

АНАЛИЗ ГЕНОТИПОВ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ НА НАЛИЧИЕ ВЫСОКОЭФФЕКТИВНЫХ SNP ПОЛИМОРФИЗМОВ В ГЕНАХ ПРОДУКТИВНОСТИ *TaPPH-7A* И *1-FEH w3*

Зотова Л.П. *, PhD

lupezo_83@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8610-2689>

Гаджимурадова А.М., научный сотрудник

aisarat3878@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1808-4188>

Жумалин А.Х., ведущий научный сотрудник

aibek_biotex@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8661-7348>

Серікбай Д.А., докторант 3-го курса по ОП 8D08101 - «Генетика и селекция сельскохозяйственных культур», ya.serikbaidauren@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-1624-8700>

Балтабеков М.Б., магистрант 1-курса по ОП - 7M08111 "Агробиотехнология"

maxatforbest@gmail.com, <https://orcid.org/0009-0000-9164-5864>

НАО «Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина»
г.Астана, Казахстан

Аннотация. Низкая продуктивность пшеницы в мире остаётся серьёзной проблемой, обусловленной изменением климата, деградацией почв и ограниченными возможностями генетической и традиционной селекций для повышения урожайности и устойчивости к стрессовым факторам. Создание новых сортов пшеницы в первую очередь направлено на повышение продуктивности культуры для удовлетворения глобального потребительского спроса. Выявление генетической архитектуры ключевых признаков продуктивности привлекает широкое внимание ученых и селекционеров. В этом смысле вовлечение в скрещивания местных сортов, носителей целевой генетической информации, представляет собой впечатляющий источник естественной аллельной изменчивости. В данном исследовании проведено генотипирование 40 гибридных образцов методом ‘Amplifluor like’ по двум генам продуктивности *TaPPH-7A* и *1-FEH w3*, по выявленному полиморфизму C/T. Проведенные нами исследования показали, что в изученных исследуемых генах продуктивности имеются эффективные полиморфизмы *TaPPH-7A-C* и *1-FEH w3-C*. Разделение при генотипировании выявило наличие 9 гибридов с *TaPPH-7A-C* и 10 гибридов с *1-FEH w3-C*. Разработанные в данном исследовании SNP-маркеры позволили провести точный генетический отбор, основанный на одиночных эффективных SNP мутациях. Таким образом, генетический скрининг по изученным полиморфизмам позволил отобрать 6 перспективных гибридов для дальнейшего испытания.

Ключевые слова: яровая мягкая пшеница, *Triticum aestivum*, продуктивность, молекулярные маркеры, генотипирование.

Введение. Пшеница (*Triticum aestivum* L.) представляет собой одну из ключевых зерновых культур, возделываемую в широком диапазоне климатических зон и играющую важную роль в рационе питания человека [1]. На глобальном уровне пшеница обеспечивает до 18% суточной калорийности и около 20% потребляемого белка [2]. В условиях растущих требований к продовольственной безопасности и качеству продуктов питания, увеличение мирового производства пшеницы должно сопровождаться сохранением или улучшением её пищевой ценности [3]. Одной из основных задач современного растениеводства является повышение урожайности без ухудшения характеристик продуктивности зерна, что представляет собой значительную селекционную проблему, поскольку рост урожайности зачастую сопряжён с уменьшением содержания белка, негативно влияющим на хлебопекарные свойства и пригодность для переработки [4].

Параметры продуктивности пшеницы представляют собой сложные признаки, на которые в основном влияет генетический потенциал сортов [5]. Понимание генетической архитектуры признаков, связанных с продуктивностью зерна являются приоритетными направлениями для селекционных программ, ориентированных на разработку сортов,

адаптированных к специфике конечного использования. Многие гены, такие как *NAM-B1*, *GW2*, *GS3*, *CKX2* и другие, оказывают прямое влияние на компоненты урожайности, включая число зерен, их массу и распределение ассимилятов. Их аллельное разнообразие может быть связано с разной степенью продуктивности у различных генотипов пшеницы [6].

Одним из факторов снижения продуктивности пшеницы является преждевременное старение флагового листа, которое характеризуется в первую очередь деградацией хлорофилла. Данный процесс катализируется серией ферментов, в том числе, феофитинфеофобидгидролазой (Pheophytinase, PPH) [5]. Мутагенез или сверхэкспрессия PPH может привести к фенотипу сохранения зеленого цвета или преждевременного старения у *Arabidopsis* и риса [6,7]. Кроме того, сверхэкспрессия *LpPPH* также ускоряет деградацию *Chl*, а уровень экспрессии положительно связан со старением листьев [9]. Таким образом, экспрессия гена PPH влияет на деградацию *Chl*, дополнительно влияя на урожайность и продуктивность сельскохозяйственных культур. Однако, последовательность гена *TaPPH*, его структура и полиморфизмы *TaPPH* все еще неясны.

Полиморфизм в гене 1-FEN w3 приводит к ремобилизации фруктана в стеблях пшеницы. Как было показано, в стеблях пшеницы уровни водорастворимых углеводов с преобладанием фруктана (WSC) не всегда хорошо коррелируют с урожайностью и продуктивностью зерна. Разработанный маркер на однонуклеотидный полиморфизм (SNP), обнаруженный в области промотора этого гена, показал связь с более высоким весом тысячи зерен (TGW) в условиях засухи [10]. Таким образом, генетические вариации в отдельных генах оказывают влияние на физиологические процессы, связанные с наливанием зерна и мобилизацией резервных веществ, что, в конечном счёте, отражается на продуктивности растений.

Генетический скрининг по единичным полиморфизмам считается потенциальным подходом для ускорения процесса селекции пшеницы [11]. SNP является ценным маркером из-за его высокой распространенности и относительной стабильности, экономической эффективности и высокопроизводительного подсчета [12]. Также доказано, что SNP является очень эффективным молекулярным маркером в построении генетической карты высокой плотности, точном картировании, генетическом разнообразии, анализе ассоциаций, разработке функциональных маркеров [13]. Ассоциативный анализ является эффективным инструментом для выявления взаимосвязи между полиморфными участками целевых генов и важными признаками пшеницы и широко применяется для многих видов растений.

Таким образом, широкое внедрение высокопроизводительного генотипирования за последние пару десятилетий привело к повсеместному использованию молекулярных маркеров в селекции растений, что позволило разработать методы прогнозирования, основанные только на информации маркеров. Такие исследования дают возможность для быстрого и эффективного отбора сортов и гибридов пшеницы, имеющих генетический потенциал к более высокому урожаю и продуктивности зерна.

Целью исследования являются молекулярно-генетический анализ методом Amplifluor генотипирования гибридов перспективных отечественных и зарубежных сортов на наличие эффективного полиморфизма в генах, определяющих продуктивность пшеницы *TaPPH* и 1-FEN w3.

Материалы и методы исследования. Исследования проводились в период с февраля по июнь 2025 г. На базе Научно-производственной платформы сельскохозяйственной биотехнологии НАО «КАТИУ им.С.Сейфуллина».

Объектами исследования являлись 40 гибридов сортов казахстанской и зарубежной селекции, полученные гибридизацией твэл-методом [14] на базе ТОО «НПЦ ЗХ им.А.И.Бараева» и ТОО «Карагандинская СХОЗ им.А.Ф.Христенко». Сорта Таймас и Лискамм были использованы в качестве положительного контроля по наличию эффективного аллеля (bb) в генах 1-FEN w3 и *TaPPH*-7A, соответственно.

Выделение ДНК проводили модифицированным методом СТАВ [15]. Сухой осадок ДНК растворяли в ТЕ-буфере и хранили при -20°C.

Молекулярно-генетические исследования проводились по «Amplifluor SNP» технологии [16]. Для проведения генотипирования по методу SNP Amplifluor в данном исследовании были разработаны специфические праймеры на маркеры к генам *TaPPH-7A* и *1-FEH w3*. Синтез олигонуклеотидов проводили в лаборатории «Разработки средств молекулярной диагностики» ТОО «Национальный Центр Биотехнологии», г.Астана. Последовательности праймеров для генотипирования были разработаны в рамках данного исследования показана в таблице 1.

Таблица 1 – Последовательность праймеров для генотипирования

№	Название праймера	Последовательность олигонуклеотидов
4	<i>TaPPH-7A -F1</i>	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGTTGTAAGACTGACATAACAATC
5	<i>TaPPH-7A -F2</i>	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTGTTGTAAGACTGACATAACAATT
6	<i>TaPPH-7A -R</i>	GCTGGCTGTAAATGTTAATGTGTCTCC
7	<i>1fehw_F1</i>	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTCTCCCCCCTTCCTTCTGTCC
8	<i>1fehw_F2</i>	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTCTCCCCCCTTCCTTCTGTCT
9	<i>1fehw_R</i>	AGGAAGACGGCCCGAGCTTT

Каждая реакция содержала Master-Mix: PCR буфер, $MgCl_2$ (2,5 mM), 2,5 μM каждой флуоресцентной метки универсального зонда, dNTP (2 mM), каждого из двух прямых праймеров (1,5 μM), и 7,8 μM обратный общий праймер, и 0,5 единицы ДНК-полимеразы ThermoFisher (ThermoFisher, США) с добавлением 3 мкл пассивного красителя ROX (ThermoFisher, США). Мастер-микс раскапывали в микропланшеты. Геномную ДНК (20 нг/мкл) добавляли в каждую лунку по 2 мкл. При этом для генотипирования с использованием маркеров на гены *1-FEH w3* рекомендовано увеличение концентрации ионов $MgCl_2$ до 3,5 mM. Температурный режим состоял из начальной денатурации при 95°C, 5 мин; 20 циклов при 95°C в течение 10 с, 52°C в течение 2 мин, 94°C в течение 15 с, 50°C в течение 2 мин с и 62°C в течение 5 мин. Генотипирование проводили на оборудовании Quant Studio 7 (Applied Biosystems, USA).

Анализ данных. Анализ результатов генотипирования проводили в программе QuantStudio Real Time PCR Software.

Результаты и обсуждения. Генотипирование, проведенное с использованием разработанных маркеров на SNP в кодирующей области гена *TaPPH-7A* показал четкое разделение образцов, что позволяет повести эффективный отбор гибридов по определенной SNP (рисунок 1).

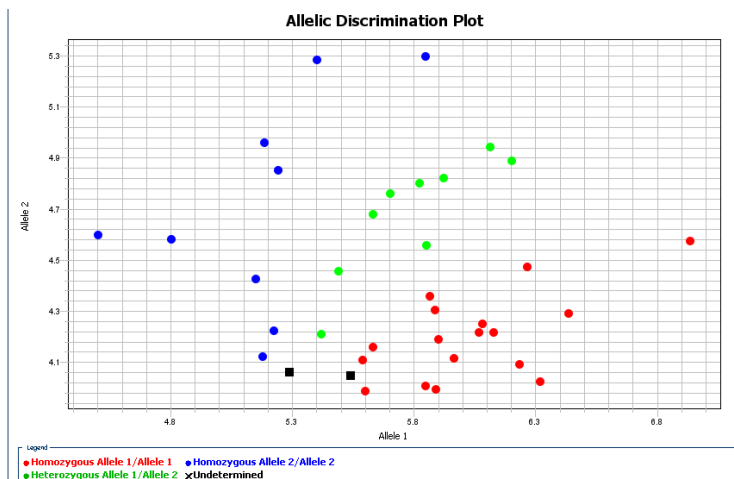


Рисунок 1 – Результат генотипирования исследуемых образцов по гену *TaPPH-7A*

Результат генотипирования показал четкое распределение генотипов изучаемых образцов пшеницы. Анализ, проведенный с разработанными маркерами, позволил выделить гибриды с эффективным SNP, который снижает уровень деградации хлорофилла [17, 5]. Согласно анализу, полиморфизм в гене C/T позволяет провести отбор гибридов со сниженным уровнем старения флагового листа и, следовательно большим уровнем накопления белков в зерне. В таблице 2 представлены результаты распределения C/T полиморфизма в образцах.

Таблица 2 – Распределение аллелей образцов яровой пшеницы по гену *TaPPH* (эффективная bb аллель – *TaPPH-7A-C*, aa – *TaPPH-7A-T*, ab – гетерозиготный аллель)

№ п/п	Название	TaPPH
1	Айна (Казахстан) х Татьяна (Россия) F4	bb
2	Целина 50 (Казахстан) х Тюменская 33 (Россия) F4	aa
3	Омон GAI (№43) (Россия) х Байтерек (Казахстан) F4	aa
4	Омон GAI (№33) (Россия) х Татьяна (Россия) F4	-
5	Омон GAI (№9) (Россия) х Целинная 26 (Казахстан) F4	aa
6	Омская 19 (Россия) х Акмола 2 (Казахстан) F4	ab
7	Шортандинская 95 улуч (Казахстан) х Татьяна (Россия) F4	aa
8	Астана (Казахстан) х Аделина (Россия) F4	ab
9	Байтерек (Казахстан) х Боевчанка (Россия) F4	ab
10	Омон GAI (№32) (Россия) х Омская 36 (Россия) F4	aa
11	Омон GAI (№35) (Россия) х Омская 35 (Россия) F4	aa
12	Астана 2 (Казахстан) х Омон GAI (№18) (Россия) F4	aa
13	Астана 2 (Казахстан) х Омон GAI (№37) (Россия) F4	aa
14	Целинная юбилейная (Казахстан) х Боевчанка (Россия) F4	aa
15	Шортандинская 95 улуч (Казахстан) х Асыл Сапа (Казахстан) F4	ab
16	Таймас (Казахстан) х Spica (Италия) F4	bb
17	Омон GAI (№37) х Астана 2 (Казахстан) F4	bb
18	Байтерек (Казахстан) х Омон GAI (№39) (Россия) F4	aa
19	Надежда (Россия) х Боевчанка (Россия) F4	bb
20	Целинная 26 (Казахстан) х Омон GAI (№9) (Россия) F4	ab
21	Шортандинская 95 улуч (Казахстан) х Омон GAI (№1) (Россия) F4	bb
22	Шортандинская 2012 (Казахстан) х Саратовская 42(Россия) F4	ab
23	Омон GAI (№28) (Россия) х Байтерек (Казахстан) F4	ab
24	Омон GAI (№18) (Россия) х Астана 2 (Казахстан) F4	bb
25	Омская 36 (Россия) х Омон GAI (№21) (Россия) F4	bb
26	Байтерек 15 (Казахстан) х Карагандинская 55 (Казахстан) F5	ab
27	Тризо (Германия) х Карагандинская 70 (Казахстан) F5	aa
28	Карагандинская 70 (Казахстан) х Тризо (Германия) F5	bb
29	Челяба 80(Россия) х Карагандинская 31 (Казахстан) F5	aa
30	Тризо (Германия) х Карагандинская 60 (Казахстан) F5	aa
31	Карагандинская 30 (Казахстан) х Новосибирская 18 (Россия) F5	aa
32	Лютесцес 2231 (Казахстан) х Тризо (Германия) F5	-
33	Лютесцес 2231 (Казахстан) х Байтерек 15 (Казахстан) F5	bb
34	Байтерек 15 (Казахстан) х Лютесцес 2231 (Казахстан) F5	-
35	Карагандинская 22 (Казахстан) х Лютесцес 2055 (Казахстан) F5	aa
36	Карагандинская 60 (Казахстан) х Шортандинская 2012 (Казахстан) F5	aa
37	Карагандинская 22 (Казахстан) х Карагандинская 60 (Казахстан) F5	ab
38	Шортандинская 2015 (Казахстан) х Карагандинская 30 (Казахстан) F5	aa
39	Шортандинская 2015 (Казахстан) х Карагандинская 30 (Казахстан) F5	-
40	Карагандинская 30 (Казахстан) х Карабалыкская 90 (Казахстан) F5	-
41	Лискамм (положительный контроль)	bb

Эффективным выявлен аллель TaPPH-7A-C, который обнаружен у 9 гибридов и стандартного сорта Лискамм. Аллель TaPPH-7A-T несут 17 гибридов и гетерозиготными по данному аллелю показаны 9 гибридов. Из 40 исследованных образцов не содержали изученный аллель 5 гибридов.

Аналогичный анализ проводился и для гена 1-FEN w3. Разработанные маркеры, где выявленный полиморфизм в гене C/T, расположенный в кодирующей области, позволили четко распределить изучаемые образцы (рисунок 2).

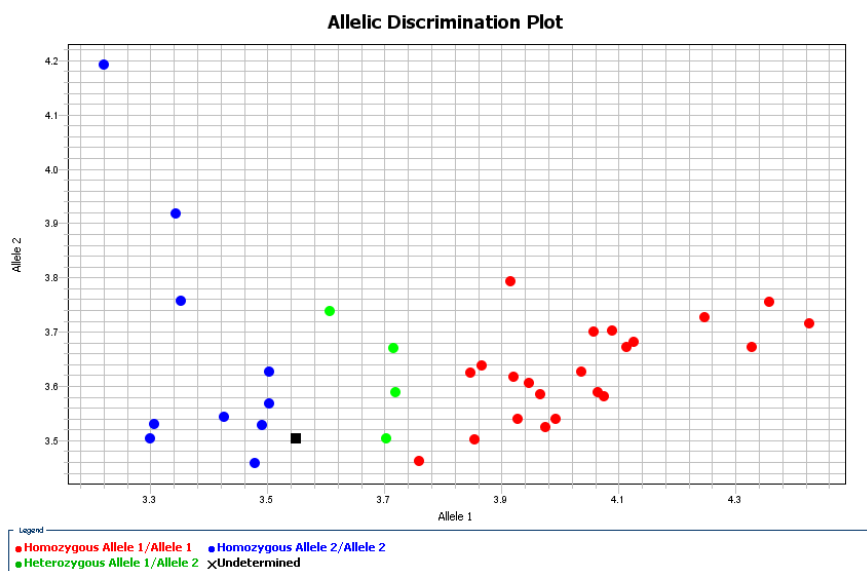


Рисунок 2 – Результат генотипирования исследуемых образцов по гену 1-FEN w3

Согласно генотипированию отмечено распределение гибридов по 3 видам аллелей: гомозиготный положительный (аллель 2), гомозиготный отрицательный (аллель 1) и гетерозиготный аллель (аллель1/аллель2). Из исследованных образцов только 4 показаны как гетерозиготные по изучаемому полиморфизму. Детальный анализ по проведенному генотипированию представлен в таблице 3.

Таблица 3 – Распределение аллелей образцов яровой пшеницы по гену 1-FEN w3 (эффективная bb аллель – TaPPH-7A-C, aa – TaPPH-7A-T, ab – гетерозиготный аллель)

№ п/п	Название	1-FEN w3
1	2	3
1	Айна (Казахстан) x Татьяна (Россия) F4	bb
2	Целина 50 (Казахстан) x Тюменская 33 (Россия) F4	aa
3	Омон GAI (№43) (Россия) x Байтерек (Казахстан) F4	aa
4	Омон GAI (№33) (Россия) x Татьяна (Россия) F4	-
5	Омон GAI (№9) (Россия) x Целинная 26 (Казахстан) F4	aa
6	Омская 19 (Россия) x Акмола 2 (Казахстан) F4	aa
7	Шортандинская 95 улуч (Казахстан) x Татьяна (Россия) F4	aa
8	Астана (Казахстан) x Аделина (Россия) F4	ab
9	Байтерек (Казахстан) x Боевчанка (Россия) F4	ab
10	Омон GAI (№32) (Россия) x Омская 36 (Россия) F4	aa
11	Омон GAI (№35) (Россия) x Омская 35 (Россия) F4	aa
12	Астана 2 (Казахстан) x Омон GAI (№18) (Россия) F4	aa
13	Астана 2 (Казахстан) x Омон GAI (№37) (Россия) F4	aa
14	Целинная юбилейная (Казахстан) x Боевчанка (Россия) F4	-
15	Шортандинская 95 улуч (Казахстан) x Асыл Сапа (Казахстан) F4	aa
16	Таймас (Казахстан) x Spica (Италия) F4	bb

1	2	3
17	Омон GAI (№37) х Астана 2 (Казахстан) F4	bb
18	Байтерек (Казахстан) х Омон GAI (№39) (Россия) F4	aa
19	Надежда (Россия) х Боевчанка (Россия) F4	-
20	Целинная 26 (Казахстан) х Омон GAI (№9) (Россия) F4	aa
21	Шортандинская 95 улуч (Казахстан) х Омон GAI (№1) (Россия) F4	aa
22	Шортандинская 2012 (Казахстан) х Саратовская 42(Россия) F4	aa
23	Омон GAI (№28) (Россия) х Байтерек (Казахстан) F4	aa
24	Омон GAI (№18) (Россия) х Астана 2 (Казахстан) F4	bb
25	Омская 36 (Россия) х Омон GAI (№21) (Россия) F4	-
26	Байтерек 15 (Казахстан) х Карагандинская 55 (Казахстан) F5	ab
27	Тризо (Германия) х Карагандинская 70 (Казахстан) F5	aa
28	Карагандинская 70 (Казахстан) х Тризо (Германия) F5	bb
29	Челяба 80(Россия) х Карагандинская 31 (Казахстан) F5	aa
30	Тризо (Германия) х Карагандинская 60 (Казахстан) F5	aa
31	Карагандинская 30 (Казахстан) х Новосибирская 18 (Россия) F5	aa
32	Лютесцес 2231 (Казахстан) х Тризо (Германия) F5	bb
33	Лютесцес 2231 (Казахстан) х Байтерек 15 (Казахстан) F5	bb
34	Байтерек 15 (Казахстан) х Лютесцес 2231 (Казахстан) F5	bb
35	Карагандинская 22 (Казахстан) х Лютесцес 2055 (Казахстан) F5	aa
36	Карагандинская 60 (Казахстан) х Шортандинская 2012 (Казахстан) F5	ab
37	Карагандинская 22 (Казахстан) х Карагандинская 60 (Казахстан) F5	aa
38	Шортандинская 2015 (Казахстан) х Карагандинская 30 (Казахстан) F5	aa
39	Шортандинская 2015 (Казахстан) х Карагандинская 30 (Казахстан) F5	bb
40	Карагандинская 30 (Казахстан) х Карабалыкская 90 (Казахстан) F5	bb
41	Таймас (положительный контроль) (Казахстан)	bb

Положительный эффективный аллель 1-FEH w3-C выявлен у 10 образцов, среди родительских форм преобладают отечественные сорта, а также сорт Омон GAI (№18) (Россия), Тризо (Германия). Среди образцов гомозиготного аллеля 1-FEH w3-T отмечено 22 образца. В стандартном образце Таймас был детектирован эффективный аллель 1-FEH w3-C.

Таким образом, согласно проведенным исследованиям наиболее перспективными отобраны гибриды с двумя эффективными полиморфизмами в генах TaPPH и 1-FEH w3 Айна х Татьяна, Таймас х Spica, Омон GAI (№37) х Астана 2, Омон GAI (№18) х Астана 2, Карагандинская 70 х Тризо (Германия), Лютесцес 2231 х Байтерек 15. Отобранные образцы могут быть рекомендованы для дальнейшего изучения в качестве доноров перспективных полиморфизмов.

Обсуждение. В связи с огромным мировым значением пшеницы виды рода *Triticum* стали предметом интенсивных исследований по происхождению, таксономии и наследованию их индивидуальных признаков. Биологическое улучшение пшеницы в основном связано с улучшением ее продуктивности, а также усилением устойчивости к неблагоприятным факторам окружающей среды. В последние годы наибольшее применение в исследованиях нашли методы, описывающие внутривидовой и межвидовой полиморфизм генов, кодирующих признаки продуктивности сорта [18,19,20].

Анализ генотипирования позволил выявить разнообразие аллельных вариантов в таких генах, как *TaPPH-7A* [5], *Glu-1* [21], *Pinb-D1* [22] и других, ассоциированных с формированием запасных белков, хлебопекарными свойствами и питательностью зерна.

Проведенные нами исследования показали, что в изученных 40 образцах гибридов отечественной и зарубежной селекций, гены продуктивности TaPPH и 1-FEH w3 имеют эффективные полиморфизмы TaPPH-7A-C и 1-FEH w3-C. Разделение при генотипировании выявило наличие 9 гибридов с TaPPH-7A-C и 10 гибридов c1-FEH w3-C. Разработанные маркеры показали свою эффективность в выявлении одиночной эффективной SNP.

Часть изученных образцов продемонстрировала наличие высокоэффективных полиморфизмов, ранее описанных в литературе как маркер-ассоциированных с улучшением

таких признаков продуктивности как деградация хлорофилла при старении флагового листа и ремобилизации фруктана в условия засухи. Полученные данные подтверждают результаты современных работ [5, 23], где отмечается важная роль генов продуктивности в определении технологических свойств зерна современных сортов мягкой пшеницы. В то же время в ряде образцов были выявлены аллели, ранее характеризующиеся как нейтральные или даже неблагоприятные для хлебопекарной промышленности. Это подчёркивает необходимость более широкого применения молекулярно-генетических технологий в селекционном процессе для эффективного отбора исходного материала.

Интересным результатом является обнаружение комбинаций высокоэффективных аллелей в одном гибриде, так выделены 6 перспективных гибридов Айна х Татьяна, Таймас х Spica, Omon GAI (№37) х Астана 2, Omon GAI (№18) х Астана 2, Карагандинская 70 х Тризо (Германия), Лютесцес 2231 х Байтерек 15, которые рекомендованы к последующим испытаниям.

Результаты данного исследования позволяют не только уточнить генотипические особенности гибридов яровой мягкой пшеницы, но и определить перспективный материал для создания сортов с улучшенными показателями продуктивности зерна. Полученный материал может быть успешно интегрирован в программы селекции для повышения эффективности создания новых высокопродуктивных сортов, адаптированных к условиям современных агротехнологий.

Заключение. Проведённый SNP анализ генов продуктивности TaPPH-7A и 1-FEN w3-С среди 40 гибридных образцов показал, что в 9 гибридных образцах в генотипе выявлен эффективный полиморфизм в гене TaPPH-7A-С и 10 гибридных образцов несут эффективный полиморфизм в гене 1-FEN w3, который отвечают за высокую продуктивность пшеницы. Полученные результаты позволяют рекомендовать выделенные 6 гибридов для дальнейших испытаний. Важно проводить дальнейшее изучение изменчивости генов среди отечественных и зарубежных образцов для более широкого выявления эффективных полиморфизмов в генах продуктивности.

Финансирования. Исследование проводилось в рамках научно-технической программы BR24992903 «Практическое внедрение современных молекулярно-генетических, физиолого-биохимических, биотехнологических методов и цифрового фенотипирования в селекцию экономически значимых сельскохозяйственных культур» при финансировании МНВО РК на 2024-2026 гг.

Литература:

- [1] **Alemu, A.**, El Baouchi A., El Hanafi S., Kehel Z., Eddakhir K., Tadesse W. Genetic analysis of grain protein content and dough quality traits in elite spring bread wheat (*Triticum aestivum*) lines through association study. [Text] *Journal of Cereal Science*, 2021. – №100 – P.38-43. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2021.103214>
- [2] **Erenstein, O.**, Jaleta M., Mottaleb K.A., Sonder K., Donovan J., Braun H.J. Global Trends in Wheat Production, Consumption and Trade. [Text] In: Reynolds M.P., Braun H.J. (eds) *Wheat Improvement*. Springer, Cham, – 2022. – №51– P.77-84. https://doi.org/10.1007/978-3-030-90673-3_4
- [3] **Battenfield, S.D.**, Guzmán C., Gaynor R.C., Singh R.P., Peña R.J., Dreisigacker S., Fritz A.K., Poland J.A. Genomic Selection for Processing and End-Use Quality Traits in the CIMMYT Spring Bread Wheat Breeding Program. [Text] *The Plant Genome*, 2016. – №9 – P.28-30. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2016.01.0005>
- [4] **Peng, Y.**, Zhao Y., Yu Z., Zeng J., Xu D., Dong J., Ma W. Wheat quality formation and its regulatory mechanism. [Text] *Frontiers in Plant Science*, 2022. – №13 – P.48-54. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.834654>
- [5] **Wang, H.**, Wang S., Chang X. et al. Identification of TaPPH-7A haplotypes and development of a molecular marker associated with important agronomic traits in common wheat. [Text] *BMC Plant Biology*, 2019. – №19 – P.296. <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1901-0>

- [6] **Bashir, L.**, Budhlakoti N., Pradhan A.K. et al. Identification of quantitative trait nucleotides for grain quality in bread wheat under heat stress. [Text] *Scientific Reports*, 2025. – №15 – P.6641. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-91199-2>
- [7] **Schelbert, S.**, Aubry S., Burla B., Agne B., Kessler F., Krupinska K. et al. Pheophytin pheophorbide hydrolase (Pheophytinase) is involved in chlorophyll breakdown during leaf senescence in *Arabidopsis*. [Text] *Plant Cell*, 2009. – №21 – P.767–785.
- [8] **Morita, R.**, Sato Y., Masuda Y., Nishimura M., Kusaba M. Defect in non-yellow coloring 3, an α/β hydrolase-fold family protein, causes a stay-green phenotype during leaf senescence in rice. [Text] *Plant Journal*, 2009. – №59 – P.940-952.
- [9] **Zhang, J.**, Yu G.H., Wen W.W., Ma X.Q., Xu B., Huang B.R. Functional characterization and hormonal regulation of the PHEOPHYTINASE gene LpPPH controlling leaf senescence in perennial ryegrass. [Text] *Journal of Experimental Botany*, 2016. – №67 – P.935-945.
- [10] **Zhang, J.**, Xu Y., Chen W., Dell B., Vergauwen R., Biddulph B. et al. A wheat 1-FEH w3 variant underlies enzyme activity for stem WSC remobilization to grain under drought. [Text] *New Phytologist*, 2015. – №205(1) – P.293–305. <https://doi.org/10.1111/nph.13030>
- [11] **Zhang, J.**, Huang S., Fosu-Nyarko J. et al. The genome structure of the 1-FEH genes in wheat (*Triticum aestivum* L.): new markers to track stem carbohydrates and grain filling QTLs in breeding. [Text] *Molecular Breeding*, 2008. – №22 – P. 339–351. <https://doi.org/10.1007/s11032-008-9179-1>
- [12] **Ousmael, K.**, Whetten R.W., Xu J. et al. Identification and high-throughput genotyping of single nucleotide polymorphism markers in a non-model conifer (*Abies nordmanniana* (Steven) Spach). [Text] *Scientific Reports*, 2023. – №13 – P.22-38. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-49462-x>
- [13] **Xia, W.**, Luo T., Zhang W., Mason A.S., Huang D., Huang X., Tang W., Dou Y., Zhang C., Xiao Y. Development of High-Density SNP Markers and Their Application in Evaluating Genetic Diversity and Population Structure in *Elaeis guineensis*. [Text] *Frontiers in Plant Science*, 2019. – №10 – P.132-139. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00130>
- [14] **Gupta, P.**, Balyan H., Gahlaut V., Gautam S., Pal B., Basnet B., Joshi A. Hybrid wheat: past, present and future. [Text] *Theoretical and Applied Genetics*, 2019. – №132 – P.72-84. <https://doi.org/10.1007/s00122-019-03397-y>
- [15] **Gupta, N.** DNA Extraction and Polymerase Chain Reaction. [Text] *Journal of Cytology*, 2019. – №36(2). – P.116–117. https://doi.org/10.4103/JOC.JOC_110_18.
- [16] **Jatayev, S.**, Kurishbayev A., Zotova L., Khasanova G., Serikbay D., Zhubatkanov A. et al. Advantages of Amplifluor-like SNP markers over KASP in plant genotyping. [Text] *BMC Plant Biology*, – 2017. – №17(Suppl 2) – P.254. <https://doi.org/10.1186/s12870-017-1197-x>.
- [17] **Liu, H.**, Si X., Wang Z. et al. TaTPP-7A positively feedback regulates grain filling and wheat grain yield through T6P-SnRK1 signalling pathway and sugar-ABA interaction. [Text] *Plant Biotechnology Journal*, 2023. – №21(6). – P.1159–1175. – <https://doi.org/10.1111/pbi.14025>.
- [18] **Goutam, U.**, Kukreja S., Tiwari R., Chaudhury A., Gupta R.K., Dholakia B.B., Yadav R. Biotechnological Approaches for Grain Quality Improvement in Wheat: Present Status and Future Possibilities. [Text] *Australian Journal of Crop Science*, 2013. – №7 – P. 469–483.
- [19] **Battenfield, S.D.**, Sheridan J.L., Silva L.D.C.E. et al. Breeding-assisted genomics: Applying meta-GWAS for milling and baking quality in CIMMYT wheat breeding program. [Text] *PLoS ONE*, 2018. – №13 – P.254-276.
- [20] **Gil-Humanes, J.**, Pistón F., Shewry P.R., Tosi P., Barro F. Suppression of gliadins results in altered protein body morphology in wheat. [Text] *Journal of Experimental Botany*, 2011. – №62 – P.4203–4213.
- [21] **Galimova, A.A.**, Kuluev A.R., Ismagilov K.R., Kuluev B.R. Genetic polymorphism of high-molecular-weight glutenin subunit loci in bread wheat varieties in the Pre-Ural steppe zone. [Text] *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii*, 2023. – № 27(4) – P.297–305. <https://doi.org/10.18699/VJGB-23-36>.
- [22] **Chang, S.**, Chen Q., Yang T. et al. Pinb-D1p is an elite allele for improving end-use quality in wheat (*Triticum aestivum* L.). [Text] *Theoretical and Applied Genetics*, 2022. – № 135(12) – P.4469–4481. <https://doi.org/10.1007/s00122-022-04232-7>.
- [23] **Sharbatkhari, M.**, Shobbar Z.S., Galeshi S., Nakhoda B. Wheat stem reserves and salinity tolerance: molecular dissection of fructan biosynthesis and remobilization to grains. [Text] *Planta*, 2016. – №244(1) – P.191–202. <https://doi.org/10.1007/s00425-016-2497-3>

ТАРPH-7A ЖӘНЕ 1-FEH w3 ӨНІМДІЛІК ГЕНДЕРІНДЕГІ ЖОҒАРЫ ТИІМДІ SNP-ДІҢ БОЛУЫН АНЫҚТАУ ҮШІН ЖАЗДЫҚ ЖҰМСАҚ БИДАЙ ГЕНОТИПТЕРІН ТАЛДАУ

Зотова Л.П.*, PhD

Гаджимурадова А.М., ғылыми қызметкер

Жумалин А.Х., жетекші ғылыми қызметкер

Серікбай Д.А., 8D08101 - "Ауыл шаруашылық дақылдарының генетикасы және селекциясы" БББ-ның 3-курс студенті

Балтабеков М.Б., 7M08111 - "Агробиотехнология" БББ-ның 1 - курс магистранты

С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Астана қ., Қазақстан

Аңдатпа. Әлемде бидайдың төмен өнімділігі әлі де өзекті мәселе болып отыр, ол климаттың өзгеруі, топырақтың деградациясы және өнімділік пен стресс факторларына төзімділікті арттыруда генетикалық әрі дәстүрлі селекция мүмкіндіктерінің шектеулі болуымен байланысты. Жаңа бидай сорттарын шығару ең алдымен жаһандық тұтынушылық сұранысты қанағаттандыру үшін өнімділікті арттыруға бағытталған. Өнімділіктің негізгі белгілерінің генетикалық архитектурасын анықтау ғалымдар мен селекционерлердің кең қызығушылығын тудырып отыр. Осы тұрғыдан алғанда, жергілікті сорттарды будандастыруға тарту табиғи аллельдік әртүрліліктің маңызды көзі болып табылады. Бұл зерттеуде ‘Amplifluor like’ әдісі арқылы ТаРРН-7А және 1-FEH w3 өнімділік гендерінде С/Т полиморфизмдері бойынша 40 гибридтік үлгі генотиптелді. Жүргізілген зерттеулер нәтижесінде аталған гендерде тиімді полиморфизмдер – ТаРРН-7А-С және 1-FEH w3-С – бар екені анықталды. Генотиптеу барысында 9 гибридте ТаРРН-7А-С, ал 10 гибридте 1-FEH w3-С аллелі тіркелді. Зерттеу аясында әзірленген SNP-маркерлер тиімді жеке SNP-ді дәл анықтауда өз нәтижелілігін көрсетті. Осылайша, зерттелген полиморфизмдер бойынша генетикалық скрининг нәтижесі бойынша әрі қарай зерттеу үшін 6 перспективті гибридті бөліп алуға мүмкіндік берді.

Тірек сөздер: жаздық жұмсақ бидай, *Triticum aestivum*, сапа, молекулалық маркерлер, генотиптеу.

ANALYSIS OF SPRING SOFT WHEAT GENOTYPES FOR THE PRESENCE OF HIGHLY EFFECTIVE SNP IN PRODUCTIVITY GENES TaPPH-7A AND 1-FEH W3

Zotova L.P.*, PhD

Gajimuradova A.M., researcher

Zhumalin A.Kh., Leading Researcher

Serikbay D.A., 3rd-year doctoral student in the specialty 8D08101 «Genetics and breeding of agricultural crops»

Baltabekov M.B., 1st year Master student, speciality 7M08111 "Agrobiotechnology"

S.Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Astana, Kazakhstan

Annotation. Low wheat productivity worldwide remains a serious problem caused by climate change, soil degradation, and the limited potential of genetic and conventional breeding to increase yield and tolerance to stress factors. The development of new wheat varieties is primarily aimed at enhancing productivity in order to meet global consumer demand. Identification of the genetic architecture of key productivity traits has attracted considerable attention from researchers and breeders. In this regard, the involvement of local landraces carrying target genetic information represents an important source of natural allelic diversity. In this study, 40 hybrid accessions were genotyped using the ‘Amplifluor like’ method for two productivity genes, TaPPH-7A and 1-FEH w3, based on detected C/T polymorphisms. Our results demonstrated the presence of effective polymorphisms – TaPPH-7A-C and 1-FEH w3-C – in the studied genes. Genotyping revealed 9 hybrids carrying TaPPH-7A-C and 10 hybrids carrying 1-FEH w3-C. The SNP markers developed in this study proved to be efficient in identifying a single effective SNP. Thus, marker-assisted selection based on the studied polymorphisms allowed us to identify 6 promising hybrids recommended for further laboratory and field testing.

Keywords: spring soft wheat, *Triticum aestivum*, quality, molecular markers, genotyping.