

Разработка и валидация KASP-маркеров для селекции озимой пшеницы

М.А. Самарина^{1*}, М.С. Баженов¹, А.С. Ермолаев¹, А.В. Архипов¹, В.М. Трипутин², Ю.Н. Кашуба², А.Н. Ковтуненко², М.Е. Мухордова², Л.А. Беспалова³, И.Б. Аблова³, О.Ю. Пузырная³, Е.А. Гуенкова³, П.Ю. Крупин¹, Г.И. Карлов¹, М.Г. Дивашук¹

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Москва, Россия

² ФГБНУ «Омский аграрный научный центр», Омск, Россия

³ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Национальный центр зерна имени П.П. Лукьяненко», Краснодар, Россия

* samarina.homa@yandex.ru

Цель: Для эффективного ведения селекционного процесса озимой пшеницы и получения новых сортов необходимо комбинирование классических методов (подбор родительских форм, фенотипическая оценка) с современными методами молекулярной генетики. При выведении современных сортов делается упор на хозяйственно ценных признаках, особое внимание уделяется качеству зерна, адаптивности сорта и устойчивости к грибным и бактериальным заболеваниям. Генотипирование сортов и перспективных линий озимой пшеницы дает представление о генетической структуре популяции, уровне ее полиморфизма и может помочь выявить эффективные маркеры, связанные с хозяйственно ценными признаками. Метод GWAS позволяет выявить связи между фенотипическими проявлениями признака и вариациями генотипа, например SNP. Статистически значимо ассоциированные SNP могут быть использованы, как маркеры для хозяйственно ценных признаков.

Материалы и методы: В ходе исследования был проведен GWAS на коллекции сортов озимой пшеницы. Генотипирование растений проводили с использованием SNPSeq. Постановку конкурентной аллель-специфичной ПЦР проводили в соответствии с руководством пользователя предоставляемым производителем, по следующей циклограмме: первичная денатурация 94 °C – 15 мин, 1 цикл; 94 °C – 20 с, 63 °C, 1 мин с понижением температуры на 0,6 °C каждый цикл в течение 9 циклов; 94 °C – 20 с, 58 °C – 1 мин в течение – 35 циклов; 37 °C – 1 мин – считывание сигнала. Для обработки данных и проведения анализа использовались амплификатор CFX96 (Bio-Rad, Франция/США) и программное обеспечение CFX Manager.

Результаты: В результате анализа были обнаружены SNP, ассоциированные с высотой растений, массой 1000 зерен, наличием остей и сроками колошения. На основании отобранных SNP были разработаны и валидированы KASP-маркеры. Разработанные маркеры показали хорошую дискриминирующую способность и были протестированы на коллекции из 186 сортов и перспективных линий озимой пшеницы. В результате анализа были выявлены образцы, несущие набор ценных аллелей. Для дальнейших исследований были отобраны маркеры, имеющие статистически значимую ассоциацию с изменением фенотипа.

Выводы: Разработанные маркеры могут быть использованы для генотипирования коллекций озимой пшеницы с целью выявления форм с лучшими качествами и дальнейшего использования их в селекционном процессе.

Финансирование: Исследование выполнено при поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, государственное задание FGUM-2025-0001.