

Материалы международной научно-практической конференции, посвященной 130-летию С.Сейфуллина = С.Сейфуллиннің 130 жылдығына арналған халықаралық ғылыми - практикалық конференциясының материалдары. - 2024. – Ч.І.- С.162-165

УДК 633.11:631.5(045)

ИЗУЧЕНИЕ ИЗМЕНЧИВОСТИ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ ПРОДУКТИВНОСТИ КОЛОСА ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ И ИХ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА

*Нуралов А.С., докторант 1 курса
Зотова Л.П., доктор PhD, ст. преподаватель
Казахский агротехнический исследовательский университет им. С.
Сейфуллина
г. Астана*

Мягкая пшеница (*Triticum aestivum* L.) является одним из самых богатых источников энергии и белков для человека. Увеличение производства мягкой пшеницы имеет важное значение для продовольственной безопасности в глобальном масштабе [1]. Пшеница занимает примерно 17 % площади мировых пахотных земель и составляет около 35 % основных продуктов питания во многих странах [2]. Ежегодный урожай зерновых культур по всему миру составляет более 600 млн тонн зерна. Ведущими производителями пшеницы являются Китай, Европейский союз, Индия и Россия. Прогнозируется, что к 2050 году население мира превысит девять миллиардов человек и это приведет к увеличению спроса на продукты питания [3].

Казахстан является одним из крупнейших производителей мягкой пшеницы в Центральной Азии и занимает 14-ое место по объему ее производства в мире с урожайностью 12,1 млн.т. Большая часть посевных площадей этой культуры находится в северных регионах страны. Однако, средняя урожайность пшеницы в Казахстане составляет всего 1,18 т/га [4], в то время как Продовольственная и сельскохозяйственная организация Объединенных Наций (ФАО) прогнозирует, что страна потенциально может увеличить урожайность до 3 т/га [5].

Успех возделывания и производства мягкой пшеницы во многом зависит от сортового генофонда, агротехники и селекционных программ, направленных на создание высокопродуктивных сортов. Прогресс в генетическом улучшении злаков за последнее столетие был основан, в том числе, на использовании отдельных генов с относительно четкими эффектами на фенотип [6].

Для пшеницы одним из основных элементов структуры урожая является продуктивность отдельного колоса или масса зерна с колоса. Но эта

составляющая урожая является обобщенным показателем, на который влияют другие элементы продуктивности (длина колоса, плотность колоса, число колосков в колосе, число зерен в колосе). Поэтому необходим детальный анализ отдельных элементов продуктивности колоса для целенаправленного влияния на формирование структуры урожая в изменяющихся почвенных, агрономических и климатических условиях [7].

Изучение корреляционных зависимостей продуктивности растения и различных элементов структуры урожая являются весьма важными для селекции [8, 9, 10].

Большое внимание селекционеры уделяют длине колоса, которая, являясь одним из важнейших количественных признаков, в значительной степени влияющей на урожайность. Длина колоса имеет определенное влияние на озерненность колоса и варьируется в зависимости генетических особенностей [11]. Многие исследования показывают, что ген TaAIRP2-1В отвечает за показатель длины колоса [12].

Число колосков в колосе (ЧКК) определяет потенциально возможный уровень урожайности сорта, который будет реализован в том случае, если большая часть цветков в колоске будет оплодотворена [13]. В продуктивности колоса базисным показателем является ЧКК, поскольку этот элемент структуры урожая закладывается и формируется одним из первых, и чем больше колосков в колосе, тем он выше [7]. В ходе исследования выяснилось, что данные гены отвечают за показатель число колосков в колосе: QSns.sau-2SY-1, QSns.sau-2SY-2, QSns.sau-2SY-5, QSns.sau-2SY-7, WAPO1 [14,15].

Признак количества зерен в колосе определяет потенциальный уровень продуктивности растения пшеницы и представляет значительный интерес для селекции. Между количеством зерен в колосе и урожаем существует прямая зависимость: с увеличением числа зерен в колосе растет его масса и повышается урожайность. Показатель «количество зерен в колосе» формируется в начале кущения и в значительной степени зависит от метеорологических условий. В селекционной практике, в большинстве случаев, наблюдается отрицательная корреляция числа зерен в колосе с массой 1000 зерен. Было определено, что ген TaGNI отвечает за показатель озерненности колоса яровой пшеницы [15].

Масса зерна с колоса является комплексным признаком, который определяется массой одного зерна и общим количеством зерен в колосе. Масса зерна с колоса при определении урожая имеет главную роль, так как коэффициент корреляции между урожаем зерна с единицы площади и данным признаком является сравнительно высоким. Большое влияние на формирование массы зерна колоса оказывают климатические условия во время налива и созревания семян [16].

В настоящее время для анализа агрономических и хозяйственно ценных признаков применяют молекулярно-генетические подходы, в том числе картирование локусов количественных признаков (QTL). QTL – это участок генома, отвечающий за тот или иной количественный признак. QTL

идентифицируют статистическими методами и интегрируют на основе генотипических и фенотипических данных в результате применения картирующих популяций или обширных коллекций изучаемого вида растений. Основываясь на позиции маркера на карте сцепления, можно определить локализацию QTL на определенном участке хромосомы, согласно уровню статистической вероятности. По литературным данным, основные локусы, определяющие проявление длины колоса мягкой пшеницы, расположены в хромосомах 1В, 4А, 5А и 5D, [17, 18, 19, 20, 21].

В течение последних десятилетий многие исследования по картированию QTL у пшеницы были выполнены в различных частях мира [22,23], тем самым предоставляя прочную платформу для повышения эффективности селекции за счет успешного внедрения маркер-вспомогательной селекции [24,25] и подходов к геномной селекции [26,27].

Таким образом, создание конкурентоспособных сортов требует целенаправленных программ, которые должны включать в себя широкую оценку генетических ресурсов с использованием современных генетических и селекционных инструментов с целью внедрения новых генетических вариаций. Поскольку сложные агрономические признаки пшеницы контролируются многими генами, идентификация, картирование и использование QTL имеет большое значение для селекции пшеницы.

Данное исследование было выполнено в рамках проекта AP23490403 «Молекулярно-генетическая оценка, идентификация эффективных генов и локусов количественных признаков (QTL) продуктивности яровой мягкой пшеницы».

Список литературы

- 1 Curtis, T., Halford, NG. (2014). Food security: The challenge of increasing wheat yield and the importance of not compromising food safety. *Annals of Applied Biology*, 164(3), 354-372. <https://doi.org/10.1111/aab.12085>.
- 2 Mitikul, A., Regassa, T. (2019). Participatory evaluation of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties for its yield performance at Madda Wlabu district of Bale Zone, South Eastern Ethiopia. *Journal of Science and Sustainable Development*, 3(1), 84-89. <https://doi.org/10.21655/jssd.2019.1.84>.
- 3 United Nations. (2021, May 20). *Sustainable development goals*. <https://sustainabledevelopment.un.org/post2015/summit>.
- 4 United States Department of Agriculture. (2022, January 30). *Foreign Agricultural Service*. <https://fas.usda.gov/>.
- 5 Alexandratos, N., Bruinsma, J. (2012). *World agriculture towards 2030/2050: The 2012 revision*. ESA Working Paper. 12-03, 154.

- 6 Амалова, АИ. (2023). Идентификация локусов количественных признаков компонентов урожайности и качества зерна мягкой пшеницы на основе использования двуродительских картирующих популяций (диссертация на соискание степени доктора PhD). *Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы*.
- 7 Arbuzova, VS, Efremova, TT, Martinek, P., Chumanova, EV, Dobrovolskaya, OB. (2014). Изменчивость признаков продуктивности колоса у гибридов F₂, полученных от скрещивания сортов мягкой пшеницы Новосибирская 67, Саратовская 29, Ruza-4 с многоцветковой линией Skle 123-09. *Вавиловский журнал генетики и селекции*, 18(4/1), 704-712.
- 8 Grabovets, AI, Grabovets, AI, Fomenko, MA. (2007). *Озимая пшеница*. Ростов-на-Дону: Издательство «Юг».
- 9 Marchenko, DM., Kostylev, PI., Grichanikova, GA. (2013). Корреляционный анализ в селекции озимой пшеницы (обзор). *Зерновое хозяйство России*, (3), 28-32.
- 10 Enzekrey, ES, Shchuklina, OA, Zavgorodny, SV. (2021). Влияние метеорологических условий и азотных удобрений на урожайность яровой тритикале сорта Тимирязевская 42. *Зерновое хозяйство*, (2), 88-93.
- 11 Taranova, TYu, Kincharov, AI, Dyomina, EA, Mullaianova, OS, Chekmasova, KYu. (2021). Селекционная оценка исходного материала яровой мягкой пшеницы по продуктивности и ее элементам. *Вестник Красноярского ГАУ*, (5), 81-89.
- 12 Zhang, J., Li, C., Li, L., Xi, Y., Wang, J., Mao, X., Jing, R. (2023). RING finger E3 ubiquitin ligase gene TaAIRP2-1B regulates spike length in wheat. *Journal of Experimental Botany*, 13, erad226. <https://doi.org/10.1093/jxb/erad226>.
- 13 Zavgorodny, SV, Ivanova, LP, Alenicheva, AD, Shchuklina, OA, Kvitkov, VE, Klimenkova, IN, Solovyev, AA. (2022). Морфобиологические и хозяйственно ценные особенности образцов из современной коллекции трититригии (*×Trititrigia cziczinii* Tzvel.) ГБС РАН. *Овоцы России*, (2), 10-14.
- 14 Ding, P., Mo, Z., Tang, H., Mu, Y., Deng, M., Jiang, Q., Liu, Y. (2022). A major and stable QTL for wheat spikelet number per spike validated in different genetic backgrounds. *Journal of Integrative Agriculture*, 21(6), 1551-1562. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(22\)00070-9](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(22)00070-9).
- 15 Tillett, BJ, Hale, CO, Martin, JM, Giroux, MJ. (2022). Genes impacting grain weight and number in wheat (*Triticum aestivum* L. ssp. *aestivum*). *Plants*, 13, 1772. <https://doi.org/10.3390/plants13121772>.

- 16 Zotova, LP, Sereda, CG, Dzhataev, SA. (2017). Продуктивность сортообразцов яровой мягкой пшеницы в климатических условиях Центрального Казахстана. *Материалы Республиканской научно-теоретической конференции «Сейфуллинские чтения – 13: сохраняя традиции, создавая будущее»*, посвященная 60-летию Казахского агротехнического университета имени С.Сейфуллина, Т.1, Ч.1, 96-99.
- 17 Kato, K., Miura, H., Sawada, S. (2000). Mapping QTLs controlling grain yield and its components on chromosome 5A of wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 101, 1114–1121. <https://doi.org/10.1007/s001220051546>.
- 18 Börner, A., Schumann, E., Fürste, A. et al. (2002). Mapping of quantitative trait loci determining agronomically important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 105, 921–936. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-0984-3>.
- 19 Sourdille, P., Cadalen, T., Guyomarç'h, H. et al. (2003). An update of the Courtot × Chinese Spring intervarietal molecular marker linkage map for the QTL detection of agronomic traits in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 106, 530–538. <https://doi.org/10.1007/s00122-002-1066-8>.
- 20 Marza, F., Bai, G. H., Carver, B. F., & Zhou, W. C. (2006). Quantitative trait loci for yield and related traits in the wheat population Ning7840 × Clark. *Theoretical and Applied Genetics*, 112, 688–698. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0162-0>.
- 21 Pestsova, EG., Börner, A., Röder, MS. (2006). Development and QTL assessment of *Triticum aestivum*–*Aegilops tauschii* introgression lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 112, 634–647. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-0218-z>.
- 22 Jantasuriyarat, C., Vales, MI, Watson, CJW, Riera-Lizarazu, O. (2004). Identification and mapping of genetic loci affecting the free-threshing habit and spike compactness in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 108(2), 261-273. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1481-8>.
- 23 Quarrie, SA, Steed, A., Calestani, C., Semikhodskii, A., Lebreton, C., Chinoy, C., Steele, N., Pljevljakusić, D., Waterman, E., Weyen, J., Schondelmaier, J., Habash, DZ, Farmer, P., Saker, L., Clarkson, DT, Abugalieva, A., Yessimbekova, M., Turuspekov, Y., Abugalieva, S. (2005). A high-density genetic map of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) from the cross Chinese Spring × SQ1 and its use to compare QTLs for grain yield across a range of environments. *Theoretical and Applied Genetics*, 110(5), 865-880. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-1976-3>.

- 24 Kuchel, H., Ye, G., Fox, R., Jefferies, S. (2005). Genetic and economic analysis of a targeted marker-assisted wheat breeding strategy. *Molecular Breeding*, 16(1), 67-78. <https://doi.org/10.1007/s11032-005-1524-3>.
- 25 Lopes, MS, Dreisigacker, S., Peña, RJ, Sukumaran, S., Reynolds, MP. (2015). Genetic characterization of the wheat association mapping initiative (WAMI) panel for dissection of complex traits in spring wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 128(3), 453-464. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2475-5>.
- 26 Jannink, JL., Lorenz, AJ., Iwata, H. (2010). Genomic selection in plant breeding: From theory to practice. *Briefings in Functional Genomics*, 9(2), 166-177. <https://doi.org/10.1093/bfgp/elq005>.
- 27 Onyemaobi, I., Ayalew, H., Liu, H., Siddique, KH, Yan, G. (2018). Identification and validation of a major chromosome region for high grain number per spike under meiotic stage water stress in wheat (*Triticum aestivum* L.). *PLOS One*, 13(3), e0194075. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0194075>.