

Оценка селекционной ценности образцов мягкой яровой пшеницы по массе 1000 зерен и массе зерна с растения с использованием BLUP-модели

Г.Р. Свищёва*, А.С. Злобин, И.В. Зорколыцева, Я.А. Цепилов, И.Н. Леонова, Е.А. Салина
Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия
* gulsvi@mail.ru

Цель: Оценка селекционной ценности образцов мягкой яровой пшеницы по двум хозяйственно ценным показателям: масса 1000 зерен и масса зерна с растения – с использованием метода, основанного на BLUP-модели.

Материалы и методы: В исследовании использовали коллекцию из 157 российских сортов и интрогрессивных линий мягкой яровой пшеницы. Коллекция включала 105 сортов, 48 интрогрессивных линий и 3 образца диких родственников (*Triticum dicoccum*, *Triticum timopheevii*, *Triticum kiharae*). Интрогрессивные линии получены на основе гибридизации с видами *T. durum*, *T. dicoccum*, *T. dicoccoides* и *T. timopheevii* и синтетической гексаплоидной пшеницей *T. kiharae* (Leonova et al., 2020; Potapova et al., 2023).

Анализировали два признака: масса 1000 зерен (m1000) и масса зерна с растения (mass). Для каждого образца каждый признак измеряли в четырех точках (два измерения в 2018 году и два измерения в 2019 году). Образцы пшеницы генотипировали маркерами SNP с помощью платформы Illumina Infinium 15K Wheat (TraitGenetics, Германия).

После выравнивания SNP относительно референсного генома пшеницы и контроля качества (частота минорных аллелей < 1%, доля пропусков < 5%) оставлено 12 829 SNP (общий уровень генотипирования 98,24%). Для исключения тесного сцепления провели процедуру LD-прунинга (PLINK, параметры: --indep-pairwise 500kb 1 0,2), в результате отобрано 7517 SNP.

Для каждого признака и каждого образца вычислили среднее значение по четырем фенотипическим измерениям. Оценку наследуемости признаков рассчитывали как отношение генетической компоненты дисперсии к общей фенотипической дисперсии. Матрицу геномного родства (GRM) между образцами вычисляли для SNP с качеством генотипирования выше 98% с помощью программы PLINK с последующей нормализацией GRM. Нормальность распределения фенотипов проверяли с помощью теста Шапиро–Уилка.

Оценку генетической ценности образцов пшеницы (селекционная ценность) по каждому признаку вычисляли с помощью команды GCTA «--reml-pred-rand» для предсказания общего генетического эффекта (сортовой ценности) для каждого образца, обусловленного совокупным эффектом SNP, используемых для оценки GRM. Для оценки вклада отдельных SNP использовали команду GCTA «--blup-snp».

Для проверки валидности полученных BLUP-оценок применили метод k-кратной кросс-валидации (k-fold cross-validation). Выборку случайным образом разделили на пять частей, одна из которых выступала в качестве тестовой популяции, а остальные – в качестве тренировочной. Каждый признак анализировали отдельно, схема анализа представлена в нашей работе (Потапова et al., 2024).

Результаты: Анализ нормальности распределения выявил незначительные по величине отклонения от нормального распределения: для массы 1000 зерен (m1000) $W = 0,97$ ($p = 0,011$), для массы зерна с растения (mass) $W = 0,98$ ($p = 0,013$). Поскольку BLUP-метод обладает устойчивостью к умеренным отклонениям от нормальности распределения, полученные оценки можно считать надежными. Оба изучаемых признака продемонстрировали высокую наследуемость: для массы 1000 зерен составила $h^2 = 0,75 \pm 0,11$ и для массы зерна с растения $h^2 = 0,73 \pm 0,10$.

Для 30 лучших сортов, показавших наивысшие значения признаков, по каждому признаку оценили селекционный дифференциал. Установлено, что средняя селекционная ценность этих сортов достоверно превышала среднюю селекционную ценность всей исследованной популяции. Результаты пятикратной кросс-валидации подтвердили высокую прогностическую способность модели: для m1000: $R^2 = 0,74$ ($p < 0,002$) и для mass: $R^2 = 0,68$ ($p < 0,002$).

Выводы: Полученные результаты демонстрируют возможность применения модели геномной селекции на ограниченных по размеру выборках. Метод BLUP показал хорошую эффективность для обоих анализируемых признаков и пригоден для оценки селекционной ценности сортов пшеницы. Высокая наследуемость признаков и значимые корреляции между предсказанными и фактическими значениями подтверждают перспективность данного подхода для селекции пшеницы.

Финансирование: Исследование поддержано грантом Российского научного фонда № 21-76-30003-П, <https://rscf.ru/project/21-76-30003/>.