

Научная статья

УДК 633.853.52:631.522

DOI: 10.25230/2412-608X-2024-2-198-10-15

## Поиск информативных SSR-маркеров для паспортизации сортов сои

Виолетта Георгиевна Савиченко  
Светлана Алексеевна Рамазанова  
Саида Заурбиевна Гучетль

ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК

Россия, 350038, г. Краснодар, ул. им. Филатова, д. 17  
psld.leta@mail.ru

**Реферат.** Соя является важной культурой в обеспечении продовольственной безопасности страны. Создание новых сортов сои и включение их в Госреестр будет сопровождаться генетической паспортизацией. Целью исследования стал поиск информативных SSR-локусов для дополнения существующей системы ДНК-маркеров для паспортизации сои. Из базы данных SoyBase с помощью онлайн инструмента Primer-BLAST отобрали 27 SSR-локусов. Информативность микросателлитных локусов была оценена на 20 сортах сои. ПЦР-продукты разделяли в ПААГ в денатурирующих условиях. Из 27 отобранных *in silico* микросателлитных локусов были выбраны 13 высокоинформативных (PIC 0,50–0,72) и пять информативных (PIC 0,44–0,49). Отобранные в результате настоящего исследования микросателлитные локусы могут быть использованы для генотипирования и, совместно с апробированными нами ранее ДНК-маркерами, для паспортизации сортов сои.

**Ключевые слова:** соя, *Glycine max* (L.), идентификация, паспортизация, ДНК-маркеры, микросателлиты, SSR

**Для цитирования:** Савиченко В.Г., Рамазанова С.А., Гучетль С.З. Поиск информативных SSR-маркеров для паспортизации сортов сои // Масличные культуры. 2024. Вып. 2 (198). С. 10–15.

UDC 633.853.52:631.522

**Search of informative SSR-markers for soybean cultivars passportization**

Savichenko V.G., junior researcher

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

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

10

**Abstract.** Soybean is one of the important crop contributing to food security. The development of new soybean cultivars and their including into the State Register will be confirmed by genetic passportization. The purpose of the research was a search of informative SSR-loci too add the existing system of DNA-markers for soybean passportization. We selected 27 SSR-loci from SoyBase using an online instrument Primer-BLAST. The information capacity of microsatellite loci was estimated in 20 soybean cultivars. PCR-products were divided in PAAG in denaturing conditions. We allocated 13 highly informative (PIC 0.50–0.72) and five informative (PIC 0.44–0.49) microsatellite loci from 27 ones selected *in silico*. Selected in the research loci can be used for genotyping and jointly with tested earlier DNA-markers for soybean passportization.

**Key words:** soybean, *Glycine max* (L.), identification, passportization, DNA-markers, microsatellites, SSR

**Введение.** По данным SoyStats [1], около 60 % мирового производства масличных культур приходится на сою. Это связано с ее уникальным биохимическим составом, благодаря которому культура получила широкие возможности использования. Увеличение производства сои наблюдается и в Российской Федерации [2]. Этому способствует создание новых высокоурожайных сортов, устойчивых к различным биотическим и абиотическим факторам.

В последние годы в селекции сельскохозяйственных культур эффективно применяют методы молекулярно-генетического анализа. Их используют при оценке селекционного материала, паспортизации и идентификации генотипов. В связи с изменениями в законе «О семеноводстве» [3] генетическая паспортизация станет обязательной для сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, включенных в утвержденный перечень, в том числе и для сои. Общепринятая методика генетической паспортизации отсутствует. Поэтому необходимы исследо-

вания по разработке таких методик, специфичных для каждой культуры.

Эффективность использования микросателлитных (SSR) маркеров для генотипирования сои и других культур была показана разными исследованиями [4; 5; 6; 7; 8]. Данный тип маркеров имеет высокий уровень полиморфизма, кодоминантный тип наследования, высокую воспроизводимость результатов анализа, относительную простоту детекции. Это делает их пригодными для многих задач: составления генетических карт, изучения генетического разнообразия, идентификации и паспортизации сортов и гибридов сельскохозяйственных культур [9].

Ранее нами были отобраны микросателлитные локусы, которые используются в настоящее время в качестве ДНК-маркеров для генетической идентификации новых сортов сои селекции ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК. Наши исследования показали высокий уровень информативности применяемых SSR-локусов, однако этого оказалось недостаточно для различия некоторых сортов [10; 11]. Поэтому целью настоящего исследования стал поиск информативных SSR-локусов для дополнения существующей системы ДНК-маркеров для паспортизации сортов сои.

**Материалы и методы.** Для исследования были выбраны 20 сортов сои разного происхождения, полученные с Армавирской опытной станции и центральной экспериментальной базы ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК (Т-25, Ходсон, Витязь 50, Сибириада, Локус, Кубанская 4958, Кубань, Уника, ВНИИМК 3895, ВНИИМК 9186, Элана, Дельта, Дока, Зара, Восточка, Пума, Саяна, Триада), а также из коллекции генетических ресурсов растений ВИР (Williams 82, Lee). ДНК выделяли из смеси осевых органов зародышей 10 семян каждого сорта набором реагентов DiamondDNA Plant (ООО АВТ, РФ) согласно прилагаемой инструкции. Оценку качества и количества выделенной ДНК проводили с помощью

микроспектрофотометра Nano-300 (Allsheng, КНР).

Поиск микросателлитных локусов и фланкирующих последовательностей осуществляли в базе данных SoyBase [12]. Проверку специфичности отжига праймеров, температур их плавления и размера ожидаемого фрагмента проводили *in silico* с помощью онлайн инструмента Primer-BLAST [13; 14].

Для подбора оптимальной температуры отжига праймеров с каждой парой проводили экспериментальные ПЦР в 25 мкл реакционной смеси, содержащей 2,5 мкл 10x ПЦР-буфера, 1,5–3,0 mM MgCl<sub>2</sub> (НПО «СибЭнзим», РФ), 200 мкМ каждого dNTP («Евроген», РФ), 0,5 мкМ каждого праймера, 0,1 мкл SynTaq ДНК полимеразы (ООО «Синтол», РФ), 40–50 нг геномной ДНК и деионизированную воду. Амплификацию осуществляли при следующих температурно-временных режимах: начальная денатурация при 96 °С в течение 2 мин; затем 35 циклов: денатурация при 94 °С – 30 сек, отжиг при 50–65 °С – 40 сек, элонгация при 70 °С – 1 мин, финальная элонгация при 70 °С – 2 мин в термоциклере MiniAmp Plus (Thermo Fisher, США) в независимых температурных блоках (Veriflex) с изменением температуры отжига на 2–3 °С. ПЦР-продукты разделяли в 2%-ом агарозном геле, окрашенном бромистым этидием, в камере горизонтального электрофореза SE-2 (Хеликон, РФ) при силе тока 90 mA и напряжении 180 V в течение 30 мин. Визуализация результатов электрофореза обеспечивалась с помощью гель-документирующей системы GenoSens Touch 2200 (Clinx Science Instruments, КНР) в УФ-лучах.

Далее ПЦР с каждой парой праймеров проводили по вышеописанному протоколу при подобранной оптимальной температуре отжига. Полученные ПЦР-продукты разделяли в 8%-ом полиакриламидном геле (ПААГ) в денатурирующих условиях в камере для вертикального электрофореза VE-20 (Хеликон, РФ) при

параметрах силы тока и напряжения – 200 mA, 800 V, предварительно денатурируя пробы. Гели окрашивали нитратом серебра и документировали на приборе GenoSens Touch 2200 на экране белого света.

Информативность микросателлитных локусов оценивали по следующим показателям: наблюдаемое ( $n_a$ ) и эффективное число аллелей ( $n_e$ ), индекс полиморфного информационного содержания (PIC).

**Результаты и обсуждение.** Для идентификации сортов сои в дополнение к ранее изученным микросателлитам из базы данных SoyBase отбирали локусы, содержащие три- и тетрануклеотидные микросателлитные повторы. Динуклеотидные микросателлитные локусы в исследование не включали, поскольку при их амплификации чаще образуются дополнительные ПЦР-продукты, отличающиеся на 1–2 повтора (статтеры), которые затрудняют интерпретацию результатов фрагментного анализа.

Последовательности праймеров, фланкирующих локусы, отобранные на первом этапе, проверяли с помощью онлайн инструмента Primer-BLAST на референсном геноме сои *Glycine\_max\_v4.0* (Williams 82). Проверку осуществляли по следующим параметрам: отсутствие неспецифического связывания с ДНК матрицей; низкая вариабельность температуры плавления между праймерами (не более 3 °C); размер ожидаемого ПЦР-продукта (от 100 до 500 п.н.). Маркеры, не отвечающие вышеперечисленным параметрам, исключались из дальнейшего исследования. В результате проведенной работы *in silico* было отобрано 27 микросателлитных локусов (табл. 1).

Следующим этапом работы стала оптимизация температуры отжига праймеров. За основу были взяты данные температур плавления ( $T_m$ ) из Primer-BLAST, но поскольку значения температуры плавления отличаются от значений

температуры отжига ( $T_a$ ), требуется их экспериментальная оптимизация. Для этого с каждой парой праймеров проводили ПЦР, изменяя в протоколе амплификации температуру отжига на 2–3 °C.

Таблица 1

**Характеристика микросателлитных локусов ДНК сои на основе данных сборки генома *Glycine\_max\_v4.0***

№	Локус	Хромосома	Мотив	Размер фрагмента, п.н.
1	SATT631	3	(ATT)16	152
2	SATT549	3	(TAT)21	244
3	SATT257	3	(ATA)10	251
4	SATT713	4	(TTAT)3	254
5	AW277661	4	(TAT)23	250
6	SATT684	5	(ATA)17	188
7	SATT471	5	(TAT)18	241
8	CSSR531	7	(TAA)13	245
9	SATT636	7	(ATT)22	172
10	SATT207	8	(ATA)24	239
11	SATT333	8	(TAT)22	191
12	SATT500	10	(TAA)21	308
13	SATT633	10	(TAA)12	131
14	SATT638	11	(ATA)13	174
15	SATT359	11	(TAT)15	178
16	SATT635	12	(ATA)7	172
17	SATT353	12	(TTA)17	170
18	SATT304	14	(TAA)30	225
19	SATT168	14	(ATA)17	226
20	SATT651	15	(ATA)10	169
21	SATT263	15	(TTA)19	222
22	SATT287	16	(ATA)18	228
23	SAT222	17	(TTCT)3	168
24	SATT311	17	(AAT)13	181
25	SATT398	19	(ATTA)3	184
26	SATT292	20	(ATA)16	236
27	SATT614	20	(TTA)38	309

Выбор оптимального значения температуры отжига основывался на полученных спектрах ДНК в результате электрофоретического разделения ПЦР-продуктов в агарозном геле. Оптимальной считалась температура отжига, при которой были получены четкие профили ДНК, находящиеся в характерном для каждого локуса диапазоне размера фрагментов, неспецифичные фрагменты отсутствовали. Полученные значения температуры отжига в сравнении с расчетной температурой плавления представлены в таблице 2.

Таблица 2

**Оптимизация температуры отжига праймеров микросателлитных локусов ДНК сои**

№	Локус	T <sub>m</sub> , °C	T <sub>a</sub> , °C
1	Satt631	62,0	58,0
2	Satt549	62,0	60,0
3	Satt257	59,0	60,0
4	Satt713	60,0	60,0
5	AW277661	59,5	64,0
6	Satt684	57,0	60,0
7	Satt471	59,5	60,0
8	CSSR531	54,0	60,0
9	Satt636	59,0	60,0
10	Satt207	58,5	58,0
11	Satt333	61,5	64,0
12	Satt500	59,0	60,0
13	Satt633	60,5	64,0
14	Satt638	61,0	60,0
15	Satt359	57,5	58,0
16	Satt635	58,5	58,0
17	Satt353	61,5	64,0
18	Satt304	58,5	60,0
19	Satt168	55,5	58,0
20	Satt651	61,0	60,0
21	Satt263	55,5	60,0
22	Satt287	59,5	60,0
23	Satt222	63,0	64,0
24	Satt311	59,5	60,0
25	Satt398	62,5	60,0
26	Satt292	59,0	60,0
27	Satt614	58,5	60,0

T<sub>m</sub> – температура плавления праймеров из Primer-BLAST;

T<sub>a</sub> – температура отжига праймеров экспериментально подобранная

Как видно из таблицы 2, значения температуры отжига отличались от расчетных температур плавления у всех праймеров. Температура отжига праймеров разных локусов варьировала от 58 до 64 °C. Для создания технологии генотипирования сортов сои на основе SSR-маркеров необходимо учитывать, что при проведении мультиплексной ПЦР праймеры должны гибридизоваться при одинаковой температуре. Соответственно, праймеры из разных температурных групп не могут входить в состав мультиплексной реакции, поскольку это снизит их специфичность или вовсе исключит амплификацию.

Информативность изучаемых локусов определяли на 20 сортах сои разного происхождения. Продукты ПЦР разделяли в ПААГ в денатурирующих условиях. По полученным электрофореграммам уста-

навливали наличие/отсутствие специфичных и неспецифичных фракций, полиморфизм выявленных фрагментов ДНК (аллелей). В ходе исследования локусы Satt311 и Satt398 были исключены, поскольку результаты амплификации с ними были нестабильны. При анализе локуса Satt631 были выявлены неспецифичные фракции, а локусов Satt257 и Satt713 – нулевые аллели, поэтому данные локусы также были исключены из дальнейшего исследования.

Для оценки уровня информативности микросателлитных локусов рассчитывали эффективное число аллелей (n<sub>e</sub>) и индекс полиморфного информационного содержания (PIC). Результаты расчетов представлены в таблице 3.

Таблица 3

**Основные показатели информативности микросателлитных локусов ДНК сои**

№	Локус	n <sub>a</sub>	n <sub>e</sub>	PIC
1	Satt631	-	-	-
2	Satt549	3	2,38	0,49
3	Satt257	-	-	-
4	Satt713	-	-	-
5	AW277661	4	2,63	0,54
6	Satt684	4	2,78	0,58
7	Satt471	2	1,72	0,33
8	CSSR531	4	2,40	0,56
9	Satt636	4	2,45	0,50
10	Satt207	4	2,86	0,56
11	Satt333	4	2,17	0,49
12	Satt500	3	2,33	0,48
13	Satt633	2	2,00	0,38
14	Satt638	2	1,35	0,22
15	Satt359	3	2,17	0,47
16	Satt635	4	3,23	0,63
17	Satt353	3	2,22	0,44
18	Satt304	2	1,47	0,27
19	Satt168	5	4,00	0,71
20	Satt651	4	2,90	0,66
21	Satt263	3	2,78	0,56
22	Satt287	4	2,50	0,55
23	Satt222	3	2,50	0,53
24	Satt311	-	-	-
25	Satt398	-	-	-
26	Satt292	4	4,00	0,70
27	Satt614	5	4,17	0,72

n<sub>a</sub> – наблюдаемое число аллелей;

n<sub>e</sub> – эффективное число аллелей;

PIC – индекс полиморфного информационного содержания

По анализируемым локусам было выявлено от 2 до 5 аллелей. При этом эффективное число аллелей варьировало от 1,35 (Satt638) до 4,17 (Satt614), а индекс полиморфного информационного содержания – от 0,22 до 0,72 у этих же локусов. Для идентификации сортов и гибридов сельскохозяйственных культур предпочтительнее использовать маркеры, выявляющие три и более аллельных варианта. Поэтому локусы Satt471, Satt633, Satt638 и Satt304 были исключены ( $n_a = 2$ ). К высокоинформативным ( $PI_C > 0,5$ ) в нашем исследовании можно отнести большинство микросателлитных локусов: Satt614, Satt168, Satt292, Satt651, Satt635, Satt684, CSSR531, Satt207, Satt263, Satt287, AW277661, Sat222, Satt636. Поскольку паспортизацию планируется проводить с помощью метода капиллярного электрофореза, разрешающая способность и точность которого выше применяемого в настоящем исследовании метода, оценка информативности является предварительной. Поэтому локусы, обладающие меньшим уровнем полиморфизма (со значением  $PI_C$  от 0,44 до 0,49), не исключаются из дальнейшего исследования и также могут быть использованы для паспортизации сортов сои.

**Заключение.** В результате исследования *in silico* было отобрано 27 микросателлитных локусов, отвечающих заданным параметрам. Экспериментально подобрана температура отжига праймеров для проведения ПЦР с ними. По данным нашего исследования 13 SSR-локусов оказались высокоинформативными ( $PI_C > 0,5$ ), еще пять обладали меньшим уровнем полиморфизма, но также были информативны ( $PI_C 0,44–0,49$ ). Отобранные в результате настоящего исследования микросателлитные локусы могут быть использованы для генотипирования и, совместно с апробированными нами ранее ДНК-маркерами, для паспортизации сортов сои.

## Список литературы

1. SoyStats: [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://soystats.com/international-world-oilseed-production/> (дата обращения: 13.02.2024).
2. FAOSTAT: [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://www.fao.org/faostat/ru/> (дата обращения: 13.02.2024).
3. Федеральный закон от 30.12.2021 (в ред. 04.08.2023) № 454-ФЗ «О семеноводстве» // Собрание законодательства РФ (ч. I). – 03.01.2022. – № 1. ст. 23.
4. Zatybekov A., Yermagambetova M., Genievskaya Y., Didorenko S., Abugaliev S. Genetic diversity analysis of soybean collection using simple sequence repeat markers // Plants. – 2023. – 12. – 3445. DOI: 10.3390/plants12193445.
5. Gupta S.K., Manjaya J.G. Genetic diversity and population structure of Indian soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] revealed by simple sequence repeat markers // Journal of Crop Science and Biotechnology. – 2017. – No 20. – P. 221–231. DOI: 10.1007/s12892-017-0023-0.
6. Гайнуллина К.П., Кулуев Б.Р., Давлетов Ф.А. Оценка генетического разнообразия сортов и линий гороха с помощью SSR-анализа // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 2020. – № 181 (3). – С. 70–80. DOI: 10.30901/2227-8834-2020-3-70-80.
7. Ильницкая Е.Т., Макаркина М.В., Степанов И.В., Супрун И.И., Токмаков С.В., Айба В.Ш., Авидзба М.А., Котляр В.К. Генетический полиморфизм аборигенных абхазских сортов винограда // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2021. – 25 (8). – С. 797–804. DOI: 10.18699/VJ21.092.
8. Колобова О.С., Малюченко О.П., Шалаева Т.В., Шанина Е.П., Шилов И.А., Алексеев Я.И., Велишаева Н.С. Генетическая паспортизация картофеля на основе мультиплексного анализа 10 микросателлитных маркеров // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2017. – № 21 (1). – С. 124–127. DOI: 10.18699/VJ17.230.
9. Каңукова К.Р., Газаев И.Х., Сабанчиева Л.К., Боготова З.И., Аннаев С.П. ДНК-маркеры в растениеводстве // Известия Кабардино-Балкарского научного центра РАН. – 2019. – № 6 (92). – С. 220–232.
10. Савиченко В.Г., Рамазанова С.А. Идентификация сортов сои (*Glycine max* L.) селекции ВНИИМК методом микросателлитного анализа // Сб. мат-лов 11-й Всероссийской конф. молод. уч. и спец. «Актуальные вопросы биологии, селекции, технологии возделывания и переработки сельскохозяйственных культур». – Краснодар, 2021. – С. 97–101.
11. Савиченко В.Г. Идентификация сортов сои на основе полиморфизма SSR-маркеров // Научные труды Северо-Кавказского федерального

научного центра садоводства, виноградарства, виноделия. – 2023. – Т. 37. – С. 68–72.

12. SoyBase. Integrating Genetics and Genomics to Advance Soybean Research [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://soybase.org/> (дата обращения: 21.01.2024).

13. Primer-BLAST: [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast> (дата обращения: 21.01.2024).

14. Ye J., Coulouris G., Zaretskaya I. [et al.]. Primer-BLAST: A tool to design target-specific primers for polymerase chain reaction // BMC Bioinformatics. – 2012. – Vol. 13. – Art. No. 134. DOI: 10.1186/1471-2105-13-134.

## References

1. SoyStats: [Elektronnyy resurs]. – Rezhim dostupa: <http://soystats.com/international-world-oilseed-production/> (data obrashcheniya: 13.02.2024).

2. FAOSTAT: [Elektronnyy resurs]. – Rezhim dostupa: <https://www.fao.org/faostat/ru/> (data obrashcheniya: 13.02.2024).

3. Federal'nyy zakon ot 30.12.2021 (v red. 04.08.2023) № 454-FZ «O semenovodstve» // Sobranie zakonodatel'stva RF (ch. I). – 03.01.2022. – № 1. st. 23.

4. Zatybekov A., Yermagambetova M., Genievs-kaya Y., Didorenko S., Abugalieva S. Genetic diversity analysis of soybean collection using simple sequence repeat markers // Plants. – 2023. – 12. – 3445. DOI: 10.3390/plants12193445.

5. Gupta S.K., Manjaya J.G. Genetic diversity and population structure of Indian soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] revealed by simple sequence repeat markers // Journal of Crop Science and Biotechnology. – 2017. – No 20. – P. 221–231. DOI: 10.1007/s12892-017-0023-0.

6. Gaynullina K.P., Kuluev B.R., Davletov F.A. Otsenka geneticheskogo raznoobraziya sortov i liniy gorokha s pomoshch'yu SSR-analiza // Trudy po prikladnoy botanike, genetike i selektsii. – 2020. – № 181 (3). – S. 70–80. DOI: 10.30901/2227-8834-2020-3-70-80.

7. P'nitskaya E.T., Makarkina M.V., Stepanov I.V., Suprun I.I., Tokmakov S.V., Ayba V.Sh., Avizba M.A., Kotlyar V.K. Geneticheskii polimorfizm aborigennykh abkhazskikh sortov vinograda // Vavilovskiy zhurnal genetiki i selektsii. – 2021. – 25 (8). – S. 797–804. DOI: 10.18699/VJ21.092.

8. Kolobova O.S., Malyuchenko O.P., Shalaeva T.V., Shanina E.P., Shilov I.A., Alekseev Ya.I., Velishaeva N.S. Geneticheskaya pasportizatsiya kartofelya na osnove multipleksnogo analiza 10 mikrosatellitnykh markerov // Vavilovskiy zhurnal genetiki i selektsii. – 2017. – № 21 (1). – S. 124–127. DOI: 10.18699/VJ17.230.

9. Kanukova K.R., Gazaev I.Kh., Sabanchieva L.K., Bogotova Z.I., Appaev S.P. DNK-markery v

rasteniyevodstve // Izvestiya Kabardino-Balkarskogo nauchnogo tsentra RAN. – 2019. – № 6 (92). – S. 220–232.

10. Savichenko V.G., Ramazanova S.A. Identifikatsiya sortov soi (*Glycine max* L.) selektsii VNIIMK metodom mikrosatellitnogo analiza // Sb. mat-lov 11-y Vserossiyskoy konf. molod. uch. i spets. «Aktual'nye voprosy biologii, selektsii, tekhnologii vzdelyvaniya i pererabotki sel'skokhozyaystvennykh kultur». – Krasnodar, 2021. – S. 97–101.

11. Savichenko V.G. Identifikatsiya sortov soi na osnove polimorfizma SSR-markerov // Nauchnye trudy Severo-Kavkazskogo federal'nogo nauchnogo tsentra sadovodstva, vinogradarstva, vinodeliya. – 2023. – T. 37. – S. 68–72.

12. SoyBase. Integrating Genetics and Genomics to Advance Soybean Research [Elektronnyy resurs]. – Rezhim dostupa: <https://soybase.org/> (data obrashcheniya: 21.01.2024).

13. Primer-BLAST: [Elektronnyy resurs]. – Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast> (data obrashcheniya: 21.01.2024).

14. Ye J., Coulouris G., Zaretskaya I. [et al.]. Primer-BLAST: A tool to design target-specific primers for polymerase chain reaction // BMC Bioinformatics. – 2012. – Vol. 13. – Art. No. 134. DOI: 10.1186/1471-2105-13-134.

## Сведения об авторах

**В.Г. Савиченко**, млад. науч. сотр.

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

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

*Получено/Received*

05.03.2024

*Получено после рецензии/Manuscript peer-reviewed*

12.03.2024

*Получено после доработки/Manuscript revised*

22.03.2024

*Принято/Accepted*

25.04.2024

*Manuscript on-line*

30.06.2024