

РАЗРАБОТКА СЕЛЕКЦИОННОЙ СХЕМЫ СОЗДАНИЯ СОРТОВ РИСА НОВОГО ПОКОЛЕНИЯ ДЛЯ ФУНКЦИОНАЛЬНОГО ПИТАНИЯ

Е.Г. Савенко¹, С.В. Горюнова², Ж.М. Мухина¹, В.А. Глазырина¹, Л.А. Шундрин¹

1. ФГБНУ «ФНЦ риса», Краснодар, Россия

2. ФГБНУ "ФИЦ картофеля имени А.Г. Лорха", Московская обл., Россия

Содержание амилозы один из наиболее ценных биохимических признаков, определяющих качество зерна риса. Цвет перикарпа зерновок риса обуславливается содержанием полезных для здоровья человека различных типов флавоноидов, обладающих антиоксидантной и антимутационной активностью. Целью исследований являлась разработка технологического регламента селекционной схемы риса с заданными параметрами зерна, основанного на применении: методов классической селекции (скрещивание и отбор перспективных генотипов); фенотипирования селекционного материала по изучаемому признаку (пищевая ценность зерна); клеточных технологий *in vitro* (культура пыльников); генотипирования экспериментальных растений путем секвенирования (геномный поиск SNP-полиморфизмов); поиска ассоциаций между данными фенотипов экспериментальных растений риса по изучаемому признаку и аллельными вариантами ДНК по результатам генотипирования с последующим прицельным отбором генотипов, обладающих комплексом ценных аллельных вариантов ДНК.

В ходе гибридизации белозерных и цветных сортов риса получены поколения F₁, F₂ и BC₁. Разработан эффективный протокол регенерации в культуре пыльников *in vitro* применительно к изученным образцам риса с окрашенным перекарпом зерновки – донорам целевого признака (генетические источники антиоксидантной активности) и белозерным реципиентам (элитные сорта российской селекции). Из гибридных растений методом культуры пыльников созданы константные регенерантные линии. Проведено фенотипирование сортов, F₂ и BC₁ по технологическим признакам качества зерна. Изучены технологические признаки качества зерна у BC₁ риса. Образцы, полученные в результате беккроссирования, характеризовались содержанием амилозы 15,7–20,1 %, содержанием белка от 7,6 % до 8,1 %. Проведено широкомасштабное генотипирование 100 образцов риса из коллекции ФНЦ риса, контрастных по содержанию амилозы и окраске зерновок. Для генотипирования выбран подход GBS (*Genotyping by sequencing*). В результате анализа данных широкомасштабного генотипирования риса выявлено 1774 SNP. Полученные данные использованы для полногеномного поиска ассоциаций между локусами генома и анализируемыми биохимическими и морфологическими признаками зерна риса (содержание амилозы и окраска зерновок) и создания базы данных генотипов риса. Поиск ассоциаций проводили в программе Tassel с использованием смешанных линейных моделей (MLM). Выявлены ассоциации для содержания амилозы и окраски перикарпа зерновок. Для признака наличия окрашенного перикарпа зерновок выявлены значимые ассоциации на 7 хромосоме в позициях 6356872 и 6656052, что согласуется с полученными ранее данными о локализации гена *Rc*, кодирующего содержащий bHLH-домен транскрипционный фактор, участвующий в синтезе проантоцианидинов. Для признака содержания амилозы в зерновке выявлен один значимо ассоциированный вариант на 6 хромосоме в позиции 1934659, в относительной близости от которого локализован ген *GBSS1* (*granule-bound starch synthase 1*), который является основным геном, определяющим содержание амилозы в зерновках риса.