

ВЫЯВЛЕНИЕ ДОНОРОВ КОРОТКОСТЕБЕЛЬНОСТИ У ОБРАЗЦОВ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ С ПОМОЩЬЮ ДНК МАРКЕРОВ И ДИАЛЛЕЛЬНОГО АНАЛИЗА

Мухордова Мария Евгеньевна, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение

«Омский Аграрный Научный Центр»

644012, г. Омск, Проспект Королева, 28, тел.: (3812)77-61-44, e-mail: mmeomsk@yandex.ru

Ключевые слова: мягкая озимая пшеница, диаллельные гибриды, изменчивость, наследуемость, комбинационная способность, длина стебля, ген короткостебельности, Rht8.

Познания генетической природы показателя «высота растения» важны, чтобы обнаружить доноры низкорослости, укорачивающие длину стебля, не ухудшая продуктивность зерна. Идентификация генов короткостебельности и исследование их селекционной значимости в генотипе должно применяться при подборе для скрещиваний пар сортов пшеницы как доноров низкорослости при разработке нового сорта. Цель работы - определить изменчивость и наследование длины стебля мягкой озимой пшеницы и обнаружить систему генетического контроля в детерминации этого показателя, применяя классические способы оценки и ДНК маркеров. Исследования проводились в ФГБНУ «Омский Аграрный Научный Центр» в 2017 - 2020 гг. Опыт заложен в трехкратной повторности. Объект исследования - 3 сорта и 3 линии (ЛГ2, ЛГ3, ЛГ4, Северная Заря, Новосибирская 32, Омская озимая) отечественной и зарубежной селекции, а также 30 гибридов первого поколения, полученных по полной диаллельной схеме. Площадь питания растений - 10 x 20 (см²). Предшественник - черный пар. При помощи SSR маркера гена Rht8 провели скрининг образцов. Эксперимент показал, что проявление признака у потомков мягкой озимой пшеницы зависит как от сортовой специфики, так и ядерно-плазменных взаимоотношений. Определены доноры по признаку «короткостебельность»: ЛГ2 и Северная Заря. На основании проведенных генетических анализов статистических и молекулярных (анализ гибридов F1, эффекты ОКС, а также выявив аллели генов, отвечающих за короткостебельность) установлены ассоциации «днк-маркер – эффект ОКС» для показателя длина стебля: ЛГ2 (ОКС = -1,23); Rht 8с (192 п.н.); Северная Заря - (ОКС = -1,21) = Rht 8с (192 п.н.). Линии озимой мягкой пшеницы, несущие в своем генотипе аллель Rht 8с (192п.н.), обладают сниженной высотой стебля и могут быть рекомендованы в качестве источников короткостебельности для использования в селекционных программах, направленных на снижение высоты растений.

Введение

Ввиду реализации современной агротехники зерновых культур на новом этапе совершенствования сельскохозяйственной отрасли смысл сорта сохранился. Становление молекулярной биологии содействует выходу в свет новых путей генетического изучения сельскохозяйственных растений, переходу к новым технологиям анализа генома. Поиск аллелей укороченной длины соломины и их влияния на генотип должно реализовываться при поиске родительских форм для гибридизации пшеницы как доноров низкорослости при разработке нового сорта [1].

Позитивная корреляция между урожаем и высотой соломины отмечена в статье алтайских исследователей [2]. Многие ученые не обнаруживают корреляционные связи между этими показателями, впрочем, среднерослые формы растений с высокой урожайностью преобладают в ценозе, исходя из экспериментальных данных [3].

Показатель не полегаемости, общеиз-

вестно, в значимой мере почти все ученые связывают с высотой растения, контролируемой сложной системой генов и условиями внешней среды. Исследованиями ростовских ученых [4] установлено, что детерминация признака «длина стебля» осуществляется малым числом генов различного влияния, контролирующими наследование этого показателя.

Усиленное распространение генов Rht в мире связано с их плеiotропным действием на большое количество хозяйственно-ценных показателей, а также снижением длины соломины. Одними из главнейших генов считаются гены Rht B1 и Rh 11. В работе М.Г. Дивашука с соавторами была продемонстрирована тождественность генов Rht11 и Rht B1e на базе результатов анализа гибридной популяции второго поколения и днк-идентификации изучаемых форм мягкой пшеницы, имеющих ген Rht 11 [5].

Изучен аллельный состав генов короткостебельности Rht1, Rht2 и Rht8 в 75 сортах и линиях озимой пшеницы, которые имеют все шансы представлять внимание для селекционного

процесса пшеницы в Беларуси [6].

Рассматривая позитивно эксперименты отбора карликовых форм, в исследованиях центра «Немчиновка» считают главным своевременность последующего обновления сортов с помощью улучшения полезных признаков и качеств в комбинации с устойчивостью к полеганию [7].

Маркерная селекция не опровергает классических методик по определению селекционной значимости сортов-доноров. Технологии ДНК маркирования и статистический анализ взаимно дополняют друг друга. Ускорить процесс отбора растений возможно с помощью генетических маркеров, а статистические параметры помогают точнее оценить его эффективность [8].

Цель представленной работы – провести идентификацию источников длины стебля мягкой озимой пшеницы, применяя классические способы оценки и ДНК маркеров.

Материалы и методы исследований

В Омском АНЦ проведен опыт в полевых условиях трех вегетационных периодов 2017-2018 гг., 2018-2019 гг. и 2019-2020 гг. Родительские формы (Р) и гибриды F1 были высеяны в трехкратном повторении. Предшественником являлся кулисный пар. Площадь питания растений - 10 x 20 (см²).

Для проведения исследований нами выбраны 6 исходных форм (3 сорта и 3 линии) местной селекции, отличающихся между собой по хозяйственно-ценным признакам, а также 30 рецiproкных комбинаций.

Наши опытные данные анализировались по Б.А. Доспехову [10], используя дисперсионный и корреляционный методы. По Гриффину [11] произведен расчет комбинационной способности - модель I, метод I (данные по родителям, прямым и обратным гибридам) с применением программы AGROS версия 2.13 (Мартынова С.П., д. б. н.). По Акселю и Джонсу [12] выполнен генетический анализ с использованием программного продукта «ДИАС» Гребенникова, Алейников, Степочкин [13]. Графики Хеймана [14] позволили проанализировать признака «продолжительность периода всходы колошения» озимой пшеницы.

По годам исследования погодные условия сильно варьировали.

Закладка опыта осуществлялась 21.08.17 г., т.е. в оптимальный срок для зоны. Зимний период 2017-2018 гг. (температура и осадки) был близок к показателю средней многолетней. Метеоданные периода вегетации 2018 г. характе-

ризуют погоду приближенной к средней многолетней по температуре и с сильными осадками в начале и конце периода.

Для следующего года исследований посев был произведен 23 августа 2018 г. Зимой 2018-2019 гг. количество осадков в виде снега отмечено ниже средней многолетней, температура также была ниже нормы в декабре и оставалась таковой в феврале, в январе же она превысила среднюю многолетнюю. Безморозный период 2019 г. оценивается как близкий к оптимальной по температуре и с переувлажнением в начале, и засухой в конце сезона произрастания.

Посев для исследований 2020 г. осуществлен 25.08.19 г. Зима 2019-2020 гг. по показателю температуры была выше референсного значения. Количество осадков - выше нормы все три зимних месяца. Летний период 2020 года был с общим превышением температуры воздуха на протяжении всего летнего сезона. Наблюдались засушливые условия в начале и середине лета, а в конце - условия увлажнения были близки к норме.

Пробоподготовка образцов осуществлялась при помощи гомогенизатора Tissue Lyser LT. Экстракция геномной ДНК производилась из 3-х дневных проростков зерен пшеницы с помощью готового набора реактивов «ФитоСорб» («Синтол», Россия).

Для полимеразной цепной реакции использованы праймеры к SSR-маркеру гена Rht8c: WMS261-F и WMS261-R (Korzun et al., 1998) [14]. ПЦР проводилась по разработанным для каждого праймера протоколам. Праймеры синтезированы в ООО «Биоссет» (г. Новосибирск). Для проведения ПЦР использован набор БиоМастер HS-Taq ПЦР-Color (2x) объемом 50 мкл. Полимерно-цепная реакция проведена в амплификаторе фирмы BioRad (Амплификатор T100).

Амплифицированные фрагменты ДНК фракционировали методом горизонтального электрофореза в 1,5 % агарозном геле в триборатном (1xTBE) буфере в течение 60 минут при напряжении в 140В. Гель окрашивался с помощью интеркалирующего агента Ethidium bromide для последующей визуализации. В качестве маркера размеров использован «50 bp Ladder». Результаты детектированы в системе гель документации GelDoc XR+ с помощью ПО Bio-Rad Image Lab 5.1.

Результаты исследований

Длина стебля (табл.1) в среднем у сортов (2018 г.) в нашем эксперименте оказалась 100,7см. Минимальным показателем обладала

Таблица 1

линия ЛГ2 – 91,3см. Гибриды F₁ в среднем имели длину 103,7 см. Самым короткостебельным оказался гибрид F₁ Северная Заря х ЛГ3 – 93,4см.

В 2019 г. этот признак у исходных образцов составил в среднем 79,6см. Длинностебельной оказалась родительская линия ЛГ3 – 97,4см, короткий стебель был у сорта Северная Заря (60,5см).

Гибриды первого поколения имели длину стебля в среднем 80,8см. Высокий показатель был у гибрида ЛГ2 х Омская озимая (114,6см), короткий стебель был у комбинации Новосибирская 32 х Северная Заря (60,8см).

В 2020 г. в среднем у исходных форм длина стебля была 78,5 см, комбинации гибридов F₁ имели показатель выше, чем родители, и он составил 80,7 см. Минимальной длиной характеризовались образцы ЛГ2, ЛГ3, ЛГ4, а самая высокая комбинация оказалась Омская озимая х Новосибирская 32 (88,1 см).

В результате дисперсионного анализа (табл. 2) можно обнаружить, что показатель короткостебельности находится под большим влиянием генотипа. Доля этого вклада составляет 75,73 %. Взаимодействие факторов генотип х год тоже присутствует и является достоверным.

Преимущество аддитивных эффектов генов в наследовании длины стебля доказано анализом комбинационной способности сортов (табл. 3) в 2018 г.: влияние вариансы ОКС составляет 84,92 %, не достоверными оказались вариансы СКС и реципрокного эффекта.

В более благоприятных условиях для данного показателя отмечено увеличение экспрессии аддитивных генов. При изучении оценок эффектов ОКС оказалось, что сорт Омская озимая увеличивает длину стебля гибридов F₁, а линия ЛГ3- уменьшает (табл. 4).

В 2019 г. тот же анализ показал также преобладание аддитивных эффектов генов в наследовании изучаемого признака, но доля вариансы ОКС (44,38 %) меньше в два раза в связи с менее благоприятными условиями года. Варианса СКС достоверна, и ее доля составила 20,57 %. Реципрокный эффект не достоверен. При изучении оценок эффектов ОКС (табл. 4) обнаружено, что сорт Северная Заря улучшает изучаемый признак гибридов F₁. По годам исследования можно заметить, что снижает длину стебля сорт Северная Заря.

Анализ графиков зависимости W_r от V_r и генетических параметров указал (рис. 1, 2, 3), что в контроле длины стебля во все годы эксперимента 2018-2020гг. доминирование направ-

Длина стебля, см

Образец	2018 год		2019 год		2020 год	
	P	F ₁	P	F ₁	P	F ₁
ЛГ2	91,3	103,0	84,6	99,1	79,9	79,5
ЛГ3	96,6	99,0	97,4	81,0	72,7	79,5
ЛГ4	96,3	100,6	79,0	77,8	76,3	79,5
Сев. Заря	98,7	102,2	60,5	76,8	78,1	78,9
Новосиб.32	113,0	109,8	82,7	77,0	82,0	82,1
Ом.озимая	108,0	108,7	73,2	73,2	81,7	83,6
Среднее	100,7	103,7	79,6	80,8	78,5	80,7
НСР ₀₅	10,7	10,7	7,2	18,8	4,2	6,4

Таблица 2

Влияние факторов на изменчивость длины стебля

Фактор	%	mS	F _φ	F ₀₅
Генотип	75,73	786,21*	13,97	1,60
Условия года	10,89	113,07	2,01	4,00
Взаимодействие	13,38	138,92*	2,47	1,6
Ошибка	-	56,27	-	-

* Достоверно при P ≤ 0,05

Таблица 3

Комбинационная способность сортов озимой пшеницы по длине стебля по гибридам F₁

Источник изменчивости	2018 год		2019 год		2020 год	
	mS	%	mS	%	mS	%
ОКС	192,7*	84,92	209,18*	44,38	52,43*	84,00
СКС	16,04	7,07	96,97*	20,57	4,50	7,20
Р.Э.	18,17	8,01	165,24	35,05	5,50	8,80

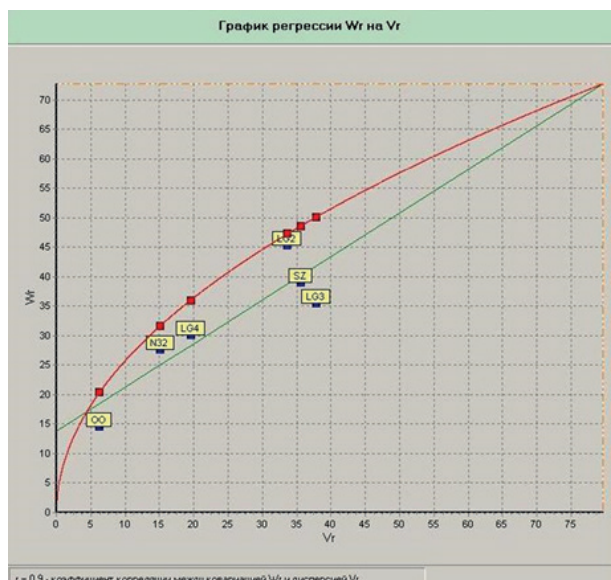
* Достоверно при P ≤ 0,05

Таблица 4

Оценки эффектов ОКС (g) озимой пшеницы (P) по признаку «длина стебля» по гибридам F₁

Родительская форма	2018г.	2019г.	2020г.
ЛГ2	-2,36	7,50	-1,23
ЛГ3	-3,69	1,14	-1,30
ЛГ4	-2,54	0,09	-1,56
Северная Заря	-1,60	-4,52	-1,22
Новосибирская 32	4,93	-1,67	2,13
Омская озимая	5,27	-2,53	3,19
Ст. откл.	1,90	7,14	2,47

ленное, и его увеличивают доминантные гены. Параметр ПЗ имеет отрицательную направленность, что и подтверждает вышесказанное. Поскольку линия регрессии в 2018 г. пересекает положительную часть оси W_r, то средняя степень доминирования по всем локусам неполная, значит, при наследовании признака у этих сортов преобладают аддитивные эффекты, что чаще



$P_3 = -0,77$
 $P_6 = 0,70$
 $P_9 = 0,16$
 $P_{13} = 2,05$

Рис. 1 – График зависимости W_g от V_g для признака «длина стебля», 2018г.

LG2 – ЛГ2, LG3 – ЛГ3, LG4 – ЛГ4, SZ - Северная Заря, N32 – Новосибирская 32, OO – Омская озимая

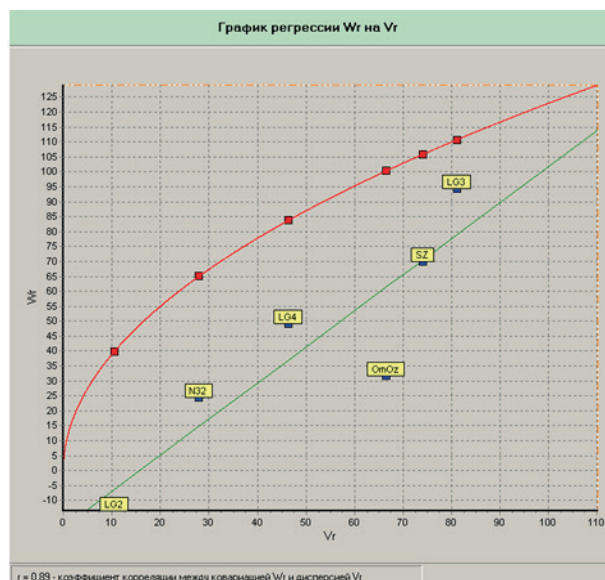
всего отмечают в относительно благоприятных условиях года. Аналогичные показатели на графике (рис. 3) мы можем наблюдать и в 2020 г.

Линия регрессии в 2019 г. пересекает ось ординат близко к нулю, указывая на ведущую роль доминирования в генетическом контроле длины стебля. Полное доминирование подтверждается и показателем средней степени доминирования, его показатель составил $P_6 = 0,87$.

По двум годам исследования асимметрию показывает произведение частот плюс и минус аллелей (P_9), это означает, что преобладают доминантные аллели с положительными эффектами.

В 2020 г. наблюдается противоположная картина, произведение частот аллелей, в локусах проявляющих доминирование, симметрично ($P_9=0,24$). Значение параметра 13 как в 2018, так и 2019 г. выше 1, это свидетельствует о том, что число доминантных генов превосходит число рецессивных. В 2020г. обсуждаемый параметр равен 0,29, это означает, что контроль осуществляется рецессивными генами.

Сорт Омская озимая находился в доминантной зоне в 2018 и 2020 гг., а ЛГ2, ЛГ3 и Северная Заря - в рецессивной. Таким образом, в



$P_3 = -0,04$
 $P_6 = 0,87$
 $P_9 = 0,10$
 $P_{13} = 2,43$

Рис. 2 – График зависимости W_g от V_g для признака «длина стебля», 2019г.

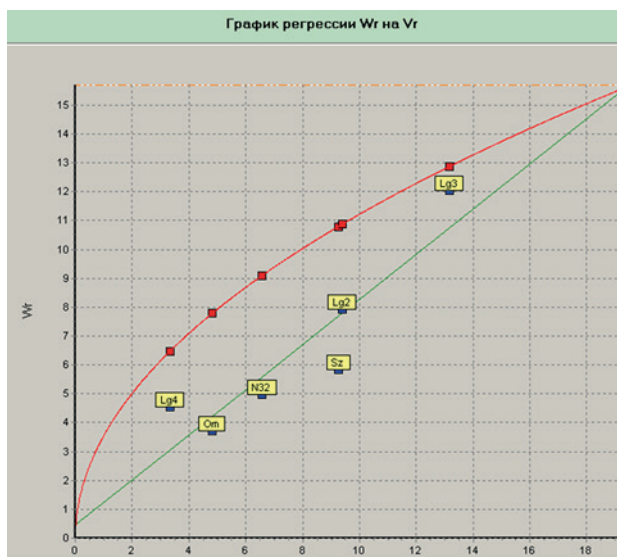
LG2 – ЛГ2, LG3 – ЛГ3, LG4 – ЛГ4, SZ - Северная Заря, N32 – Новосибирская 32, OO – Омская озимая

отношении сортов мы можем увидеть их перемещение. Линия ЛГ3 и сорт Северная Заря сохранили свое положение в рецессивной зоне в 2019 г., а линия ЛГ2 оказалась в доминантной.

Определение аллелей генов короткостебельности *Rht8* у сортообразцов озимой мягкой пшеницы

Для выявления генетических носителей полезных признаков был проведен ПЦР анализ для генов *Rht8* с последующим разделением продуктов амплификации при помощи гелеэлектрофореза.

Среди всех известных аллелей гена *Rht8* у большинства сортов пшеницы (90 %) обнаружено 3 основных, соответствующих фрагментам 192 п.н (*Rht8c*), 174 п.н и 165 п.н. Среди исследуемых родительских форм *Rht8c* был выявлен во всех проанализированных образцах линии ЛГ2 и сорта Северная Заря и в одном из образцов ЛГ4 (рис. 4). Согласно литературным источникам [15-17] данный аллель вносит наибольший вклад в укорачивание стебля (до 8 см), что нашло подтверждение в нашем исследовании при сопоставлении молекулярных данных с анализом фенотипов.



ПЗ = -0,63
П6 = 0,81
П9 = 0,24
П13 = 0,29

Рис. 3 – График зависимости Wг от Vг для признака «длина стебля», 2020г.

LG2 – ЛГ2, LG3 – ЛГ3, LG4 – ЛГ4, SZ - Северная Заря, N32 – Новосибирская 32, OO – Омская озимая

Сорт Омская озимая несет аллель 174 п.н, приводящий к снижению высоты растения, но лишь на 3см. Во всех остальных образцах размер амплифицированного участка ДНК соответствовал 165 п.н. Поскольку длина ПЦР-продукта в данной системе праймеров отличается незначительно, для подтверждения выявленных аллелей планируется провести

фрагментный анализ.

Обсуждение

ПЦР-маркеры широко используются для определения аллелей Rht 8 у сортов в различных регионах. В то же время генофонд мягкой озимой пшеницы в Омской области практически не идентифицирован по системе генов Rht 8 методами ДНК-анализа и тем более не проводилось сравнение классических методик с ПЦР анализом. В результате комплексной оценки, включающей определение общей комбинационной способности гибридов первого поколения, а также данных молекулярно-генетического анализа, выявлено, что комбинации скрещивания с исходными формами ЛГ2 и Северная Заря перспективны для создания линий пшеницы с укороченным стеблем.

Заключение

Таким образом, проводимые исследования показали, что на проявление признака у потомков мягкой озимой пшеницы отмечен как вклад сортовой специфики, так и ядерно-плазменных взаимоотношений.

Определены доноры по признаку «короткостебельность»: ЛГ2 и Северная Заря - длина стебля (укорачивание).

На основании проведенных генетических анализов как статистических, так и молекулярных (анализ гибридов F_1 , эффекты ОКС, а также выявив аллели генов, отвечающие за короткостебельность) были установлены ассоциации между днк-маркерами и эффектами общей комбинационной способности для признака «длина стебля»: ЛГ2 (ОКС ($F_1 = -1,23$) = Rht 8b (192 п.н.); Северная Заря - (ОКС ($F_1 =$

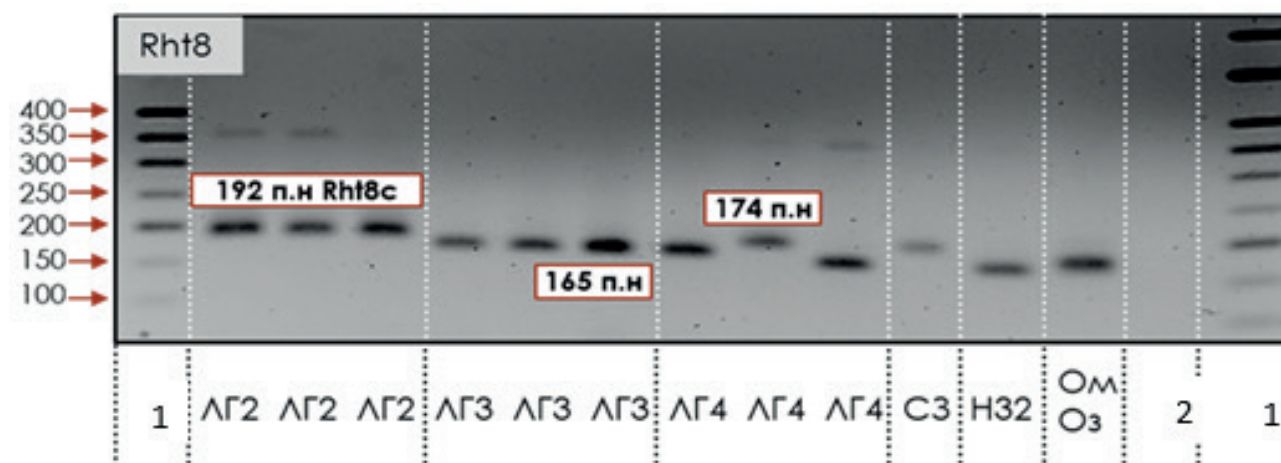


Рис. 4 - Фрагмент электрофореграммы скрининга образцов озимой мягкой пшеницы по аллелю короткостебельности Rht-8 с маркером WMS261-F и WMS261-R: 1 – маркер молекулярного веса (M) 50 bp (50–1000 п. н.); 2 – H₂O деионизированная (отрицательный контроль)

-1,21) = Rht 8b (174 п.н.), ЛГ4 (ОКС (F1= -1,56) = Rht 8b (174 п.н.).

Линии озимой мягкой пшеницы, несущие в своем генотипе аллель Rht-8c (192 п.н.), являются короткостебельными формами и могут быть рекомендованы в качестве доноров для использования в селекционных программах, направленных на снижение высоты растений.

Библиографический список

1. Идентификация генов короткостебельности Rht2 и Rht8 у образцов гексаплоидного тритикале с помощью днк маркеров / К. У. Куркиев, Л. Г. Тырышкин, М. А. Колесова, У. К. Куркиев // Вестник ВОГиС. - 2008. – Т. 12, № 3. - С. 372-377.

2. Лепехов, С. Б. Признаки с отрицательными эффектами и их значение для селекции мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) / С. Б. Лепехов // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2016. - № 20(3). - С. 337-343.

3. Мухордова, М. Е. Генетический анализ длины стебля в диаллельных скрещиваниях мягкой озимой пшеницы / М. Е. Мухордова // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). - 2018. - № 1 (46). - С. 88-94.

4. Изучение типов наследования высоты растений гибридов F2 мягкой озимой пшеницы / О. А. Некрасова, П. И. Костылев, О. В. Скрипка, Е. И. Некрасов // Зерновое хозяйство России. – 2016. - № 5. - С. 3-6.

5. Идентичность генов короткостебельности Rht 11 и Rht B1e / М. Г. Дивашук, А. В. Васильев, Л. А. Беспалова, Г. И. Карлов // Генетика. - 2012. - Т. 48, № 7. - С. 897–900.

6. Изучение аллельного состава генов короткостебельности Rht1, Rht2 и Rht8 в коллекции сортов и линий озимой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) и их влияния на агрономические признаки / Е. А. Фомина, С. В. Малышев, С. Н. Кулинкович, О. Ю. Урбанович // Весці Нацыянальнай акадэміі Навук Беларусі. Серыя біялагічных навук. – 2018. – Т. 63, № 1. – С. 46-52.

7. Коровушкина, М. С. Селекция озимой пшеницы на продуктивность и короткостебельность с использованием полукарликовой линии Л-982/08 (Agarik x Памяти Федина) / М. С. Коровушкина, Б. И. Сандухадзе, М. И. Рыбакова //

Достижения науки и техники АПК. - 2012. - №7. - С. 42-46.

8. Чесноков, Ю. В. Молекулярные маркеры в популяционной генетике и селекции культурных растений / Ю. В. Чесноков, Н. В. Кочерина, В. М. Косолапов. - Москва, 2019. – 200 с. – ISBN 978-5-91850-036-1.

9. Доспехов, Б. А. Методика полевого опыта / Б. А. Доспехов. - Москва, 1973. – 416 с.

10. Griffing, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system / B. Griffing // Austral. J. Biol. Sci. – 1956. - Vol. 9. - P. 463-493.

11. Aksel, R. Analysis of diallel cross: a work example / R. Aksel, L. Johnson // Advancing Frontiers of Plant Sciences. - 1963. - Vol. 2. – P. 37-53.

12. Диаллельный анализ селекции сельскохозяйственных культур. Свидетельство о регистрации программы для ЭВМ №2011613440 ; № 2011610357 : заявл. 11.01. 2011: зарегистрировано в Реестре программ для ЭВМ от 25.04.2011 / Алейников А. Ф., Стёпочкин П. И., Гребеникова И. Г.

13. Hayman, B. The analysis of variance diallel tables / B. Hayman // Biometrics. – 1954. - № 10. – P. 235-244.

14. Genetic analysis of the dwarfing gene (Rht8) in wheat. Part I. Molecular mapping of Rht8 on the short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) / V. Korzun, M. S. Roder, M. W. Ganai, A. J. Worland [et al.] // Theor. Appl. Genet. - 1998. - № 96. – P. 1104 -1109.

15. Effects of Dwarfing Genes on the Genetic Background of Wheat Varieties in Southern Ukraine / G. A. Chebotar, I. I. Motsnyy, S. V. Chebotar, Yu. M. Sivolap // Cytology and Genetics. - 2012. - Vol. 46, № 6. - P. 366–372.

16. Effects of Rht17 in combination with Vrn-B1and Ppd-D1 alleles on agronomic traits in wheat in black earth and non-black earth regions / P. Yu. Kroupin, G. I. Karlov, A. G. Chernook [et al.] // BMC Plant Biology. - 2020. - № 20(Suppl 1). - P. 304-321.

17. Borojevic, K. The Transfer and History of “Reduced Height Genes” (Rht) in Wheat from Japan to Europe / K. Borojevic, K. Borojevic // Journal of Heredity. - 2005. - № 96(4). - P. 455–459.

IDENTIFICATION OF SHORT-STEMMING DONORS OF WINTER WHEAT SAMPLES WITH APPLICATION OF DNA MARKERS AND DIALLE ANALYSIS

Mukhordova M.E.

Federal State Budgetary Scientific Institution "Omsk Agrarian Scientific Center"
644012, Omsk, Koroleva Avenue, 28, tel.: (3812) 77-61-44, e-mail: mmeomsk@yandex.ru

Keywords: soft winter wheat, diallelic hybrids, variability, heritability, combining ability, stem length, short-stemming gene, Rht8.

Knowledge of genetic nature of plant height parameter is important in order to detect short-stemming donors that shorten the length of the stem without deteriorating grain productivity. Identification of short-stemming genes and study of their selection significance in the genotype are used in selection of pairs of wheat varieties for crosses as short-stemming donors in new variety development. The aim of this work is to determine the variability and inheritance of stem length of soft winter wheat and to find a system of genetic control in specification of this parameter, using classical methods of assessment and DNA markers. The research was carried out at Federal State Budgetary Scientific Institution "Omsk Agrarian Scientific Center" in 2017 - 2020. The experiment had three-fold repetition. The object of the research is 3 varieties and 3 lines (LG2, LG3, LG4, Severnaya Zarya, Novosibirskaya 32, Omsk ozimaya), as well as 30 hybrids of the first generation (obtained according to full diallelic scheme) of domestic and foreign selection. Plant nutrition area was 10 x 20 (cm²). The forecrop was black fallow. Samples were screened with application of SSR marker of Rht8 gene. The experiment showed that demonstration of the trait in soft winter wheat descendants depends both on variety specificities and nuclear-plasma relationships. The donors of the "short-stemming" trait were identified: LG2 and Severnaya Zarya. Based on the statistical and molecular genetic analyzes (analysis of F1 hybrids, TCA (total combining ability) effects, as well as identifying the alleles of genes responsible for short-stemming), associations "DNA marker - TCA effect" were determined for the stem length parameter: LG2 (TCA = -1.23); Rht 8s (192 bp); Severnaya Zarya - (TCA = -1.21) = Rht 8s (192 bp). Lines of winter soft wheat carrying Rht 8s allele (192 bp) in their genotype, have a reduced stem height and can be recommended as sources of short stemming for usage in selection programs aimed at reducing plant height.

Bibliography:

1. Identification of Rht2 and Rht8 short-stemming genes in samples of hexaploid triticale using DNA markers / K. U. Kurkiev, L. G. Tyryshkin, M. A. Kolesova, U. K. Kurkiev // Vestnik of Vavilov Society of Geneticists and Breeders. - 2008. - V. 12, № 3. - P. 372-377.
2. Lepekhov, S. B. Traits with negative effects and their significance for soft wheat selection (*Triticum aestivum* L.) / S. B. Lepekhov // Vavilovsky journal of genetics and selection. - 2016. - № 20 (3). - P. 337-343.
3. Mukhordova, M.E. Genetic analysis of stem length in diallelic crosses of soft winter wheat / M.E. Mukhordova // Vestnik of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University). - 2018. - № 1 (46). - P. 88-94.
4. Study of inheritance types of plant height of F2 hybrids of soft winter wheat / O.A. Nekrasova, P.I. Kostylev, O.V. Skripka, E.I. Nekrasov // Grain economy of Russia. - 2016. - № 5. - P. 3-6.
5. Identity of Rht 11 and Rht B1e short-stemming genes / M.G. Divashuk, A.V. Vasiliev, L.A. Bespalova, G.I. Karlov // Genetics. - 2012. - V. 48, № 7. - P. 897-900.
6. Study of allelic composition of Rht1, Rht2 and Rht8 short-stemming genes in the collection of varieties and lines of winter wheat (*Triticum aestivum* L.) and their influence on agronomic traits / E. A. Fomina, S. V. Malyshev, S. N. Kulinkovich, O. Yu. Urbanovich // Вестні Нацыянальнай акадэміі Навук Беларусі. Серыя біялагічных навук. - 2018. - V. 63, № 1. - P. 46-52.
7. Korovushkina, M. S. Winter wheat selection for productivity and short stemming using L-982/08 semi-dwarf line (Agapik x Pamyati Fedina) / M. S. Korovushkina, B. I. Sandukhadze, M. I. Rybakova // Achievements of science and technology of the agro-industrial complex. - 2012. - № 7. - P. 42-46.
8. Chesnokov, Yu. V. Molecular markers in population genetics and breeding of cultivated plants / Yu. V. Chesnokov, N.V. Kocherina, V.M. Kosolapov. - Moscow, 2019. - 200 p. - ISBN 978-5-91850-036-1.
9. Dospekhov, B.A. Method of field experiment / B.A. Dospekhov. - Moscow, 1973. - 416 p.
10. Griffing, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system / B. Griffing // Austral. J. Biol. Sci. - 1956. - Vol. 9. - P. 463-493.
11. Aksel, R. Analysis of diallel cross: a work example / R. Aksel, L. Johnson // Advancing Frontiers of Plant Sciences. - 1963. - Vol. 2. - P. 37-53.
12. Diallelic analysis of selection of cultivated plants. Certificate of registration of the computer program № 2011613440; № 2011610357: appl. 11.01. 2011: registered in the Register of computer programs on 25.04.2011 / Aleinikov A.F., Stepochkin P.I., Grebenikova I.G.
13. Hayman, B. The analysis of variance diallel tables / B. Hayman // Biometrics. - 1954. - № 10. - P. 235-244.
14. Genetic analysis of the dwarfing gene (Rht8) in wheat. Part I. Molecular mapping of Rht8 on the short arm of chromosome 2D of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) / V. Korzun, M. S. Roder, M. W. Ganal, A. J. Worland [et al.] // Theor. Appl. Genet. - 1998. - № 96. - P. 1104-1109.
15. Effects of Dwarfing Genes on the Genetic Background of Wheat Varieties in Southern Ukraine / G. A. Chebotar, I. I. Motsnyy, S. V. Chebotar, Yu. M. Sivolap // Cytology and Genetics. - 2012. - Vol. 46, № 6. - P. 366-372.
16. Effects of Rht17 in combination with Vrn-B1 and Ppd-D1 alleles on agronomic traits in wheat in black earth and non-black earth regions / P. Yu. Kroupin, G. I. Karlov, A. G. Chernook [et al.] // BMC Plant Biology. - 2020. - № 20 (Suppl 1). - P. 304-321.
17. Borojevic, K. The Transfer and History of "Reduced Height Genes" (Rht) in Wheat from Japan to Europe / K. Borojevic, K. Borojevic // Journal of Heredity. - 2005. - № 96 (4). - P. 455-459.