

М.Д. БЕЗУГЛИЙ¹, Ю.М. СИВОЛАП²,
О.В. ГАЛАЄВ², В.В. ДУДЧЕНКО³, Р.А. ВОЖЕГОВА³

¹Українська академія аграрних наук, Київ
E-mail: bezugly-m@ukr.net

²Південний біотехнологічний центр в рослинництві НААН України, Одеса
E-mail: genome2006@mail.ru

³Інститут рису НААН України, с. Антоновка
E-mail: rice@askad.net

ДНК-ІДЕНТИФІКАЦІЯ СОРТІВ РИСУ (*ORYZA SATIVA* L.) УКРАЇНСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ



За допомогою аналізу 25 SSR маркерів проведено оцінку генетичного різноманіття, диференціацію та ідентифікацію 11 сортів рису селекції Інституту рису УААН. Створено генетичні формули досліджених сортів за алейним складом 12 поліморфних мікросателітних локусів. UPGMA-кластерний аналіз із використанням генетичних дистанцій дозволив диференціювати сорти рису і показав, що українські сорти рису близькі між собою в генетичному відношенні. В цілому використання SSR маркерів виявилось ефективним інструментом для оцінки генетичного різноманіття та генотипування сортів рису української селекції.

© М.Д. БЕЗУГЛИЙ, Ю.М. СИВОЛАП, О.В. ГАЛАЄВ,
В.В. ДУДЧЕНКО, Р.А. ВОЖЕГОВА, 2011

Вступ. Рис є однією з найбільш поширених сільськогосподарських рослин. Його вирощують у понад 100 країнах світу на площах близько 150 млн га, а виробництво сягає 500 млн т на рік. Рис по праву вважається однією з найважливіших культур нашої планети і продуктом харчування значної частини населення Землі. В нашій країні рис не є провідною культурою, в той же час очевидна необхідність збільшення валових зборів зерна і важливість генетико-селекційних досліджень для рослинництва України [1].

У порівнянні з іншими видами сільськогосподарських культур генетичне різноманіття зародкової плазми рису в світі досить велике. Три підвиди (*indica*, *japonica* та *javanica*) складають великий резервуар зародкової плазми рису [2, 3]. Незважаючи на багатство генетичних ресурсів, лише мала частина світової зародкової плазми колекції рису використана в селекційних програмах. Як наслідок, спостерігається висока генетична подібність комерційних сортів рису в усьому світі. З літературних джерел відомо, що, незважаючи на існування генетичної різноманітності в зародковій плазмі рису різних країн, загальною особливістю є тісний генетичний зв'язок між сортами [4–6].

Знання про розмір генетичної мінливості та генетичні взаємовідносини між сортами мають важливе значення для розробки ефективної програми селекції та захисту авторських прав. Недостатня розпізнавальна здатність традиційних морфологічних та біохімічних методів диференціації та ідентифікації сортів рису посівного (*Oryza sativa* L.) потребує використання сучасних методів на основі ДНК-технологій, а саме ДНК-профілювання [7]. Розроблено системи ДНК-маркерів, що дозволяють диференціювати генотипи різних видів рослин, зокрема рису. Одними з найбільш інформативних і технологічних є мікросателітні маркери, або SSR. Послідовності гіперваріабельних мікросателітів розподілені по всьому геному, і завдяки їх аналізу можна здійснювати диференціювання та ідентифікацію навіть генетично близьких сортів культурних рослин, в тому числі і рису [8, 9]. Система ідентифікації та паспортизації сортів сільськогосподарських рослин представляє сорт у вигляді формули, що відбиває алейний стан добраних локусів [10].

Таблиця 1

Родовід сортів рису	
Сорт	Походження
Україна-96	(ВНДІР-7736 × КП-6) × (Ам × Прикубанський)
Онтаріо	(Аіст × Оріон) × Прикубанський
Пам'яті Гічкі-на	(Прикубанський × Соляріс) × Мутант-428
Віконт	УкрНДС 8382 × Лиман
Агат	УкрНДС-2151 × (Ам × Прикубанський)
Престиж	[(Піонер × Дубровський-129) × ВНДІР-137] × Спальчик
Дебют	(Ам × Прикубанський) × УкрНДС-2151
Серпневий	Ам × БКМ
Янтарний	[(Сатурн × ВНДІР-6082) × ВНДІР-621] × (ІТ2-12/1973 × ВНДІР-1160)
Преміум	[(Піонер × Дубровський-129) × ВНДІР-137] × Спальчик
Антей	(Д-262 × Слов'янець) × Прикубанський

Мета роботи полягала у оцінці генетичного різноманіття 11 українських сортів рису за допомогою ПЛР з 25 парами праймерів до мікросателітних локусів для їх диференціації та ідентифікації.

Матеріали і методи. Об'єктом дослідження слугували 11 оригінальних сортів рису (*Oryza sativa* L.), надані Інститутом рису НААНУ (табл. 1).

ДНК виділяли з етильованих проростків за допомогою ЦТАБ-методу згідно з протоколом [7]. Праймери для SSR аналізу, що характеризуються високою роздільною здатністю наведено в табл. 2.

Ампліфікацію проводили на приборі «Терцик» («ДНК-технологія», Росія). Склад реакційної суміші: 50 мМ КСІ, 20 мМ тріс-НСІ (рН 8,4 за умов 25 °С), 0,01 % Tween-20, 2 мМ MgCl₂, 0,25 мкМ кожного праймера, 0,2 мМ кожного dNTP, 100–150 нг ДНК, 1 од. Таq-полімерази. У кожну пробірку нашаровували по 30 мкл мінеральної олії. Умови ампліфікації:

Таблиця 2

Список праймерів для аналізу мікросателітних локусів рису

SSR-локус	Хромосома	Послідовність (5'-3')		Температура відпалювання, °С
		Прямий праймер	Зворотний праймер	
RM1	1	gcgaaacacaatgcacaaaa	gcgttggtggacctgac	55
OSR13	3	catttgctcgtcacggagta	agccacagcgcccatctctc	53
RM19	12	caaaaacagagcagatgac	ctcaagatggacccaaga	55
RM20	—	atcttgctcctgcaggcat	gaaacagaggcacatttcattg	63
RM21	—	acgtattccgtaggcacgg	gctccatgaggggtgtagag	61
RM105	9	gtcgtcgaccatcggagccac	tggtcgaggtggggtcgggtc	63
RM125	7	atcagcagccatggcagcgacc	aggggatcatgtgccgaaggcc	63
RM133	6	ttgattgtttgctggctcgc	ggaacacggggtcggaaagcgc	63
RM154	2	accctctcgcctcgcctcctc	ctcctcctcctgcaccgctcc	61
RM161	5	tgcagatgagaagcggcgcctc	tgtgtcatcagacggcgtcctcg	61
RM222	—	cttaaatggccacatgcg	caaagcttcggccaagaag	55
RM259	—	tggagttgagaggagg	cttgtgcatggtgccatgt	61
RM283	1	gtctacatgtacccttgtggg	cgccatgagagtctgtgatg	61
RM307	4	gtactaccgacctaccgttac	ctgctatgcatgaactgctc	55
RM316	9	ctagtgggcatacagatggc	acgcttatatgttacgtcaac	55
RM338	3	cacaggagcaggagaagagc	ggcaaacaccgactactcagtc	55
RM408	8	caacgagctaacttcctgccc	actgctacttgggtagctgacc	55
RM452	2	ctgatcgagagcgttaaggg	gggatcaaacaccagtttctg	61
RM455	7	aacaaccaccacctgtctc	agaaggaaaagggtcctgatc	57
RM474	10	aagatgtacgggtggcattc	tatgagctggtgagcaatgg	55
RM489	3	acttgagacgatcggacacc	tcaccatggatgtgtcag	55
RM495	1	aatccaaggtgcagagatgg	caacgatgacgaacacacc	55
RM507	5	cttaagctccagccgaaatg	ctaccctcatcatcgcc	55
RM510	6	aaccggattagttctcgcc	tgaggacgacgagcagattc	57
RM552	11	cgagttgtgatttcagtg	tgctcaacgttgactgtcc	55

початкова денатурація – 94 °C 2 хв, 35 циклів за наступних режимів: відпалювання 53 °C (55, 57, 61 °C в залежності від праймера) 30 с, елонгація 72 °C 1 хв, денатурація 92 °C 30 с, заключна елонгація – 4 хв при 72 °C. Електрофорез продуктів ампліфікації проводили в денатуруючому 10%-ному поліакриламідному гелі у 1×TBE буферній системі при постійній напрузі 500 В протягом 2–3 год в апараті для вертикального гель-електрофорезу «Hoefer Scientific Instruments» (США). Гелі фарбували азотнокислим сріблом. Документували отримані електрофореграми за допомогою відеосистеми «Image Master VDS» («AmershamPharmaciaBiotech», США). Розмір фрагментів ДНК визначали за допомогою комп'ютерної програми «Image Master 1 D Elite» відносно ДНК маркера (ДНК

фрагментів, отриманих завдяки обробці ДНК плазмиди pUC19 рестриктазою MspI).

Різноманітність алелів SSR локусів оцінювали за допомогою індексу поліморфності – PIC (Polimorphic Index Content) за формулою

$$PIC = H_i = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2,$$

де P_{ij} – частота j алеля для маркера i , n – загальна кількість алелів [12].

Генетичні дистанції за даними електрофоретичного розподілу продуктів ампліфікації встановлювали за допомогою комп'ютерної програми «TREES» [13] з використанням алгоритму Нея і Лі [14]. Кластерний аналіз генетичних дистанцій здійснювали незваженим парно-груповим методом з арифметичним усередненням – UPGMA.

Таблиця 3

Алельний склад генотипів 11 сортів рису за 25 мікросателітними локусами

Маркер	Кількість алелів	PIC, H	Пам'яті Гч-кіна	Преміум	Дебют	Віконг	Янтарний	Агат	Антей	Онтаріо	Серпневий	Престиж	Україна-96
RM1*	3	0,625	97	91	97	94	97	97	94	97	91	91	91
OSR13	1	0	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
RM19	1	0	213	213	213	213	213	213	213	213	213	213	213
RM125	1	0	114	114	114	114	114	114	114	114	114	114	114
RM133	1	0	233	233	233	233	233	233	233	233	233	233	233
RM154	1	0	184	184	184	184	184	184	184	184	184	184	184
RM307*	3	0,455	133	130	133	130	133	133, 135	133	133	133	130	130
RM316*	2	0,166	198	198	198	198	202	198	198	198	198	198	198
RM408	1	0	128	128	128	128	128	128	128	128	128	128	128
RM452	1	0	212	212	212	212	212	212	212	212	212	212	212
RM474*	2	0,397	253	253	250	250	253	253	250	253	253	253	253
RM489	1	0	269	269	269	269	269	269	269	269	269	269	269
RM495	1	0	160	160	160	160	160	160	160	160	160	160	160
RM507	1	0	257	257	257	257	257	257	257	257	257	257	257
RM552*	5	0,547	215	215	222	208, 215	222	231	215, 270	215	222	222	215
RM20*	2	0,497	204	204	201	201	204	204	201	201	204	201	201
RM21*	2	0,199	143	143, 130	143	143, 130	143	143	143	130	143	130	143
RM105	1	0	111	111	111	111	111	111	111	111	111	111	111
RM161*	3	0,563	172	172	170	172	176	176	172	172	172	176	176
RM222*	3	0,315	184	184	184	null	187	184	184	184	184	184	184
RM259*	2	0,497	159	159	164	159	164	164	159	164	159	164	159
RM283*	2	0,463	155	157	155	155	157	155	155	155	157	155	157
RM338	1	0	184	184	184	184	184	184	184	184	184	184	184
RM455	1	0	132	132	132	132	132	132	132	132	132	132	132
RM510*	2	0,298	119	121	121	121	121	119	121	121	121	121	121

* Маркери, за якими виявлено поліморфізм.

Результати досліджень та їх обговорення. ПЛР-аналіз мікросателітних локусів. Рівень генетичної варіабельності сортів рису тестували шляхом аналізу 50 індивідуальних рослин кожного сорту за двома мікросателітними локуса-

ми – RM495 та RM552. Оскільки матеріал виявився гетерогенним за локусом RM552, в подальшому для аналізу кожного сорту використовували суміш ДНК з п'яти паростків. В 11 проаналізованих українських сортів рису з 25 SSR локусів лише 12 (48 %) виявилися поліморфними. В цілому ідентифіковано 44 алеля (табл. 3). Середня кількість алелів на локус становила 1,76 (від 1 до 5). Аналіз тільки поліморфних локусів дозволив виявити в загальній кількості 31 алель, при цьому середня кількість алелів зростає до 2,58, варіюючи в діапазоні від 2 до 5 (табл. 3). Це значення є досить низьким порівнянно із значенням, що було отримано у дослідженні світової колекції рису (діапазон варіювання кількості алелів на локус дорівнював 2–11, склавши в середньому 6,3) [15, 16], але збігається з даними, що отримані при дослідженні невеликих виборок сортів [17–19].

Індекс поліморфності, що характеризує генетичну різноманітність, варіював від 0 до 0,625 і склав в середньому 0,201. Це значення виявилось майже втричі менше, ніж отримане за умов аналізу сортів рису світової колекції ($H = 0,68$) [16].

3 44 алелів 8 виявилися сортоспецифічними, по два для сортів Агат, Янтарний і Віконт та по одному для сортів Антей і Дебют. Для складання молекулярно-генетичних паспортів генотипів рису враховано 12 мікросателітних локусів, в яких виявлено поліморфізм. За їх алельним станом створено генетичні формули для 11 досліджених сортів рису (табл. 4).

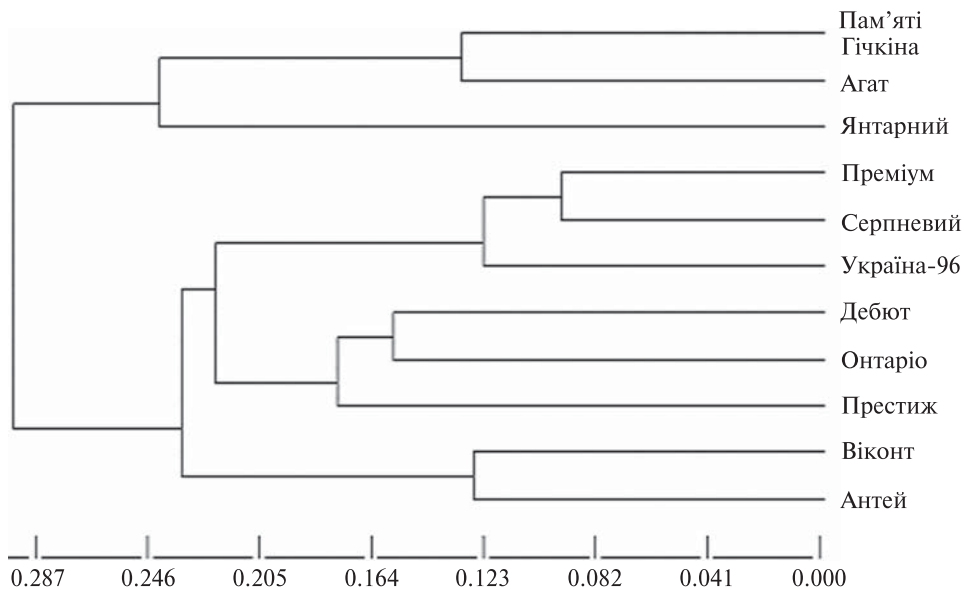
Таблиця 4
Генетичні формули сортів рису селекції Інституту рису УААН

Сорт	Генетична формула
Україна-96	A ₉₁ B ₂₀₁ C ₁₄₃ D ₁₇₆ E ₁₈₄ F ₁₅₉ G ₁₅₇ H ₁₃₀ I ₁₉₈ J ₂₅₃ K ₁₂₁ L ₂₁₅
Онтаріо	A ₉₇ B ₂₀₁ C ₁₃₀ D ₁₇₂ E ₁₈₄ F ₁₆₄ G ₁₅₅ H ₁₃₃ I ₁₉₈ J ₂₅₃ K ₁₂₁ L ₂₁₅
Пам'яті Гічкіна	A ₉₇ B ₂₀₄ C ₁₄₃ D ₁₇₂ E ₁₈₄ F ₁₅₉ G ₁₅₅ H ₁₃₃ I ₁₉₈ J ₂₅₃ K ₁₁₉ L ₂₁₅
Віконт	A ₉₄ B ₂₀₁ C _{143,130} D ₁₇₂ E _{null,null} F ₁₅₉ G ₁₅₅ H ₁₃₀ I ₁₉₈ J ₂₅₀ K ₁₂₁ L _{208,215}
Агат	A ₉₇ B ₂₀₄ C ₁₄₃ D ₁₇₆ E ₁₈₄ F ₁₆₄ G ₁₅₅ H _{133,135} I ₁₉₈ J ₂₅₃ K ₁₁₉ L ₂₃₁
Престиж	A ₉₁ B ₂₀₁ C ₁₃₀ D ₁₇₆ E ₁₈₄ F ₁₆₄ G ₁₅₅ H ₁₃₀ I ₁₉₈ J ₂₅₃ K ₁₂₁ L ₂₂₂
Дебют	A ₉₇ B ₂₀₁ C ₁₄₃ D ₁₇₀ E ₁₈₄ F ₁₆₄ G ₁₅₅ H ₁₃₃ I ₁₉₈ J ₂₅₀ K ₁₂₁ L ₂₂₂
Серпневий	A ₉₁ B ₂₀₄ C ₁₄₃ D ₁₇₂ E ₁₈₄ F ₁₅₉ G ₁₅₇ H ₁₃₃ I ₁₉₈ J ₂₅₃ K ₁₂₁ L ₂₂₂
Янтарний	A ₉₇ B ₂₀₄ C ₁₄₃ D ₁₇₆ E ₁₈₇ F ₁₆₄ G ₁₅₇ H ₁₃₃ I ₂₀₂ J ₂₅₃ K ₁₂₁ L ₂₂₂
Преміум	A ₉₁ B ₂₀₄ C _{143,130} D ₁₇₂ E ₁₈₄ F ₁₅₉ G ₁₅₇ H ₁₃₀ I ₁₉₈ J ₂₅₃ K ₁₂₁ L ₂₁₅
Антей	A ₉₄ B ₂₀₁ C ₁₄₃ D ₁₇₂ E ₁₈₄ F ₁₅₉ G ₁₅₅ H ₁₃₃ I ₁₉₈ J ₂₅₀ K ₁₂₁ L _{215,270}

Таблиця 5

Генетичні дистанції між 11 сортами рису

Сорта рису	Преміум	Дебют	Віконт	Янтарний	Агат	Антей	Онтаріо	Серпневий	Престиж	Україна-96
Пам'яті Гічкіна	0,176	0,240	0,269	0,280	0,137	0,176	0,160	0,160	0,320	0,240
Преміум		0,333	0,208	0,294	0,308	0,231	0,216	0,098	0,216	0,098
Дебют			0,269	0,240	0,216	0,176	0,160	0,240	0,200	0,280
Віконт				0,423	0,396	0,132	0,231	0,308	0,269	0,231
Янтарний					0,216	0,373	0,280	0,200	0,280	0,280
Агат						0,308	0,216	0,255	0,255	0,294
Антей							0,176	0,216	0,294	0,216
Онтаріо								0,240	0,160	0,240
Серпневий									0,240	0,160
Престиж										0,160



Дендрограма, що відбиває генетичні взаємовідносини сортів рису і побудована за допомогою UPGMA-аналізу з використанням генетичної дистанції Нея і Лі [14]

Генетичні відносини між сортами рису. На підставі частот алелів досліджених SSR локусів розраховано генетичні дистанції Nei, Li [14]. Вони варіювали в межах від 0,16 до 0,42, склавши в середньому 0,22 (табл. 5). Отримані дані свідчать про високу ступінь спорідненості та низьку генетичну диференціацію досліджених сортів. В цілому вони узгоджуються з результатами генетичного аналізу латиноамериканських [6, 20], японських [18] та корейських [21] сортів рису з використанням SSR маркерів. На підставі значень генетичних дистанцій за допомогою UPGMA-аналізу було проведено класифікацію сортів. Як видно з рисунка, сорти рису української селекції розділилися на дві основні групи. Перша група включає сорти Пам'яті Гічкаїна, Агат, Янтарний, а друга група – решту досліджених сортів.

Висновки. За допомогою аналізу 25 SSR маркерів проведено оцінку генетичного різноманіття, диференціацію та ідентифікацію 11 сортів рису селекції Інституту рису УААН. Створено генетичні формули досліджених сортів за алельним складом 12 поліморфних мікросателітних локусів. Проведений кластерний аналіз з використанням генетичних дистанцій дозволив розділити 11 сортів на дві групи і показав, що досліджені сорти тісно

зв'язані між собою. Незважаючи на те, що генетична диференціація сортів була низькою, використання SSR маркерів виявилось ефективним інструментом для оцінки генетичного різноманіття та генотипування сортів рису української селекції.

*M.D. Bezugliy, Yu.M. Sivolap,
A.V. Galaev, V.V. Dudchenko, R.A. Vozhegova*
DNA-IDENTIFICATION OF RICE VARIETIES
(*ORYZA SATIVA* L.) OF UKRAINIAN BREEDING

Genetic diversity of 11 rice varieties of the Institute of rice UAAS was assessed using a set of 25 SSR loci. Based on analyses of 12 polymorphic microsatellite loci the procedures for composing genetic formulas of varieties and their identification have been elaborated. UPGMA-cluster-analysis based on genetic distance coefficients clearly separated all the varieties into two groups, and showed that the Ukrainian rice varieties are closely related. Although the genetic diversity was low, SSRs proved to be an efficient tool in assessing the genetic diversity of rice genotypes.

*М.Д. Безуглий, Ю.М. Сиволап,
А.В. Галаев, В.В. Дудченко, Р.А. Вожегова*
ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИЯ СОРТОВ РИСА
(*ORYZA SATIVA* L.) УКРАИНСКОЙ СЕЛЕКЦИИ

С помощью 25 SSR локусов проведена оценка генетического разнообразия, дифференциация и идентификация 11 сортов риса Института риса НААН

України. Созданы генетические формулы сортов согласно аллельному составу 12 полиморфных микросателлитных локусов. UPGMA-кластерный анализ, основанный на генетических дистанциях, позволил дифференцировать сорта риса и показал генетическое подобие украинских сортов. В целом SSR-анализ оказался эффективным инструментом для оценки генетического разнообразия и генотипирования сортов риса украинской селекции.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

1. <http://rice.in.ua>
2. Lu H., Redus M.A., Coburn J.R., Rutger J.N., McCouch S.R., Tai T.H. Population structure and breeding patterns of 145 US rice cultivars based on SSR marker analysis // Crop Sci. — 2005. — **45**, № 1. — P. 66–76.
3. Garris A.J., Tai T.H., Coburn J.R., Kresovich S., McCouch S.R. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. // Genetics. — 2005. — **169**, № 3. — P. 1631–1638.
4. Cuevas-Perez F.E., Guimaraes E.P., Berrío L.E., Gonzales D.I. Genetic base of the irrigated rice in Latin America and the Caribbean // Crop Sci. — 1992. — **32**, № 4. — P. 1054–1059.
5. Guimaraes E.P., Borrero J., Ospina-Rey Y. Genetic diversity of upland rice germplasm distributed in Latin America // Pesquisa Agr. Brasil. — 1995. — **31**, № 3. — P. 187–194.
6. Fuentes J.L., Escobar F., Alvarez A., Gallago G., Duque M.C., Ferrer M., Deus J.E., Tohme J. Analyses of genetic diversity in Cuban rice varieties using isozyme, RAPD and AFLP markers // Euphytica. — 1999. — **109**, № 2. — P. 107–115.
7. Использование ПЦР-анализа в генетико-селекционных исследованиях: Науч.-метод. руководство / Под ред. Ю.М. Сиволапа. — К.: Аграр. наука, 1998. — 156 с.
8. Xu Y., Beachell H., McCouch S.R. A marker-based approach to broadening the genetic base of rice in USA // Crop Sci. — 2004. — **44**. — P. 1947–1959.
9. Jeung J.U., Hwang H.G., Moon H.P., Jena K.K. Fingerprinting temperate *japonica* and tropical *indica* rice genotypes by comparative analysis of DNA markers // Euphytica. — 2005. — **146**, № 3. — P. 239–251.
10. Сиволап Ю.М., Чеботар С.В., Волкодав В.В. Дифференціація і ідентифікація сортів м'якої пшениці (*Triticum aestivum* L.) за допомогою SSR-аналізу: Науч.-метод. керівництво. — Одеса, 2004. — 9 с.
11. <http://www.gramene.org/markers>
12. Nei M. Molecular evolutionary genetics. — New York: Columbia Univ. Press, 1987. — 512 p. ISBN 0231063210.
13. Календарь Р.Н. Компьютерная программа для построения эволюционных деревьев на основе электрофореграмм ДНК и белков // Молекулярно-генетические маркеры и селекция растений: Материалы конф. (10–13 мая 1994 г.). — К., 1994. — С. 25–26.
14. Nei M., Li W.-H. Mathematical model for studying genetics variation in terms of restriction endonucleases // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. — 1979. — **76**. — P. 5269–5273.
15. Olufofowote J.O., Xu Y., Chen X., Goto M., McCouch S.R., Park W.D., Beachell H.M., Dilday R.H. Comparative evaluation of within-cultivar variation of rice (*Oryza sativa* L.) using microsatellite and RFLP markers // Genome. — 1997. — **40**, № 3. — P. 370–378.
16. Yu S.B., Xu W.J., Vijayakumar C.H.M., Ali J., Fu B.Y., Xu J.L., Jiang Y.Z., Marghirang R., Domingo J., Aquino C., Virmani S.S., Li Z.K. Molecular diversity and multilocus organization of the parental lines used in the International Rice Molecular Breeding Program // Theor. and Appl. Genet. — 2003. — **108**, № 1. — P. 131–140.
17. Cho Y.G., Ishii T., Temnykh S.V., Chen X., Lipovich L., McCouch S.R., Park W.D., Ayres N., Cartinhour S. Diversity of microsatellites derived from genomic libraries and GenBank sequences in rice (*Oryza sativa* L.) // Theor. and Appl. Genet. — 2000. — **100**, № 5. — P. 713–722.
18. Hashimoto Z., Mori N., Kawamura M., Ishii T., Yoshida S., Ikegami M., Takumi S., Nakamura C. Genetic diversity and phylogeny of Japanese sake-brewing rice as revealed by AFLP and nuclear and chloroplast SSR markers // Theor. and Appl. Genet. — 2004. — **109**, № 8. — P. 1586–1596.
19. Siwach P., Jain S., Saini N., Chowdhury V.K., Jain R.K. Allelic diversity among Basmati and non-Basmati long-grain indica rice varieties using microsatellite markers // J. Plant Biochem. and Biotechnol. — 2004. — **13**. — P. 25–32.
20. Ghneim-Herrera T., Duque D.P., Almeida I.P., Núñez G.T., Pieters A.J., Martinez C.P., Tohme J.M. Assessment of genetic diversity in Venezuelan rice cultivars using simple sequence repeats markers // Electron. J. Biotechnol. — 2008. — **11**, № 5. — <http://www.ejbiotechnology.info/content/vol11/issue5/full/6/index.html#>.
21. Song M.T., Lee J.H., Cho Y.S., Jeon Y.H., Lee S.B., Ku J.H., Choi S.H., Hwang H.G. Narrow genetic background of Korean rice germplasm as revealed by DNA fingerprinting with SSR markers and their pedigree information // Korean J. Genet. — 2002. — **24**. — P. 397–403.

Надійшла 23.09.09