

УДК 577.21:634.21(479.24)

## ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ГЕНОТИПОВ АБРИКОСА (*PRUNUS ARMENIACA* L.) АЗЕРБАЙДЖАНА С ПОМОЩЬЮ SSR МАРКЕРОВ

Ракида А.М.

*Институт генетических ресурсов Национальной академии наук Азербайджана, Баку, e-mail: aminkarakida@mail.ru*

Абрикос (*Prunus armeniaca* L.) широко разводится в Азербайджане как важная плодовая культура и включает богатое разнообразие сортов. Изучено генетическое разнообразие зародышевой плазмы азербайджанских сортов абрикоса с применением 7 SSR маркеров. В целом было синтезировано 59 аллелей и среднее число аллелей на локус составило 8,5. Для отобранных локусов значение PIC находилось в пределах 0,54–0,8 и в среднем составило 0,68, что свидетельствует о высоком уровне информативности большинства использованных SSR маркеров. Показатели наблюдаемой ( $H_o$ ) и ожидаемой ( $H_e$ ) гетерозиготности варьировали в диапазоне 0,35–1 (в среднем 0,82) и 0,61–0,82 (в среднем 0,72) соответственно. Общее число уникальных аллелей, выявленных для некоторых локусов, составило 12. Максимальное число уникальных аллелей было обнаружено у праймеров pchgms2 и UDAp-404. Были идентифицированы генотипы, несущие уникальные аллели по микросателлитным локусам. Праймеры ssrPaCITA4, aprigms18, UDAp-404 и ssrPaCITA19 выделялись высокими показателями гетерозиготности и наибольшим показателем значения PIC, что указывает на их информативность. В результате кластерного анализа был выявлен высокий уровень генетических различий в изученной коллекции. Сорта объединились в 7 основных групп, и расстояние между ними варьировало от 0 до 1. Установлено богатое генетическое разнообразие изученной коллекции абрикоса, собранной из различных регионов Азербайджана, и подтверждено, что SSR маркеры являются эффективными и могут быть использованы для оценки генетического полиморфизма абрикоса в целом.

**Ключевые слова:** абрикос, генетическое разнообразие, SSR маркеры, уникальные аллели, гетерозиготность

## ASSESSMENT OF THE GENETIC DIVERSITY OF APRICOT GENOTYPES (*PRUNUS ARMENIACA* L.) OF AZERBAIJAN USING SSR MARKERS

Rakida A.M.

*Genetic Resources Institute of ANAS, Baku, e-mail: aminkarakida@mail.ru*

Apricot (*Prunus armeniaca* L.) is an important fruit crop in Azerbaijan with wide diversity of varieties. The genetic diversity of apricot germplasm originating from Azerbaijan was studied using 11 microsatellite markers. A total of 59 alleles were identified with an average of 8.5 alleles per locus. The frequency of the main alleles ranged from 0.221 (ssrPaCITA4) to 0.418 (ssrPaCITA16) and averaged 0.342. For the loci selected by us, the PIC value was in the range 0.54–0.8, on average was equal to 0.68, which indicates a high informativeness of the majority of used SSR markers. The values of the observed ( $H_o$ ) and expected ( $H_e$ ) heterozygosity were in the range of 0.35–1 (0.82 on average) and 0.61–0.82 (0.72 on average), respectively. Unique alleles were found for some of the studied loci, the total number of unique alleles was 12 (range 1–5). The largest number of unique alleles was identified by primers pchgms2 and UDAp-404. The highest informativeness was recorded for the primers ssrPaCITA4, aprigms18, UDAp-404 and ssrPaCITA19, which were distinguished by high heterozygosity and the highest PIC value. Cluster analysis allowed to combine the studied samples into 7 main groups, the distance between studied varieties varied 0 to 1, which indicates a high level of genetic differences in the studied collection. Rich genetic diversity was determined among the studied collection of apricot from various regions of Azerbaijan, and it was confirmed that SSR markers can be used to assess the genetic polymorphism of apricot in general.

**Keywords:** apricot, genetic diversity, SSR-markers, unique alleles, heterozygosity

Абрикос – ценнейшая культура, возделываемая человеком более 6000 лет, ее ареал охватывает Китай, горные районы Средней Азии, доходя на западе до Передней Азии и Закавказья [1, 2]. Были описаны 3 основных центра происхождения абрикоса: Китайский, Центрально-Азиатский и Ближневосточный [3]. Культивируемый абрикос, *Prunus armeniaca* L. (Rosaceae, подсемейство Prunoideae), является третьим по важности видом косточковых культур и имеет довольно маленький геном ( $2n = 16$ ). Эта культура распространяется по всему миру, но большая часть сосредоточена в районе

Средиземного моря, что составляет более 55% мирового производства. Биологические и хозяйственно ценные свойства абрикоса вызывают большой интерес к изучению этой культуры в различных странах мира. Абрикос сочетает в себе такие биологические особенности, как интенсивный рост, скороплодность, долголетие, высокую продуктивность. Плоды абрикоса содержат большое количество витаминов, благодаря чему широко используются не только как диетический, но и лекарственный продукт. Азербайджан богат различными сортами фруктов, среди которых особое место за-

нимают абрикосы. Основные территории, пригодные для разведения абрикоса, сосредоточены в Нахичеване, Тертере и Агдаше. История выращивания абрикоса насчитывает три тысячи лет. В результате длительной народной селекции в Азербайджане созданы такие сорта, как алыча-ерик, агновретсе, гырмызы новретсе, хагверди, агчанабат, аг теберзе, балйарым, тохум шемси, гара теберзе, сары теберзе, абуталиби, хосров шахи.

Наиболее актуальным направлением в селекции различных растений является применение молекулярных маркеров для паспортизации, изучения полиморфизма ДНК, генетических взаимоотношений и выявления генов, контролирующих хозяйственно ценные признаки [4]. Сочетание менее трудоемкого морфологического анализа с методом молекулярного маркирования приводит к более надежным выводам для оценки генетического разнообразия плодовых растений [5–7]. Для характеристик зародышевой плазмы абрикоса во всем мире используются ряд молекулярных маркеров, включая ISSR, AFLP, SSR и др. [8–10]. Наиболее широкое применение получил метод SSR-маркирования. Высокая надежность, мультиаллельная природа, кодоминантный характер наследования и хромосомоспецифичность микросателлитных маркеров делают их удобными для генетического анализа и изучения межвидовых генетических связей [4, 11]. Несмотря на большое количество публикаций по генетическим исследованиям абрикоса данное направление все еще остается актуальным [12–14]. Отметим, что абрикос с использованием современных молекулярных методов мало изучался в Азербайджане.

Цель исследования: изучение генетического разнообразия и генетических связей 61 образцов абрикоса Азербайджанского происхождения с использованием 7 SSR маркеров.

#### Материалы и методы исследования

Молекулярные исследования проводили на 61 сорте абрикоса из четырех регионов Азербайджана (Нахичевань, Тертер, Агдаш и Астара). Названия и происхождения изученных генотипов приведены в табл. 1.

#### Выделение ДНК и ПЦР

Геномную ДНК выделяли из свежесобранных листьев СТАБ методом [15]. Концентрацию и степень чистоты молекулы ДНК определяли с помощью спек-

трофотометра NanoDrop2000с. ПЦР-смесь (20 мкл) включала 1,5 мкл 10× ПЦР буфера, 1,5 мкл смеси dNTP (10 мМ), 1 мкл MgCl<sub>2</sub> (50 мМ), 0,35 мкл 10 μМ праймера, 0,3 мкл фермента *Taq* полимеразы (5 U/мкл), 0,20 мкл флуоресцентной метки (FAM, NED, PET и VIC) и 3 мкл выделенной ДНК (50 нг/мкл).

#### Анализ данных

Для каждого SSR локуса было рассчитано общее число аллелей (Na). Параметры генетического разнообразия, включающие частоту встречаемости основных аллелей, наблюдаемую ( $H_o$ ) и ожидаемую ( $H_e$ ) гетерозиготность, а также величину информационного полиморфизма (PIC) были статистически анализированы с применением программного обеспечения PowerMarker, версия V3.025 [16]. Для молекулярного анализа были использованы 7 микросателлитных маркеров: aprgms18, sspPaCITA16, sspPaCITA19, sspPaCITA4, UDAp-404, sspPaCITA21, pchgms2. Кластерный анализ проводили при помощи программы DARwin 6.0 [17].

#### Результаты исследования и их обсуждение

*Генетический полиморфизм.* В любой селекционной программе важно иметь возможность выявить уникальные ДНК профили для сортовой идентификации, определения генетического разнообразия, выявления родительских форм и изучения таксономического родства. Использование SSR маркеров обеспечивает возможность решения этих задач в генетике и селекции плодовых культур рода *Prunus*. Известен целый ряд публикаций, связанных с изучением генетического полиморфизма абрикоса на основе микросателлитных повторов [18–20].

Для молекулярного анализа 61 образца абрикоса из четырех регионов Азербайджана был использован SSR-метод (табл. 2). В результате исследования по 7 микросателлитным локусам было синтезировано 59 аллелей. Число аллелей на локус находилось в пределах 6 (для маркеров sspPaCITA16 и sspPaCITA21) – 12 (для маркера UDAp-404) и в среднем составило 8,5.

В селекционном процессе любых плодовых культур, в том числе абрикоса, важно выявить уникальные генетические профили ДНК для идентификации и определения генетических взаимоотношений [21–23]. В наших исследованиях общее число уникальных аллелей составило 12 (диапазон 1–5).

Таблица 1

Названия и географическое происхождение образцов абрикоса

№	Образец	Место сбора	№	Образец	Место сбора
1	Зейнеби	Агдаш	32	Ордубад эрики	Тергер
2	Май Натиг	Агдаш	33	Аг эрик	Тергер
3	Аг эрик Гюльнар	Агдаш	34	Бадам эрик	Тергер
4	Йени форма	Нахичевань	35	Шемси	Нахичевань
5	Чыр Зеферан	Нахичевань	36	Бадам эрик	Геранбой
6	Чыр эрик	Нахичевань	37	Агча Набат	Нахичевань
7	Неизвестный	Нахичевань	38	Гейча Набат	Нахичевань
8	Майчичеи	Нахичевань	39	Хагверди	Нахичевань
9	Балиарым	Нахичевань	40	Иран сорту	Нахичевань
10	Хампа	Нахичевань	41	Ордубад Шерефи	Нахичевань
11	Йени форма	Нахичевань	42	Хейдери	Нахичевань
12	Чыр Нахичевань	Нахичевань	43	Ордубад чыры	Нахичевань
13	Йай Шерефи	Нахичевань	44	Форма	Нахичевань
14	Шалах	Нахичевань	45	Ирандан гелме	Нахичевань
15	Теберзе	Нахичевань	46	Ордубад Набати	Нахичевань
16	Тохум Шемси	Нахичевань	47	Йени форма	Нахичевань
17	Гечйетишен	Нахичевань	48	Шалах	Нахичевань
18	Бадами	Нахичевань	49	Алча эрик	Нахичевань
19	Хелена (Американский сорт)	Нахичевань	50	Абу Телеби	Нахичевань
20	Мехмани	Нахичевань	51	Теберзе	Нахичевань
21	Хагверди	Нахичевань	52	Аг Эрик Эльчин	Агдаш
22	Аг Набати	Нахичевань	53	Май Геранбой	Агдаш
23	Кюрдеши	Нахичевань	54	Майовка	Агдаш
24	Талеби	Нахичевань	55	Бадами	Агдаш
25	Туркийе сорту	Нахичевань	56	Шалах	Агдаш
26	Аг бадами	Нахичевань	57	Гырмызыйанаг	Тергер
27	Агчанабад	Нахичевань	58	Иреван эрик Шалах	Тергер
28	Лимон эрик	Нахичевань	59	Майовка	Тергер
29	Форма	Нахичевань	60	Лимон эрик	Нахичевань
30	Аг эрик (позднеспелый)	Геранбой	61	Аскерабат	Нахичевань
31	Аг эрик (скороспелый)	Геранбой			

Уникальные аллели были обнаружены в локусе *rchgms2* у генотипов Зейнеби, Май Натиг, Чыр Зеферан, Елена и Ордубад Шерефи (хромосома 7, пять аллелей), в локусе *UDAr-404* у генотипов Зейнеби, Чыр Зеферан и Елена (хромосома 4, три аллеля), в локусе *ssrPaCITA19* у генотипов Зейнеби, Май Натиг и Елена (хромосома 2, три аллеля), в локусе *ssrPaCITA4* у генотипа Майовка (Агдаш) (хромосома 3, один аллель). Максимальное число уникальных аллелей было выявлено праймером *rchgms2*. Наличие уникальной комбинации аллелей показано для шести сортов, содержащих от одного до трех таких аллелей. У образцов Зейнеби и Елена зафиксированы уникальные аллели в трех локусах (*ssrPaCITA19*, *UDAr-404*, *rchgms2*). Наличие уникальных аллелей, обнаруженных у некоторых образцов, может быть связано с тем, что эти сорта были обогащены заро-

дышевой плазмой различного происхождения или же с мутацией в микросателлитной последовательности, которая дает начало новому аллелю. Таким образом, маркеры *rchgms2*, *UDAr-404* и *ssrPaCITA19* являются наиболее эффективными и могут быть рекомендованы для идентификации образцов абрикоса.

Нами были рассчитаны частоты встречаемости выявленных аллелей и индекс информативности (PIC) для каждого маркера (табл. 2).

Частота основных аллелей варьировала от 0,221 (*ssrPaCITA4*) до 0,418 (*ssrPaCITA16*) и в среднем равнялась 0,342. Полученные значения PIC находились в диапазоне 0,54–0,8, что указывает на информативность большинства использованных SSR маркеров. Наименьший показатель PIC выявлен для локуса *ssrPaCITA21*, наибольший – для *ssrPaCITA4*.

Таблица 2

Основные показатели генетического разнообразия у 61-го образца абрикоса

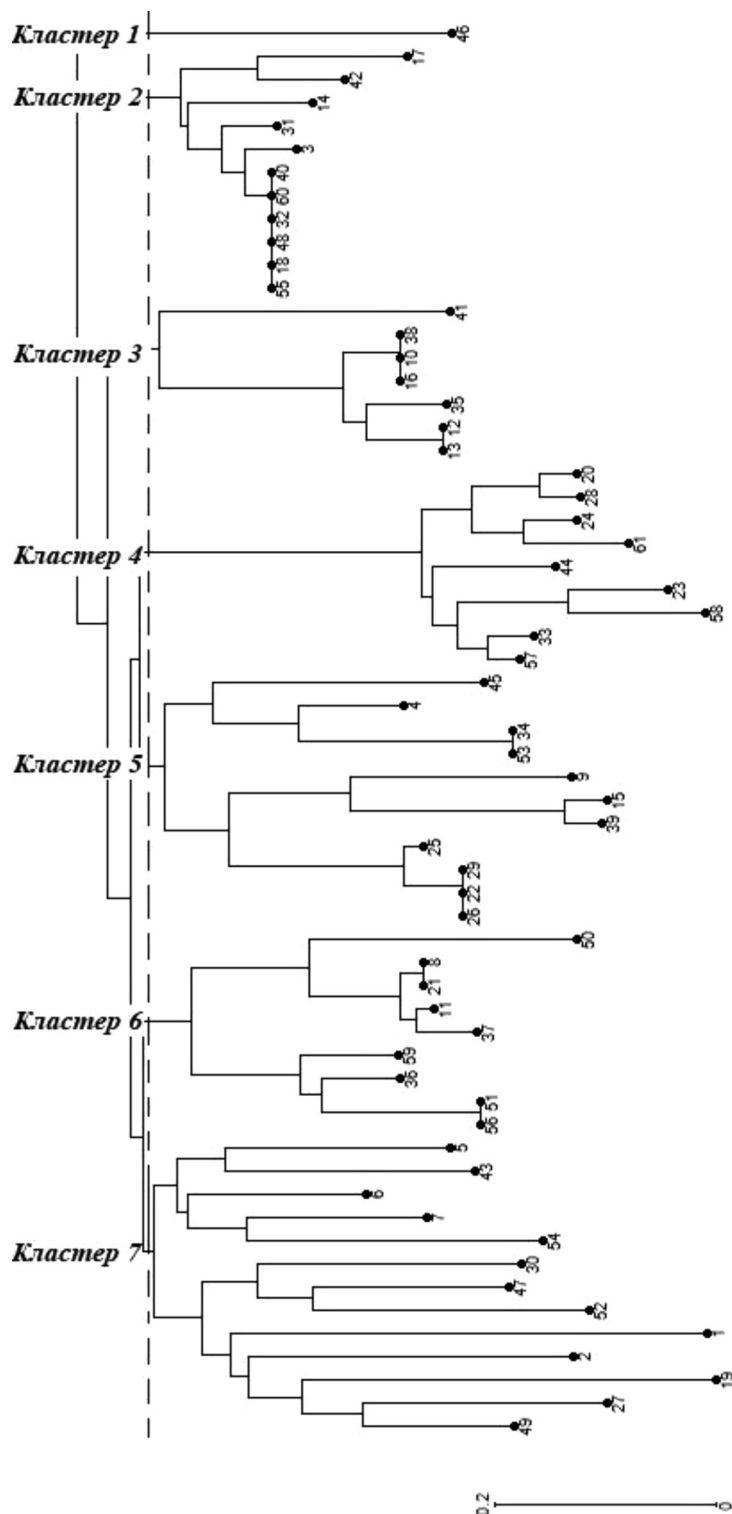
Локус	Группа сцепления	Общее число аллелей	Частота основного аллеля	$H_o$	$H_E$	PIC
aprigms18	1	9	0,3689	0,98	0,78	0,75
ssrPaCITA16	2	6	0,4180	0,87	0,69	0,66
ssrPaCITA19	2	8	0,3033	0,98	0,75	0,71
ssrPaCITA4	3	7	0,2213	0,94	0,82	0,8
UDAp-404	4	12	0,2869	0,6	0,76	0,73
ssrPaCITA21	5	6	0,4016	0,35	0,61	0,54
pchgms2	7	11	0,3934	1	0,66	0,61
Среднее значение		8,4	0,3420	0,82	0,72	0,68
Всего		59				

Примечание.  $H_o$  – величина наблюдаемой гетерозиготности,  $H_E$  – величина ожидаемой гетерозиготности, PIC – величина информационного полиморфизма.

Показатели наблюдаемой ( $H_o$ ) и ожидаемой ( $H_E$ ) гетерозиготности находились в пределах 0,35–1 (в среднем 0,82) и 0,61–0,82 (в среднем 0,72) соответственно. Установлена корреляция между наблюдаемым и ожидаемым уровнем гетерозиготности. Наибольшие значения ожидаемой гетерозиготности были выявлены праймерами ssrPaCITA4 ( $H_E$  -0,82), aprigms18 ( $H_E$  -0,78), UDAp-404 ( $H_E$  -0,76) и ssrPaCITA19 ( $H_E$  -0,75). Полученные нами результаты показали, что изученные зародышевые плазмы абрикоса имеют высокий уровень генетического разнообразия и согласуются с данными других авторов. Так, исследование Жибентяева и соавторов [24] о генетическом разнообразии основных абрикосов культивируемых в Европе, Северной Америке, Южной Африке и Австралии показали, что ожидаемая гетерозиготность в среднем составила 0,645. Бургибу и другие [25] исследуя генетическое разнообразие абрикосов культивируемых в Алжире, Марокко и Тунисе выявили ожидаемую гетерозиготность равной 0,593, которая была ниже, чем у абрикосов, выращиваемых в Китае. Чжан и соавторы [26], проанализировали 94 сорта абрикоса в Китае с использованием SSR маркеров и показали высокий уровень генетического разнообразия, где средняя ожидаемая гетерозиготность была равна 0,792.

Методом кластерного анализа генотипы сгруппировались в 7 различных кластеров, где индекс генетического расстояния (ИГР) варьировал от 0 до 1 (рисунок). Наибольшее количество генотипов объедини-

лись в кластере 7, который подразделяется на 2 субкластера. Второй и пятый кластер включают в себя по 11 генотипов, четвертый и шестой – по 9, а наименьшим числом образцов представлен кластер 3. Между некоторыми сортами выявлено нулевое значение коэффициента генетического сходства (ИГР = 0). Генотип под номером 46 сформировал отдельный кластер, что говорит о наибольшей отдаленности этого сорта. Максимальное генетическое расстояние установлено между генотипами под номерами 2 и 58, 46 и 19, 24 и 29, 54 и 28, 51 и 28, где ИГР был равен 1, что дает возможность их применения в различных селекционных программах с целью обогащения генетического разнообразия абрикоса. В изучаемой коллекции собраны отечественные образцы абрикоса из четырех регионов Азербайджана. Анализируя дендрограмму, можно отметить группировку в зависимости от места сбора изученных сортов. Во всех кластерах преобладают образцы из Нахичевани, что обусловлено наибольшим размером выборки. А второй кластер представлен исключительно образцами из вышеуказанного региона. Сорта 1, 2, 52 и 54 из Агдаша сгруппировались в шестом, сорта 33, 57 и 58 из Тертера в третьем кластере, что может свидетельствовать об их генетическом сходстве. Существует ряд работ, направленных на анализ генетических родственных связей сортов абрикоса [27, 28]. Проведение таких исследований позволяет оценить существенные генетические различия между группами сортов.



Дендрограмма, построенная на основе индекса генетического расстояния

**Заключение**

Таким образом, был изучен полиморфизм семи микросателлитных локусов и вы-

явлено богатое генетическое разнообразие сортов изученной коллекции абрикоса, что подтверждает эффективность выбранных SSR маркеров. Наиболее информативными

оказались праймеры *ssrPaCITA4*, *aprigms18*, *UDAp-404* и *ssrPaCITA19*, которые отличились высокими показателями гетерозиготности и наибольшими значениями PIC. Кроме того, в изученной выборке были обнаружены сорта с уникальными аллелями, выявленными праймерами *rchgms2*, *UDAp-404* и *ssrPaCITA19*. Указанные праймеры могут быть использованы для идентификации и паспортизации сортов абрикоса в дальнейших – селекционных программах.

### Список литературы

- Горина В.М. Научные основы селекции абрикоса и алычи для Крыма и юга Украины: дис. ... докт. сельскохоз. наук. Ялта, 2014. 479 с.
- Gorina V.M. The scientific basis for selection of apricot and cherry plum for the Crimea and southern Ukraine: dis. dokt. sel'skokhoz. nauk. Yalta, 2014. 479 p. (in Russian).
- Костина К.Ф. Абрикос. М.: ВАСХНИЛ, 1936. 292 с.
- Kostina K.F. Apricot. M.: VASXNIL, 1936. 292 p. (in Russian).
- Vavilov N.I. Phytogeographical basis of plant breeding. In: CHESTER, K.S. (trans): The origin, variation, immunity and breeding of cultivated plants. Chronical Botany. 1951. no. 13. P. 13–54.
- Аббасов М.А. Изучение генетического полиморфизма диплоидной пшеницы *Triticum boeoticum* boiss. с использованием SSR маркеров // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2018. Т. 22. № 5. С. 515–523. DOI: 10.18699/VJ18.389.
- Abbasov M.A. Study of genetic diversity of diploid wheat *Triticum boeoticum* Boiss using SSR markers // Vavilovskiy zhurnal genetiki i selektii. 2018. V. 22. № 5. P. 515–523.
- Sanchez-Perez R., Dicenta F et al. Application of simple sequence repeat (SSR) markers in apricot breeding: molecular characterisation, protection, and genetic relationships. *Sci Hortic.* 2005. vol. 103. P. 305–315. DOI: 10.1016/j.scienta.2004.06.009.
- Yilmaz K., Paydas-Kargi S., Dogan Y., and Kafkas S. Genetic diversity analysis based on ISSR, RAPD and SSR among Turkish apricot germplasms in Iran Caucasian eco-geographical group. *Sci. Hortic.* 2012. No. 138. P. 138–143. DOI: 10.1016/j.scienta.2012.02.017.
- Bourguiba H., Krichen L, Audergon J. M et al. Impact of Mapped SSR Markers on the Genetic Diversity of Apricot (*Prunus armeniaca* L.) in Tunisia. *Plant Mol. Biol. Rep.* 2010. vol. 28. P. 578–587. DOI:10.1007/s11105-010-0189-x.
- Hagidimitriou M., Rousakis E., Tripolitsiotis K. et al. Genetic diversity of a collection of Greek and foreign apricot cultivars and hybrids using molecular markers. *Acta Horticulturae.* 2010. No. 862. P. 39–43. DOI: 10.17660/ActaHortic.2010.862.3.
- Raji R., Jannatizadeh A., Fattahi R., Esfahlani M.A. Investigation of variability of apricot (*Prunus armeniaca* L.) using morphological traits and microsatellite markers. *Sci. Hortic.* 2014. No. 176. P. 225–231. DOI:10.1016/J.SCIEN.2014.06.033.
- Zhang Q.P., Liu D.C., Liu S., Liu N., Wei X., Zhang A.M., Liu W.S. Genetic diversity and relationships of common apricot (*Prunus armeniaca* L.) in China based on simple sequence repeat (SSR) markers. *Gen. Res. and Crop Evol.* 2014. No. 61. P. 1–12. DOI: 10.1007/s10722-013-0039-4.
- Gurcan K., Necip O. Yilmaz K.U., Ullah Sh., Erdogan A., Zengin Ya. Evaluation of Turkish apricot germplasm using SSR markers: Genetic diversity assessment and search for Plum pox virus resistance alleles. *Scientia Horticulturae.* 2015. No. 193. P. 155–164. DOI: 10.1016/J.SCIEN.2015.07.012.
- Decroocq S., Cornille A., Tricon D., Babayeva S., Chague A., Eyquard J.P., Karychev R., Dolgikh S., Kostritsyna T., Liu S., Liu W., Geng W., Liao K., Asma B.M., Akparov Z., Giraud T., and Decroocq V. New insights into the history of domesticated and wild apricots and its contribution to Plum pox virus resistance. *Mol. Ecol.* 2016. No 19. P. 4712–4729. DOI: 10.1111/mec.13772.
- Wang Y., Zhang J., Sun H., Ning N., and Yang L. Construction and evaluation of a primary core collection of apricot germplasm in China. *Sci. Hortic.* 2011. No. 128. P. 311–319. DOI: 10.1016/j.scienta.2011.01.025.
- Bourguiba H., Audergon J.M., Krichen L., Trifi-Farah N., Mamouni A., Trabelsi S., D'Onofrio C., Asma B., Santoni S., Khadari B. Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication and diffusion into the Mediterranean Basin. *BMC Plant Biol.* 2012. No. 12 (1). DOI: 10.1186/1471-2229-12-49.
- Doyle J.L., Doyle J.J. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.* 1987. vol. 19. P. 11–15.
- Liu K., Muse S.V. Power Marker: Integrated analysis environment for genetic marker data. *Bioinformatic.* 2005. no. 21. P. 2128–2129.
- Perrier X., Jacquemoud-Collet J.P. DARwin software 2006. [Electronic resource]. URL: <http://darwin.cirad.fr/darwin> (date of access: 26.06.2020).
- Степанов И.В. Использование SSR маркеров в генетических исследованиях рода *Prunus* // Научный журнал КубГАУ. 2013. № 90 (06). С. 191–204.
- Stepanov I.V. The use of SSR markers in genetic studies of the genus *Prunus* // Nauchnyy zhurnal KubGAU. 2013. № 90 (06). P. 191–204 (in Russian).
- Hormaza J.I. Molecular characterization and similarity relationships among apricot (*Prunus armeniaca* L.) genotypes using simple sequence repeats. *Theor Appl Genet.* 2002. No. 104 P. 321–328. DOI: 10.1007/s001220100684.
- Decroocq V., Fave M.G., Hagen L., Bordenave L., Decroocq S. Development and transferability of apricot and grape EST microsatellite markers across taxa. *Theor. and Appl. Gen.* 2003. No. 106. P. 912–922. DOI: 10.1007/s00122-002-1158-z.
- Генетические основы селекции растений. Биотехнология в селекции растений. Геномика и генетическая инженерия / Науч. ред. А.В. Кильчевский, Л.В. Хотылева. Минск: Беларуская навука, 2014. Т. 4. 653 с.
- Genetic basis of plant breeding. Biotechnology in plant breeding. Genomics and genetic engineering / nauch. red. A.V. Kilchevskiy, L.V. Xotlyova. Minsk: Belaruskaya nayka, 2014. V. 4. 653 p. (in Russian).
- Li M., Zhao Z., Miao X., Zhou J. Genetic diversity and population structure of Siberian apricot (*Prunus sibirica* L.) in China. *Int. J. Mol. Sci.* 2014. No. 15. P. 377–400. DOI: 10.3390/ijms15010377.
- Decroocq S., Cornille A., Tricon D., Babayeva S., Chague A., Eyquard J.P., Karychev R., Dolgikh S., Kostritsyna T., Liu S., Liu W., Geng W., Liao K., Asma B.M., Akparov Z., Giraud T., Decroocq V. New insights into the history of domesticated and wild apricots and its contribution to Plum pox virus resistance. *Mol. Ecol.* 2016. No. 19. P. 4712–4729. DOI: 10.1111/mec.13772.
- Zhebentyayeva T.N., Reighard G.L., Gorina V.M., Abbott A.G. Simple sequence repeat (SSR) analysis for assessment of genetic variability in apricot germplasm. *Theor Appl Genet.* 2003. No. 106. P. 435–444. DOI:10.1007/s00122-002-1069-z.
- Bourguiba H., Audergon J.M., Krichen L., Trifi-Farah N., Mamouni A., Trabelsi S., D'Onofrio C., Asma B., Santoni S., Khadari B. Loss of genetic diversity as a signature of apricot domestication and diffusion into the Mediterranean Basin. *BMC Plant Biol.* 2012. No. 12 (1). DOI: 10.1186/1471-2229-12-49.
- Zhang Q.P., Liu D.C., Liu W.S., Liu S., Zhang A.M., Ning L and Zhang Y.P. Genetic diversity and population structure of the North China populations of Apricot (*Prunus armeniaca* L.). *Sci. Agric. Sinica.* 2013. no. 46. P. 89–98.
- Krichena L., Audergon J.M., Trifi-Faraha N. Assessing the genetic diversity and population structure of Tunisian apricot germplasm. *Sci. Hortic.* 2014. No. 172. P. 86–100.
- Romero C., Pedryc A., Munoz V., Lacer G., Badenes M.L. Genetic diversity of different apricot geographical groups determined by SSR markers. *Genome.* 2003. No. 46. P. 244–252. DOI: 10.1139/g02-128.