

SNP-МАРКЕРЫ КЛЮЧЕВЫХ РЕГУЛЯТОРНЫХ ГЕНОВ ЯЧМЕНЯ КАК ИНСТРУМЕНТ ОТБОРА ГЕНОТИПОВ С ПОВЫШЕННОЙ ПРОДУКТИВНОСТЬЮ КОЛОСА

Зотова Л.П., PhD, ассоциированный профессор

l.zotova@kazatu.edu.kz, <https://orcid.org/0000-0001-8610-2689>

Саутбаев Ж.О., магистрант 1-го года обучения ОП 7М08111 «Агробiotехнология»

zhangirqweasd@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0003-3122-4082>

Нуралов А.С., докторант 3-го курса по программе 8D08101 «Генетика и селекция сельскохозяйственных культур»

nuralov.a@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-7999-7255>

Казахский агротехнический исследовательский университет имени С. Сейфуллина, г. Астана, Казахстан

Аннотация. В условиях изменения климата, усиления засушливости и нестабильности агроэкологических факторов особую актуальность приобретает выявление молекулярных маркеров, ассоциированных с продуктивностью и адаптивным потенциалом хозяйственно ценных культур. Ячмень (*Hordeum vulgare* L.) относится к важнейшим зерновым культурам и характеризуется высокой экологической пластичностью, коротким вегетационным периодом и значительным генетическим разнообразием. Целью исследования являлась молекулярно-генетическая оценка 34 гибридных линий ярового ячменя по девяти SNP-маркерам Hv5, Hv10, Hv129, Hv6, Hv130, Hv113, Hv122, Hv11 и Hv128, ранее ассоциированным с признаками продуктивности. Генотипирование проводили с использованием технологии Amplifluor-like SNP, обеспечивающей аллель-специфическую амплификацию и флуоресцентную дискриминацию генотипов. Благоприятными гомозиготными состояниями считали генотип aa по маркерам Hv5, Hv6, Hv122, Hv129 и Hv130 и генотип bb по маркерам Hv10, Hv11, Hv113 и Hv128. По суммарному числу благоприятных генотипических состояний наибольший потенциал выявлен у линий Карабалыкский 150 × Сауле, Карагандинский 5 × Сауле, Омский 90 × Сабир и Bass × Донецкий 8, у которых установлено по четыре целевых состояния. По три благоприятных состояния обнаружено у линий Карагандинский 6 × Целинный 30, Карагандинский 5 × 2079 (США), Карагандинский 5 × Одесский 100, Карагандинский 5 × 2198 (США), Челябинец 1 × Астана 2000 и Карабалыкский 150 × Целинный 2005. Полученные результаты демонстрируют возможность применения исследованной панели SNP-маркеров для предварительной молекулярной дифференциации селекционного материала. Выделенные линии представляют интерес для последующей фенотипической валидации и использования в программах селекции ярового ячменя, направленных на повышение продуктивности и адаптивности культуры.

Ключевые слова: ячмень, *Hordeum vulgare* L, SNP-маркеры, Amplifluor, продуктивность, генотипирование, эффективные аллели, маркер-ассоциированная селекция.

Введение. В условиях глобального изменения климата, учащения засух, засоления почв и нестабильности температурного режима особое значение приобретает изучение генетических механизмов продуктивности и стрессоустойчивости зерновых культур [1, 2, 3, 4]. Одним из ключевых объектов современной генетики и селекции является ячмень (*Hordeum vulgare* L.), широко используемый как продовольственная, кормовая, солодовенная и техническая культура [5, 6, 7]. Благодаря высокой экологической пластичности, короткому вегетационному периоду, диплоидному набору хромосом и развитым геномным ресурсам ячмень рассматривается как удобная модельная культура для изучения урожайности, адаптивности и качества зерна у злаков [8].

Современное улучшение ячменя связано не только с традиционной фенотипической селекцией [9], но и с применением GWAS [10], QTL-картирования [11], геномной селекции [12], pan-genome-анализа [13] и функциональной аннотации кандидатных генов [14]. Разработка 9K и 50K SNP-панелей значительно расширила возможности

высокопроизводительного генотипирования, картирования локусов продуктивности и отбора ценных аллелей [15; 16]. В частности, 50K Illumina Infinium iSelect SNP array для ячменя включает 49 267 SNP-маркеров, что повысило плотность генетического анализа и точность выявления ассоциаций между маркерами и признаками [16].

Новые данные rangenome-анализа существенно расширили представления о генетическом разнообразии ячменя [13, 17]. В исследовании 2024 года был представлен rangenome, включающий long-head сборки 76 диких и культурных геномов, а также short-head данные 1315 генотипов. Показано, что структурные варианты, различия числа копий генов и сложные локусы могут влиять на архитектуру растения, устойчивость к болезням, качество зерна и ферментативную активность п солодоращении [13].

Продуктивность ячменя является сложным полигенным признаком, который определяется массой 1000 зерен, числом продуктивных стеблей, числом зерен в колосе, длиной и плотностью колоса, массой зерна с растения и другими компонентами урожая [18, 19]. В мета-анализе Du et al. было обобщено 1080 QTL по 11 признакам урожайности и продуктивности, опубликованных в 54 исследованиях. Эти QTL были объединены в 85 meta-QTL, из которых 61 подтвержден GWAS-данными, а 25 определены как перспективные для маркер-ассоциированной селекции [14].

Особую ценность имеют исследования на коллекциях яровойго ячменя, включающих генотипы из Казахстана и других регионов, поскольку они позволяют выявлять QTL, SNP-маркеры и генетические источники продуктивности, качества зерна, адаптивности и устойчивости к болезням в конкретных агроэкологических условиях Казахстана [20, 21, 22]. Важным источником новых аллелей является дикорастущий ячмень. Исследования популяций АВ-NAM и НЕВ-25 показали, что интрогрессии от диких форм содержат ценные варианты генов, влияющие на зерновую продуктивность, массу зерна, архитектуру колоса и адаптивность. В популяции НЕВ-25, включающей 1420 линий, было выявлено 96 QTL-регионов и 14 QTL-hotspots, часть которых колокализовалась с известными генами цветения и морфологии колоса, включая. Ppd-H2, HvCEN, HvGI, VRN-H1, VRN-H3, VRS1, VRS3, VRS4 и INT-C [23]. Перспективность диких аллелей также подтверждена картированием агрономических признаков в advanced backcross nested association mapping population [24].

Наряду с QTL урожайности важное значение имеют функциональные гены, вовлеченные в регуляцию роста, стрессоустойчивости, метаболизма, качества зерна и ремобилизации питательных веществ. KN domain-containing proteins связаны с посттранскрипционной регуляцией экспрессии и стресс-ответом растений [25]. Glb1 участвует в гидролизе β -глюканов клеточных стенок эндосперма и связан с качеством зерна и солода [25, 26].

Гены аутофагии, включая ATG101-подобные последовательности, участвуют в деградации клеточных компонентов, ремобилизации азота и адаптации растений к стрессам; у ячменя экспрессия HvATG-генов возрастает при старении листьев, дефиците азота и темновом стрессе [28]. HvUGT13248 участвует в детоксикации деоксиниваленола и повышении устойчивости к *Fusarium graminearum* [29]. Кроме того, thiol protease SEN102, β -тубулин 5, mitochondrial electron transfer flavoprotein subunit alpha, Chloroplast Import Apparatus 2, IGPS, arogenate dehydrogenase 2 и HvSAP11 связаны с деградацией белков, цитоскелетной организацией, энергетическим обменом, фотосинтетической активностью, биосинтезом ароматических аминокислот и ответом на абиотические стрессы [30].

Таким образом, современные исследования показывают, что продуктивность и адаптивность ячменя определяются взаимодействием SNP-полиморфизмов, QTL, кандидатных генов и физиолого-метаболических механизмов. Комплексное применение GWAS, rangenome-анализа, транскриптомики и функциональной валидации генов позволяет выявлять молекулярные механизмы урожайности, качества зерна и устойчивости к стрессам. Для Казахстана такие исследования особенно важны, поскольку способствуют выявлению генотипов и аллелей, обеспечивающих стабильную продуктивность в условиях засухи, засоления и температурных колебаний.

Целью настоящего исследования являлась молекулярно-генетическая оценка 34 гибридных линий ярового ячменя с использованием девяти SNP-маркеров Hv5, Hv10, Hv129, Hv6, Hv130, Hv113, Hv122, Hv11, Hv128, установление их генотипических профилей и выделение линий, сочетающих предположительно благоприятные гомозиготные состояния по локусам, ассоциированным с признаками продуктивности, для последующей фенотипической валидации использования в маркер-ассоциированной селекции.

Материалы и методы исследования. Исследования проводились в период с 2025 по 2026 год на базе Инжинирингового центра органических агротехнологий Агротехнопарк Seifullin University НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им. С.Сейфуллина».

Объекты исследования. Исходным материалом для проведения генотипирования с Amplifluor SNP маркерами являлись гибриды ячменя селекции ТОО "НПЦЗХ им А.И. Бараева" и ТОО "Карагандинская СХОС им. А.Ф. Христенко". Для генотипирования ярового ячменя были подобраны 9 маркеров ассоциированных с признаком продуктивности культуры. Праймеры вовлеченные в молекулярно-генетический скрининг для ячменя были разработаны на основе SNP полиморфизмов эффективность которых выявлена в Лаборатории молекулярной генетики РГП «Институт биологии и биотехнологии растений» КН МНВО РК по средствам GWAS анализа [31]. Всего прогенотипировано 34 образца ярового ячменя.

Выделение ДНК. Геномную ДНК выделяли из молодых листьев ярового ячменя (*Hordeum vulgare* L.) модифицированным СТАВ-методом. Перед экстракцией образцы листовой ткани (50–100 мг) замораживали в жидком азоте и гомогенизировали до порошкообразного состояния [32, 33].

СТАВ-буфер содержал 2% СТАВ, 1,4 М NaCl, 20 мМ EDTA и 100 мМ Tris-HCl (pH 8,0); ТЕ-буфер – 10 мМ Tris-HCl (pH 8,0) и 1 мМ EDTA. В качестве растительного материала использовали проростки яровой мягкой пшеницы (около 2 см² листовой ткани). Образцы гомогенизировали в 400 мкл 2%-ного СТАВ-буфера, добавляли 10 мкл РНКазы и инкубировали при 65 °С в течение 60–80 мин, периодически перемешивая. Затем вносили равный объем смеси хлороформ: изоамиловый спирт, центрифугировали при 14500 об/мин в течение 1 мин и водную фазу переносили в новую пробирку. ДНК осаждали холодным изопропанолом, промывали 70%-ным этанолом, высушивали при комнатной температуре и растворяли в ТЕ-буфере. Полученную ДНК хранили при –20 °С. Концентрация выделенной ДНК составляла от 423,4 до 2143,7 нг/мкл, после чего образцы доводили до рабочей концентрации для дальнейшего SNP-генотипирования.

Генотипирование. Молекулярно-генетические исследования проводились по «Amplifluor SNP» технологии, основанная на аллель-специфической количественной полимеразной цепной реакции (кПЦР) с аллель-специфическими праймерами для прямого обнаружения однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) в ДНК [34, 35]. Реакционная смесь содержала праймеры в концентрации 1–2 мкМ и универсальные зонды в концентрации 2,5 мкМ. Генотипирование образцов яровой мягкой пшеницы проводили с использованием SNP Amplifluor-маркеров для анализа полиморфизмов генов, ассоциированных с признаками продуктивности. Последовательности разработанных праймеров представлены в таблице 1.

Таблица 1 – Последовательность праймеров для генотипирования на продуктивность

Название гена	Название праймера	Последовательность олигонуклеотидов
1	2	3
Hv5 (<i>Hordeum vulgare</i> subsp. <i>vulgare</i> KH domain-containing protein Atlg09660/Atlg09670-like)	hv_5_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTccagcagtagaacagggttag
	hv_5_ASP2	GAAGGTCTGGAGTCAACGGATccagcagtagaacagggtttg
	R_hv_5	acactgatttgctgaggt
Hv10 (<i>Eragrostis tef</i>)	hv_10_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTggctcctcggaagaatcg

1	2	3
cultivar Dabbi chromosome 7A)	hv_10_ASP2	GAAGGTCGGAGTCAACGGATcggtcctcggagaagattg
	R_hv_10	cctggtagagcagcttgg
Hv129 (Hordeum vulgare subsp. vulgare mRNA for predicted protein, complete cds, clone: NIAHv1115K11)	hv_129_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTccagcgatctccttgacttag
	hv_129_ASP2	GAAGGTCGGAGTCAACGGATagcgatctccttgacttgg
	R_hv_129	GAACGCAGGCAGGATCTT
Hv6 (Hordeum vulgare subsp. vulgare UDP-glycosyltransferase)	hv_6_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTtggtactggccctgcggaa
	hv_6_ASP2	GAAGGTCGGAGTCAACGGATtggtactggccctgcggga
	R_hv_6	gcaatgtcctgactccca
Hv130	hv_130_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTagaagacgccagatgcaa
	hv_130_ASP2	GAAGGTCGGAGTCAACGGATagaagacgccagatgccca
	R_hv_130	tgggcacatttcattgttaacc
Hv113 (Hordeum vulgare subsp. vulgare mRNA for beta tubulin 5)	hv_113_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTgctggtactcrgcgacaa
	hv_113_ASP2	GAAGGTCGGAGTCAACGGATgctggtactcrgcgacga
	R_hv_113	cgagatggagttcaccga
Hv122 (Hordeum vulgare subsp. vulgare cDNA clone: FLbaf114o17)	hv_122_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTgacgtggaagagtctggag
	hv_122_ASP2	GAAGGTCGGAGTCAACGGATacgtggaagagtctgggg
	R_hv_122	ttctgtgtgattgcagct
Hv11 (Hordeum vulgare subsp. vulgare indole-3-glycerol phosphate synthase)	hv_11_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTtgtaattgccgctgtgc
	hv_11_ASP2	GAAGGTCGGAGTCAACGGATtctgttaattgccgctgttc
	R_hv_11	ctccttgcataatccgtagaaagta
Hv128 (Hordeum vulgare subsp. vulgare arogenate dehydrogenase 2)	hv_128_ASP1	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTtggttgctggtggtggcg
	hv_128_ASP2	GAAGGTCGGAGTCAACGGATtggttgctggtggtggtg
	R_hv_128	ggaagcagctcttcgagg

Amplifluor-подобный анализ SNP проводили по опубликованной методике Myakishev M., Khripin Y. 2001 [32], на основе целевых генов, тесно сцепленных с таким важным признаком, как продуктивность, на приборе количественной ПЦР (qPCR) 'QuantStudio7 Flex Real-Time PCR System' фирмы 'ThermoFisher-ABI' и микропланшетном ридере FLUOstar Omega (BMG LabTech, Ortenberg, Germany). Состав реакционной смеси и режим термоциклирования представлены в таблице 2.

Таблица 2 – Состав реакционной смеси и режим термоциклирования

Режимы ПЦР	Состав реакционной смеси
Pre-read – 72-30sec Hold – 95 – 5min 25 Cycles: 95 – 15 60 – 20 72- 20 95-15 sec 55-20 sec 72 – 20 sec Post-Read 72 -2 min 4 - ~	Мастер микс 2X - 5 мкл Праймер – 1 мкл Зонд - 1 мкл Полимераза – 0.1 мкл Вода – 0.9 мкл ДНК – 2 мкл Референсный краситель Rox – 1 мкл

Программа термоциклирования была применима при проведении генотипирования по всем искомым генам.

Статистический анализ. Статистическую обработку результатов генотипирования

проводили по данным флуоресцентного считывания Amplifluor-like SNP-маркеров. Для каждого образца определяли генотипы aa, bb или ab; образцы с отсутствием амплификации или нечетким сигналом учитывали как пропущенные данные. Для каждого маркера рассчитывали количество и процентное соотношение генотипов, а также частоту эффективных аллелей. В качестве положительно связанных с продуктивностью учитывали генотип aa для маркеров Hv5, Hv6, Hv122, Hv129 и Hv130, а также генотип bb для маркеров Hv10, Hv11, Hv113 и Hv128. Для каждого образца определяли суммарное число эффективных аллелей. Линии с наибольшим количеством таких аллелей рассматривали как наиболее перспективные для дальнейшего использования в селекционной работе. Расчеты выполняли в Microsoft Excel.

Результаты исследований. Молекулярно-генетическая оценка была проведена для 34 гибридных линий ярового ячменя с использованием девяти Amplifluor-like SNP-маркеров: Hv5, Hv10, Hv129, Hv6, Hv130, Hv113, Hv122, Hv11 и Hv128. Анализ аллель-специфических флуоресцентных сигналов позволил классифицировать исследуемые образцы как гомозиготы по аллелю 1 – aa, гомозиготы по аллелю 2 – bb и гетерозиготы – ab. Реакции с отсутствующей амплификацией либо недостаточно чётким кластерным положением обозначали как x и учитывали как пропущенные данные. Всего из 306 потенциальных генотипических определений было получено 281 достоверное определение, что соответствует общей результативности генотипирования 91,8%.

На рисунке 1 представлены графики аллельной дискриминации по SNP-маркерам Hv10, Hv113, Hv6 и Hv128. Для всех маркеров выделены кластеры, соответствующие генотипам aa, bb и ab. По маркеру Hv10 генотип aa выявлен у 29 линий (85,3%), генотип ab – у 4 (11,8%), а генотип bb – лишь у 1 линии (2,9%), что свидетельствует о низкой встречаемости данного аллеля в исследуемой выборке.

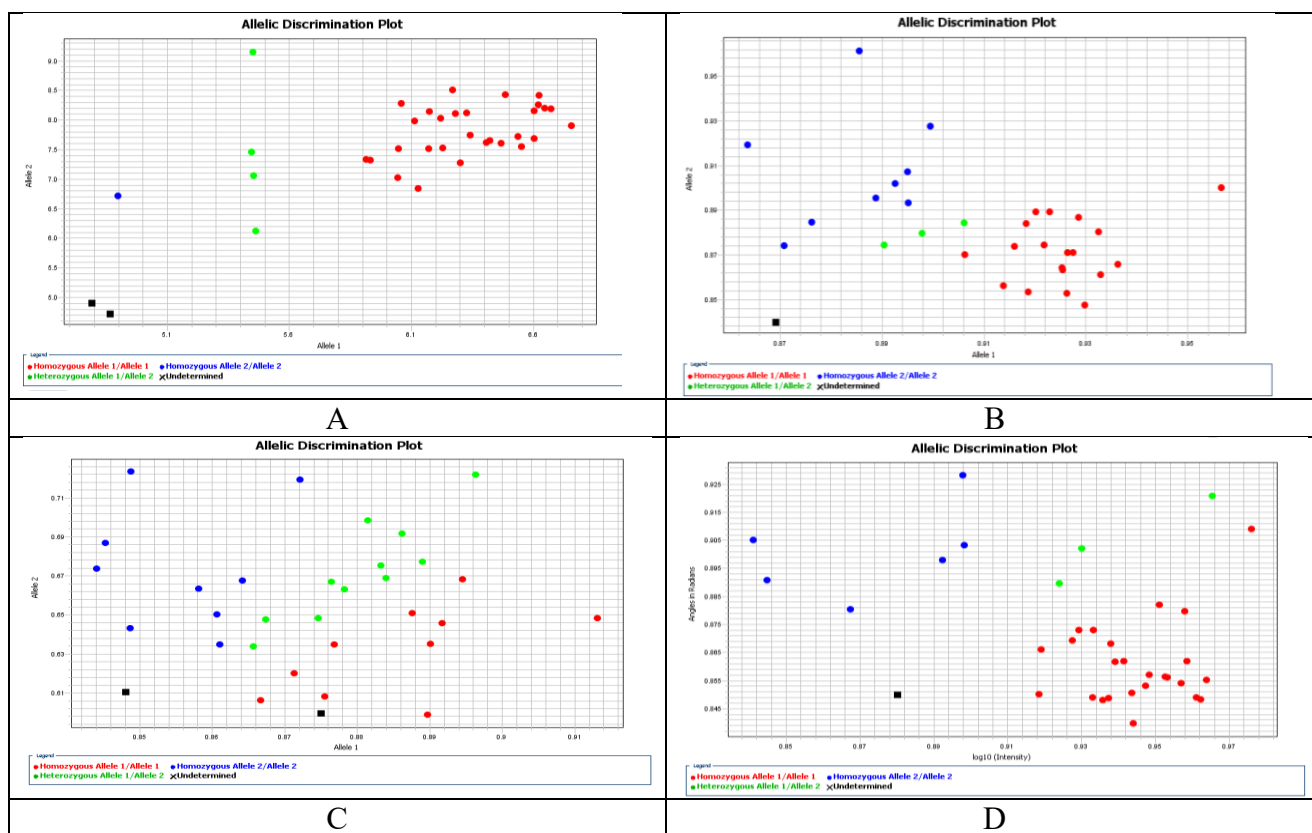


Рисунок 2 – Аллельная дискриминация гибридных линий ярового ячменя по SNP-маркерам Hv6 (C) и Hv128 (D). Красным цветом обозначены гомозиготы aa, синим – гомозиготы bb, зелёным – гетерозиготы ab, чёрным – неопределённые реакции и/или контрольные лунки

По маркеру Hv113 генотип aa выявлен у 19 линий, генотип bb – у девяти, а генотип ab – у трёх линий. Для трёх образцов достоверное аллельное состояние определить не удалось. Благоприятный гомозиготный генотип bb присутствовал у 26,5% всей выборки и у 29,0% успешно генотипированных образцов. На графике основные гомозиготные группы были разделены, тогда как малочисленный гетерозиготный кластер занимал промежуточное положение между ними.

Маркер Hv6 характеризовался наиболее равномерным распределением генотипических классов. Генотип aa был установлен у десяти линий, bb – у девяти, ab – у одиннадцати, ещё четыре результата были отнесены к категории x. Доля благоприятного генотипа aa составила 29,4% от общего числа линий и 33,3% среди образцов с достоверным определением генотипа. Высокая представленность гетерозигот свидетельствует о сохраняющейся сегрегации или остаточной гетерозиготности анализируемого селекционного материала по данному локусу.

По маркеру Hv128 преобладал генотип aa, выявленный у 25 линий, или 73,5% выборки. Генотип bb был установлен у шести линий, а ab – у трёх. Неопределённые результаты среди исследуемых образцов отсутствовали. Благоприятный генотип bb составил 17,6%. В совокупности результаты показывают, что среди четырёх представленных маркеров наиболее высокая частота благоприятного гомозиготного состояния наблюдалась по Hv6 и Hv113, тогда как по Hv10 соответствующий вариант встречался единично.

При анализе всех девяти SNP-маркеров наиболее часто благоприятный гомозиготный генотип выявлялся по Hv11 – у 19 линий, или 55,9%. По Hv130 он присутствовал у 13 линий, по Hv6 – у десяти, по Hv113 – у девяти. Более низкая представленность установлена по Hv5 и Hv128 – по шесть линий, Hv122 – пять линий, Hv129 – две линии и Hv10 – одна линия. Эти результаты указывают на неодинаковое распределение потенциально благоприятных аллельных вариантов в исследуемом селекционном материале.

По принятой системе суммарной оценки максимальное число благоприятных гомозиготных генотипов – четыре из девяти – было установлено у линий Карабалыкский 150 × Сауле, Карагандинский 5 × Сауле, Омский 90 × Сабир и Bass × Донецкий 8. По три благоприятных генотипа имели линии Карагандинский 6 × Целинный 30, Карагандинский 5 × 2079 (США), Карагандинский 5 × Одесский 100, Карагандинский 5 × 2198 (США), Челябинец 1 × Астана 2000 и Карабалыкский 150 × Целинный 2005.

Выделенные линии могут рассматриваться как приоритетный материал для последующей фенотипической проверки и маркер-ассоциированного отбора. Вместе с тем суммарное количество благоприятных генотипов следует интерпретировать как предварительный молекулярный индекс, а не как прямое доказательство повышенной урожайности, поскольку вклад отдельных локусов может различаться и зависеть от генетического фона и условий выращивания. Сводные результаты генотипирования 34 образцов ярового ячменя по девяти SNP-маркерам представлены в таблице 3. Из 306 потенциальных определений генотипа достоверно классифицировано 281 (91,8%), тогда как для 25 реакций (8,2%) однозначное определение генотипа оказалось невозможным.

Таблица 3 – Генотипические профили 34 гибридных линий ярового ячменя по девяти SNP-маркерам, ассоциированным с признаками продуктивности

№ п/п	Наименование	Hv5	Hv10	Hv129	Hv6	Hv130	Hv113	Hv122	Hv11	Hv128
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1	Карагандинский 6 x 2496 (США)	bb	aa	bb	ab	bb	bb	bb	bb	aa
2	Донецкий 9 x Целинный 213	bb	aa	bb	ab	x	bb	bb	bb	aa
3	Карагандинский 6 x Целинный 30	bb	aa	ab	ab	aa	bb	bb	bb	aa

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
4	Карагандинский 5 x 2079 (США)	x	aa	bb	bb	aa	bb	bb	bb	aa
5	Карагандинский 5 x Одесский 100	bb	aa	aa	aa	bb	aa	bb	bb	aa
6	Карабалыкский 150 x Сауле	bb	bb	x	x	bb	bb	bb	bb	bb
7	Карагандинский 6 x 2603 (США)	bb	aa	bb	bb	ab	bb	bb	bb	aa
8	Карагандинский 5 x Сабир	x	aa	bb	bb	x	bb	bb	bb	ab
9	Карагандинский 5 x 2198 (США)	bb	ab	bb	ab	aa	ab	bb	bb	bb
10	Карагандинский 5 x Астана 2007	bb	aa	bb	ab	aa	aa	ab	bb	aa
11	Ага x Ауксиний II	bb	aa	ab	aa	x	aa	bb	bb	aa
12	Карабалыкский 150 x 2328 (США)	x	aa	bb	aa	ab	aa	bb	bb	aa
13	Карабалыкский 150 x 2566 (США)	bb	aa	ab	ab	aa	aa	bb	bb	aa
14	Карабалыкский 150 x 2344 (США)	aa	aa	bb	ab	bb	aa	bb	bb	aa
15	Карагандинский 5 x 2081 (США)	x	aa	ab	bb	x	x	x	x	aa
16	Карагандинский 5 x Сыр-Аруы	bb	aa	ab	bb	bb	bb	bb	bb	ab
17	Челябинский 99 x Целинный 5	bb	aa	bb	ab	aa	ab	bb	bb	aa
18	Карагандинский 5 x 2496 (США)	ab	aa	bb	aa	aa	aa	ab	aa	aa
19	Челябинец 1 x Астана 2000	bb	aa	ab	aa	aa	ab	ab	bb	aa
20	Карабалыкский 150 x 2157 (США)	x	aa	ab	x	ab	aa	aa	aa	aa
21	Карагандинский 5 x Тулпар	bb	aa	ab	x	aa	aa	aa	ab	aa
22	Карагандинский 5 x Сауле	aa	aa	aa	aa	ab	aa	aa	aa	aa
23	Карабалыкский 43 x Franklin	aa	aa	bb	bb	ab	aa	ab	ab	aa
24	Омский 90 x Сабир	ab	ab	bb	bb	aa	bb	ab	bb	bb
25	Карагандинский 5 x Гранал	bb	aa	bb	ab	aa	aa	ab	ab	aa
26	Родник x Целинный 93	ab	aa	ab	aa	ab	aa	ab	ab	aa
27	Карабалыкский 150 x 2156	aa	ab	bb	x	ab	aa	ab	aa	bb
28	Целинный голозерный x Медикум 18	ab	aa	ab	aa	aa	aa	ab	aa	aa
29	Карабалыкский 150 x Целинный 2005	ab	aa	ab	aa	aa	aa	aa	aa	aa
30	Bass x Донецкий 8	aa	aa	ab	aa	ab	aa	aa	bb	aa
31	Карабалыкский 150 x Сибирский Авангард	aa	aa	bb	bb	ab	aa	ab	ab	aa
32	Карагандинский 5 x Байшешек	x	ab	bb	bb	x	x	x	x	bb
33	Карагандинский 5 x Инкар	x	aa	bb	ab	bb	x	bb	x	bb
34	Кедр x Целинный 91	bb	aa	ab	ab	ab	aa	ab	aa	ab

Примечание: aa – гомозигота по аллелю 1; bb – гомозигота по аллелю 2; ab – гетерозигота; x – неопределённый результат генотипирования. Обозначение Hv128 следует унифицировать как Hv128.

Распределение генотипических состояний существенно различалось между SNP-маркерами. Гетерозиготные генотипы ab были выявлены по всем исследованным локусам, однако наиболее часто встречались по маркерам Hv129 – у 13 образцов, Hv6 и Hv122 – у 11 образцов по каждому маркеру, а также Hv130 – у 10 образцов. Наличие гетерозиготных состояний может свидетельствовать о сохраняющейся сегрегации исследуемого гибридного материала и различной степени фиксации анализируемых локусов. Вместе с тем окончательная интерпретация гетерозиготности должна учитывать поколение гибридных линий и способ подготовки ДНК – из индивидуального растения или объединённого растительного материала.

Согласно принятой схеме интерпретации, благоприятными гомозиготными состояниями считали генотип aa по маркерам Hv5, Hv6, Hv122, Hv129 и Hv130 и генотип bb по маркерам Hv10, Hv11, Hv113 и Hv128. Гетерозиготные состояния ab при расчёте суммарного показателя не относили к благоприятным гомозиготным вариантам.

Наиболее высокая представленность благоприятного генотипического состояния была установлена по маркеру Hv11: генотип bb выявлен у 19 образцов, что составило 55,9% исследованной выборки. По маркеру Hv130 благоприятный генотип aa обнаружен у 13 образцов, или 38,2%, по Hv6 – у 10 образцов, или 29,4%, а по Hv113 благоприятный генотип bb установлен у девяти образцов, или 26,5%. Благоприятные генотипы по Hv5 и Hv128 присутствовали у шести образцов по каждому маркеру, по Hv122 – у пяти, по Hv129 – у двух. Наиболее редко благоприятное состояние встречалось по маркеру Hv10: генотип bb был выявлен только у одного образца – Карабалыкский 150 × Сауле. Таким образом, исследованные локусы характеризовались неодинаковой частотой благоприятных генотипических вариантов в изученной выборке.

Для интегральной характеристики линий было рассчитано суммарное количество благоприятных гомозиготных состояний по девяти SNP-маркерам. Максимальное значение показателя составило четыре и было установлено у четырёх гибридных линий: Карабалыкский 150 × Сауле, Карагандинский 5 × Сауле, Омский 90 × Сабир и Bass × Донецкий 8. При этом линии различались по составу благоприятных локусов. У образца Карабалыкский 150 × Сауле благоприятные генотипы выявлены по маркерам Hv10, Hv113, Hv11 и Hv128; у Карагандинский 5 × Сауле – по Hv5, Hv129, Hv6 и Hv122; у Омский 90 × Сабир – по Hv130, Hv113, Hv11 и Hv128; у Bass × Донецкий 8 – по Hv5, Hv6, Hv122 и Hv11. Следовательно, одинаковое суммарное значение показателя формировалось за счёт различных комбинаций SNP-локусов.

Следует учитывать, что у линии Карабалыкский 150 × Сауле достоверные результаты были получены по семи из девяти маркеров, тогда как по Hv129 и Hv6 зарегистрированы неопределённые значения. Поэтому её суммарный результат целесообразно представлять как четыре благоприятных состояния среди семи успешно генотипированных локусов. Для остальных трёх лидирующих линий генотипы были определены по всем девяти маркерам.

По три благоприятных гомозиготных состояния выявлено у шести линий: Карагандинский 6 × Целинный 30, Карагандинский 5 × 2079 (США), Карагандинский 5 × Одесский 100, Карагандинский 5 × 2198 (США), Челябинец 1 × Астана 2000 и Карабалыкский 150 × Целинный 2005. У 15 образцов установлено по два благоприятных состояния, у семи – по одному. У линий Карагандинский 5 × 2081 (США) и Кедр × Целинный 91 благоприятные гомозиготные варианты по принятой системе оценки не выявлены. При этом результат для Карагандинский 5 × 2081 (США) необходимо интерпретировать с осторожностью, поскольку по четырём из девяти маркеров были получены неопределённые значения.

Полученные данные демонстрируют межлинейный полиморфизм по исследованным SNP-локусам и позволяют предварительно дифференцировать гибридный материал по числу и сочетанию генотипических вариантов, ранее ассоциированных с признаками продуктивности. Линии с тремя и четырьмя благоприятными гомозиготными состояниями могут рассматриваться как приоритетные кандидаты для последующей фенотипической оценки и дальнейшего селекционного отбора. Вместе с тем выявленные молекулярные профили не являются самостоятельным доказательством повышенной продуктивности. Селекционная ценность выделенных линий должна быть подтверждена данными полевых испытаний, структурой урожая и стабильностью проявления признаков в различных условиях выращивания.

Таким образом, генотипирование с использованием Amplifluor-like SNP-маркеров позволило установить различия между гибридными линиями ярового ячменя по девяти локусам, связанным с формированием продуктивности. На основании числа благоприятных гомозиготных состояний предварительно выделены линии Карабалыкский 150 × Сауле, Карагандинский 5 × Сауле, Омский 90 × Сабир и Bass × Донецкий 8. Полученные результаты могут быть использованы для приоритетного отбора селекционного материала, однако окончательная оценка выделенных генотипов должна проводиться с учётом их фенотипической продуктивности и стабильности признаков в полевых условиях.

Дальнейшая валидация выявленных маркер-признаковых ассоциаций на расширенной выборке позволит повысить эффективность их применения в селекционных программах.

Обсуждение. Полученные результаты демонстрируют возможность применения SNP-генотипирования для предварительной молекулярной оценки селекционного материала ярового ячменя. Продуктивность ячменя представляет собой сложный полигенный количественный признак, формируемый совокупным действием множества генетических локусов и существенно модифицируемый условиями среды и взаимодействием генотипа со средой [10]. В связи с этим анализ отдельных SNP-локусов не может заменить полевую фенотипическую оценку, однако позволяет уже на ранних этапах селекционного процесса дифференцировать линии по маркерным профилям и выделять образцы, содержащие предположительно благоприятные генотипические варианты. Такой подход соответствует принципам маркер-ассоциированного отбора, при котором молекулярные маркеры используются для повышения направленности и эффективности селекции, особенно при работе со сложными полигенными признаками [36].

Интерпретация исследованных SNP-маркеров основывалась на ранее установленных ассоциациях соответствующих локусов с продуктивностью и её отдельными компонентами. Вместе с тем селекционная эффективность маркера определяется не только наличием статистической связи с признаком, но и его физическим расстоянием от функционально значимого гена, устойчивостью маркер-признаковой ассоциации и воспроизводимостью эффекта в конкретном генетическом фоне. Существенное значение имеет также проверка действия соответствующего локуса в определённых агроэкологических условиях. Для ячменя это особенно важно вследствие выраженной зависимости роста, развития и формирования урожая от водообеспеченности, температуры, фазы онтогенеза и происхождения генотипа [37].

Установленное распределение генотипических состояний aa, bb и ab по девяти SNP-маркерам свидетельствует о наличии межлинейного полиморфизма в исследованном гибридном материале. Такой полиморфизм формирует генетическую вариабельность, необходимую для проведения дифференцированного отбора. При этом частота предположительно благоприятных гомозиготных состояний существенно различалась между маркерами. Наиболее часто благоприятный генотип выявлялся по маркеру Hv11: состояние bb было установлено у 19 из 34 образцов. Напротив, по маркеру Hv10 благоприятный генотип bb присутствовал только у одной линии. Данное распределение показывает, что одни маркерные варианты уже широко представлены в исследованном материале, тогда как другие встречаются редко и могут иметь особое значение при подборе родительских форм.

Для комплексной характеристики линий было рассчитано суммарное количество предположительно благоприятных гомозиготных состояний по всем исследованным локусам. Максимальное значение, равное четырём, установлено у линий Карабалыкский 150 × Сауле, Карагандинский 5 × Сауле, Омский 90 × Сабир и Bass × Донецкий 8. Ещё у шести линий выявлено по три благоприятных состояния. Эти генотипы могут быть отнесены к приоритетной группе для последующей фенотипической проверки. Вместе с тем одинаковое суммарное количество благоприятных состояний формировалось за счёт разных сочетаний SNP-локусов, поэтому выделенные линии не являются генетически эквивалентными. Кроме того, простое суммирование благоприятных состояний не доказывает аддитивного или синергического действия соответствующих локусов. Для подтверждения эффекта их сочетаний необходимо сопоставление маркерных данных с количественными показателями продуктивности. Гетерозиготные генотипы ab в выполненном расчёте не включались в число благоприятных гомозиготных состояний, поэтому полученный показатель характеризует степень фиксации соответствующих маркерных вариантов, а не общее количество благоприятных аллелей в геноме.

Полученные результаты согласуются с данными исследований, выполненных на казахстанском селекционном материале ячменя. При валидации KASP-маркеров на перспективных двухрядных линиях, выращенных в условиях юго-востока Казахстана, было

показано, что часть маркеров, разработанных на основании результатов GWAS, сохраняла статистически значимые связи с признаками адаптивности и продуктивности. Вместе с тем подтверждение таких ассоциаций зависело от состава исследуемой коллекции и условий испытания [38]. Аналогичная закономерность была установлена при исследовании шестирядных линий ячменя казахстанской селекции: из 21 проанализированного KASP-маркера полиморфными в данной выборке оказались только семь, что подтверждает зависимость информативности маркеров от генетической структуры исследуемого материала [39]. Следовательно, SNP-маркеры, ранее ассоциированные с агрономическими признаками, требуют локальной валидации до их широкого применения в практической селекции.

Использованная панель из девяти SNP-маркеров имеет практическое значение для предварительного скрининга гибридных линий, однако охватывает только ограниченную часть генетической архитектуры продуктивности ячменя. Признаки колоса, масса зерна и итоговая урожайность контролируются многочисленными локусами, распределёнными по разным хромосомам. Эффект отдельных QTL может изменяться в зависимости от генетического фона, условий выращивания и взаимодействия с другими локусами. Современное картирование признаков колоса подтверждает наличие большого числа QTL, различающихся по величине и стабильности эффекта, причём только часть из них воспроизводится в нескольких средах и может рассматриваться как перспективная для практической селекции [40].

В связи с этим результаты настоящего исследования следует рассматривать как основу для последующей многоэтапной оценки перспективных линий. Для подтверждения селекционной значимости выявленных генотипических состояний необходимо сопоставить результаты SNP-генотипирования с полевыми данными по массе 1000 зёрен, числу зёрен в колосе, длине колоса, массе зерна с растения и урожайности. Особое значение имеет проведение испытаний в нескольких агроэкологических условиях, поскольку отдельные локусы могут проявлять неодинаковый эффект в зависимости от температуры, влагообеспеченности, сроков посева и других факторов среды. Исследования европейских коллекций двухрядного ярового ячменя показали, что сочетание высокоплотного генотипирования с данными многолетних и многосредовых полевых испытаний позволяет выявлять стабильные локусы количественных признаков (QTL), а также учитывать влияние взаимодействия генотипа и среды при оценке урожайности, массы зерна и продолжительности вегетационного периода [41].

Таким образом, проведённое исследование подтверждает аналитическую пригодность технологии Amplifluor-like для определения аллельного состояния SNP-локусов и демонстрирует её практическую ценность для предварительной молекулярной дифференциации гибридного материала ярового ячменя. Основным результатом является выявление линий, сочетающих несколько предположительно благоприятных гомозиготных состояний по маркерам, ранее ассоциированным с продуктивностью и её компонентами. Линии Карабалыкский 150 × Сауле, Карагандинский 5 × Сауле, Омский 90 × Сабир и Bass × Донецкий 8 могут быть рекомендованы для приоритетной полевой проверки и дальнейшего использования в селекционной работе. Однако их повышенная продуктивность должна быть подтверждена фенотипическими данными и устойчивостью проявления признаков в различных условиях выращивания. Расширение панели молекулярных маркеров, проведение многолетних и многосредовых испытаний, а также локальная валидация ассоциаций между молекулярными маркерами и хозяйственно ценными признаками позволят повысить точность маркер-ассоциированной селекции и обоснованность использования выделенных линий при создании высокопродуктивных сортов ярового ячменя, адаптированных к почвенно-климатическим условиям Казахстана.

Заключение. Проведённое исследование показало возможность использования Amplifluor-like SNP-маркеров для предварительного молекулярного скрининга гибридных линий ярового ячменя и выявления генотипов, сочетающих несколько предположительно благоприятных маркерных вариантов, связанных с продуктивностью. Наибольший

селекционный интерес представляют линии Карабалыкский 150 × Сауле, Карагандинский 5 × Сауле, Омский 90 × Сабир и Bass × Донецкий 8, у которых установлено по четыре благоприятных гомозиготных состояния. Вместе с тем результаты следует рассматривать как предварительные, поскольку использованная панель из девяти SNP-маркеров охватывает лишь ограниченную часть полигенной архитектуры продуктивности, а наличие благоприятного генотипа не является прямым доказательством повышенной урожайности. Основными ограничениями исследования являются относительно небольшой объём выборки, получение неоднозначных результатов генотипирования по отдельным SNP-локусам и отсутствие статистически подтверждённых ассоциаций между выявленными генотипами и фенотипическими показателями продуктивности растений. Перспективы дальнейших исследований связаны с расширением панели молекулярных маркеров, повторным генотипированием исследуемого материала, проведением многолетних и многофакторных полевых испытаний, а также комплексным анализом ассоциаций SNP-вариантов с урожайностью и её структурными элементами. Это позволит подтвердить селекционную ценность выделенных линий, повысить точность маркер-ассоциированной селекции и эффективность создания высокопродуктивных сортов ярового ячменя, адаптированных к почвенно-климатическим условиям Казахстана.

Финансирование. Работа выполнена в рамках программно-целевого финансирования (ПЦФ) Министерства образования и науки РК на 2024-2026 гг. BR24992903 «Практическое внедрение современных молекулярно-генетических, физиолого-биохимических, биотехнологических методов и цифрового фенотипирования в селекцию экономически значимых сельскохозяйственных культур».

Литературы:

- [1] **Badr, A.**, El-Shazly H.H., Mahdy M., Schierenbeck M., Helmi R.Y., Börner A., Youssef H.M. GWAS identifies novel loci linked to seedling growth traits in highly diverse barley population under drought stress // Scientific Reports. – 2025. – Vol. 15. – Article 10085. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-025-94175-y>
- [2] **Goche, T.**, Mavindidze P., Zenda T. Advances in Functional Genomics for Exploding Abiotic Stress Tolerance Mechanisms in Cereals // Plants. – 2025. – Vol. 14, № 16. – Article 2459. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants14162459>
- [3] **Palmgren, M.**, Shabala S. Adapting crops for climate change: regaining lost abiotic stress tolerance in crops // Frontiers in Science. – 2024. – Vol. 2. – Article 1416023. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fsci.2024.1416023>
- [4] **Slawin, C.**, Ajayi O., Mahalingam R. Association mapping unravels the genetic basis for drought-related traits in different developmental stages of barley // Scientific Reports. – 2024. – Vol. 14. – Article 25121. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-024-73618-y>
- [5] **Jiang, C.**, Kan J., Gao G., Dockter C., Li C., Wu W., Yang P., Stein N. Barley2035: A decadal vision for barley research and breeding // Molecular Plant. – 2025. – Vol. 18, № 2. – P. 195-218. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2024.12.009>
- [6] **Kaur, A.**, Purewa; S.S., Phimolsiripol Y., Punia Bangar S. Unraveling the Hidden Potential of Barley (*Hordeum Vulgare*): An Important Review // Plants. – 2024. – Vol. 13, № 17. – Article 2421. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants13172421>
- [7] **Lukinac, J.**, Jukić M. Barley in the Production of Cereal-Based Product // Plants. – 2022. – Vol. 11, № 24. – Article 3519. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants11243519>
- [8] **Mascher, M.**, Gundlach H., Himmelbach A., Beier S., Twardziok S.O., Wicker T. et al. A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome // Nature. – 2017. – Vol. 544, № 7651. – P. 427-433. – DOI: <https://doi.org/10.1038/nature22043>
- [9] **Tokhetova, L.A.**, Toktamysov A.M., Baimbetova G.Z., Tauipbaev S.T., Umbetov U., Dosmanbetov D., Snassapova G., Zhanzakov M.M. Inheritance and selection efficiency in hybrid populations of spring barley (*Hordeum Vulgare* L.) under greenhouse conditions // SABRAO Journal of Breeding and Genetics. – 2025. – Vol. 57, № 2. – P. 423-434. – DOI: <https://doi.org/10.54910/sabao2025.57.2.3>
- [10] **Genievskaya, Y.**, Abdugalieva S., Turuspekov Y. Identification of QTLs associated with grain

- yield-related traits of spring barley // BMS Olant Biology. – 2025. – Vol. 25. – Article 554. – DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06588-6>
- [11] **Chen, B.**, Hou Y., Huo Y., Zeng Z., Hu D., Mao X., Zhong C., Xu Y., Tnag X., Gao X., Ma J., Cheng G. QTL Mapping of Yield, Agronomic, and Nitrogen-Related Traits in Barley (*Hordeum vulgare* L.) under Low Nitrogen and Normal Nitrogen Treatments // Plants. – 2024. – Vol. 13, № 15. – Article 2137. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants13152137>
- [12] **Halpin-McCormick, A.**, Campbell Q., Negrão S., Morrell P.L., Hübner S., Neyhart J.L., Kantar M.B. Enviromental genomic selection to leverage polygenic local adaptation in barley landraces // Communication Biology. – 2025. – Vol. 8. – Article 618. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s42003-025-08045-4>
- [13] **Jayakobi, M.**, Lu Q., Pidom H., Rabanus-Wallace M.T., Bayer M., Lux T., Guo Y. et al. Structural variation in the pangenome of wild and domesticated barley // Nature. – 2024. – Vol. 636, № 8043. – P. 654-662. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08187-1>
- [14] **Du, B.**, Wu J., Wang Q., Sun C., Sun G., Zhou J., Zhang L., Xiong Q., Ren X., Lu B. Genome-wide screening of meta-QTL and candidate genes controlling yield and yield-related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) // PLOS ONE. – 2024. – Vol. 19, № 5. – Article e0303751. – DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0303751>
- [15] **Comadran, J.**, Kilian B., Russell J., Ramsay L., Stein N., Ganal M., Shaw P., Bayer M., Thomas W., Marshall D., Hedley P., Tondelli A., Pecchioni N., Francia E., Korzun V., Walther A., Waugh R. Natural variation in a homolog of Antirrhinum CENTRORADIALIS contributed to spring growth habit and environmental adaptation in cultivated barley // Nature Genetics. – 2012. – Vol. 44. – P. 1388-1392. – DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.2447>
- [16] **Bayer, M.M.**, Rapazote-Flores P., Ganal M., Hedley P.E., Macaulay M., Plieske J., Ramsay L., Russell J., Shaw P.D., Thomas W.T.B., Waugh R. Development and Evaluation of a Barley 50k iSelect SNP Array // Frontiers in Plant Science. – 2017. – Vol. 8. – Article 1792. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01792>
- [17] **Jayakodi, M.**, Padmarasu S., Haberer G., Bonthala V.S., Gundlach H., Monat C., Lux T., Kamal N., Lang D., Himmelbach A. et al. The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding // Nature. – 2020. – Vol. 588, № 7837. – P. 284-289. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8>
- [18] **Ogrodowicz, P.**, Mikolajczak K., Kempa M., Mokrzycka M., Krajewski P., Kuczyńska A. Genome-wide association study of agronomical and root-related traits in spring barley collection grown under field conditions // Frontiers in Plant Science. – 2023. – Vol. 14. – Article 1077631. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1077631>
- [19] **Xu, X.**, Sharma R., Tondelli A., Russell L., Comadran J., Pillen K., Schnaithmann F., Kilian B., Cattivelli L., Thomas W.T.B., Flavell A.J. Genome-wide association analysis of grain yield-associated traits in a pan-European barley cultivar collection // The Plant Genome. – 2018. – Vol. 11, № 1. – Article 170073. – P. 1-11. – DOI: <https://doi.org/10.3838/plantgenome2017.08.0073>
- [20] **Almerekova, S.**, Genievskaya Y., Abdugalieva S., Sato K., Turuspekov Y. Population Structure and Genetic Diversity of Two-Rowed Barley Accessions from Kazakhstan Based on SNP Genotyping Data // Plants. – 2021. – Vol. 10, № 10. – Article 2025. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants10102025>
- [21] **Genievskaya, Y.**, Almerekova S., Abugalieva S., Abugalieva A., Sato K., Turuspekov Y. Identification of SNPs Associated with Grain Quality Traits in Spring Barley Collection Grown in Southeastern Kazakhstan // Agronomy. – 2023. – Vol. 13, № 6. – Article 1560. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy13061560>
- [22] **Genievskaya, Y.**, Chudinov V., Abugalieva S., Turuspekov Y. Novel QTL Hotspots for Barley Flowering Time, Plant Architecture, and Grain Yield // Agronomy. – 2024. – Vol. 14, № 7. – Article 1560. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy14071478>
- [23] **Sharma, R.**, Draicchio F., Bull H., Herzig P., Maurer A., Pillen K., Thomas W.T.B., Flavell A.J. Genome-wide association of yield traits in a nested association mapping population of barley reveals new gene diversity for future breeding // Journal of Experimental Botany. – 2018. – Vol. 69, № 16. – P3811-3822 – DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/ery178>
- [24] **Nice, L.M.**, Steffenson B.J., Blake T.K., Horsley R.D., Smith K.P., Muehlbauer G.J. Mapping agronomic traits in a wild barley advanced backcross nested association mapping population // Crop Science. – 2017. – Vol. 57, № 3. – P. 1199-1210. – DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.10.0850>
- [25] **Chen, T.**, Cui P., Chen H., Ali S., Zhang S., Xiong L. A KH-Domain RNA-Binding Protein Interacts with FIERY2/CTD Phosphatase-Like 1 and Splicing Factors and Is Important for Pre-mRNA

- Splicing in Arabidopsis // PLOS Genetics. – 2013. – Vol. 9, № 10. – Article e1003875. – DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003875>
- [26] **Slakeski, N.**, Fincher G.B., Developmental Regulation of (1→3, 1→4)- β-Glucanase Gene Expression in Barley: Tissue-Specific Expression of Individual Isoenzymes // Plant Physiology. – 1992. – Vol. 99, № 3. – P. 1226-1231. – DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.99.3.1226>
- [27] **Betts, N.S.**, Wilkinson L.G., Khor S.F., Shirley N.J., Lok F., Skadhauge B., Burton R.A., Fincher G.B., Collins H.M. Morphology, Carbohydrate Distribution, Gene Expression, and Enzymatic Activities Related to Cell Wall Hydrolysis in Four Barley Varieties during Simulated Malting // Frontiers in Plant Science. – 2017. – Vol. 8. – Article 1872. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01872>
- [28] **Avila-Ospina, L.**, Marmagne A., Soulay F., Masclaux-Daubresse C. Identification of Barley (*Hordeum vulgare* L.) Autophagy Genes and Their Expression Levels during Leaf Senescence, Chronic Nitrogen Limitation and in Response to Dark Exposure // Agronomy. – 2016. – Vol. 6 № 1. – Article 15. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy6010015>
- [29] **Bethke, G.**, Huang Y., Hensel G., Heinen S., Liu C., Wyant S.R., Li X., Quin M.B., McCormick S., Morrell P.L., Dong Y., Kumlehn J., Salvi S., Berthiller F., Muehlbauer G.J. UDP-glucosyltransferase HvUGT13248 confers type II resistance to Fusarium graminearum in barley // Plant Physiology. – 2023. – Vol. 193, № 4. – P. 2691-2710. – DOI: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiad467>
- [30] **Baidyussen, A.**, Jatayev S., Khassanova G., Amantayev B., Sereda G., Sereda S., Gupta N.K., Gupta S., Schramm C., Anderson P., Jenkins C.L.D., Soole K.L., Langridge P., Shavrukov Y. Expression of Specific Alleles of Zinc-Finger Transcription Factors, HvSAP8 and HvSAP16, and Corresponding SNP Markers, Are Associated with Drought Tolerance in Barley Populations // International Journal of Molecular Sciences. – 2021. – Vol. 22, № 22. – Article 12156. – DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms222212156>
- [31] **Genievskaya, Y.**, Almerikova S., Abdugalieva S., Chudinov V., Blake T., Abdugalieva A., Turuspekov Y. Identification of SNP markers associated with grain quality traits in barley collection (*Hordeum vulgare* L.) harvested in Kazakhstan // Agronomy. – 2022. – Vol. 12. – No. 10. – Article 2431. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12102431>
- [32] **Saghai-Marooif, M.A.**, Soliman K.M., Jorgensen R.A., Allard R.W., Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. – 1984. – Vol. 81. – No. 24. – P. 8014-8018. – DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.81.24.8014>
- [33] **Doyle, J.J.**, Doyle J.L., A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue // Phytochemical Bulletin. – 1987. – Vol. 19. – No. 1. – P. 11-15.
- [34] **Zotova, L.**, Khassanova G., Serikbay D., Zhubatkanov A., Botayeva M., Zhumalin A., Turbekova A., Soole K., Langridge P., Shavrukov Y. Advantages of Amplifluor-like SNP markers over KASP in plant genotyping // BMC Plant Biology. – 2017. – Vol. 17. – Suppl. 2. – Article 254. – DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1197-x>.
- [35] **Зотова Л.П.**, Гаджимурадова А.М., Жумалин А.Х., Серікбай Д.А., Балтабеков М.Б. Анализ генотипов яровой мягкой пшеницы на наличие высокоэффективных SNP-полиморфизмов в генах продуктивности ТаРРН-7А и 1-ФЕН W3 // Вестник Кызылординского университета имени Коркыт Ата. – 2025. – № 3 (74). – С. 74-81. – DOI: <https://doi.org/10.52081/bkaku.2025.v.i3.286>
- [36] **Kumar, R.**, Das S.P., Choudhury B.U., Kumar A., Prakash N.R., Verma R. et al. Advances in genomic tools for plant breeding: harnessing DNA molecular markers, genomic selection, and genome editing // Biological Research. – 2024. – Vol. 57. – Article 80. – DOI: <https://doi.org/10.1186/s40659-024-00562-6>
- [37] **Baidyussen, A.**, Khassanova G., Utebayev M., Jatayev S., Kushanova R., Khalbayeva S., Amangeldiyeva A., Yezhebayeva R., Bulatova K., Schramm C., Anderson P., Jenkins C.L.D., Soole K.L., Shavrukov Y. Assessment of molecular markers and marker-assisted selection for drought tolerance in barley (*Hordeum vulgare* L.) // Journal of Integrative Agriculture. – 2024. – Vol. 23. – No. 1. – P. 20-38. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jia.2023.06.012>
- [38] **Genievskaya Y.**, Almerikova S., Chudinov V., Turuspekov Y., Abdugalieva S. Validation of KASP assays associated with barley adaptation and productivity traits // Eurasian Journal of Applied Biotechnology. – 2022. – No. 3. – P. 64-74. – DOI: <https://doi.org/10.11134/btp.3.2022.8>
- [39] **Amalova, A.**, Genievskaya Y., Abdugalieva S., Chudinov V., Turuspekov Y. Validation of marker-trait associations in six-rowed barley lines bred in Kazakhstan // Eurasian Journal of Applied Biotechnology. – 2022. – No. 4 – P. 40-48. – DOI: <https://doi.org/10.11134/btp.4.2022.5>
- [40] **Wang, X.**, Chen J., Cao Q., Wang C., Sun G., Ren X. QTL Identification and Candidates Gene Prediction for Spike-Related Traits in Barley // Agronomy. – 2025. – Vol. 138. – Article 1185. – DOI:

<https://doi.org/10.3390/agronomy15051185>

[41] **Montardit-Tarda, F.**, Casas A.M., Thomas W.T.B., Schnaithmann F., Sharma R., Shaaf S., Campoli C., Russell J., Ramsay L., Bayer M.M., Delbono S., Laaskelainen M., Paul M., Stoddard F.L., Visioni A., Flavell A.J., Pillen K., Kilian B., Graner A., Rossini L., Waugh R., Cattivelli L., Schulman A.H., Tondelli A., Igartua E. New loci and candidate genes in spring two-rowed barley detected through meta-analysis of a field trial European network // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2025. – Vol. 138. – Article 158. – DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-025-04934-8>

References:

[1] **Badr, A.**, El-Shazly H.H., Mahdy M., Schierenbeck M., Helmi R.Y., Börner A., Youssef H.M. GWAS identifies novel loci linked to seedling growth traits in highly diverse barley population under drought stress // *Scientific Reports*. – 2025. – Vol. 15. – Article 10085. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-025-94175-y>

[2] **Goche, T.**, Mavindidze P., Zenda T. Advances in Functional Genomics for Exploding Abiotic Stress Tolerance Mechanisms in Cereals // *Plants*. – 2025. – Vol. 14, № 16. – Article 2459. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants14162459>

[3] **Palmgren, M.**, Shabala S. Adapting crops for climate change: regaining lost abiotic stress tolerance in crops // *Frontiers in Science*. – 2024. – Vol. 2. – Article 1416023. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fsci.2024.1416023>

[4] **Slawin, C.**, Ajayi O., Mahalingam R. Association mapping unravels the genetic basis for drought-related traits in different developmental stages of barley // *Scientific Reports*. – 2024. – Vol. 14. – Article 25121. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-024-73618-y>.

[5] **Jiang, C.**, Kan J., Gao G., Docckter C., Li C., Wu W., Yang P., Stein N. Barley2035: A decadal vision for barley research and breeding // *Molecular Plant*. – 2025. – Vol. 18, № 2. – P. 195-218. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2024.12.009>.

[6] **Kaur, A.**, Purewa; S.S., Phimolsiripol Y., Punia Bangar S. Unraveling the Hidden Potential of Barley (*Hordeum Vulgare*): An Important Review // *Plants*. – 2024. – Vol. 13, № 17. – Article 2421. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants13172421>.

[7] **Lukinac, J.**, Jukić M. Barley in the Production of Cereal-Based Product // *Plants*. – 2022. – Vol. 11, № 24. – Article 3519. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants11243519>.

[8] **Mascher, M.**, Gundlach H., Himmelbach A., Beier S., Twardziok S.O., Wicker T. et al. A chromosome conformation capture ordered sequence of the barley genome // *Nature*. – 2017. – Vol. 544, № 7651. – P. 427-433. – DOI: <https://doi.org/10.1038/nature22043>.

[9] **Tokhetova, L.A.**, Toktamysov A.M., Baimbetova G.Z., Tauipbaev S.T., Umbetov U., Dosmanbetov D., Snassapova G., Zhanzakov M.M. Inheritance and selection efficiency in hybrid populations of spring barley (*Hordeum Vulgare* L.) under greenhouse conditions // *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*. – 2025. – Vol. 57, № 2. – P. 423-434. – DOI: <https://doi.org/10.54910/sabrao2025.57.2.3>.

[10] **Genievskaya, Y.**, Abdugalieva S., Turuspekoy Y. Identification of QTLs associated with grain yield-related traits of spring barley // *BMS Plant Biology*. – 2025. – Vol. 25. – Article 554. – DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06588-6>.

[11] **Chen, B.**, Hou Y., Huo Y., Zeng Z., Hu D., Mao X., Zhong C., Xu Y., Tnag X., Gao X., Ma J., Cheng G. QTL Mapping of Yield, Agronomic, and Nitrogen-Related Traits in Barley (*Hordeum vulgare* L.) under Low Nitrogen and Normal Nitrogen Treatments // *Plants*. – 2024. – Vol. 13, № 15. – Article 2137. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants13152137>.

[12] **Halpin-McCormick, A.**, Campbell Q., Negrão S., Morrell P.L., Hübner S., Neyhart J.L., Kantar M.B. Environmental genomic selection to leverage polygenic local adaptation in barley landraces // *Communication Biology*. – 2025. – Vol. 8. – Article 618. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s42003-025-08045-4>.

[13] **Jayakobi, M.**, Lu Q., Pidom H., Rabanus-Wallace M.T., Bayer M., Lux T., Guo Y. et al. Structural variation in the pangenome of wild and domesticated barley // *Nature*. – 2024. – Vol. 636, № 8043. – P. 654-662. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-024-08187-1>

[14] **Du, B.**, Wu J., Wang Q., Sun C., Sun G., Zhou J., Zhang L., Xiong Q., Ren X., Lu B. Genome-wide screening of meta-QTL and candidate genes controlling yield and yield-related traits in barley (*Hordeum vulgare* L.) // *PLOS ONE*. – 2024. – Vol. 19, № 5. – Article e0303751. – DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0303751>

- [15] **Comadran, J.**, Kilian B., Russell J., Ramsay L., Stein N., Ganal M., Shaw P., Bayer M., Thomas W., Marshall D., Hedley P., Tondelli A., Pecchioni N., Francia E., Korzun V., Walther A., Waugh R. Natural variation in a homolog of *Antirrhinum CENTRORADIALIS* contributed to spring growth habit and environmental adaptation in cultivated barley // *Nature Genetics*. – 2012. – Vol. 44. – P. 1388-1392. – DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.2447>.
- [16] **Bayer, M.M.**, Rapazote-Flores P., Ganal M., Hedley P.E., Macaulay M., Plieske J., Ramsay L., Russell J., Shaw P.D., Thomas W.T.B., Waugh R. Development and Evaluation of a Barley 50k iSelect SNP Array // *Frontiers in Plant Science*. – 2017. – Vol. 8. – Article 1792. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01792>.
- [17] **Jayakodi, M.**, Padmarasu S., Haberer G., Bonthala V.S., Gundlach H., Monat C., Lux T., Kamal N., Lang D., Himmelbach A. et al. The barley pan-genome reveals the hidden legacy of mutation breeding // *Nature*. – 2020. – Vol. 588, № 7837. – P. 284-289. – DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2947-8>.
- [18] **Ogrodowicz, P.**, Mikolajczak K., Kempa M., Mokrzycka M., Krajewski P., Kuczyńska A. Genome-wide association study of agronomical and root-related traits in spring barley collection grown under field conditions // *Frontiers in Plant Science*. – 2023. – Vol. 14. – Article 1077631. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1077631>.
- [19] **Xu, X.**, Sharma R., Tondelli A., Russell L., Comadran J., Pillen K., Schnaithmann F., Kilian B., Cattivelli L., Thomas W.T.B., Flavell A.J. Genome-wide association analysis of grain yield-associated traits in a pan-European barley cultivar collection // *The Plant Genome*. – 2018. – Vol. 11, № 1. – Article 170073. – P. 1-11. – DOI: <https://doi.org/10.3838/plantgenome2017.08.0073>.
- [20] **Almerekova, S.**, Genievskaya Y., Abdugalieva S., Sato K., Turuspekov Y. Population Structure and Genetic Diversity of Two-Rowed Barley Accessions from Kazakhstan Based on SNP Genotyping Data // *Plants*. – 2021. – Vol. 10, № 10. – Article 2025. – DOI: <https://doi.org/10.3390/plants10102025>.
- [21] **Genievskaya, Y.**, Almerekova S., Abugalieva S., Abugalieva A., Sato K., Turuspekov Y. Identification of SNPs Associated with Grain Quality Traits in Spring Barley Collection Grown in Southeastern Kazakhstan // *Agronomy*. – 2023. – Vol. 13, № 6. – Article 1560. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy13061560>.
- [22] **Genievskaya, Y.**, Chudinov V., Abugalieva S., Turuspekov Y. Novel QTL Hotspots for Barley Flowering Time, Plant Architecture, and Grain Yield // *Agronomy*. – 2024. – Vol. 14, № 7. – Article 1560. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy14071478>.
- [23] **Sharma, R.**, Draicchio F., Bull H., Herzig P., Maurer A., Pillen K., Thomas W.T.B., Flavell A.J. Genome-wide association of yield traits in a nested association mapping population of barley reveals new gene diversity for future breeding // *Journal of Experimental Botany*. – 2018. – Vol. 69, № 16. – P3811-3822 – DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/ery178>.
- [24] **Nice, L.M.**, Steffenson B.J., Blake T.K., Horsley R.D., Smith K.P., Muehlbauer G.J. Mapping agronomic traits in a wild barley advanced backcross nested association mapping population // *Crop Science*. – 2017. – Vol. 57, № 3. – P. 1199-1210. – DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.10.0850>.
- [25] **Chen, T.**, Cui P., Chen H., Ali S., Zhang S., Xiong L. A KH-Domain RNA-Binding Protein Interacts with FIERY2/CTD Phosphatase-Like 1 and Splicing Factors and Is Important for Pre-mRNA Splicing in Arabidopsis // *PLOS Genetics*. – 2013. – Vol. 9, № 10. – Article e1003875. – DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003875>
- [26] **Slakeski, N.**, Fincher G.B., Developmental Regulation of (1→3, 1→4)- β -Glucanase Gene Expression in Barley: Tissue-Specific Expression of Individual Isoenzymes // *Plant Physiology*. – 1992. – Vol. 99, № 3. – P. 1226-1231. – DOI: <https://doi.org/10.1104/pp.99.3.1226>.
- [27] **Betts, N.S.**, Wilkinson L.G., Khor S.F., Shirley N.J., Lok F., Skadhauge B., Burton R.A., Fincher G.B., Collins H.M. Morphology, Carbohydrate Distribution, Gene Expression, and Enzymatic Activities Related to Cell Wall Hydrolysis in Four Barley Varieties during Simulated Malting // *Frontiers in Plant Science*. – 2017. – Vol. 8. – Article 1872. – DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01872>
- [28] **Avila-Ospina, L.**, Marmagne A., Soulay F., Masclaux-Daubresse C. Identification of Barley (*Hordeum vulgare* L.) Autophagy Genes and Their Expression Levels during Leaf Senescence, Chronic Nitrogen Limitation and in Response to Dark Exposure // *Agronomy*. – 2016. – Vol. 6 № 1. – Article 15. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy6010015>.
- [29] **Bethke, G.**, Huang Y., Hensel G., Heinen S., Liu C., Wyant S.R., Li X., Quin M.B., McCormick S., Morrell P.L., Dong Y., Kumlehn J., Salvi S., Berthiller F., Muehlbauer G.J. UDP-glucosyltransferase HvUGT13248 confers type II resistance to *Fusarium graminearum* in barley // *Plant Physiology*. – 2023. – Vol. 193, № 4. – P. 2691-2710. – DOI: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiad467>.

- [30] **Baidyussen, A.**, Jatayev S., Khassanova G., Amantayev B., Sereda G., Sereda S., Gupta N.K., Gupta S., Schramm C., Anderson P., Jenkins C.L.D., Soole K.L., Langridge P., Shavrukov Y. Expression of Specific Alleles of Zinc-Finger Transcription Factors, HvSAP8 and HvSAP16, and Corresponding SNP Markers, Are Associated with Drought Tolerance in Barley Populations // *International Journal of Molecular Sciences*. – 2021. – Vol. 22, № 22. – Article 12156. – DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms222212156>.
- [31] **Genievskaya, Y.**, Almerikova S., Abdugalieva S., Chudinov V., Blake T., Abdugalieva A., Turuspekov Y. Identification of SNP markers associated with grain quality traits in barley collection (*Hordeum vulgare L.*) harvested in Kazakhstan // *Agronomy*. – 2022. – Vol. 12. – No. 10. – Article 2431. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12102431>.
- [32] **Saghai-Maroo, M.A.**, Soliman K.M., Jorgensen R.A., Allard R.W., Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. – 1984. – Vol. 81. – No. 24. – P. 8014-8018. – DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.81.24.8014>.
- [33] **Doyle, J.J.**, Doyle J.L., A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue // *Phytochemical Bulletin*. – 1987. – Vol. 19. – No. 1. – P. 11-15.
- [34] **Zotova, L.**, Khassanova G., Serikbay D., Zhubatkanov A., Botayeva M., Zhumalin A., Turbekova A., Soole K., Langridge P., Shavrukov Y. Advantages of Amplifluor-like SNP markers over KASP in plant genotyping // *BMC Plant Biology*. – 2017. – Vol. 17. – Suppl. 2. – Article 254. – DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1197-x>.
- [35] **Zotova, L.P.**, Gajimuradova A.M., Zhumalin A.Kh., Serikbay D.A., Baltabekov M.B. Analiz genotipov yarovoi myagkoi pshenitsy na nalichie vysokoeffektivnykh SNP polimorfizmov v genakh produktivnosti TaPPH-7A I 1FEH W3 // *Vestnik Kyzylordinskogo universiteta imeni Korkyt Ata*. – 2025. – No. 3 (74). – P. 74-81. – DOI: <https://doi.org/10.52081/bkaku.2025.v74.i3.286> [in Russian]
- [36] **Kumar, R.**, Das S.P., Choudhury B.U., Kumar A., Prakash N.R., Verma R. et al. Advances in genomic tools for plant breeding: harnessing DNA molecular markers, genomic selection, and genome editing // *Biological Research*. – 2024. – Vol. 57. – Article 80. – DOI: <https://doi.org/10.1186/s40659-024-00562-6>.
- [37] **Baidyussen, A.**, Khassanova G., Utebayev M., Jatayev S., Kushanova R., Khalbayeva S., Amangeldiyeva A., Yezhebayeva R., Bulatova K., Schramm C., Anderson P., Jenkins C.L.D., Soole K.L., Shavrukov Y. Assessment of molecular markers and marker-assisted selection for drought tolerance in barley (*Hordeum vulgare L.*) // *Journal of Integrative Agriculture*. – 2024. – Vol. 23. – No. 1. – P. 20-38. – DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jia.2023.06.012>.
- [38] **Genievskaya Y.**, Almerikova S., Chudinov V., Turuspekov Y., Abdugalieva S. Validation of KASP assays associated with barley adaptation and productivity traits // *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*. – 2022. – No. 3. – P. 64-74. – DOI: <https://doi.org/10.11134/btp.3.2022.8>.
- [39] **Amalova, A.**, Genievskaya Y., Abdugalieva S., Chudinov V., Turuspekov Y. Validation of marker-trait associations in six-rowed barley lines bred in Kazakhstan // *Eurasian Journal of Applied Biotechnology*. – 2022. – No. 4 – P. 40-48. – DOI: <https://doi.org/10.11134/btp.4.2022.5>.
- [40] **Wang, X.**, Chen J., Cao Q., Wang C., Sun G., Ren X. QTL Identification and Candidates Gene Prediction for Spike-Related Traits in Barley // *Agronomy*. – 2025. – Vol. 138. – Article 1185. – DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy15051185>.
- [41] **Montardit-Tarda, F.**, Casas A.M., Thomas W.T.B., Schnaithmann F., Sharma R., Shaaf S., Campoli C., Russell J., Ramsay L., Bayer M.M., Delbono S., Laaskelainen M., Paul M., Stoddard F.L., Visioni A., Flavell A.J., Pillen K., Kilian B., Graner A., Rossini L., Waugh R., Cattivelli L., Schulman A.H., Tondelli A., Igartua E. New loci and candidate genes in spring two-rowed barley detected through meta-analysis of a field trial European network // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2025. – Vol. 138. – Article 158. – DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-025-04934-8>.

АРПАНЫҢ НЕГІЗГІ РЕТТЕУШІ ГЕНДЕРІНІҢ SNP-МАРКЕРЛЕРІ МАСАҚТЫҢ ӨНІМДІЛІГІ ЖОҒАРЫ ГЕНОТИПТЕРІН ІРІКТЕУ ҚҰРАЛЫ РЕТІНДЕ

Зотова Л.П., PhD, қауымдастырылған профессоры

Саутбаев Ж.О., 7M08111 «Агробиотехнология» білім беру бағдарламасының 1-курс магистранты

Нұралов А.С., 8D08101 «Ауыл шаруашылық дақылдарының генетика және селекциясы»
мамандығының 3-курс докторанты

Аңдатпа. Климаттың өзгеруі, қуаңшылықтың күшеюі және агроэкологиялық жағдайлардың тұрақсыздығы жағдайында өнімділік пен бейімделу әлеуетіне байланысты молекулалық маркерлерді анықтау ерекше өзектілікке ие болып отыр. Арпа (*Hordeum vulgare* L.) – жоғары экологиялық икемділігімен, қысқа вегетациялық кезеңімен және елеулі генетикалық әртүрлілігімен сипатталатын маңызды астық дақылдарының бірі. Зерттеудің мақсаты өнімділік белгілерімен бұрын байланыстырылған тоғыз SNP-маркер (Hv5, Hv10, Hv129, Hv6, Hv130, Hv113, Hv122, Hv11 және Hv128) бойынша жаздық арпаның 34 будандық желісіне молекулалық-генетикалық бағалау жүргізу болды. Генотиптеу аллельге тән амплификация мен генотиптердің флуоресценттік ажыратылуын қамтамасыз ететін Amplifluor-like SNP технологиясын қолдану арқылы жүргізілді. Қолайлы гомозиготалы күйлер ретінде Hv5, Hv6, Hv122, Hv129 және Hv130 маркерлері үшін aa генотипі, ал Hv10, Hv11, Hv113 және Hv128 маркерлері үшін bb генотипі қабылданды. Қолайлы генотиптік күйлердің жиынтық саны бойынша ең жоғары әлеует Karabalyksky 150 × Saule, Karagandinsky 5 × Saule, Omsky 90 × Sabir және Bass × Donetsk 8 желілерінде анықталды, олардың әрқайсысында төрт мақсатты генотиптік күй тіркелді. Үш қолайлы генотиптік күй Karagandinsky 6 × Tselinny 30, Karagandinsky 5 × 2079 (АҚШ), Karagandinsky 5 × Odessky 100, Karagandinsky 5 × 2198 (АҚШ), Chelyabinets 1 × Astana 2000 және Karabalyksky 150 × Tselinny 2005 желілерінде анықталды. Алынған нәтижелер зерттелген SNP-маркерлер панелін селекциялық материалды алдын ала молекулалық саралау үшін қолдануға болатынын көрсетті. Анықталған желілер фенотиптік валидацияны жалғастыруға және жаздық арпаның өнімділігі мен бейімделгіштігін арттыруға бағытталған селекциялық бағдарламаларда пайдалануға перспективалы материал болып табылады.

Түйінді сөздер: арпа, *Hordeum vulgare* L., SNP-маркерлер, Amplifluor, өнімділік, генотиптеу, тиімді аллельдер, маркер-ассоциацияланған селекция.

SNP MARKERS OF KEY REGULATORY GENES IN BARLEY AS A TOOL FOR SELECTING GENOTYPES WITH ENHANCED SPIKE PRODUCTIVITY

Zotova L.P., PhD, Associate Professor

Sautbayev Zh.O., 1st-year Master's student 7M08111 – “Agrobiotechnology” program,
Nuralov A.S., 3rd-year doctoral student 8D08101 “Genetics and Breeding of Agricultural Crops” program

S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Astana, Kazakhstan

Abstract. Under conditions of climate change, increasing aridity, and unstable agroecological factors, the identification of molecular markers associated with productivity and adaptive potential has become an important priority in crop improvement. Barley (*Hordeum vulgare* L.) is one of the world's major cereal crops and is characterized by high ecological plasticity, a short growing season, and substantial genetic diversity. The aim of this study was to perform a molecular genetic evaluation of 34 spring barley hybrid lines using nine SNP markers (Hv5, Hv10, Hv129, Hv6, Hv130, Hv113, Hv122, Hv11, and Hv128) previously associated with productivity-related traits. Genotyping was performed using the Amplifluor-like SNP technology, which provides allele-specific amplification and fluorescent discrimination of genotypes. The favorable homozygous genotypes were defined as aa for markers Hv5, Hv6, Hv122, Hv129, and Hv130, and bb for markers Hv10, Hv11, Hv113, and Hv128. Based on the total number of favorable genotypic states, the highest genetic potential was identified in the lines Karabalyksky 150 × Saule, Karagandinsky 5 × Saule, Omsky 90 × Sabir, and Bass × Donetsk 8, each carrying four favorable genotypes. Three favorable genotypic states were detected in the lines Karagandinsky 6 × Tselinny 30, Karagandinsky 5 × 2079 (USA), Karagandinsky 5 × Odessky 100, Karagandinsky 5 × 2198 (USA), Chelyabinets 1 × Astana 2000, and Karabalyksky 150 × Tselinny 2005. The obtained results demonstrate the applicability of the investigated SNP marker panel for the preliminary molecular differentiation of barley breeding material. The identified lines represent valuable genetic resources for subsequent phenotypic validation and their utilization in spring barley breeding programs aimed at improving grain productivity and environmental adaptability.

Keywords: barley, *Hordeum vulgare* L., SNP markers, Amplifluor, productivity, genotyping, favorable alleles, marker-assisted selection.