

ПОЛІМОРФІЗМ SSR-ЛОКУСІВ В СОРТАХ СОЇ, ЯКІ ПОХОДЯТЬ З РІЗНИХ КРАЇН

П. В. Чернишенко¹, Г. Є. Чернишенко², Є. В. Скобля³¹Інститут рослинництва імені В. Я. Юр'єва НААН, проспект Героїв Харкова, 142, м. Харків 61060, Україна²Випробувальна лабораторія ТОВ «АГРОГЕН НОВО», вул. Шишківська, 2-В, м. Харків, 61070, Україна³Харківський ліцей №170 Харківської міської ради, вулиця Гастело, буд. 11/13, м. Харків, 61013, Україна

Актуальність. Мікросателітні послідовності ДНК широко використовуються для ідентифікації генотипів живих організмів. В 2014 році в Китаї затверджено стандарт NY/T 2595-2014 *Identification of soybean varieties. SSR marker method* щодо ідентифікації сортів сої за поліморфізмом 36 SSR-локусів. Затверджені нормативні документи щодо ідентифікації сільськогосподарських культур за допомогою ДНК-маркерів, у тому числі сої, в Україні відсутні. Отже, представляє інтерес вивчення рівня різноманіття та диференційної здатності SSR-маркерів, запропонованих в стандарті NY/T 2595-2014, в сортах сої, поширених в Україні. **Мета.** Вивчення поліморфізму дев'яти SSR-локусів в дев'яти сортах сої та дивергенції між сортами сої, селекція яких велась у різних країнах. **Матеріали і методи.** В роботі використано дев'ять сортів сої. Оцінювали мінливість дев'яти мікросателітних локусів, що показані в стандарті NY/T 2595-2014 як найбільш поліморфні в сортах сої. Поліморфізм SSR-локусів вивчали за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з детекцією результатів в агарозному гелі. Оцінювання рівня поліморфізму в сортах сої здійснювали за допомогою індексу генетичного різноманіття *Nei*. Класифікацію сортів сої здійснювали методом приєднання найближчих сусідів у програмі PHYLIP. **Результати.** Виявлено, що загальний рівень поліморфізму досліджених SSR-локусів в дев'яти сортах сої, оцінений за індексом *Nei*, становить $0,57 \pm 0,04$. За вивченими SSR-локусами не виявлено ідентичних сортів, значення генетичних відстаней між усіма сортами були вище 0. Найбільш генетично спорідненими між собою виявилися українські сорти Райдуга та Господиня, найбільш віддаленими – сорти Юнка (Канада) і Ультра (США), Райдуга (Україна) і Юнка (Канада), Господиня (Україна) і Командор (Франція). Встановлено, що українські сорти Райдуга та Господиня є більш генетично віддаленими від усіх інших вивчених сортів сої. Європейські та північно-американські сорти сої об'єднувалися в 2 групи. Групування сортів згідно з географічним походженням не виявлено. **Висновки.** Показано значну роздільну здатність SSR-локусів в досліджених сортах сої. Отримані результати можна ефективно використовувати для ідентифікації сортів сої, визначення ефективності штучної гібридизації, визначення генетичної чистоти, а також в прикладній схемі гібридизації з урахуванням віддалених еколого-географічних комбінацій.

Ключові слова: ДНК-маркери, мікросателітні локуси, молекулярно-генетичне різноманіття, генетичні відстані, дивергенція

Вступ. Мікросателітні послідовності ДНК (Simple Sequence Repeats, SSR) є найбільш доступними, простими, зручними маркерами, які широко використовуються для ідентифікації генотипів живих організмів.

У серії наукових робіт показано, що SSR-локуси сої виявляють вищий рівень поліморфізму порівняно з іншими маркерами – RFLP, AFLP і RAPD [1–6], а також SNP [6]. Обговорюється зчеплення деяких SSR-локусів сої з господарсько-цінними ознаками, зокрема генам стійкості до вірусу мозаїки сої

[7], генами фотоперіодичної чутливості (Е-генами) [8].

Протягом останніх десятиліть вченими було розроблено тисячі мікросателітних маркерів сої, більше ніж 2000 SSR-локусів було включено до загальної інтегрованої генетичної карти сої [9].

В 2014 р. в Китаї затверджено стандарт щодо визначення генетичної чистоти сортів сої за поліморфізмом 36 SSR-локусів [10]. Разом з тим, в Україні типовість насіння більшості сільськогосподарських культур нор-

Інформація про авторів:

Чернишенко Павло Володимирович, канд. с.-г. наук, с. н. с., провідний науковий співробітник лаб. селекції зернобобових культур, e-mail: chernko83@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-1502-1790>

Чернишенко Галина Євгенівна, канд. біол. наук, завідувачка випробувальної лаб. ТОВ «АГРОГЕН НОВО», e-mail: agrogennovo@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2241-2503>

Скобля Євген Васильович, вчитель біології Харківського ліцею № 170 Харківської міської ради, e-mail: eugene.skoblya@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0000-0173-5365>

мується за морфологічними ознаками у ДСТУ 2240-93 [11]. Затверджені нормативні документи щодо ідентифікації сільськогосподарських культур за допомогою ДНК-маркерів, у тому числі сої, в Україні відсутні.

Отже, представляє інтерес вивчення різноманіття та диференційної здатності SSR-маркерів, запропонованих в стандарті NY/T 2595-2014 в сортах сої [10].

Таблиця 1. Сорти сої, використані у дослідженні

Назва сорту	Оригіатор	Країна походження
Абеліна	SAATBAU (ПробстдорферЗаатцухт)	Австрія
Кенді	Кен-Гро Дженетікс Інк.	Канада
Пруденс	HURON COMMODITIES INC.	Канада
Юнка	СевітаДженетікс	Канада
Ультра	ASGROW & Monsanto	США
Господиня	Інститут рослинництва імені В. Я. Юр'єва НААН	Україна
Райдуга	Інститут рослинництва імені В. Я. Юр'єва НААН	Україна
Командор	EURALIS SEMENCES (ЕвралісСеманс)	Франція
Ментор	EURALIS SEMENCES (ЕвралісСеманс)	Франція

Оцінювали мінливість дев'яти мікросателітних локусів, що показані в стандарті NY/T 2595-2014 як найбільш поліморфні в сортах сої – Satt197, Satt429, Satt112, Satt380, Satt239, Satt588, Satt300, Satt373, Satt514 [10]. ДНК виділяли з суміші відрізків зародкових корінців 30 насінин сої сорбентним методом за допомогою спін-колонок. Ампліфікацію ДНК проводили в пробірках з ліофілізованим набором реактивів для ПЛР (Bioneer, Південна Корея) в ампліфікаторі «Герцик». Кінцевий об'єм реакційної суміші склав 20 мкл і містив 20 нг ДНК і 1 мкМ кожного праймеру.

Для ампліфікації SSR-локусів використовували програму, запропоновану в стандарті [10]. Ампліфікацію проводили з початковою денатурацією – 5 хв при 94°C, з наступними 35 циклами в такому режимі: денатурація – 45 с при 94°C, гібридизація праймерів при Tm – 45 с, елонгація – 45 с при 72°C, кінцева елонгація – 7 хв при 72 °C.

Продукти ампліфікації розділяли методом електрофореза в 2 % агарозному гелі з бромистим етидієм в боратному буфері з низькою іонною силою [12].

Електрофорез продуктів ампліфікації проводили в горизонтальному приладі HoeferSuperSub100 (США). Використовували маркери молекулярної ваги Ncombi (Ізоген). Отримані гелі документували шляхом

Метою роботи було вивчення поліморфізму дев'яти SSR-локусів в дев'яти сортах сої, селекція яких велася у різних країн, та дивергенції між цими сортами.

Матеріали і методи. В роботі використано дев'ять сортів сої, які походять з різних країн (табл. 1) і які раніше не аналізувалися за обраними SSR-локусами.

фотографування.

Визначення кількості і розмірів продуктів ампліфікації проводили за допомогою демо-версії програми Totallab 120 (<https://www.totallab.com>).

Частоту алелів розраховували за формулою:

$$p_i = P_{ii} + \sum P_{ij} / 2, \text{ де}$$

p_i – частота алелю i ;

P_{ii} P_{ij} – частоти генотипів ii і ij .

За значеннями частот алелів визначали кількість рідких, загальних і частих алельних варіантів. Рідкими вважали алельні варіанти, які зустрічалися в дослідженій вибірці сортів сої з частотою $\leq 1\%$, загальними – з частотою 1–20 %. Продукти ампліфікації, що були представлені більше ніж у 20 % вивчених сортів сої, приймали за часті алелі.

Поліморфізм SSR-маркерів в сортах сої оцінювали за допомогою індексу генетичного різноманіття N_ei (H_e) (або теоретичною гетерозиготністю), який розраховували за формулою:

$$H_e = 1 - \sum p_{Li}^2, \text{ де}$$

p_i – частота i алелю L локусу.

Для оцінки дивергенції між сортами сої розраховували генетичні відстані N_ei та L_i в програмі PHYLIP за формулою:

$$D_{ij} = 1 - S_{ij} = \frac{2a}{2a+b+c}, \text{ де}$$

a – кількість спільних градацій ознаки у двох об'єктів, що порівнюються;

b – кількість однієї градації, що характерна лише для першого об'єкту;

c – кількість однієї градації, що характерна лише для другого об'єкту.

На основі матриць відстаней між популяціями сортів сої та між окремими зразками створювали дендрограму методом приєднання найближчих сусідів в програмі

PHYLIP.

Результати та обговорення. Різноманітність сортів сої за поліморфізмом SSR-локусів. Під час ампліфікації дев'яти мікросателітних локусів у сортах сої виявлено 26 алельних варіантів. Усі локуси виявляли поліморфізм. Максимальну кількість алельних варіантів (5) виявлено в сортах сої з використанням маркера Satt373, мінімальну – два (2) за маркерами Satt380, Satt239, Satt300 і Satt514 (рис. 1, табл. 2).

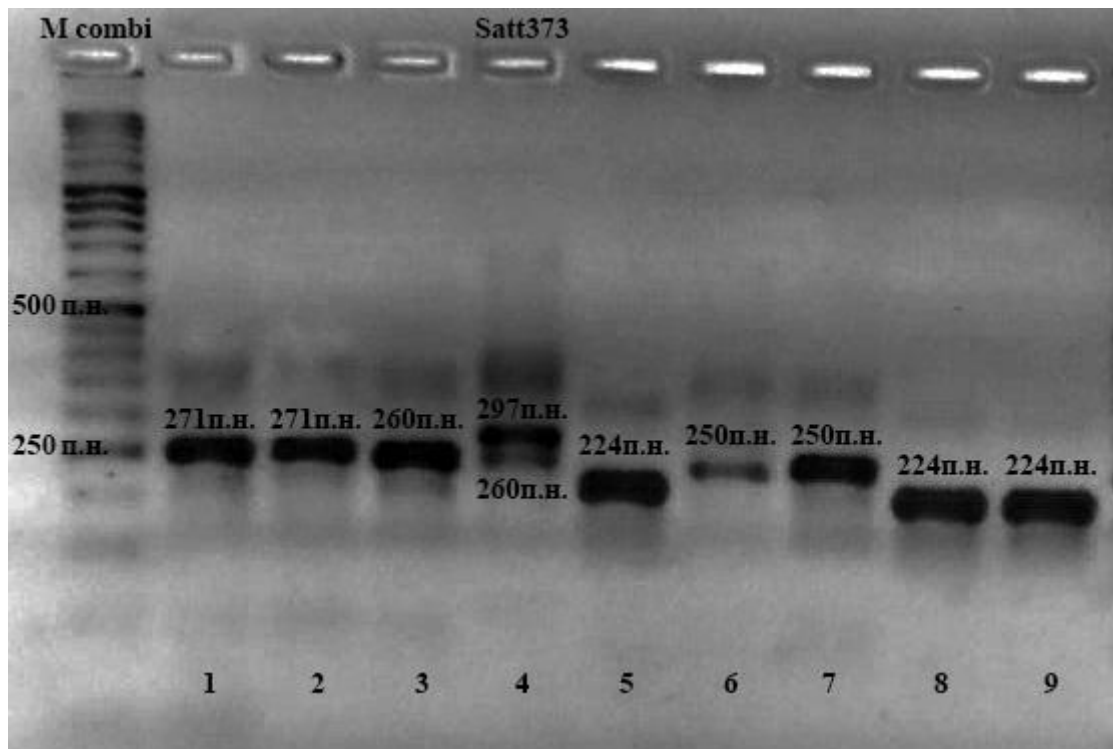


Рис. 1. Електрофореграма продуктів ампліфікації найбільш поліморфного SSR-локуса Satt373 у сортах сої (M combi – маркер, 1 – Кенді, 2- Абеліна , 3-Командор, 4-Юнка, 5-Ультра, 6-Пруденс, 7-Ментор, 8-Господиня, 9-Райдуга).

Середня кількість алельних варіантів на один локус складала $2,89 \pm 1,05$. Розміри продуктів ампліфікації, визначені відносно маркера молекулярної ваги M combi, варіювали від 134 до 326 пн за різними SSR-маркерами (табл. 2). Подібні розміри продуктів ампліфікації виявлені іншими авторами [10] під час вивчення цих же SSR-маркерів у інших зразках сої.

Більшість алельних варіантів вивчених мікросателітних локусів зустрічалася у вибірці сортів сої з частотою більше 20 % (часті алелі) і 1–20 % (загальні алелі).

Крім того, було виявлено 1 рідкісний

для вивченої вибірки сортів сої алельний варіант за локусом Satt373 - 297 п.н., який зустрічався лише у зразку сорту Юнка (рис. 1).

Незважаючи на те, що соя є obligатним самоzapиловачем [13], серед досліджених зразків виявлено один гетерогенний сорт Юнка, у якому ампліфікувалося два ДНК-продукти в локусі Satt373 під час аналізу ДНК суміші насіння (рис. 1). У цьому зразку необхідно провести понасінний аналіз, щоб з'ясувати природу гетерогенності. Але це не входило до задач даного дослідження. Рівень гетерозиготності в загальній вибірці зразків сої за всіма мікросателітними локусами ста-

Таблиця 2. Алельні варіанти та індекс генетичного різноманіття Nei, розрахований за поліморфізмом SSR-маркерів у сортах сої

Локус	Продукти ампліфікації, п.н.	Частота алелів, %	Індекс генетичного різноманіття Nei
Satt197	169	11	0,52
	175	22	
	183	67	
Satt429	206	11	0,71
	220	11	
	231	44	
	245	33	
Satt112	317	11	0,63
	321	44	
	326	44	
Satt380	134	22	0,37
	142	78	
Satt239	178	56	0,52
	190	44	
Satt588	230	11	0,60
	234	33	
	245	56	
Satt300	145	56	0,52
	175	44	
Satt373	224	33	0,80
	250	22	
	260	17	
	271	22	
	297	6	
Satt514	198	44	0,52
	240	56	

новив 1,2 %.

Найбільш поліморфними за індексом Nei в сортах сої виявились локуси Satt373 і Satt429 ($D=0,80$ і $0,72$ відповідно). Високими значення індекса генетичного різноманіття Nei характеризувались також такі маркери як Satt112 і Satt588 ($D=0,63$ і $0,60$ відповідно).

Найменшим рівнем мінливості за значенням індексу різноманіття виявився SSR-локус Satt380 ($D=0,37$).

Загальний рівень поліморфізму в досліджених сортах сої становив $0,57 \pm 0,04$.

Дивергенція сортів сої за поліморфізмом SSR-локусів. Мінімальну генетичну відстань ($0,004274$) виявлено між сортами української селекції Господиня і Райдуга (табл. 3). Такі результати можуть пояснюва-

тися тим, що ці сорти мають спільну генетичну основу. Це є логічним, оскільки дані сорти зареєстровано одним оригіном, Інститутом рослинництва ім. В. Я. Юр'єва (м. Харків).

Максимальну генетичну відстань, $0,041894$, за поліморфізмом SSR-локусів виявлено між парами сортів Ультра і Юнка, Райдуга і Юнка, Господиня і Командор. Сорт Ультра єдиний у вибірці сорт, що походить з США, Юнка – єдиний канадський сорт, зареєстрований оригіном Севіта Дженетікс. Сорти Райдуга та Господиня української селекції. Отже, можна припустити, що для створення цих пар сортів використовувався вихідний матеріал, що має розрізнене походження.

У результаті кластеризації зразків сої за

Таблиця 3. Генетичні відстані Nei та Li між сортами сої за поліморфізмом SSR-локусів

Генетичні відстані	Кенді	Абеліна	Командор	Юнка	Ультра	Пруденс	Ментор	Господиня	Райдуга
Кенді	0,00000	0,010246	0,019794	0,010246	0,019794	0,010246	0,019794	0,019794	0,019794
Абеліна	0,010246	0,000000	0,027728	0,019794	0,014349	0,006976	0,014349	0,019794	0,019794
Командор	0,019794	0,027728	0,000000	0,01217	0,014349	0,019794	0,014349	0,041894	0,027728
Юнка	0,010246	0,019794	0,01217	0,000000	0,041894	0,014349	0,014349	0,019794	0,041894
Ультра	0,019794	0,014349	0,014349	0,041894	0,000000	0,019794	0,019794	0,014349	0,006976
Пруденс	0,010246	0,006976	0,019794	0,014349	0,019794	0,000000	0,006976	0,027728	0,027728
Ментор	0,019794	0,014349	0,014349	0,014349	0,019794	0,006976	0,000000	0,019794	0,019794
Господиня	0,019794	0,019794	0,041894	0,019794	0,014349	0,027728	0,019794	0,000000	0,004274
Райдуга	0,019794	0,019794	0,027728	0,041894	0,006976	0,027728	0,019794	0,004274	0,000000

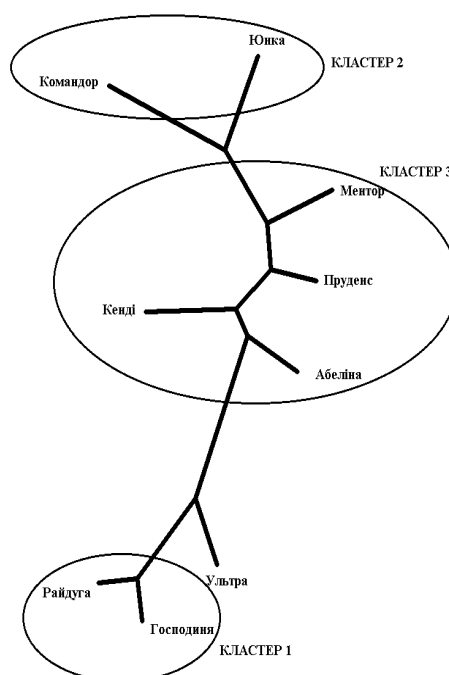


Рис. 2. Дендрограма, що відображає дивергенцію сортів сої за поліморфізмом SSR-локусів

поліморфізмом SSR-локусів можливо умовно виділити три групи зразків (рис. 2). До кластеру 1 увійшли сорти української селекції Райдуга і Господиня, які просторово знаходяться найбільш віддалено від представників кластеру 2, сортів Командор (Франція) та Юнка (Канада). Кластер 3 утворився за рахунок близького розташування сортів сої Кенді (Канада), Ментор (Франція), Пруденс (Канада), Абеліна (Австрія). При цьому, кластер 3 тяжів до кластеру 2. Сорт Ультра, що походить з США, за розташуванням на дендрогамі тяжів до представників кластеру 1.

Таким чином, при вивченні дивергенції сортів сої за поліморфізмом SSR-локусів, виявлено, що генетичні відстані між всіма

сортами більше 0. Це дає змогу диференціювати сорти один від одного при визначенні генетичної чистоти, оцінити їх генетичну віддаленість при плануванні схрещувань та веденні селекційного процесу, реєстрації сортів.

Висновки. У представленому дослідженні наведено результати з визначення генетичного різноманіття дев'яти SSR-локусів, запропонованих в стандарті NY/T 2595-2014, в дев'яти сортах сої, які походять із різних країн. Виявлено, що загальний рівень поліморфізму, оцінений за індексом генетичного різноманіття Nei, становить $0,57 \pm 0,04$. Показано значну роздільну здатність SSR-локусів в сортах сої. За вивченими

SSR-локусами не виявлено ідентичних сортів, значення генетичних відстаней між усіма сортами були вище 0. Найбільш генетично спорідненими виявилися українські сорти Райдуга та Господиня, найбільш віддаленими – сорти Юнка (Канада) і Ультра (США), Райдуга (Україна) і Юнка (Канада), Господиня (Україна) і Командор (Франція).

Оцінено дивергенцію сортів сої за поліморфізмом SSR-локусів методом приєднання найближчих сусідів. Встановлено, що українські сорти Райдуга та Господиня є

більш генетично віддаленими від усіх інших вивчених сортів сої. Європейські та північно-американські сорти сої об'єднувалися в 2 групи без закономірностей згідно з географічним походженням. Отримані результати можна ефективно використовувати для ідентифікації сортів сої, захисту авторських прав, визначення ефективності штучної гібридизації, генетичної чистоти, а також при складанні схем гібридизації з урахуванням віддалених еколого-географічних комбінацій.

Використана література

1. El-Kholy A. S. (2013). Evaluation of Genetic Variation among Soybean (*Glycine max* L.) Cultivars using SDS-PAGE and RAPD Markers. *Egypt. J. Bot* : 3rd intern. conf. (pp. 33–48). April 17–18, 2013.
2. Rayan W. A., and Osman S. A. Phylogenetic relationships of some Egyptian soybean cultivars (*Glycine max* L.) using SCoT marker and protein pattern. *Bulletin of the National Research Centre*. 2019. Vol. 43 (161). P. 1–10.
3. Hudcovicova M., Kraic J. Utilisation of SSRs for Characterisation of the Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.). *Genetic Resources Czech J. Genet. Plant Breed*. 2003. Vol. 39, (4). P. 120–126.
4. Meesang, N., Ranamukhaarachchi, S. L., Petersen, M. J., Andersen, S. B. Soybean cultivar identification and genetic purity analysis using microsatellite DNA markers. *Seed Science and Technology*. 2001. Vol. 29 (3). P. 637–645.
5. Присяжнюк Л. М., Мельник С. І., Шитікова Ю. В., Сігалова І. О., Іваницька А. П. Використання SSR-маркерів для диференціації нових сортів сої (*Glycine max* (L.) Merr.). *Plant Varieties Studying and Protection*. Том 13. № 3. 2017. С. 269–276. doi.org/10.21498/2518-1017.13.3.2017.110709.
6. Tantasawat P., Trongchuen J., Prajongjai T., Jenweerawat S., Chaowiset W. SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety identification in Thailand. *AJCS*. 2011. Vol. 5 (3). P. 283–290.
7. Шерепітко Д. В., Злацька А. В. Дослідження поліморфізму сортів сої (*Glycine max* (L.) Merril), придатних до поширення в Україні, за SSR-маркерами зчепленими з локусом Rsv4, що зумовлює стійкість до вірусу мозаїки сої. *Фактори експериментальної еволюції організмів*. Том 6. 2009. С. 195–199.
8. Жарікова Д. О. Поліморфізм за локусами, асоційованими з генами E, в українських сортах та лініях сої (*Glycine max* (L.) Merr.) : дис. ... канд. біол. наук : 03.00.22. Київ, 2021. 230 с.
9. Choi I. Y., Hyten D. L., Matukumalli L. K., Song Q., Chaky J. M., Quigley C. V., Chase K., Lark K. G., Reiter R. S., Yoon M. S., Hwang E. Y., Yi S. I., Young N. D., Shoemaker R. C., Van Tassel C. P., Specht J. E., Cregan P. B. A soybean transcript map: Gene distribution, haplotype and singlenucleotide polymorphism analysis. *Genetics*. 2007. Vol. 176. P. 685–696.10. NY/T 2595-2014. Identification of soybean varieties. SSR marker method. Chinese standard. 15 p.
11. ДСТУ 2240-93. Насіння сільськогосподарських культур. Сортові та посівні якості. Технічні умови. [Чинний від 1994-07-01]. Вид. офіц. Київ : Держстандарт України, 1994. 73 с.
12. Brody J. R. Sodium boric acid: a Tris-free, cooler conductive medium for DNA electrophoresis. *BioTechniques*. 2004. Vol. 36. P. 214–216.
13. Соя (*Glycine max* (L.) Merr.): монографія / В. В. Кириченко та ін. Харків, 2016.

References

1. El-Kholy A. S. (2013). Evaluation of Genetic Variation among Soybean (*Glycine max* L.) Cultivars using SDS-PAGE and RAPD Markers (2013). *Egypt. J. Bot* : 3rd intern. conf. (pp. 33–48). April 17–18, 2013.
2. Rayan, W. A., & Osman, S. A. (2019). Phylogenetic relationships of some Egyptian soybean cultivars (*Glycine max* L.) using SCoT marker and protein pattern. *Bulletin of the National Research Centre*, 43 (1). doi: 10.1186/s42269-019-0197-4
3. Hudcovicová, M., & Kraic, J. (2003). Utilisation of SSRs for Characterisation of the Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) Genetic Resources. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 39 (4). 120–126.
4. Meesang, N., Ranamukhaarachchi, S. L., Petersen, M. J., Andersen, S. B. (2001) Soybean cultivar identification and genetic purity analysis using microsatellite DNA markers. *Seed Science and Technology*. 29 (3), 637–645.
5. Prisyazhniuk L. M., Melnyk S. I., Shytikova Yu. V., Sihalova I. O., Ivanytska A. P. (2017). Use of SSR markers for differentiation of new soybean varieties (*Glycine max* (L.) Merr.). *Sortovyvchennia ta okhorna prav na sorty roslyn* [Plant Varieties Studying and Protection], 13 (3). 269–276. doi:10.21498/2518-1017.13.3.2017.110709. [in Ukrainian]
6. Tantasawat P., Trongchuen J., Prajongjai T., Jenweerawat S., Chaowiset W. (2011) SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety identification in Thailand. *AJCS*. 5 (3), 283–290.

7. Sherepitko D. V., Zlatska A. V. (2009). Study of polymorphism of soybean varieties (*Glycine max* (L.) Merrill) suitable for distribution in Ukraine by SSR markers linked to the Rsv4 locus, which causes resistance to soybean mosaic virus. *Fakty eksperymentalnoi evoliutsii orhanizmiv* [Factors of experimental evolution of organisms], 6. 195–199. [in Ukrainian]
8. Zharikova D. O. (2021). Polimorfizm za lokusamy, asotsiovanyymi z henamy E, v ukrainskykh sortakh ta liniakh soi (*Glycine max*. (L.) Merr.). [Polymorphism at loci associated with E genes in Ukrainian varieties and lines of soybean (*Glycine max*. (L.) Merr.)] (Cand. Biol. Sci. Diss.) Instytut kharchovoi biotekhnolohii ta henomiky NAN Ukrainy. Kyiv, Ukraina. [in Ukrainian]
9. Choi, I.-Y., Hyten, D. L., Matukumalli, L. K., Song, Q., Chaky, J. M., Quigley, C. V., Chase, K., Lark, K. G., Reiter, R. S., Yoon, M.-S., Hwang, E.-Y., Yi, S.-I., Young, N. D., Shoemaker, R. C., van Tassell, C. P., Specht, J. E., & Cregan, P. B. (2007). A Soybean Transcript Map: Gene Distribution, Haplotype and Single-Nucleotide Polymorphism Analysis. *Genetics*, 176 (1), 685–696. doi:10.1534/genetics.107.070821
10. NY/T 2595-2014. Identification of soybean varieties. SSR marker method. Chinese standard. 15 p.
11. DSTU 2240–93. Seeds of agricultural crops. Varietal and sowing qualities. Technical conditions: [Valid from 1994-07-01] (1994). Kyiv: State Standard of Ukraine. 73 p. [in Ukrainian]
12. Brody, J. R., & Kern, S. E. (2004). Sodium boric acid: a Tris-free, cooler conductive medium for DNA electrophoresis. *BioTechniques*, 36 (2). 214–216. doi: 10.2144/04362bm02
13. Kyrychenko V. V., Riabukha S. S., Kobyzieva L. N., Posylaieva O. O., Chernyshenko P. V. (2016). Soia (*Glycine max* (L.) Merr.) [Soybean (*Glycine max* (L.) Merr.)]. Kharkiv: FOP Tsuvareva N. M. [in Ukrainian]

UDC 635.655:631.527:575

Chernyshenko P. V.¹, Chernyshenko H. Ye.², SkobliaYe. V.³ SSR loci polymorphism in soybean varieties originating with different country origins. *Grain Crops*. 2024. 8 (1). 40–46.

¹Yuriev Plant Production Institute of NAAS of Ukraine, 142 Heroiv Kharkov Ave, Kharkiv, 61060, Ukraine

²Testing laboratory of AGROGEN NOVO LLC, 2-V Shyshkivska St., Kharkiv, 61070, Ukraine

³Kharkiv Lyceum No. 170 of the Kharkiv City Council, 11/13 Gastello St., Kharkiv, 61013, Ukraine

Topicality. Microsatellite DNA sequences are widely used to identify the genotypes of living organisms. In 2014, the Chinese standard ‘NY/T 2595-2014. Identification of soybean varieties. SSR marker method’ on the identification of soybean varieties by polymorphism of 36 SSR loci was approved. In Ukraine, there are no approved regulatory documents on the identification of crops using DNA markers, including soybeans. Therefore, the study of the level of diversity and differentiation capacity of SSR markers proposed in the standard NY/T 2595-2014 in soybean varieties common in Ukraine is of interest. **Purpose.** Study of polymorphism of nine SSR loci in nine soybean varieties and divergence between soybean varieties bred in different countries. **Materials and Methods.** Nine soybean varieties were used in the work. The variability of nine microsatellite loci specified in the standard NY/T 2595-2014 as the most polymorphic in soybean varieties was evaluated. Polymorphism of SSR loci was studied using polymerase chain reaction with detection of results in agarose gel. The level of polymorphism in soybean varieties was assessed using the Nei genetic diversity index. The classification of soybean varieties was carried out by the nearest neighbor joining method in the PHYLIP program. **Results.** It was found that the total level of polymorphism of the studied SSR loci in nine soybean varieties, estimated by the Nei index, was 0.57 ± 0.04 . According to the studied SSR loci, no identical varieties were found; the values of genetic distances between all varieties were above 0. The Ukrainian varieties Raiduha and Hospodynna were the most genetically related, and the most distant were pairs of varieties Yunka (Canada) and Ultra (USA), Raiduha (Ukraine) and Yunka (Canada), Hospodynna (Ukraine) and Commandor (France). It was established that the Ukrainian varieties of Raiduha and Hospodynna are more genetically distant from all other soybean varieties studied. European and North American soybean varieties were divided into 2 groups. No grouping of varieties according to geographical origin was found. **Conclusions.** A significant resolution of SSR loci in the investigated soybean varieties was shown. The obtained results can be effectively used to identify soybean varieties, determine the efficiency of artificial hybridization, determine genetic purity, as well as in drawing up hybridization schemes taking into account remote ecological and geographical combinations.

Key words: DNA markers, microsatellite loci, molecular genetic diversity, genetic distances, divergence