

Селекция и семеноводство сельскохозяйственных растений

Научная статья

УДК 633.853.52:575

DOI: 10.25230/2412-608X-2024-2-198-3-9

Использование молекулярно-генетических маркеров для идентификации генов чувствительности к фотопериоду в селекционном материале сои

¹Сергей Владимирович Иванов

²Светлана Алексеевна Рамазанова

²Саида Заурбиевна Гучетль

²Марина Валериевна Трунова

¹ФГБОУ ВО «Кубанский ГАУ»

Россия, 350044, г. Краснодар, ул. Калинина, д. 13
Sergey.ivanov23042000@gmail.com

²ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК

Россия, 350038, г. Краснодар, ул. им. Филатова, д. 17
molecula.genetic@vniimk.ru

Аннотация. Соя – одна из важнейших масличных и кормовых культур. В ней содержится большое количество масла, белка, витаминов и других ценных нутриентов. Возделываемая площадь сои в России увеличивается ежегодно в направлении центральных и сибирских регионов страны. Однако соя очень чувствительная к фотопериоду, что имеет ключевое значение для регуляции её роста и развития. Идентификация генов, контролирующих фотопериодическую чувствительность в сортах сои, важна для селекции новых адаптивных сортов. ДНК-маркеры являются эффективным инструментом для проведения работ по отбору ценных генотипов из селекционного материала. В работе проведена идентификация генов, вносящих наибольший вклад в снижение чувствительности к длине дня у сои. Оценку проводили на шести сортах, пяти линиях поколений F₆–F₇ и пяти гибридах сои F₁. Для этого использовали шесть молекулярных маркеров. Анализ показал, что больше всего рецессивных аллелей у сортов Элана и Баргузин, которые относятся к

очень раннеспелым сортам, больше всего доминантных аллелей у сорта Мамонт, что относит его к среднеспелым сортам. Остальные образцы характеризовались наличием двух или трех рецессивных аллелей и относились к группам спелости от ранней до среднеранней. Анализ гибридных комбинаций показал, что молекулярный маркер на ген *E3* наследуется кодоминантно, что позволяет использовать его для контроля переноса желаемых генов при скрещиваниях в потомстве. Таким образом, использование молекулярно-генетических маркеров показало эффективность в отборе по исследуемому признаку и может применяться в селекционном процессе.

Ключевые слова: соя, *E*-гены, фотопериодическая чувствительность, сорт, гибрид, линия, маркер, ДНК

Для цитирования: Иванов С.В., Рамазанова С.А., Гучетль С.З., Трунова М.В. Использование молекулярно-генетических маркеров для идентификации генов чувствительности к фотопериоду в селекционном материале сои // Масличные культуры. 2024. Вып. 2 (198). С. 3–9.

UDC 633.853.52:575

Usage of molecular genetic markers for identification of gens of photoperiodic sensitivity in soybean breeding germplasm

¹Ivanov S.V., master's degree student

²Ramazanova S.A., leading researcher, PhD in biology

²Guchetl S.Z., head of the lab., leading researcher, PhD in biology

²Trunova M.V., deputy director for science, PhD in biology

¹Kuban State Agrarian University after I.T. Trubilin
13 Kalinina str., Krasnodar, 350044, Russia
Sergey.ivanov23042000@gmail.com

²V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops
17 Filatova street, Krasnodar, 350038, Russia
molecula.genetic@vniimk.ru

Abstract. Soybean is one of the important oil and forage crops. It contains large amounts of oil, protein, vitamins, and other valuable nutrients. Annually, sowing area under soybean in Russia enlarges towards central and Siberian regions. However, soybean is very sensitive to photoperiod that is a key factor in regulation of soybean growth and development. The identification of gens controlling a photoperiodic sensitivity in soybeans is important for breeding of new adaptive cultivars. DNA-markers are an effective instrument for the selection of valuable genotypes from breeding germplasm. In this work, we identified gens contributing the most of decrease in soybean sensi-

tivity to a day length. There were estimated six cultivars, five lines F₆–F₇, and five hybrids F₁ of soybean. We used six molecular markers. Due to results, the early maturing cultivars Elana and Barguzin had the largest amount of recessive alleles; the cultivar Mamont had the largest amount of dominant alleles that characterizes it as middle maturing. The rest samples had two or three recessive alleles and belong to maturity groups from early to middle early. The analysis of hybrid combinations showed that a molecular marker for a *E3*-gen is inherited co-dominantly. This allowed using it to control transferring of desired gens at crosses in progeny. Thus, the usage of the molecular-genetic markers was effective in selection by a studied trait and can be used in the breeding process.

Key words: soybean, *E*-genes, photoperiodic sensitivity, cultivar, hybrid, line, marker, DNA

Введение. Соя в России занимает второе место после подсолнечника среди масличных культур по площади возделывания и валовому сбору. Эта культура является ценным источником растительного белка, масла, витаминов, вторичных метаболитов и других питательных веществ. Основные области применения сои в России – это производство масла и белковых кормов. Площади посева сои в стране, согласно официальной статистике, ежегодно увеличиваются на 5–6 %, и только за 2022 г. было выделено 3,45 млн га сельхозугодий под возделывание культуры [1]. Этому способствует проводимая селекционная работа по расширению географии выращивания сои в более северных регионах России, чем было ранее.

Чувствительность к длине светового дня играет ключевую роль в регуляции роста, развития и цветения растений, особенно это важно для сои – одной из наиболее фоточувствительных культур. Способность сои адаптироваться к различным длинам дня и незначительно увеличивать вегетационный период при перемещении в регионы с большей его продолжительностью, является определяющим фактором, влияющим на период вегетации, цветение, урожайность и в целом на возможность возделывания того или иного сорта в условиях нетипичной для него длины дня. Идентификация рецессивных аллелей генов, ответственных

за фотопериодическую чувствительность в сортах сои, является важным шагом в селекции и создании новых адаптивных и продуктивных сортов. Этот признак у сои контролируется генами *E* (Early). На сегодняшний день известно двенадцать таких генов, но наиболее существенный вклад в снижение чувствительности вносят гены *E1*–*E4* [2].

Ген *E1* контролирует фактор транскрипции, выполняющий роль репрессора цветения. Для *E1* идентифицировано шесть аллелей, из которых *e1-nl* и *e1-fs* приводят к раннему цветению и полному подавлению экспрессии *E1*, *e1-as* определяет среднюю продолжительность цветения и частично подавляет действие *E1* [3; 4].

Ген *E2* – ингибитор цветения в условиях длинного дня, рецессивный аллель *e2-ns*, вызванный нонсенс-мутацией, имеет второе по важности значение в снижении фотопериодической реакции сои [2].

Гены *E3* и *E4* контролируют экспрессию фитохрома А (*GmPhyA3* и *GmPhyA2*), который воздействует на цветение при разном соотношении красного света к дальнему красному (R/FR). При высоком R/FR в условиях длинного дня усиливается эффект гена *E3*, а при низком – *E4*. Также они запускают экспрессию *E1*, из-за чего наступает позднее цветение и при коротком, и при длинном дне. Но рецессивные аллели *e3* и *e4* снижают чувствительность к фотопериоду и способствуют раннему цветению в обоих условиях [5; 6; 7].

В настоящее время молекулярные методы, такие как ДНК-маркирование, стали неотъемлемой частью исследований в области генетики растений. С помощью маркеров возможно эффективно выявлять гены хозяйственно ценных признаков и контролировать их передачу от донора к реципиенту, что открывает новые перспективы для усовершенствования селекционных программ.

Целью нашего исследования было идентифицировать гены фотопериодической чувствительности в генотипах сои с использованием молекулярных маркеров.

Материалы и методы. Исследования проводили в лаборатории молекулярно-

Молекулярные маркеры, примененные в исследовании

Ген	Локализация (хромосома)	Последовательность праймеров	Длина ПЦР-продуктов, п.н.	Источник
E1	6	F ¹ : CACTCAAATTA AGCCCTTTCA R ² 1: TCCGATCTCAT CACCTTTCC F2: GGGAGCAGTG TCAAAAGAAGAG R2: GTGCTATCCCT TAGTTAATTAATA F3: GGGAGCAGTGT CAAAAGAAGAC R3: GTGCTATCCCT TAGTTAATTAATT	E1/e1-as/e1-fs – 547	[2]
			E1 – 1403	[8]
E2	10	F: GAAGCCCATCAG AGGCATGTCTTATT R: AAGCCTATGC CAGCTAGGTATT	E2 – 130 e2-ns – 107+23	[3]
E3	19	F: TGGAGGGTATT GGATGATGC R1: CT AAGTCCGC CT CTGGTTTCAG R2: CGGTCAAGAGC CAACATGAG R3: GTCCTATACAA TTCCTTACGACG	E3-Mi – 1339 E3-Ha – 558 e3-tr – 275	[6]
E4	20	F: AGACGTAGTG CTAGGGCTAT R1: GCATCTCGCAT CACCAGATCA R2: GCTCATCCCTT CGAATTCAG	E4 – 1229 e4-SORE-1 – 837	[5]

1 – прямой праймер

2 – обратный праймер

генетических исследований отдела биологических исследований ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК. Объектом исследования служили шесть сортов (Баргузин, Элана, Рысь, Мамонт, Свапа, Арлета), пять линий поколений F₆–F₇ (2501, 2502, 2504, 2507, 2508), являющихся родительскими линиями пяти гибридов F₁: гибрид 1 (2502 × Арлета), гибрид 2 (Арлета × 2502), гибрид 3 (2502 × 2507), гибрид 4 (2502 × 2508), гибрид 5 (2504 × 2501). Контрольными вариантами по генам E1, E2, E3 и E4 выступали сорта Вильямс 82 и Harosoy, аллели данных генов ранее идентифицированы и описаны в литературе [3; 9].

Для экстракции ДНК использовались осевые органы зародыша, без предварительного проращивания. Выделение ДНК проводили с использованием набора реагентов для экстракции ДНК Экстран-3 (Синтол, РФ). Предварительно растительный материал измельчали с помощью гомогенизатора KZ-III-FP (Servicebio, КНР). Определение качества и количества выделенной ДНК осуществляли на микроспектрофотометре Nano-300 (Allsheng, КНР) в 3-кратной повторности на основании измерения оптической плотности раствора при длине волны 260 нм для нуклеиновых кислот (НК), 280 – для белков и фенолов, 230 – для других органических соединений. Оптимальным соотношением оптических плотностей, полученных при 260/280 нм и 260/230 нм, считали значение от 1,8 до 2,2.

ПЦР проводили в 25 мкл реакционной смеси, содержащей 2,5 мкл 10x ПЦР-Буфер-Б; 0,2 mM каждого dNTP; по 10 пМ каждого праймера; 100 нг матричной ДНК и 1 ед. *SynTaq* ДНК-полимеразы (Синтол, РФ). Амплификация выполнялась в термоциклере GeneExplorer GE-96S (BIOER, Китай).

Для маркирования были выбраны четыре гена, отвечающие за чувствительность к фотопериоду: E1, E2, E3 и E4. Для идентификации исследуемых генов использовались ДНК-маркеры, ранее разработанные зарубежными и отечественными авторами, которые представлены в таблице 1.

Параметры амплификации: предварительная денатурация (95 °C) – 5 мин; 40 циклов: денатурация (95 °C) – 10 сек, гибридизация (55–60 °C) – 20 сек, элонгация (72 °C) – 35 сек; финальная элонгация (72 °C) – 5 мин.

Продукты амплификации с парой праймеров E2FR обрабатывали эндонуклеазой рестрикции *DraI*, согласно протоколу изготовителя (СибЭнзим, РФ).

Разделение ПЦР-продуктов методом электрофореза в 2%-ом агарозном геле проводили в камере для горизонтального электрофореза SE-2 (Хеликон, РФ). Параметры силы тока и напряжения – 90 мА,

180 V. Гели окрашивали бромидом этидия и визуализировали фрагменты ДНК при помощи гель-документирующей системы GenoSens Touch 2200 в УФ-свечении. Размер фрагментов определяли с помощью маркеров молекулярного веса 100–1000 п.н. (Синтол, РФ) и 100 + bp DNA Ladder (Евроген, РФ).

Результаты и обсуждение. Для идентификации аллелей гена *E1* в изучаемых генотипах использовали три пары праймеров. Праймеры E1F1R1 являются общими для доминантного *E1* и рецессивных аллелей *e1-as*, *e1-fs*. Отсутствие гибридизации свидетельствует о наличии рецессивного аллеля *e1-nl*. Праймеры на *E1* и *e1-as* амплифицируют фрагменты одной длины 1403 п.н., но имеется одна нуклеотидная замена, в связи с чем аллель *e1-as* вносит изменения в работу гена. Праймеры E1F2R2 гибридизуются только в образцах с наличием аллеля *E1*, а E1F3R3 – только с аллелем *e1-as*. В нашей работе все проанализированные образцы характеризовались наличием аллеля *e1-as* (рис. 1а), кроме сорта Мамонт, у которого был идентифицирован аллель *E1* (рис. 1б). Аллель *e1-nl* выявлен не был.

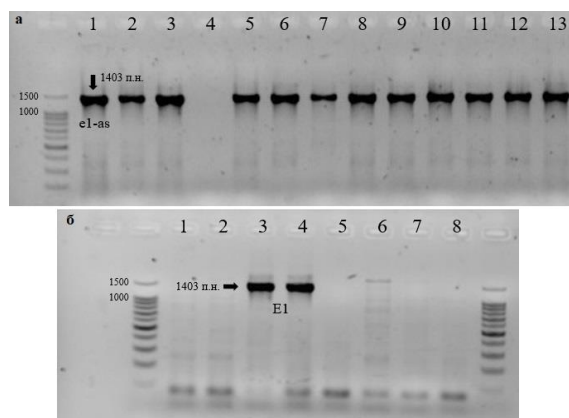


Рисунок 1 – Электрофоретические спектры ПЦР-продуктов, полученных с помощью праймеров E1F3R3 (а) и E1F2R2 (б).

Дорожки: а) 1 – Вильямс 82; 2 – Harosoy; 3 – Баргузин; 4 – Мамонт; 5 – Рысь; 6 – Элана; 7 – Свапа; 8 – Арлета; 9 – 2501; 10 – 2502; 11 – 2504; 12 – 2507; 13 – 2508;

б) 1 – Вильямс 82; 2 – Harosoy; 3, 4 – Мамонт; 5, 6 – Свапа; 7, 8 – Элана

Для изучения аллельного состояния гена *E2* применяли CAPS-маркер, кото-

рый идентифицировал фрагмент длиной 130 п.н. во всех образцах. Отличие в нуклеотидных последовательностях доминантного аллеля *E2* от рецессивного *e2-ns* – однонуклеотидная замена аденина на тимин, которая затрагивает сайт распознавания эндонуклеазы *DraI*. Поэтому после проведения гидролиза ампликоны, имеющие данную трансверсию, разрезаются на фрагменты длиной 107 и 23 п.н., что соответствует рецессивному аллелю *e2-ns*. Фрагменты с аденином не подвергаются рестрикции, что свидетельствует о наличии в этих образцах доминантного аллеля *E2*. В исследуемой выборке у всех образцов идентифицирован рецессивный аллель *e2-ns* (рис. 2). Только у сорта Вильямс 82 обнаружен аллель *E2*, что соответствует литературным данным [4].

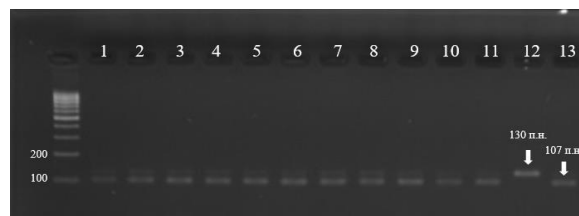


Рисунок 2 – Электрофоретические спектры ПЦР-продуктов, полученных с помощью пары праймеров *E2* (после обработки *DraI*).

Дорожки: 1 – Баргузин; 2 – Элана; 3 – Рысь; 4 – Мамонт; 5 – Свапа; 6 – Арлета; 7 – 2501; 8 – 2502; 9 – 2504; 10 – 2507; 11 – 2508; 12 – Вильямс 82; 13 – Harosoy

Ген *E3* имеет четыре аллеля (*E3-Mi*, *E3-Ha*, *e3-tr*, *e3-fs*), два из которых рецессивные: *e3-tr* и *e3-fs*. В нашем исследовании мы идентифицировали только аллели *E3-Ha* и *e3-tr*. Маркер аллеля *E3-Ha* имеет длину фрагмента в 558 п.н., был обнаружен у сортов Рысь, Мамонт, Свапа, линий 2501, 2502 и 2508, а также у гибрида 4. Маркер аллеля *e3-tr* – 275 п.н. наблюдался у сортов Элана, Баргузин и Арлета, линий 2504 и 2507. У гибридов 1, 2, 3 и 5 ген *E3* находится в гетерозиготном состоянии (*E3-Ha/e3-tr*) (рис. 3). Но важно отметить, что аллель *e3-fs* отличается от аллеля *E3-Ha* инсерцией тимина, которая является фреймшифт-мутацией (мутация рамки считывания), в результате происходит сдвиг рамки считывания при

транскрипции мРНК. Это приводит к появлению стоп-кодона в экзоне 1 и преждевременной терминации синтеза белка [9]. Поэтому, потенциально, при идентификации аллеля *E3-Ha* доминантный аллель может быть ошибочно идентифицирован как рецессивный. Точное определение *e3-fs* возможно секвенированием амплифицированной последовательности [8], но в нашей работе этого не проводилось.

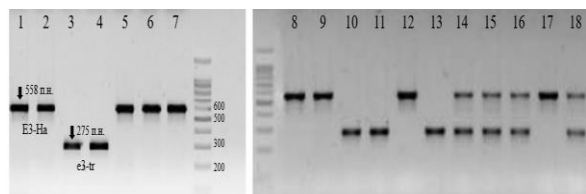


Рисунок 3 – Электрофоретические спектры ПЦР-продуктов, полученных с помощью праймеров на ген *E3*.

Дорожки: 1 – Вильямс 82; 2 – Harosoy; 3 – Баргузин; 4 – Элана; 5 – Рысь; 6 – Мамонт; 7 – Свапа; 8 – 2501; 9 – 2502; 10 – 2504; 11 – 2507; 12 – 2508; 13 – Арлета; 14 – Гибрид 1; 15 – Гибрид 2; 16 – Гибрид 3; 17 – Гибрид 4; 18 – Гибрид 5

Из литературы известно, что ген *E4* имеет широкое разнообразие рецессивных аллелей (*e4-SORE-1*, *e4-kes*, *e4-oto*, *e4-tsu*, *e4-kam*), но наиболее распространен аллель *e4-SORE-1*, остальные характерны для сортов китайской и японской селекции [5]. Данный *e4*-специфичный маркерный фрагмент ДНК длиной 837 п.н. выявлен в сортах Элана, Баргузин, Свапа и линии 2508. Все остальные генотипы характеризуются доминантным аллелем *E4* – 1229 п.н. (рис. 4). Однако стоит отметить, что у линии 2502 присутствует аллель *E4*, у 2508 – *e4-SORE-1*, а их гибрид 4 находится в гомозиготном состоянии по *E4*, что может быть вызвано ошибкой отбора растений из общей популяции линии 2508, которая представлена поколением F₆, где еще продолжается расщепление гибридной популяции.

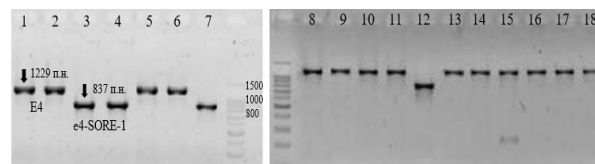


Рисунок 4 – Электрофоретические спектры ПЦР-продуктов, полученных с помощью праймеров маркера гена *E4*.

Дорожки: 1 – Вильямс 82; 2 – Harosoy; 3 – Баргузин; 4 – Элана; 5 – Рысь; 6 – Мамонт; 7 – Свапа; 8 – 2501; 9 – 2502; 10 – 2504; 11 – 2507; 12 – 2508; 13 – Арлета; 14 – Гибрид 1; 15 – Гибрид 2; 16 – Гибрид 3; 17 – Гибрид 4; 18 – Гибрид 5

Известно, что генотипы с максимальным количеством рецессивных аллелей снижают чувствительность к фотопериоду у сои в северных и южных широтах, обеспечивая раннее цветение и созревание [7]. Результаты идентификации генов *E1-E4* у всех изученных генотипов сои представлены в таблице 2.

Таблица 2

Результаты оценки генотипов сои по молекулярным маркерам и группе спелости

Сорт	Ген/аллель				Группа спелости*
	E1/e1-as	E2/e2-ns	E3-Ha/e3-tr	E4/e4-SORE	
Вильямс 82 (к)	e1-as	E2	E3-Ha	E4	–
Harosoy (к)	e1-as	e2-ns	E3-Ha	E4	–
Баргузин	e1-as	e2-ns	e3-tr	e4-SORE-1	2
Элана	e1-as	e2-ns	e3-tr	e4-SORE-1	2
Рысь	e1-as	e2-ns	E3-Ha	E4	4
Мамонт	E1	e2-ns	E3-Ha	E4	5
Свапа	e1-as	e2-ns	E3-Ha	e4-SORE-1	3
Арлета	e1-as	e2-ns	e3-tr	E4	3
Линия 2501	e1-as	e2-ns	E3-Ha	E4	4
Линия 2502	e1-as	e2-ns	E3-Ha	E4	4
Линия 2504	e1-as	e2-ns	e3-tr	E4	4
Линия 2507	e1-as	e2-ns	e3-tr	E4	3
Линия 2508	e1-as	e2-ns	E3-Ha	e4-SORE-1	3
Гибрид 1 2502 × Арлета	e1-as	e2-ns	E3-Ha/ e3-tr	E4	3
Гибрид 2 Арлета × 2502	e1-as	e2-ns	E3-Ha/ e3-tr	E4	3
Гибрид 3 2502 × 2507	e1-as	e2-ns	E3-Ha/ e3-tr	E4	3
Гибрид 4 2502 × 2508	e1-as	e2-ns	E3-Ha	E4	4
Гибрид 5 2504 × 2501	e1-as	e2-ns	E3-Ha/ e3-tr	E4	3

Примечание* – 2 – от очень ранней до ранней, 3 – раннеспелая, 4 – среднеранняя, 5 – среднеспелая

Исходя из полученных данных можно заключить, что наибольшим количеством рецессивных аллелей отличились сорта Элана и Баргузин ($e1/e2/e3/e4$), и в условиях Краснодарского края они входят в группу очень раннеспелых. Образцы, имеющие в своем генотипе по одному доминантному аллелю ($e1/e2/E3/e4$; $e1/e2/e3/E4$), – Свапа, Арлета, линии 2507, 2508, относятся к ранней группе спелости, однако линия 2504 среднераннеспелая. Сорт Рысь, линии 2501 и 2502, имеющие в своем составе два доминантных аллеля ($e1/e2/E3/E4$), относятся к среднеранней группе спелости. И наибольшее количество доминантных аллелей у сорта Мамонт ($E1/e2/E3/E4$), что определяет его как среднеспелый.

Анализ гибридных комбинаций показал, что из изученных молекулярных маркеров только у двух удалось определить наследование: маркер на ген $E3$ наследуется кодоминантно, а на $E4$ – предположительно доминантно. Маркеры, имеющие кодоминантное наследование позволяют контролировать наличие желаемых генов в потомстве. Так, гетерозиготными по $E3$ являются гибриды 1, 2, 3 и 5. У всех этих гибридных комбинаций родительские линии отличаются аллельным состоянием данного гена. По продолжительности вегетационного периода они относятся к раннеспелым и среднеранним, как и родительские формы. В результате скрещиваний растения всегда внутри комбинации отличаются по вегетационному периоду. В некоторых комбинациях формируются растения от раннеспелых до среднеспелых, в других могут быть представлены в диапазоне двух групп спелости в зависимости от того, насколько отличаются родительские формы. Гибрид 4 ($e1/e2E3/E4$) по результатам полевой оценки среднеранний, как и его родительские формы. Наследование маркеров генов $E1$, $E2$ не определено, так как родительские линии по ним не отличаются друг от друга.

Заключение. При помощи молекулярных маркеров генов фотопериодической чувствительности $E1$ – $E4$ у изученных генотипов сои идентифицированы аллели, вносящие наибольший вклад в снижение чувствительности к длине дня. У сортов Элана и Баргузин выявлено наибольшее количество рецессивных аллелей. Анализ селекционных линий и гибридных комбинаций показал эффективность использования молекулярных маркеров для упрощения процесса отбора по данному признаку.

Список литературы

1. Рынок сои в 2022 году: тенденции и прогнозы: [Электронный ресурс]. Экспертно-аналитический центр агробизнеса: – Режим доступа: <https://ab-centre.ru/news/gynok-soi-v-2022-godu-tendencii-i-rognozy>.
2. Watanabe S., Xia Z., Hideshima R. [et al.]. A map-based cloning strategy employing a residual heterozygous line reveals that the GIGANTEA gene is involved in soybean maturity and flowering // *Genetics*. – 2011. – Vol. 188. – No. 2. – P. 395–407.
3. Xia Z., Watanabe S., Yamada T. [et al.]. Positional cloning and characterization reveal the molecular basis for soybean maturity locus E1 that regulates photoperiodic flowering // *Proc. of Nation. Acad. Sci. USA*. – 2012. – Vol. 109. – No. 32. – P. E2155–E2164.
4. Tsubokura Y., Watanabe S., Xia Z. [et al.]. Natural variation in the genes responsible for maturity loci E1, E2, E3 and E4 in soybean // *Ann. Bot.* – 2014. – Vol. 113. – No. 3. – P. 429–441.
5. Liu B., Kanazawa A., Matsumura H., Takahashi R., Harada K., Abe J. Genetic redundancy in soybean photoresponses associated with duplication of phytochrome A gene // *Genetics*. – 2008. – 180 (2). – P. 995–1007.
6. Watanabe S., Hideshima R., Xia Z. [et al.]. Map-based cloning of the gene associated with the soybean maturity locus E3 // *Genetics*. – 2009. – 182 (4). – P. 1251–1262.
7. Федорина Я.В., Хлесткина Е.К., Сеферова И.В., Вишнякова М.А. Молекулярно-генетические механизмы, лежащие в основе

продвижения ареала возделывания сои к северу // Экологическая генетика. – 2022. – Т. 20. – № 1. – С. 13–30.

8. Перфильев Р.Н., Щербань А.Б., Салина Е.А. Разработка панели маркеров для генотипирования отечественных сортов сои по генам, контролирующим срок вегетации и реакцию на фотопериод // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2021. – 25 (7). – С. 761–769.

9. Xu M., Xu Z., Liu B., Kong F., Tsubokura Y., Watanabe S., Xia Z., Harada K., Kanazawa A., Yamada T., Abe J. Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and PHYA-regulated post-flowering responses of soybean // BMC Plant Biol. – 2013. – No. 13. – Art. No. 91.

References

1. Rynok soi v 2022 godu: tendentsii i prognozy: [Elektronnyy resurs]. Ekspertno-analiticheskiy tsentr agrobiznesa: – Rezhim dostupa: <https://ab-centre.ru/news/rynok-soi-v-2022-godu-tendencii-rognozy>.

2. Watanabe S., Xia Z., Hideshima R. [et al.]. A map-based cloning strategy employing a residual heterozygous line reveals that the GIGANTEA gene is involved in soybean maturity and flowering // Genetics. – 2011. – Vol. 188. – No. 2. – P. 395–407.

3. Xia Z., Watanabe S., Yamada T. [et al.]. Positional cloning and characterization reveal the molecular basis for soybean maturity locus E1 that regulates photoperiodic flowering // Proc. of Nation. Acad. Sci. USA. – 2012. – Vol. 109. – No. 32. – P. E2155–E2164.

4. Tsubokura Y., Watanabe S., Xia Z. [et al.]. Natural variation in the genes responsible for maturity loci E1, E2, E3 and E4 in soybean // Ann. Bot. – 2014. – Vol. 113. – No. 3. – P. 429–441.

5. Liu B., Kanazawa A., Matsumura H., Takahashi R., Harada K., Abe J. Genetic redundancy in soybean photoresponses associated with duplication of phytochrome A gene // Genetics. – 2008. – 180 (2). – P. 995–1007.

6. Watanabe S., Hideshima R., Xia Z. [et al.]. Map-based cloning of the gene associated with

the soybean maturity locus E3 // Genetics. – 2009. – 182 (4). – P. 1251–1262.

7. Fedorina Ya.V., Khlestkina E.K., Seferova I.V., Vishnyakova M.A. Molekulyarno-geneticheskie mekhanizmy, lezhashchie v osnove prodvizheniya areala vozdelevaniya soi k severu // Ekologicheskaya genetika. – 2022. – Т. 20. – № 1. – С. 13–30.

8. Perfil'ev R.N., Shcherban' A.B., Salina E.A. Razrabotka paneli markerov dlya genotipirovaniya otechestvennykh sortov soi po genam, kontroliruyushchim srok vegetatsii i reaktsiyu na fotoperiod // Vavilovskiy zhurnal genetiki i selektsii. – 2021. – 25 (7). – С. 761–769.

9. Xu M., Xu Z., Liu B., Kong F., Tsubokura Y., Watanabe S., Xia Z., Harada K., Kanazawa A., Yamada T., Abe J. Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and PHYA-regulated post-flowering responses of soybean // BMC Plant Biol. – 2013. – No. 13. – Art. No. 91.

Сведения об авторах

С.В. Иванов, магистрант

С.А. Рамазанова, вед. науч. сотр., канд. биол. наук

С.З. Гучетль, зав. лаб., вед. науч. сотр., канд. биол. наук

М.В. Трунова, зам. директора по научной работе, канд. биол. наук

Получено/Received

20.03.2024

Получено после рецензии/Manuscript peer-reviewed

26.03.2024

Получено после доработки/Manuscript revised

02.04.2024

Принято/Accepted

25.04.2024

Manuscript on-line

30.06.2024