, мировая коллекция сои, относящаяся к четырем группам созревания охарактеризована с помощью 25 микросателлит-

ных маркеров, связанных с временем цветения и созревания. Полученные результаты могут быть использованы для эффективной дискриминации

образцов сои из Казахстана, в усилении селекционных программ и охране прав селекционеров и селекционных достижений.

Работа выполнена в рамках проекта «Оценка генетической изменчивости и фенотипических особенностей сои для повышения адаптации

и продуктивности в различных агроклиматических условиях Казахстана» по бюджетной программе МОН РК «Грантовое финансирование научных исследований» на 2015-2017 гг. Авторы благодарят ведущего научного сотрудника КазНИИЗиР Дидоренко С.В. за предоставленный материал сои.

Литература

- 1 Кудайбергенов М.С., Дидоренко С.В. Состояние, проблемы и перспективы развития семеноводства масличных и зернобобовых культур в республике Казахстан // Международный симпозиум «Состояние и перспективы развития семеноводства в Казахстане», Алматы, 2012. -С. 102-108.
- 2 Сидорик И.В., Кожакметов А.С., Дидоренко С.В. Перспективы возделывания сои в Костанайской области // Вестник сельскохозяйственной науки Казахстана, 2013, №5. – С.7-11.
- 3 Сеферова И.В. Эколого-географическая оценка биологического потенциала скороспелых сортов и осевенение сои / И. В. Сеферова, Т. В. Мисюрин, М. А. Никишкина // Сельскохозяйственная биология. – 2007. – № 5. – С. 42-47.
- 4 Jia H., Jiang B., Wu C., Lu W., Hou W., et al. Maturity Group Classification and Maturity Locus Genotyping of Early-Maturing Soybean Varieties from High-Latitude Cold Regions // PLoS ONE. – 2014. – Vol. 9, №4. – P. e94139. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0094139>
- 5 Ristova D., Šarcevic H., Šimon S., Mihajlov L., Pejic I. Genetic Diversity in Southeast European Soybean Germplasm Revealed by SSR markers // Agriculturae Conspectus Scientificus. – 2010. – Vol. 75. – №1. – P. 21-26.
- 6 Вишнякова М.А. Исходный материал для современных направлений селекции сои в коллекции ВИР Электронный ресурс./ М.А. Вишнякова, М.А. Бурляева, И.В. Сеферова и др. <http://vir.nw.ru/glycine/vladik.htm>, 2004.
- 7 Li W., Han Y., Zhang D., Yang M., Teng W., Jiang Z., Qiu L., Sun G. Genetic diversity in soybean genotypes from north-eastern China and identification of candidate markers associated with maturity rating // Plant Breeding. – 2008. – Vol. 127. – N. 5. – P. 494–500.
- 8 Molnar S.J., Rai S., Charette M. and Cober E.R. Simple sequence repeat (SSR) markers linked to E1, E3, E4, and E7 maturity genes in soybean // Genome. – 2003. – Vol.46. – P. 1024-1036. [doi/abs/10.1139/g03-079](http://dx.doi.org/10.1139/g03-079)
- 9 Varshney R.K., Graner A., Sorrells M.E. Genic microsatellite markers in plants: Features and applications // TRENDS in Biotechnology. – 2005. – Vol. 23. – №1. – P. 48-55. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tibtech.2004.11.005>
- 10 Cregan, P., Jarvik T., Bush A., Shoemaker R., Lark K., Kahler A., Kaya N., Van Toai T., Lohnes D., Chung J., Specht J. An integrated genetic linkage map of the soybean genome // Crop Science. – 1999. – Vol. 39. – P. 1464–1490.
- 11 Zuo Q., Wen Z., Zhang S., Hou J., Gai J., Yu D., Xing H. QTL Identification of the Insensitive Response to Photoperiod and Temperature in Soybean by Association Mapping // Journal of Integrative Agriculture. – 2013. – Vol. 12. – N.8. – P. 1423–1430. [doi:10.1016/S2095-3119\(13\)60554-7](http://dx.doi.org/10.1016/S2095-3119(13)60554-7).
- 12 Аbugалиева С.И., Волкова Л.А., Жидовинова А.В., Ледовской Ю.С., Турусбеков Е.К. Генотипирование сортов сои Казахстана с использованием ISSR-маркеров // Вестник КазНУ. Серия биологическая. 2010. – №4. – С.8-11.
- 13 Аbugалиева С.И., Волкова Л.А., Нурланова А.А., Жанпейсова А.С., Турусбеков Е.К. ДНК-фингерпринтинг сортов сои Казахстана с использованием микросателлитных маркеров // Биотехнология. Теория и практика. – 2013. – №3. – С. 26-34. <http://dx.doi.org/10.11134/ btp.3.2013.4>
- 14 Аbugалиева С.И. Генетическое разнообразие сои (*Glycine max* (L.) Merrill) // Биотехнология. Теория и практика. – 2013. – №4. – С. 13-19. <http://dx.doi.org/10.11134/ btp.4.2013.2>.
- 15 Delaporta S.L., Wood J., Hicks J.B. A plant DNA miniprep. Version II // Plant Mol. Biol. Rep. – 1983. – Vol. 4. – P. 19-21.
- 16 Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms // American Journal of Human Genetics. – 1980. – Vol.32. – P.314-331.
- 17 Magurran A. Measuring Biological Diversity. Malden, 2004. MA: Blackwell Publishing. 215 p.

References

- 1 Kudaibergenov M.C., Didorenko S.V. State, problems and prospects of development of seed farming of oil-bearing and leguminous crops in the Republic of Kazakhstan // The international symposium «A state and prospects of development of seed farming in Kazakhstan», Almaty, 2012. – P. 102-108.
- 2 Sidorik I.V., Kozhakhmetov A.S., Didorenko S.V. Prospects of cultivation of soy in the Kostanay region// The Bulletin of agricultural science of Kazakhstan, 2013, N5. – P.7-11.
- 3 Seferova I.V. Ecological and geographical assessment of biological potential of early ripening varieties and moving of soybean to the North / I.V. Seferova, T. V. Misyurina, M.A. Nikishina // Agricultural biology. – 2007. – Vol.5. – P. 42-47.

- 4 Jia H., Jiang B., Wu C., Lu W., Hou W., et al. Maturity Group Classification and Maturity Locus Genotyping of Early-Maturing Soybean Varieties from High-Latitude Cold Regions // PLoS ONE. – 2014. – Vol. 9, №4. – P. e94139. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0094139>
- 5 Ristova D., Šarcevic H., Šimon S., Mihajlov L., Pejic I. Genetic Diversity in Southeast European Soybean Germplasm Revealed by SSR markers // Agriculturae Conspectus Scientificus. – 2010. – Vol. 75. – №1. – P. 21-26.
- 6 Vishnyakova M.A. Initial material for the modern directions of selection of soy in the VIR collection. Electronic source // Vishnyakova M.A., M.A. Burlyaeva, I.V. Seferova. <http://vir.nw.ru/glycine/vladik.htm>, 2004.
- 7 Li W., Han Y., Zhang D., Yang M., Teng W., Jiang Z., Qiu L., Sun G. Genetic diversity in soybean genotypes from north-eastern China and identification of candidate markers associated with maturity rating // Plant Breeding. – 2008. – Vol. 127. – N. 5. – P. 494–500.
- 8 Molnar S.J., Rai S., Charette M. and Cober E.R. Simple sequence repeat (SSR) markers linked to E1, E3, E4, and E7 maturity genes in soybean // Genome. – 2003. – Vol. 46. – P. 1024-1036. doi/abs/10.1139/g03-079
- 9 Varshney R.K., Graner A., Sorrells M.E. Genic microsatellite markers in plants: Features and applications // TRENDS in Biotechnology. – 2005. – Vol. 23. – №1. – P. 48-55. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tibtech.2004.11.005>
- 10 Cregan, P., Jarvik T., Bush A., Shoemaker R., Lark K., Kahler A., Kaya N., Van Toai T., Lohnes D., Chung J., Specht J. An integrated genetic linkage map of the soybean genome // Crop Science. – 1999. – Vol. 39. – P. 1464–1490.
- 11 Zuo Q., Wen Z., Zhang S., Hou J., Gai J., Yu D., Xing H. QTL Identification of the Insensitive Response to Photoperiod and Temperature in Soybean by Association Mapping // Journal of Integrative Agriculture. – 2013. – Vol. 12. – N.8. – P. 1423–1430. doi:10.1016/S2095-3119(13)60554-7.
- 12 Abugalieva S.I., Volkova L.A., Zhidovinova A., Ledovskoy Yu., Turuspekov Ye.K. Genotyping of soybean cultivars from Kazakhstan by using ISSR markers // Bulletin of KazNU. Biology. 2010. – Vol. 4. – P. 8-11.
- 13 Abugalieva S.I., Volkova L.A., Nurlanova A., Zhanpeisova A., Turuspekov Ye.K. DNA fingerprinting of Kazakhstan's soybean using microsatellites // Biotechnology. Theory and practice. – 2013. – Vol. 3. – P. 26-34. <http://dx.doi.org/10.11134/btp.3.2013.4>
- 14 Abugalieva S.I. Genetic diversity of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) // Biotechnology. Theory and practice. – 2013. – Vol. 4. – P. 13-19. <http://dx.doi.org/10.11134/btp.4.2013.2>.
- 15 Delaporta S.L., Wood J., Hicks J.B. A plant DNA miniprep. Version II // Plant Mol. Biol. Rep. – 1983. – Vol. 4. – P. 19-21.
- 16 Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms // American Journal of Human Genetics. – 1980. – Vol. 32. – P. 314-331.
- 17 Magurran A.E. Measuring Biological Diversity. Malden, 2004. MA: Blackwell Publishing. 215 p.