

РАЗРАБОТКА СЕЛЕКЦИОННОЙ ТЕХНОЛОГИИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ СОРТОВ РИСА С ВЫСОКИМ ПИЩЕВЫМ КАЧЕСТВОМ ЗЕРНА

Е.Г. Савенко, С.В. Горюнова, Ж.М. Мухина, В.А. Глазырина, Л.А. Шундрин

ФГБНУ «ФНЦ риса», Краснодар, Россия

Для обеспечения здорового питания современный рынок рисовой крупы требует продукт с приоритетом признаков пищевой и питательной ценности. Целью исследований являлось создание алгоритма в селекции риса с использованием классических методов, фенотипирования, клеточных технологий *in vitro*, генотипирования экспериментальных растений путем секвенирования для выведения конкурентоспособных сортов, обладающих комплексом признаков.

Для гибридизационных программ на повышение пищевой ценности рисовой крупы из коллекции «ФНЦ риса» выделен ряд перспективных для отечественной селекции образцов с высокими показателями окрашенного и неокрашенного зерна. На основании фенотипирования по признакам, определяющим пищевую ценность зерна, отобраны образцы риса, сочетающие высокие технологические признаки качества с повышенным содержанием белка и различные по содержанию амилозы (низкое, среднее и высокое). К среднеамилозным отнесены сорта: Рубин (21,8 %), Мавр (24 %), CRLB-1 (24,0 %), ВНИИР 6189 (23,2 %); к высокоамилозным: IVORON ANJALI (29,8 %), Taibonnet (27,4 %), ПВ-1JR79499–84 (26,2 %); сорт Южная ночь (4,6 %) к восковидным (или умеренно низкоамилозным); остальные 22 сорта – к низкоамилозным (15,6–20,2 %). По содержанию белка все образцы относились к группе со средним его содержанием в зерне. Низкое содержание белка отмечено у двух сортов: Злата – 7,9 и Марс – 7,3 %.

В ходе гибридизации белозерных и цветных сортов риса получены поколения F_1 , F_2 , F_3 . Стекловидность зерна у растений всех гибридных комбинаций находилась в пределах 53–91 %. Проведена генетическая стабилизация гибридов F_1 методом культуры пыльников, созданы константные регенерантные линии. В ходе беккроссирования на основе гибридов F_1 получены BC_1 , BC_2 и BC_3 – поколения. По результатам изучения технологических признаков качества зерна выделено 48 образцов BC_2 . По признаку «содержание амилозы» в зерне образцы риса разделены на четыре группы: глютинозные, низкоамилозные, умеренно высокоамилозные, высокоамилозные.

Для изучаемых образцов получены высокомолекулярные препараты суммарной ДНК без признаков деградации и ДНК библиотеки с использованием NEBNext® Ultra™ II FS DNA Library Prep Kit. Все ДНК-библиотеки имели фрагменты ожидаемого размера (400–600 п.н.). При анализе качества ДНК библиотек установлено, что их концентрация составляет 4,72 нг в мкл, что достаточно для проведения полногеномного секвенирования с помощью технологии Illumina Novaseq 6000 с использованием ячейки S1. Проведено секвенирование библиотек ДНК 49 образцов риса. В результате получено от 3,2 до 24,6 Gb данных на образец, что соответствует глубине секвенирования от 8,6X до 65,9X, средняя глубина прочтения составляла 22,4X в расчете на референсный геном риса сорта Nipponbare. Полученные полногеномные данные для сортов российской селекции и селекционно-ценных линий риса позволят на следующем этапе работы провести биоинформатический анализ и отобрать кандидатные маркеры для бекграундной селекции, а использование в анализе контрастных по фенотипу форм даст возможность в дальнейшем выявить геномные варианты, ассоциированные с различными фенотипическими проявлениями целевых признаков.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта Российского научного фонда (РНФ) № 22-16-20015 «Инновационная селекционная технология для создания сортов риса с высоким пищевым качеством зерна»
<https://rscf.ru/project/№22-16-20015>