

Маркер-опосредованная селекция чечевицы в условиях Северного Казахстана

Г.Ж. Хасанова^{1*}, С.А. Джатаев¹, М.М. Кузбакова¹, Н.Ж. Жанбыршина¹, Ю.Н. Шавруков^{1,2}

¹ Казахский агротехнический исследовательский университет им. С. Сейфуллина, Астана, Республика Казахстан

² Университет Флиндерса, Колледж науки и инженерии, Биологические науки, Аделаида, Австралия

* khasanova-gulmira@mail.ru

Цель: Разработка и применение высокоэффективных молекулярных SNP-маркеров, на основе метода ‘Allele-specific qPCR (ASQ)’ для исследования генетического полиморфизма и повышения продуктивности сортообразцов из генетических коллекций, а также селекционных линий из гибридных популяций чечевицы для выбора генотипов с оптимальным временем зацветания и увеличенной высотой прикрепления нижнего боба.

Материалы и методы: В работе использовали образцы чечевицы из мировых генетических коллекций (ВИР, России и AGG, Австралии), а также родители и гибридные селекционные линии. Методы исследований – полевые и лабораторные. Полевые опыты проводили по методическим указаниям ВИР и Госсортиспытаний РК. Для молекулярно-генетических исследований использовали Базы данных NCBI и GenomeNet. Секвенирование по Сэнгеру проводили с использованием реагентов Brilliant Dye Terminator Cycle Sequencing kit. Генотипирование ASQ проводили на приборе QuantStudio-7 (Thermo Fisher Scientific, США) на основе флуоресценции красителей FAM и VIC, в присутствии затухателя BHQ1.

Результаты: Проведено размножение, отбор и анализ образцов чечевицы из мировых генетических коллекций (ВИР, Россия и AGG, Австралия), родителей и гибридные селекционные линии по признакам времени зацветания и высоты прикрепления нижнего боба для работы по проекту. По итогам полевых исследований вегетационный период образцов чечевицы составил 97–107 дней. Массовые всходы отмечали на 12–13-е сутки после посева. С наименьшим сроком созревания выделились образцы ILL-485, Славянка, ILL-1552 и ВИР, к-192. Полевая всхожесть семян чечевицы по питомнику составила от 53 до 99%. По сохранности растений к уборке отличились Шырайлы, Веховская, Розовая, 5-12. Высокосростные образцы: Веховская, PI-451764, 1-10, ILL-485, PI-557499, Славянка. По высоте прикрепления нижнего боба: ILL-485, PI-557499, к-452, к-467 и 5-12. Масса 1000 семян в среднем составила 40,5–55,5 г. По урожайности выделились Веховская, PI-451764, Крапинка. Для молекулярно-генетических исследований чечевицы проведен биоинформатический анализ и определены генетические участки, подходящие для дальнейшей работы. Были разработаны праймеры, и проведено секвенирование фрагментов генов *LcSOC1* (Suppressor of Overexpression of Constans 1) и *LcELF3* (Early flowering 3) у образцов из коллекции чечевицы и у родительских форм 5 гибридов. По гену *LcSOC1* выделены два SNP, разработаны и адаптированы молекулярные SNP-маркеры ASQ у изучаемых генотипов чечевицы. По гену *LcELF3* у 8 проверенных генотипов выделены шесть SNP между родительскими формами. На основе выделенных SNP для обоих генов разработали аллель-специфические молекулярные маркеры *LcSOC1*-SNP1 и *LcELF3*-SNP3. С помощью разработанных SNP маркеров провели генотипирование и выявили генетический полиморфизм по изучаемым генам среди родителей и их гибридов, а также в международных генетических коллекциях чечевицы. На основе проведенного анализа генотипирования провели маркер-опосредованную селекцию (МОС) среди изученных генотипов. Результаты МОС указывают на эффективный отбор по маркеру *LcSOC1*-SNP1 у генотипов чечевицы по признаку высоты прикрепления нижнего боба, а по маркеру *LcELF3*-SNP3 – по признаку раннего зацветания.

Выводы: Проведено размножение, отбор и анализ образцов чечевицы из мировых генетических коллекций (ВИР, Россия и AGG, Австралия), родителей и гибридные селекционные линии по признакам высоты прикрепления нижнего боба и времени зацветания. Проведен биоинформатический анализ основных генов *LcSOC1* и *LcELF3*, контролирующих изучаемые признаки – высоту прикрепления нижнего боба и время зацветания. На основе секвенирования выделены SNP, разработаны и использованы молекулярные маркеры ASQ по генам у изучаемых образцов чечевицы. На основе проведенного анализа генотипирования провели маркер-опосредованную селекцию (МОС) среди изученных генотипов по маркеру *LcSOC1*-SNP1 у генотипов чечевицы по признаку высоты прикрепления нижнего боба, а по маркеру *LcELF3*-SNP3 – по признаку раннего зацветания.

Финансирование: Исследование проведено в рамках грантового финансирования Комитетом науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан. КН МНВО РК ИРН: AP23489286 «Маркер-опосредованная селекция образцов мировой коллекции и гибридных популяций чечевицы по генам, контролирующим время зацветания растений и высоту прикрепления нижнего боба».