

Научная статья  
 УДК 575.11  
 doi: 10.48612/vch/xxxx-gr7g-5kf7

## ОПЫТ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ СИСТЕМЫ ПАСПОРТИЗАЦИИ В УСТАНОВЛЕНИИ СОРТОВОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ СОИ

**Ольга Николаевна Бондаренко, Алена Андреевна Иванов, Андрей Андреевич Пензин**  
 Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт сои»  
 675028, г. Благовещенск, Российская Федерация

**Аннотация.** Внедрение системы генетической паспортизации с использованием SSR-маркеров представляет собой эффективный метод для определения сортовой принадлежности сои и обнаружения фальсификаций. В современных условиях, когда рынок сельскохозяйственной продукции подвержен манипуляциям и подделкам, такая система становится важным инструментом для оценки качества и достоверности товаров. Сравнивая образцы семян с эталонными профилями известных сортов, специалисты могут легко определить подлинность семян. Цель работы состояла в апробации метода идентификации сортовой принадлежности с использованием SSR-маркеров для идентификации фальсификата в образцах семян сои. Объектом стали 7 эталонных сортов сои и 9 образцов неизвестного происхождения, которые предположительно могут совпадать с эталонными сортами. Из каждого образца отобрали по 5-10 семян для проведения анализа. Экстракция ДНК, амплификация и электрофорез проводились по стандартным методикам. Анализ 16 образцов по 10 SSR-маркерам (Satt1, Satt2, Satt5, Soyprp1, Soygy2, Soyhsp176, Satt681, Sat\_263, Satt141, Satt181) показал достаточный полиморфизм, выявив 34 уникальных аллеля. Каждый сорт имел уникальные продукты амплификации, что позволило провести сравнительный анализ генетических профилей. Выполнили попарную оценку для выявления различий между сортами и построили дендрограмму методом UPGMA. Результаты подтвердили высокую дискриминационную способность используемой маркерной системы. Согласно проведенному эксперименту все исследуемые образцы сои имели уникальные наборы аллелей, не совпадающие с эталонными образцами. Доказана возможность использования паспортизационной системы для идентификации сортовой принадлежности, что может способствовать защите авторских прав и обеспечить безопасность сельхозтоваропроизводителей.

**Ключевые слова:** SSR-маркеры, идентификация сортов, соя, паспортизация, полиморфизм.

**Для цитирования:** Бондаренко О. Н., Иванов А. А., Пензин А. А. Опыт использования системы паспортизации в установлении сортовой принадлежности сои // Вестник Чувашского государственного аграрного университета. 2025 №1(32). С. 7-14. doi: 10.48612/vch/xxxx-gr7g-5kf7

Original article

## THE EXPERIENCE OF USING THE CERTIFICATION SYSTEM IN ESTABLISHING THE VARIETAL AFFILIATION OF SOYBEANS

**Olga N. Bondarenko, Alyona A. Ivaniy, Andrey A. Penzin**  
 Federal Scientific Center «All-Russian Scientific Research Institute of Soy»  
 675028, Blagoveshchensk, Russian Federation

**Abstract.** The introduction of a genetic certification system using SSR markers is an effective method for determining soybean varieties and detecting falsifications. In modern conditions, when the market of agricultural products is subject to manipulation and counterfeiting, such a system is becoming an important tool for assessing the quality and reliability of goods. By comparing seed samples with reference profiles of well-known varieties, experts can easily determine the authenticity of the seeds. The purpose of the work was to test a method for identifying varietal affiliation using SSR markers to identify adulteration in soybean seed samples. The object was 7 reference soybean varieties and 9 samples of unknown origin, which presumably may match the reference varieties. 5-10 seeds were selected from each sample for analysis. DNA extraction, amplification, and electrophoresis were performed using standard techniques. Analysis of 16 samples for 10 SSR markers (Satt1, Satt2, Satt5, Soyprp1, Soygy2, Soyhsp176, Satt681, Sat\_263, Satt141, Satt181) showed sufficient polymorphism, revealing 34 unique alleles. Each variety had unique amplification products, which allowed for a comparative analysis of the genetic profiles. A pairwise evaluation was performed to identify differences between varieties and an UPGMA dendrogram was constructed. The results confirmed the high discriminatory ability of the marker system used. According to the experiment, all the studied soybean samples had unique sets of alleles that did not match the reference samples. The possibility of using a certification system to identify varieties has been proven, which can help protect copyrights and ensure the safety of agricultural producers.

**Keywords:** soybean, SSR, microsatellites, DNA, identification, passporting, genetic diversity.

**For citation:** Bondarenko O. N., Ivaniy A. A., Penzin A. A. The experience of using the certification system in establishing the varietal affiliation of soybeans // Vestnik Chuvash State Agrarian University. 2025 No. 1(32). Pp. 7-14. doi: 10.48612/vch/xxxx-gr7g-5kf7

### Введение.

Идентификация сортов и гибридов растений имеет важное значение на всех этапах: от селекции до регистрации сортов, производства семян, торговли и контроля. Идентификацию сельскохозяйственных культур обычно можно осуществить с помощью двух стратегий: морфологических описаний и молекулярных маркеров [12, 13]. Хотя морфологические признаки традиционно используются для идентификации сельскохозяйственных культур при проверке отличительных признаков, однородности и стабильности, они менее эффективны, когда требуется быстро получить результаты в больших коллекциях или селекционных линиях с узким генетическим разнообразием.

Современные исследования все больше обращаются к использованию молекулярных маркеров, таких как микросателлиты [15]. Эти маркеры позволяют проводить анализ генетической изменчивости среди сортов и гибридов, предоставляя более точные и быстрые результаты. Молекулярная идентификация растений основана на анализе генетического материала, что значительно увеличивает эффективность работы с разнообразными сортами. Использование молекулярных методов стало особенно актуальным при работе с соей, где точная идентификация сортов необходима для оптимизации агротехнологий [1, 14].

Микросателлитный анализ полиморфизма ДНК представляет собой мощный инструмент для изучения генетической изменчивости соевых сортов. Эта методика позволяет выявлять и анализировать небольшие повторяющиеся последовательности ДНК, называемые микросателлитами, которые отличаются между индивидами. Основное преимущество данного метода заключается в высокой чувствительности и разрешающей способности, что делает возможным точное определение генетических различий между сортами сои. Практическое применение этого анализа весьма разнообразно: он помогает в разработке генетических паспортов сортов, что упрощает их идентификацию и отслеживание [7, 10].

Система паспортизации растений, в частности сои, является важным инструментом в агрономии и сельском хозяйстве, позволяющим устанавливать торговую принадлежность и проводить мониторинг качества посевного материала, что, в свою очередь, помогает в выявлении фальсификата [6]. Фальсификация семян сои может проявляться в использовании поддельных сортов или низкокачественных семян [3, 9, 11].

Сравнивая профили испытуемых образцов с ранее прошедшими ДНК-паспортизацию сортами, можно установить торговую принадлежность анализируемой сои. Если профиль не соответствует известным сортам, это может свидетельствовать о фальсификации или смешении сортов [4].

Цель работы заключалась в использовании метода идентификации сортовой принадлежности посредством SSR-маркирования для определения фальсифика-

та в образцах семян сои в сравнении с эталонными профилями известных сортов.

### Материалы и методы.

Молекулярно-генетический анализ проводили на базе лаборатории биотехнологии ФНЦ ВНИИ сои. Объектом исследования послужили 7 эталонных сортов сои из коллекции Всероссийского научно-исследовательского института сои: Евгения, Алена, Умка, Сентябрянка, Китросса (ФНЦ ВНИИ сои), Максус, Киото (Semences Prograin Inc., Канада). Кроме того, 9 анализируемых полевых образцов семян сои неизвестного происхождения, среди которых ориентировочно могли обнаружить эталонные сорта. Отбор производился на разных посевных полях местных производителей в период сбора урожая 2024 года. Для проведения исследования использовали 11 микросателлитных локусов ДНК (*Satt1*, *Satt2*, *Satt5*, *Satt9*, *Satt681*, *Satt263*, *Satt181*, *Satt141*, *Soyprp1*, *Soygy2*, *Soyhsp176*), с помощью которых проанализировали образцы семян сои [2].

С каждого образца было отобрано по 5-10 семян. Экстракцию суммарной ДНК выполняли с использованием набора реагентов «ДНК-Экстран-3» (ООО «Синтол», Россия) из навески 0,05 г предварительно подготовленной массы семян сои [8]. 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-х аналитических повторностях 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-НСl, рН = 8,5 (при 25 °С), 100 мМ КCl, 0,4 мМ каждого дезокси-нуклеозидтрифосфата, 4 мМ MgCl<sub>2</sub>, 0,06 ед. акт/мкл Таq 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 95 °С в течение 5 мин., затем 35 циклов при температурно-временном режиме: денатурация – при 95 °С в течение 10 сек., отжиг праймера при температуре 55 °С в течение 30 сек., элонгация – при температуре 72 °С в течение 50 сек.; финальная элонгация – при температуре 72 °С в течение 12 мин.

Продукты реакции были разделены методом электрофореза в 2 %-м агарозном геле, окрашенном бромистым этидием, в 0,5×ТВЕ 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 геле-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. Отсутствие амплифицированного фрагмента на электрофореграмме обозначали 0.

### Результаты и обсуждение.

Специфические SSR маркеры (*Satt1*, *Satt2*, *Satt5*, *Satt9*, *Satt681*, *Sat\_263*, *Satt181*, *Satt141*, *Soyprp1*, *Soygy2*, *Soyhsp176*), которые были предварительно описаны для различных сортов сои, выбирали по принципу наличия четких вариаций между сортами (табл. 1). В более ранних работах авторами уже использовалась предложенная система маркеров и показывала величину информативной ценности использованных маркеров как очень информативная ( $PI > 0,5$ ) при выборке из 39 культурных сортов и 12 форм дикой сои [5]

**Таблица 1.** Характеристика используемых микросателлитных локусов  
**Table 1.** Characteristics of the microsatellite loci used

Наименование локуса	Повтор	Последовательность фланкирующих праймеров (5'-3')
<i>Satt1</i>	(ATT) <sub>24</sub>	f-AGTACATAGATATTAAGTCT r-AAATGATGAACGTGAATTATT;
<i>Satt2</i>	(AAT) <sub>18</sub>	f-ATAATGTGGAACTAAATGG r-TAATGTGCCTATCCTTGTCTT
<i>Satt5</i>	(TAA) <sub>21</sub>	f-TATCCTAGAGAAGAATAAAAA r-GTCGATTAGGCTTGAATA
<i>Satt9</i>	(AAT) <sub>12</sub>	f-ATTACTAGAGAAATTAGTTTA r-CTTACTAGGGTATTAACCCTT
<i>Soyhsp176</i>	(AT) <sub>15</sub>	f-TGTGGGCCACAAAACGTATAG r-CGTACGTTCTAGCTAGTCTTC
<i>Soyprp1</i>	(TAT) <sub>20</sub>	f-CGAAGAGCTACGTGCCAAATT r-GTTAGAAAACCCGCCACAC
<i>Soygy2</i>	(AT) <sub>9</sub> (ATT) <sub>6</sub>	f-AAAATTGAAAGTGTCACACCCC r-TTAAAATCGATTAATTGGCATGA
<i>Satt681</i>	(ATT) <sub>20</sub>	f-GCGGTGCACTTGTCAATCTGTT r-GCGGTGAGGCATATGTCAGTC
<i>Sat_263</i>	(AT) <sub>17</sub> (TC) <sub>6</sub>	f-GCGGTGATCGTTCAATTAGTATG r-GCGCTGGCAGCCCTTTATTATC
<i>Satt141</i>	(ATT) <sub>26</sub>	f-CGGTGGTGGTGTGCATAATAA r-CCGTCATAAAAAGTCCCTCAGAAT
<i>Satt181</i>	(ATT) <sub>18</sub>	f-TGGCTAGCAGATTGACA r-GGAGCATAGCTGTTAGGA

В работе использовали 16 образцов сои, которые анализировали по 11 SSR-маркерам, упомянутым выше. Молекулярно-генетический анализ с использованием подобранных SSR-маркеров показал наличие полиморфизма по всем изучаемым локусам (табл. 2), за исключением одного – праймеры, фланкирующие локус *Satt9*, не гибридизировались с матричной ДНК.

Всего было обнаружено 34 аллеля. Число аллелей на локус варьировало от 2 до 7: максимальное число 7 – у локуса *Satt5*, по 5 аллелей – *Satt181*, *Satt681*, по 4 и 3 аллеля у локусов *Satt2* и *Sat\_263* соответственно, у остальных локусов – по 2. По каждому маркеру каждый сорт имел строго специфический набор продуктов амплификации, что позволило провести сравнительный анализ генетических паспортов изучаемых

сорт. Профили миграции фрагментов в агарозном геле сравнивали с эталонными профилями известных сортов (рис. 1А и 1Б).

Для анализа изучаемой выборки на различимость сортов проведена попарная оценка сортов, имеющих одинаковый размер фрагментов по одному, двум и более маркерам. На основе анализа бинарной матрицы произвели статистическую обработку полученных данных с применением пакетов программ POPGENE и MEGA X. Для визуализации обнаруженных генетических дистанций была построена дендрограмма (рис. 2) методом невзвешенного попарно-группового анализа (UPGMA).

Таблица 2. Аллельные состояния микросателлитных локусов ДНК  
Table 2. Allelic states of microsatellite DNA loci

№	Наименование сорта/ № образца	Наименование локуса, размер продуктов амплификации (п. н.*)									
		Satt1	Satt2	Satt5	Soygy2	Soyppr1	Soyhsp176	Satt141	Satt181	Satt681	Sat_263
1.	1	131	146	153	140	182	104	184	176	171	140
2.	2	131	137	153	140	182	104	184	152	144	140
3.	3	128	137	148	140	182	104	184	152	184	140
4.	4	131	146	161	140	182	104	184	132	144	140
5.	5	131	151	171	140	182	104	184	152	162	140
6.	6	128	137	171	146	182	104	184	152	144	144
7.	7	131	137	173	140	182	115	184	126	144	140
8.	8	128	137	167	140	182	104	184	152	162	140
9.	9	128	151	161	140	182	104	184	152	171	140
10.	Сентябринка	128	137	146	146	182	104	184	152	184	140
11.	Умка	131	137	146	140	182	104	184	143	144	140
12.	Максус	131	146	153	140	182	104	184	126	144	140
13.	Китросса	128	137	153	140	182	104	150	176	144	140
14.	Киото	128	146	153	146	182	104	184	126	144	140
15.	Евгения	131	153	153	146	182	104	184	126	162	174
16.	Алена	131	146	130	146	158	104	184	132	184	140

\* размеры указаны в п. н.– пар нуклеотидов

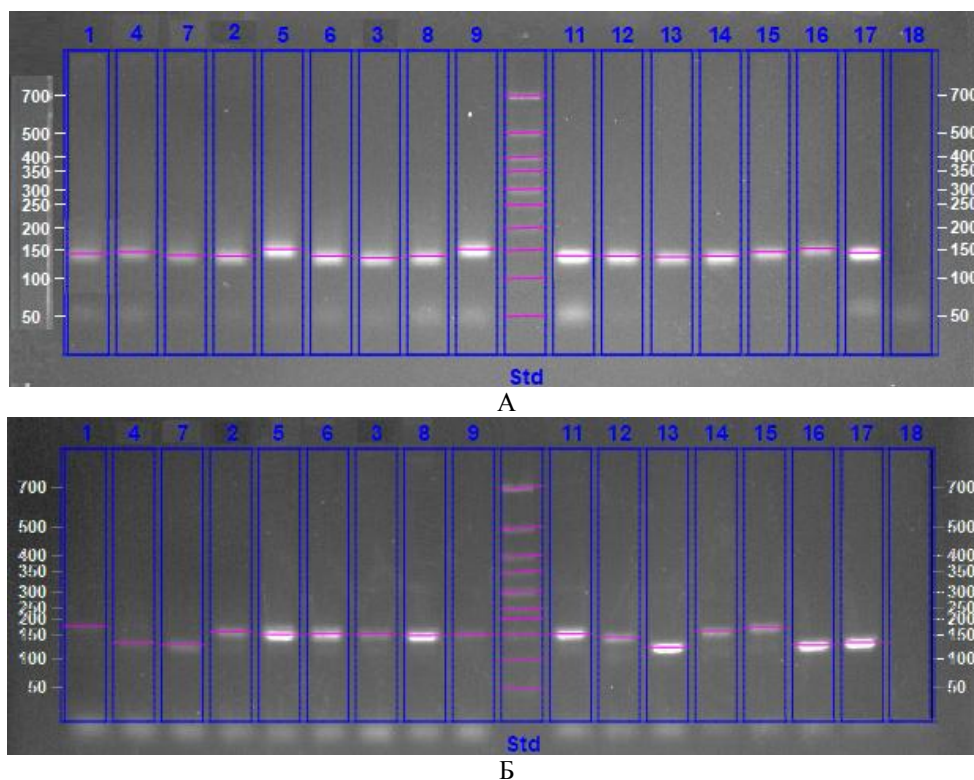
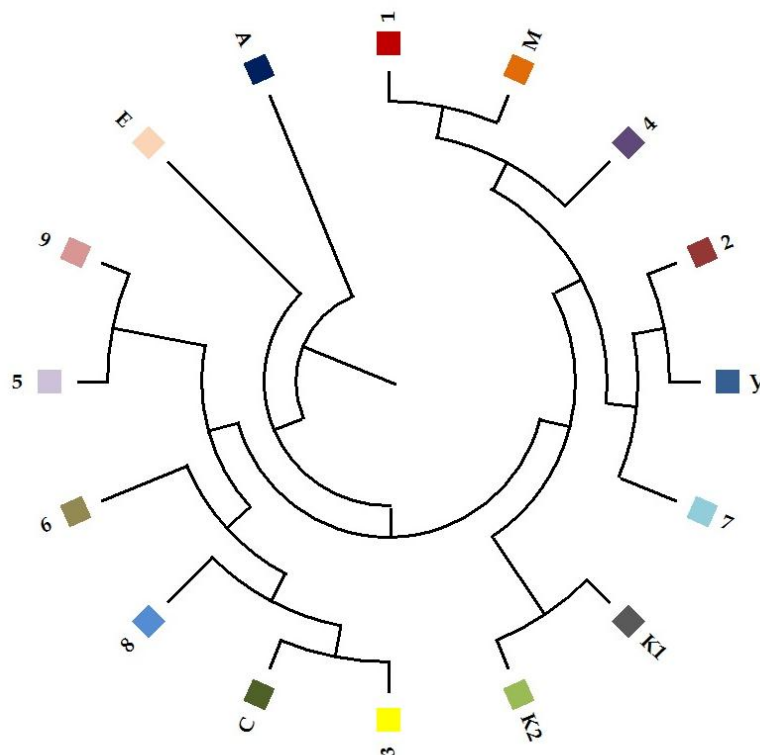


Рис. 1. Электрофореграммы продуктов амплификации ДНК сои по локусам Satt2 (А) и Satt181 (Б):

1-9 – анализируемые образцы сои, 11 – Сентябрьинка, 12 – Умка, 13 – Максус, 14 – Китросса, 15 – Киото, 16 – Евгения, 17 – Алена, 18 – контроль, Std – маркер молекулярной массы 50bp DNA Ladder

Fig. 1. Electrophorograms of soybean DNA amplification products at the Satt2 (A) and Satt181 (B) loci:

1-9 – analyzed soybean samples, 11 – September, 12 – Umka, 13 – Maxus, 14 – Kitrossa, 15 – Kyoto, 16 – Eugenia, 17 – Alena, 18 – control, Std – 50bp DNA Ladder molecular Weight marker



**Рис. 2.** Дендрограмма исследуемых образцов сои и эталонных сортов:  
1-9 – анализируемые образцы сои, С – Сентябрька, У – Умка, М – Максус, К1 – Китросса, К2 – Киото,  
Е – Евгения, А – Алена

**Fig. 2.** Dendrogram of the studied soybean samples and reference varieties:  
1-9 – analyzed soybean samples, С – September, У – Umka, М – Maxus, К1 – Kitrossa, К2 – Kyoto,  
Е – Evgenia, А – Alyona

Результаты наших исследований, представленные в данной работе, показали, что маркерная система имела достаточный дискриминационный потенциал и были получены уникальные наборы аллелей для всех анализируемых образцов сои, различия наблюдались по одному и более локусам. Анализ полученного иерархического дендрита позволил сделать вывод, что согласно представленным данным детекции микросателлитных локусов выявлено несовпадение длин, указывающее на несоответствие сортовой идентичности опытных и эталонных образцов. Среди 9 анализируемых образцов не были идентифицированы эталонные сорта, при этом контрольные образцы не имели отличий в повторностях.

#### Выводы.

Идентификация сортов и гибридов растений – задача, требующая точного и надежного подхода. Микросателлитный анализ стал важным инструментом для исследования генетической схожести различных сортов сои. Он позволяет не только выявлять общие черты, но и различать сорта по их генотипам, что способствует улучшению селекции и повышению урожайности. Использование системы генетической пас-

портизации с помощью SSR-маркеров представляет собой эффективный подход для определения сортовой принадлежности сои и выявления фальсификаций. Это важный инструмент в лабораторной практике, который может помочь в поддержании качества и подлинности сельскохозяйственной продукции. Подбор наиболее информативных маркеров является важной задачей при изучении генетического разнообразия любой культуры. Тестирование представленного набора молекулярных маркеров на сортах сои различного генетического происхождения позволило наблюдать различия по одному и более локусам. Маркерная система, состоящая из локусов *Satt1*, *Satt2*, *Satt5*, *Soygy2*, *Soyprp1*, *Soyhsp176*, *Satt141*, *Satt181*, *Satt681*, *Sat\_263*, пригодна для ДНК-идентификации сортов сои различного генетического происхождения. Метод идентификации сортовой принадлежности с использованием SSR-маркеров для идентификации фальсификата в образцах семян сои в сравнении с эталонными профилями известных сортов может применяться в повседневной практике семеноводов и селекционеров, сельхозпроизводителей региона.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Амангелдиева, А. А. Генотипирование коллекции сои по засухоустойчивости с использованием SSR-маркеров / А. А. Амангелдиева, Р. С. Ергебаева // Селекция и генетика культурных растений – 2023 : материалы международной научной конференции, посвященной 100-летию кафедры генетики, селекции и  
*Вестник Чувашского ГАУ / Vestnik Chuvash SAU, 2025/ №1*

- семеноводства РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, 18 октября 2023 года. – Москва : Российский государственный аграрный университет - Московская сельскохозяйственная академия им. К.А. Тимирязева,
2. Генетическое разнообразие сортов сои селекции Дальневосточного научно-исследовательского института сельского хозяйства / Т. А. Асеева, О. Л. Шепель, С. А. Рамазанова [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2024. – Т. 38, № 4. – С. 45-50. – DOI 10.53859/02352451\_2024\_38\_4\_45.
  3. Иваний, А. А. Использование 5 SSR-маркеров для дифференциации сортов Отечественной и зарубежной селекции / А. А. Иваний, П. Д. Тимкин, Л. Е. Иваченко // Вестник Чувашского государственного аграрного университета. – 2024. – № 1(28). – С. 24-29. – DOI 10.48612/vch/nvv3-zdk1-2hmg.
  4. Идентификация сортов сои российской селекции на основе анализа микросателлитных (SSR) локусов ДНК / С. А. Рамазанова, С. З. Гучетль, Т. А. Челюстникова, Т. С. Антонова // Масличные культуры. Научно-технический бюллетень Всероссийского научно-исследовательского института масличных культур. – 2008. – № 2(139). – С. 56-58.
  5. К вопросу о микросателлитных ассоциациях культурной сои Амурской области с сельскохозяйственными признаками / О. Н. Бондаренко, П. Д. Тимкин, Л. Е. Иваченко и др. // Известия вузов. Прикладная химия и биотехнология. – 2023. – Т. 13, № 3(46). – С. 425-433. – DOI 10.21285/2227-2925-2023-13-3-425-433.
  6. Оптимизация маркерной системы для генотипирования сортов льна масличного коллекции ВНИИМК / Т. А. Челюстникова, А. А. Аверина, С. З. Гучетль [и др.] // Аграрная наука. – 2022. – № 4. – С. 57-61. – DOI 10.32634/0869-8155-2022-358-4-57-61.
  7. Оценка межсортового ДНК-полиморфизма сурепицы с помощью SSR- и SRAP-маркеров / А. А. Антонов, В. А. Душкин, А. О. Шамустакимова, И. А. Клименко // Физиология, биотехнология и биоинформатика растений и микроорганизмов - путь в будущее: к 85-летию Р.А. Карначук : материалы Всероссийской научной конференции, Томск, 29–31 марта 2022 года / ответственный редактор О. В. Карначук. – Томск : Общество с ограниченной ответственностью "Дельтаплан", 2022. – С. 23-24.
  8. Пензин, А. А. Определение количества и качества ДНК, выделенной из семян и листьев сои / А. А. Пензин, П. Д. Тимкин // 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.
  9. Разработка набора SSR-маркеров для генетической паспортизации яровой мягкой пшеницы / М. А. Самарина, Д. С. Ульянов, А. С. Ермолаев [и др.] // Международный Конгресс "VIII Съезд Вавиловского общества генетиков и селекционеров, посвященный 300-летию российской науки и высшей школы": сборник тезисов, Саратов, 14–19 июня 2024 года. – Санкт-Петербург : ООО Издательский дом "Петрополис", 2024. – С. 218.
  10. Савиченко, В. Г. Идентификация сортов сои на основе полиморфизма SSR-маркеров / В. Г. Савиченко // Научные труды Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия. – 2023. – Т. 37. – С. 68-72. – DOI 10.30679/2587-9847-2023-37-68-72.
  11. Савиченко, В. Г. Поиск информативных SSR-маркеров для паспортизации сортов сои / В. Г. Савиченко, С. А. Рамазанова, С. З. Гучетль // Масличные культуры. – 2024. – № 2(198). – С. 10-15. – DOI 10.25230/2412-608X-2024-2-198-10-15.
  12. Agarwal, M., Shrivastava, N., and Padh, H. (2008). Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Rep.* 27, 617–631. doi: 10.1007/s00299-008-0507-z.
  13. Inger, H., and Rodomiro, O. (2000). In situ and ex situ assessment of morphological and fruit variation in Scandinavian sweet cherry. *Sci. Hortic.* 85, 37–39. doi: 10.1016/S0304-4238(99)00123-5
  14. Polymorphism in spring and winter rapeseed varieties (*Brassica napus* L.) identified by SSR markers / O. L. Klyachenko, L. M. Prysiashniuk, N. V. Shofolova, O. V. Piskova // *Plant Varieties Studying and Protection.* – 2018. – Vol. 14, No. 4. – P. 366-374. – DOI 10.21498/2518-1017.14.4.2018.151898.
  15. Sohn, Hwang-Bae et al. "Barcode System for Genetic Identification of Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Cultivars Using InDel Markers Specific to Dense Variation Blocks." *Frontiers in Plant Science* 8 (2017): n. pag

#### REFERENCES

1. Amangeldieva, A. A. Genotipirovanie kolekcii soi po zasuhoustojchivosti s ispol'zovaniem SSR-markerov / A. A. Amangeldieva, R. S. Erzhebaeva // *Selekcija i genetika kul'turnyh rastenij – 2023 : materialy mezhdunarodnoj nauchnoj konferencii, posvyashchennoj 100-letiyu kafedry genetiki, selekcii i semenovodstva RGAU-MSHA imeni K.A. Timiryazeva, Moskva, 18 oktyabrya 2023 goda.* – Moskva : Rossijskij gosudarstvennyj agrarnyj universitet - Moskovskaya sel'skohozyajstvennaya akademiya im. K.A. Timiryazeva,
2. Geneticheskoe raznobrazie sortov soi selekcii Dal'nevostochnogo nauchno-issledovatel'skogo instituta sel'skogo hozyajstva / Т. А. Асеева, О. Л. Шепель, С. А. Рамазанова [и др.] // *Dostizheniya nauki i tekhniki APK.* – 2024. – Т. 38, № 4. – С. 45-50. – DOI 10.53859/02352451\_2024\_38\_4\_45.

3. Ivanij, A. A. Ispol'zovanie 5 SSR-markerov dlya differenciacii sortov Otechestvennoj i zarubezhnoj selekcii / A. A. Ivanij, P. D. Timkin, L. E. Ivachenko // Vestnik Chuvashskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. – 2024. – № 1(28). – S. 24-29. – DOI 10.48612/vch/nvv3-zdk1-2hmg.
4. Identifikaciya sortov soi rossijskoj selekcii na osnove analiza mikrosatellitnyh (SSR) lokusov DNK / S. A. Ramazanova, S. Z. Guchetl', T. A. Chelyustnikova, T. S. Antonova // Maslichnye kul'tury. Nauchno-tehnicheskij byulleten' Vserossijskogo nauchno-issledovatel'skogo instituta maslichnyh kul'tur. – 2008. – № 2(139). – S. 56-58.
5. K voprosu o mikrosatellitnyh asociacijah kul'turnoj soi Amurskoj oblasti s sel'skohozyajstvennymi priznakami / O. N. Bondarenko, P. D. Timkin, L. E. Ivachenko i dr. // Izvestiya vuzov. Prikladnaya himiya i biotekhnologiya. – 2023. – T. 13, № 3(46). – S. 425-433. – DOI 10.21285/2227-2925-2023-13-3-425-433.
6. Optimizaciya markernoj sistemy dlya genotipirovaniya sortov l'na maslichnogo kollekcii VNIIMK / T. A. Chelyustnikova, A. A. Averina, S. Z. Guchetl' [i dr.] // Agrarnaya nauka. – 2022. – № 4. – S. 57-61. – DOI 10.32634/0869-8155-2022-358-4-57-61.
7. Ocenka mezhsortovogo DNK-polimorfizma surepicy s pomoshch'yu SSR- i SRAP-markerov / A. A. Antonov, V. A. Dushkin, A. O. Shamustakimova, I. A. Klimenko // Fiziologiya, biotekhnologiya i bioinformatika rastenij i mikroorganizmov - put' v budushchee: k 85-letiyu R.A. Karnachuk : materialy Vserossijskoj nauchnoj konferencii, Tomsk, 29–31 marta 2022 goda / otvetstvennyj redaktor O. V. Karnachuk. – Tomsk : Obshchestvo s ogranichennoj otvetstvennost'yu "Del'taplan", 2022. – S. 23-24.
8. Penzin, A. A. Opredelenie kolichestva i kachestva DNK, vydelennoj iz semyan i list'ev soi / A. A. Penzin, P. D. Timkin // Materialy pula nauchno-prakticheskikh konferencij, Sochi, 23–27 yanvarya 2023 goda / Doneckij nacional'nyj universitet ekonomiki i trgovli imeni Mihaila Tugan-Baranovskogo ; Kerchenskij gosudarstvennyj morskoy tekhnologicheskij universitet ; Luganskij gosudarstvennyj pedagogicheskij universitet ; Luganskij gosudarstvennyj universitet imeni Vladimira Dal'ya. – Kerch' : FGBOU VO «Kerchenskij gosudarstvennyj morskoy tekhnologicheskij universitet», 2023. – S. 460-462.
9. Razrabotka nabora SSR-markerov dlya geneticheskoy pasportizacii yarovoj myagkoj pshenicy / M. A. Samarina, D. S. Ul'yanov, A. S. Ermolaev [i dr.] // Mezhdunarodnyj Kongress "VIII S"ezd Vavilovskogo obshchestva genetikov i selekcionerov, posvyashchennyj 300-letiyu rossijskoj nauki i vysshej shkoly": sbornik tezisov, Saratov, 14–19 iyunya 2024 goda. – Sankt-Peterburg : OOO Izdatel'skij dom "Petropolis", 2024. – S. 218.
10. Savichenko, V. G. Identifikaciya sortov soi na osnove polimorfizma SSR-markerov / V. G. Savichenko // Nauchnye trudy Severo-Kavkazskogo federal'nogo nauchnogo centra sadovodstva, vinogradarstva, vinodeliya. – 2023. – T. 37. – S. 68-72. – DOI 10.30679/2587-9847-2023-37-68-72.
11. Savichenko, V. G. Poisk informativnyh SSR-markerov dlya pasportizacii sortov soi / V. G. Savichenko, S. A. Ramazanova, S. Z. Guchetl' // Maslichnye kul'tury. – 2024. – № 2(198). – S. 10-15. – DOI 10.25230/2412-608X-2024-2-198-10-15.12. Agarwal, M., Shrivastava, N., and Padh, H. (2008). Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Rep.* 27, 617–631. doi: 10.1007/s00299-008-0507-z.
12. Inger, H., and Rodomiro, O. (2000). In situ and ex situ assessment of morphological and fruit variation in Scandinavian sweet cherry. *Sci. Hortic.* 85, 37–39. doi: 10.1016/S0304-4238(99)00123-5
13. Polymorphism in spring and winter rapeseed varieties (*Brassica napus* L.) identified by SSR markers / O. L. Klyachenko, L. M. Prysiazhniuk, N. V. Shofolova, O. V. Piskova // *Plant Varieties Studying and Protection.* – 2018. – Vol. 14, No. 4. – P. 366-374. – DOI 10.21498/2518-1017.14.4.2018.151898.
14. Sohn, Hwang-Bae et al. "Barcode System for Genetic Identification of Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Cultivars Using InDel Markers Specific to Dense Variation Blocks." *Frontiers in Plant Science* 8 (2017): n. pag

#### Информация об авторах

1. **Бондаренко Ольга Николаевна**, научный сотрудник лаборатории биотехнологии, Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт», 675028, г. Благовещенск, Игнатьевское шоссе, 19, Россия; e-mail: ton@vniisoi.ru.

2. **Иваний Алена Андреевна**, лаборант лаборатории биотехнологии, Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт», 675028, г. Благовещенск, Игнатьевское шоссе, 19, Россия; e-mail: iaa@vniisoi.ru.

3. **Пензин Андрей Андреевич**, научный сотрудник лаборатории биотехнологии, Федеральный научный центр «Всероссийский научно-исследовательский институт», 675028, г. Благовещенск, Игнатьевское шоссе, 19, Россия; e-mail: paa@vniisoi.ru.

#### Information about authors

1. **Bondarenko Olga Nikolaevna**, Researcher at the Laboratory of Biotechnology, Federal Scientific Center «All-Russian Scientific Research Institute of Soy», 675028, Blagoveshchensk, Ignatievskoe Shosse, 19, Russia; e-mail: ton@vniisoi.ru.

2. **Ivaniy Alyona Andreevna**, Laboratory assistant at the Laboratory of Biotechnology, Federal Scientific Center «All-Russian Scientific-Research Institute of Soy», 675028, Blagoveshchensk, Ignatievskoe Shosse, 19, Russia; e-mail: [iaa@vniisoi.ru](mailto:iaa@vniisoi.ru).

3. **Penzin Andrey Andreevich**, Researcher at the Laboratory of Biotechnology, Federal Scientific Center «All-Russian Scientific Research Institute of Soy», 675028, Blagoveshchensk, Ignatievskoe Shosse, 19, Russia; e-mail: [paa@vniisoi.ru](mailto:paa@vniisoi.ru).

#### **Вклад авторов**

Бондаренко О. Н. – определение цели исследования, организация и проведение исследования, анализ результатов исследования, написание статьи.

Иваний А. А. – определение цели исследования, научное руководство исследованием, анализ результатов исследования, написание статьи.

Пензин А. А. – определение цели исследования, научное руководство исследованием, анализ результатов исследования, написание статьи.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

#### **Contribution of the authors**

Bondarenko O.N. – defining the purpose of the study, organizing and conducting the study, analyzing the results of the study, writing an article.

Ivaniy A.A. – definition of the purpose of the study, scientific guidance of the study, analysis of the results of the study, writing an article.

Penzin A.A. – definition of the purpose of the study, scientific guidance of the study, analysis of the results of the study, writing an article.

The authors declare that there is no conflict of interest.

Статья поступила в редакцию 26.12.2024. Одобрена после рецензирования 20.02.2025. Дата опубликования 28.03.2025.

The article was received by the editorial office on 26.12.2024. Approved after review on 20.02.2025. Date of publication: 28.03.2025.