

**Наименование проекта:** AP14870014 «Применение ДНК-технологий в селекционно-генетических исследованиях культуры проса при создании новых отечественных засухоустойчивых сортов».

**Актуальность:** Растение просо (*Panicum miliaceum* L.) является ценной крупяной и кормовой культурой в мире. В настоящее время просо выращивают в основном в Восточной и Центральной Азии и в меньшей степени в Восточной Европе и от Западной Азии до Пакистана и Индии (Kate S.M.et.al, 2018). По данным, организации по сельскому хозяйству ФАО в мире посевная площадь проса занимает 6-е место по посевным площадям (34,7 млн га) и валовым сборам зерна (31,6 млн т) среди зерновых культур, уступает только пшенице, рису, ячменю, кукурузе и сорго (Zotikov V.I. et.al, , 2012).

В Государственный реестр селекционных достижений МСХ РК внесен 21 сорт проса на зерно и 13 на корм. Значительная часть новых сортов принадлежит селекции Актюбинской СХОС, в ТОО «НПЦ зернового хозяйства им. А.И.Бараева» создано три сорта пищевого и кормового направления, в Павлодарском НИИСХ создано 2 сорта и Восточно-Казахстанский НИИСХ 1 сорт. Сорта проса начали поступать в Госсортосеть с 1930 года. Начиная с 1937 года селекция проса возобновилась в основных прососеющих регионах, в том числе в Актюбинской области. Примером применения народной селекции, основанной на тщательном многократном индивидуальном отборе, являются работы всемирно известного актюбинского просовода Шыганака Берсиева, установившего в течение 1937-1944 годов несколько мировых достижений в выращивании проса на орошении. Выдающимся достижением Берсиева является получение в 1943 году рекордного урожая проса в 201 ц/га (Цыганков И.Г. и др., 2004). Большинство сортов проса было создано с помощью классических методов селекции. Практически невозможно добиться сочетания в одном генотипе многих желаемых ценных признаков используя, только методы классической селекции из-за отрицательных генетических корреляций (Сокурова Л.Х., 2014). Селекция с помощью молекулярных маркеров, marker-assisted selection, MAS - это комплексный инновационный подход, включающий как традиционные генетические, так и молекулярные. Традиционные методы идентификации сортов основаны на морфологических признаках. Количество таких признаков ограничено, в то время как количество сортов исчисляется десятками тысяч. Благодаря прогрессу исследования молекулярной организации и изменчивости генома разработаны маркерные технологии, способствующие значительному повышению эффективности и ускорению процесса создания новых сортов (Сюволап Ю.М., 2013). Принимая во внимание тот факт, что в системе государственного сортоиспытания и в производстве имеется ограниченный сортимент культуры проса, создание новых засухоустойчивых сортов к условиям сухостепных зон Казахстана является актуальной задачей для селекционеров.

**Цель:**

Комплексное изучение генофонда проса с применением ДНК-маркерного анализа, отбор исходного материала в селекционном процессе и создание нового отечественного засухоустойчивого сорта для степных и сухостепных зон Казахстана.

**Ожидаемые и достигнутые результаты:**

-будет оценена эффективность использования микросателлитных SSR и ISSR маркеров для анализа генетического полиморфизма;

-будет проведен расчет генетического расстояния и кластеризация коллекции для выявления гетерогенности генотипов;

-будут выделены перспективные образцы, содержащие высокоэффективные и хозяйственно-ценные гены;

-будут заложены коллекционные и селекционные питомники в условиях сухостепной зоны Казахстана и отобраны высокопродуктивные и засухоустойчивые генотипы;

-будет передан новый отечественный конкурентоспособный засухоустойчивый сорт проса в Государственное сортоиспытание по регионам РК совместной селекции КазАТУ и АСХОС и подана заявка в НИИС МЮ РК на получение патента РК на новое селекционное достижение.

В ходе реализации будет проведена закладка демонстрационных площадок (участков) на селекционных участках НИ-оригинатора ТОО «Актюбинская СХОС», а также ряда бенефициаров проекта ТОО «Ди Лэнд» (Каргалинский р-н, Актюбинской обл.). На данных участках (площадках) планируется разместить ряд перспективных сортов и константных линий проса отечественной селекции с целью демонстрации, имеющегося сортового потенциала и элементов их сортовой агротехники в условиях сухостепных зон РК.

По итогам реализации научного проекта будут опубликованы 3 (три) статьи и (или) обзоров в рецензируемых научных изданиях, индексируемых в Science Citation Index Expanded базы Web of Science и (или) имеющих процентиль по CiteScore в базе Scopus не менее 50 (пятидесяти).

В настоящее время по данному направлению активно ведутся исследовательские работы двух PhD докторантов кафедры. В достаточном количестве накоплен исходный материал для проведения селекционно-генетических работ. На сегодняшний день коллекция насчитывает около 200 образцов различного эколого-географического происхождения: Афганистан, Бельгия, Венгрия, КНР, Канада, Индия, Иран, Мексика, Пакистан, РФ, США, Турция, Украина, Франция. Генофонд зарубежной и отечественной коллекции были испытаны в полевых условиях Северного и Западного Казахстана. Исследования по данной культуре проходили в разных направлениях, изучались биохимические, физиологические и ценно-хозяйственные признаки, которые позволили оценить исходный материал комплексно, использование различных географических широт позволяет использовать полученные результаты не локально, а в целом по Казахстану. Получены новые гибридные материалы различных поколений методом традиционной селекции и мутагенеза. По результатам исследований опубликованы статьи в зарубежных журналах с высоким процентилем. Предлагаемый проект позволит продолжить селекционно-генетические исследования с применением инновационных методов на молекулярном уровне и пополнить отечественную коллекцию новыми сортами, отвечающего требованиям крупной промышленности.

**Члены исследовательской группы:**

**руководитель проекта – Рысбекова Айман Бокеновна  
исследовательская группа:**

№ п/п	Ф.И.О. (при его наличии), образование, степень, ученое звание	Основное место работы, должность	Индекс Хирша, идентификаторы Research ID, ORCID, Scopus Author ID (при наличии)
1	Рысбекова А.Б., кандидат биологических наук, ассоциированный профессор	КазАТУ им. С.Сейфуллина, ассоциированный профессор кафедры земледелия и растениеводства	Индекс Хирша-2, ORCID <a href="https://orcid.org/0000-0003-3716-7843">0000-0003-3716-7843</a> , Scopus Author ID <a href="https://scopus.com/authid/detail.uri?authorID=57193387371">57193387371</a> ;
2	Цыганков В.И., кандидат сельскохозяйственных наук	Актюбинская СХОС, Ведущий научный сотрудник	Индекс Хирша-4, ORCID 0000-0002-3652-3888; Scopus Author ID 572 212 898-46
3	Жирнова И.А., магистр	КазАТУ им.	Индекс Хирша-1, ORCID

	сельскохозяйственных наук	С.Сейфуллина, PhD докторант кафедры земледелия и растениеводства	0000-0003-1716-8793; Scopus Author ID <a href="#">571203111547</a> ;
4	Дюсибаева Э.Н., PhD доктор	КазАТУ им. С.Сейфуллина, ассоциированный профессор кафедры земледелия и растениеводства	Индекс Хирша-1, ORCID <a href="#">0000-0002-5960-6328</a> , Scopus Author ID <a href="#">57195609258</a> ;
5	Зейнуллина А.Е., магистр сельскохозяйственных наук	КазАТУ им. С.Сейфуллина, докторант кафедры земледелия и растениеводства	ORCID 0000-0001-6880-0969; Scopus Author ID 57208920657;
6	Джикия Л.А., магистр сельскохозяйственных наук	КазАТУ им. С.Сейфуллина, старший лаборант кафедры земледелия и растениеводства	ORCID 0000-0002-5197-6359;
7	Есенбекова Г.Т., PhD доктор	КазАТУ им. С.Сейфуллина, старший преподаватель кафедры защиты растений и карантина	Индекс Хирша-1 ORCID 0000-0002-5747-8860; Scopus Author ID: 57210697811
8	Зотова Л.П., PhD доктор	КазАТУ им. С.Сейфуллина, старший преподаватель кафедры земледелия и растениеводства	Индекс Хирша-5 ORCID 0000-0001-8610-2689; Scopus Author ID: 57197867176; Researcher ID Web of Science AAE-9553-2022
9	Цыганков А.В. Бакалавр сельского хозяйства	Актюбинская СХОС, научный сотрудник	ORCID-ID 0000-0002-1782-962X

**Список публикаций и патентов опубликованные в рамках данного проекта: (со ссылками на них):**

-

**Информация для потенциальных пользователей:**

-

**Дополнительная информация:**

Произведена закладка коллекционного питомника и питомника размножения линий проса в условиях Акмолинской и Западно-Казахстанской областей. Коллекционный питомник составил 120 образцов различного эколого-географического происхождения и питомник размножения 4 линий, полученных в результате индивидуального отбора. Начало фазы всходов у растений проса в условиях Западно-Казахстанской области отмечено на 5-6-е сутки, полные всходы – на 8-9-е сутки. Полевая всхожесть у большинства сортимента проса в питомниках составила 70-80%; у ряда образцов она находилась в диапазоне 55-65%. В условиях Акмолинской области в связи с отсутствием осадков в период посева всходы были получены на 12-14-е сутки, полные всходы на 16-18-е сутки, полевая всхожесть была на уровне 70-75 %, у некоторых образцов была на

уровне 50-55 %. Оценка линий по всем хозяйственно-ценным признакам показала, что наиболее перспективной в сравнении со стандарт-сортом данного региона Памяти Берсиева оказалась линия Линия Р-1553, по всем показателям данная линия превзошла остальные линии, включая оценку фенотип балла. Данная линия выделилась по обоим регионам. Засухоустойчивость сортов была проведена согласно балльной системе в обоих регионах. Линия Р-1553 показала высокие результаты 4,4 и 4,2 балла, низкими баллами были оценены Линия С-8/82 и Линия С-12/82 соответственно 3,5 и 3,8 баллов. Урожайность линии Р-1553 в условиях Западно-Казахстанской области была  $318 \text{ г/м}^2$ , что выше показателя сорта стандарта на  $38 \text{ г/м}^2$ , изучение линии в Акмолинской области также показало увеличение урожайности в сравнении со стандартом данного региона Саратовское 6, так урожайность линии была  $302 \text{ г/м}^2$ , что выше сорта стандарта на  $64 \text{ г/м}^2$ .

Для оценки внутрисортного полиморфизма мирового и отечественного генофондов проса, представленной 120 образцами различного происхождения проведена экстракция ДНК модифицированным методом СТАВ. Подобраны 20 SSR маркеров: SSR-67; SSR-70; SSR-71; SSR-82; SSR-85; SSR-86; SSR-92; SSR-100; SSR-109; SSR-120; SSR-121; SSR-127; SSR-128; SSR-129; SSR-131; SSR-142; SSR-143; SSR-144; SSR-146; SSR-182. Проведена оптимизация ПЦП условий для перечисленных ДНК-маркеров. При ПЦП анализе с использованием SSR-131 маркера не обнаружен внутрисортной полиморфизм, амплифицирован продукт ПЦП размером 349 пар нуклеотид (п.н.) во всех образцах. По маркерам SSR-142 и SSR-143 выявлен полиморфизм. При использовании SSR-142 у большинства образцов (~90%) амплифицировался бэнд размером 124 п.н., за исключением некоторых образцов, которые имели ПЦП продукт размером 118 п.н.. Использование маркера SSR-143 позволило визуализировать наличие ПЦП продукта размером 144 п.н. и 160 п.н. По маркерам SSR-144 и SSR-146 в исследуемых образцах выявлены по 2 ампликона, около 450 п.н. и 200 п.н. для SSR-144 маркера, 200 п.н. и 95 п.н. для SSR-146 маркера.