УДК 575.113.3

DOI: 10.18522/2308-9709-2025-53-8

Идентификация генов солеустойчивости *SKC1* и *SNC* в линиях риса гибридного происхождения

Черткова Н. Г. [1, 2*], Костылев П. И. [2], Усатов А. В [1]

[1]*Южный Федеральный Университет, Академия биологии и биотехнологии им. Д. И. Ивановского, 344090 г. Ростов-на-Дону, пр. Стачки 194/1, Россия; e-mail: tycik17082012@gmail.com*

[2]*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Аграрный научный центр «Донской», 347740 г. Зерноград, ул. Научный городок, 3, Ростовская область, Россия*

Аннотация

Засоление почв – это широко распространенный фактор. Один из способов эффективного использования засоленных земель является культивирование на них солеустойчивых сортов и гибридов растений, в частности риса. Рис является ценной пищевой и сельскохозяйственной культурой. В России рис выращивают на севере его мирового ареала. В Ростовской области проблема хлоридного засоления почв также актуальна. Растения риса относятся к числу чувствительных к засолению культур, особенно на ранних вегетативных и поздних репродуктивных стадиях развития. Возделывание риса на засоленных почвах приводит к значительному уменьшению урожайности. Устойчивость к хлоридному засолению у растений риса является многофакторным количественным признаком, который контролируется более 50 генами, из них наиболее эффективные гены *SKC1* и *SNC*, расположенные в первой группе сцепления. Цель исследования – отбор с применением SSR–маркеров линий риса гибридного происхождения с генами солеустойчивости *SKC1, SNC* и оценка их по комплексу хозяйственно ценных признаков. Была проведена гибридизация между отечественными скороспелыми сортами и зарубежными донорами солеустойчивости. В результате SSR–анализа были отобраны солеустойчивые комбинации риса с геном *SKC1* в количестве 19 шт. и с геном *SNC* – 6 шт. с оптимальными показателями хозяйственно ценных признаков,

которые рекомендуются для выращивания в агроклиматической зоне Ростовской области.

Ключевые слова: рис (*Oryza sativa* L.); ген *SKC1*; ген *SNC*; солеустойчивость; засоление.

Identification of salt tolerance genes *SKC1* and *SNC* in rice lines of hybrid origin

Chertkova Natalya G. [1, 2*], Usatov Alexander V. [1], Kostylev Pavel I. [2]

[1]*Academy of Biology and Biotechnology named after D I Ivanovsky, Southern Federal University, 194/1 Stachki Avenue, Rostov on Don 344090, Russian Federation, e-mail: tycik17082012@gmail.com*

[2]*Federal State Budgetary Scientific Institution "Agrarian Scientific Center "Donskoy", 347740 Zernograd, Scientific City St., 3, Rostov Region, Russian Federation*

Abstract

Soil salinization is a widespread factor. One way to effectively utilize saline soils is to cultivate salt-tolerant plant varieties and hybrids, particularly rice. Rice is a valuable food and agricultural crop. In Russia, rice is grown in the northern part of its global range. In the Rostov Region, the problem of chloride soil salinization is also relevant. Rice plants are among the crops sensitive to salinity, especially during the early vegetative and late reproductive stages of development. Cultivating rice on saline soils leads to a significant reduction in yield. Chloride tolerance in rice plants is a multifactorial quantitative trait controlled by over 50 genes, of which the most effective are the *SKC1* and *SNC* genes, located in the first linkage group. The purpose of this study was to select hybrid rice lines with the *SKC1* and *SNC* salt tolerance genes using SSR markers and evaluate them for a range of economically valuable traits. Hybridization was conducted between domestic early-maturing varieties and foreign salt-tolerance donors. SSR analysis resulted in the selection of

19 salt-tolerant rice combinations carrying the *SKC1* gene and six carrying the *SNC* gene, each with optimal indicators of economically valuable traits, which are recommended for cultivation in the Rostov Region's agroclimatic zone.

Keywords: rice (*Oryza sativa* L.); *SKC1 gene; SNC gene; salt tolerance; salinity.*

В настоящее время во всем мире проблема засолённых почв относятся к числу широко распространенного фактора. Положение усугубляется тем, что ежегодно значительные площади сельскохозяйственных угодий вторично засоляются. Один из важнейших факторов, который может обусловить эффективное использование засоленных земель, – это создание высокоустойчивых к засолению сортов и гибридов возделываемых растений, в частности риса. Рис (*Oryza sativa* L.) является ценной пищевой и сельскохозяйственной культурой (Черткова и др., 2024; Jena, Kim, 2020; Kuang et al., 2021; Phukan et al., 2024). В России рис выращивают на севере его мирового ареала на площади около 207 тыс. га. В Ростовской области проблема хлоридного засоления почв также актуальна.

Растения риса относятся к числу чувствительных к засолению культур, особенно на ранних вегетативных и поздних репродуктивных стадиях развития (Ganie et al., 2019; Жоголева и др., 2021; Singh et al., 2021; Yin et al., 2022). Засоленные почвы ограничивают поглощение корнями риса H_2O, что в свою очередь, приводит к торможению в тканях физиологических процессов, к накоплению в них ионов натрия (Na^+) и хлора (Cl^-), к нарушению баланса натрия и калия (Na^+/K^+) в клетках и в конечном итоге к замедлению всех ростовых процессов (Horie et al., 2012; Харитонов, Гончарова, 2013). Засоление оказывает негативное влияние на урожайность риса за счет уменьшения длины метелки, корней, листьев и увеличения количества стерильных цветков (Waziri et al., 2016).

Эффективным способом использования засоленных земель является выращивание на них высокоустойчивых к засолению сортов и гибридов риса. (Харитонов, Гончарова, 2010; Жоголева и др., 2021). Внедрение молекулярно–генетических методов в классическую селекцию существенно оптимизирует процедуру получения и сокращает сроки выведения новых сортов риса устойчивых к данному абиотическому стресс-фактору (Oladosu et al., 2020; Haque et al., 2022; Лесняк и др., 2021). Устойчивость к хлоридному засолению у растений риса является многофакторным количественным признаком, который контролируется более 50 генами (Ali et al., 2014; Азарин и др., 2016; Yin et al., 2022).

В настоящее время благодаря молекулярно–генетическим исследованиям идентифицировано около 80 QTL, которые контролируют признак солеустойчивости у растений риса, из них наиболее эффективными являются гены *SKC1* и *SNC*, расположенные в первой группе сцепления (рис. 1) (Zhu et al., 2005; Mardani, 2014).

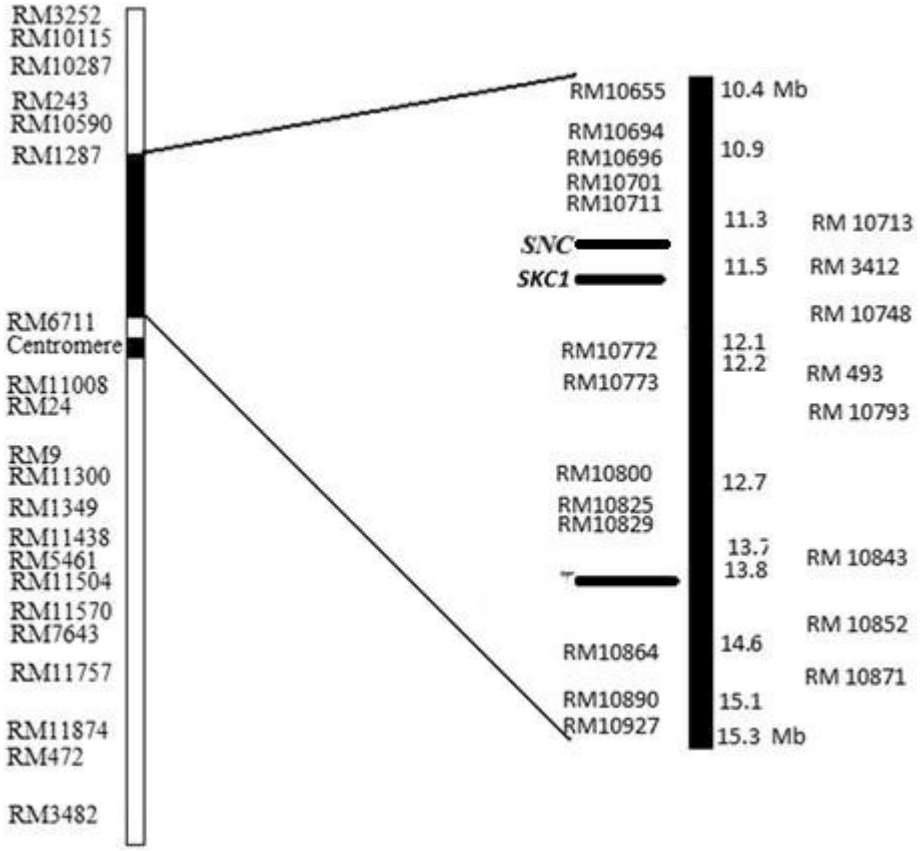

Рис. 1 — Локализация генов SKC1 и SNC на 1–й хромосоме риса (Bonilla et al., 2002; Thomson et al., 2010).

Ген *SKC1* обеспечивает баланс калия (K^+) в побегах солеустойчивого риса, при воздействии стресса, а ген *SNC* контролирует концентрацию натрия (Na^+) в побегах растения (Pareek, 2009; Pandit et al., 2010; Ju et al., 2022).

На данный момент общеизвестны зарубежные сорта–доноры солеустойчивости: Pokkali, Nova Bokra, Moroberikan, Bhura Ratha, IR86385-117-3-1-B, IR86385-248-1-B, IR86385-111-1-1-B, IR86385-87-1-1-B, IR74099-3R-3-3, FL–478 и др. Недостатком культивирования этих сортов в агроклиматической зоне Ростовской области является позднеспелость, т.к. они чувствительны к фотопериоду. В связи с этим для передачи генов солеустойчивости сорта–доноры включили в скрещивания с отечественными высокоурожайными скороспелыми сортами. Исходя из этого, целью исследования является отбор с применением SSR–маркеров линий риса гибридного происхождения с генами солеустойчивости *SKC1, SNC* и оценка их по комплексу хозяйственно ценных признаков.

Материалы и методы

Объектом исследования служили 99 линий риса гибридного происхождения F_5 поколения, полученных в результате скрещивания зарубежных солеустойчивых сортов IR527132B-8-2B-1-2, IR74099-3R-3-3, IR86385-87-1-1-B, IR86385-111-1-1-B, IR86385-117-3-1-B, IR86385-248-1-B, FL-478, Pokkali (Института сельскохозяйственной генетики, Вьетнам (AGI)) и отечественных высокоурожайных скороспелых сортов Контакт, Боярин (ФГБНУ «АНЦ «Донской») и Новатор (ФГБНУ «ФНЦ риса). Родительские сорта и гибриды выращивали на полях лаборатории селекции и семеноводства риса ОП «Пролетарское» ФГБНУ «АНЦ «Донской» в г. Пролетарске (Ростовская область).

Молекулярно–генетические исследования проводили в Академии биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского ЮФУ. ДНК экстрагировали из высечек молодых листьев CTAB–методом (Маркин и др., 2006). Количество и качество выделенной ДНК оценивали на спектрофотометре (Implen Nanophotometr NP80, Германия). ПЦР–анализ проводили в термоциклере Rotor–Gene 6000 (Corbett Research, Австралия). Оптимальный режим ПЦР для праймеров –35 циклов длительностью от 30 мин до 2 ч. Длину ампликона определяли в 2 % агарозном геле с добавлением бромистого этидия (1 мкг/мл). Гель фотодокументировали в трансиллюминаторе под УФ–светом с помощью видеосистемы GelDoc 2000 (BioRad, США).

По данным литературы и базы данных www.ncbi.nih.gov[1] были отобраны SSR–маркеры генов устойчивости риса к хлоридному засолению (Жоголева и др., 2021; Лесняк и др., 2021). Праймеры синтезированы ЗАО «Евроген» (г. Москва). Последовательности представлены в таблице 1.

[1] National Center for Biotechnology Information. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/

Таблица 1 — SSR–маркеры генов SKC1 и SNC, ассоциированные с признаком устойчивости риса к хлоридному засолению

Ген	Маркер	Последовательность (5'-3')	Размер ампликона, пн
SKC1	**DQ148410F***	**ACGACGACGAGGCTACTGAT**	**170**
	DQ148410R*	**GTCGAGACGACGGTGAAGAT**	
	RM327 F	CTACTCCTCTGTCCCTCCTCTC	213
	RM327 R	CCAGCTAGACACAATCGAGC	
	RM514 F	AGATTGATCTCCCATTCCCC	259
	RM514 R	CACGAGCATATTACTAGTGG	
SNC	**qSNC3F***	**CCTTGCTGTTATTGCTC**	**200**
	qSNC3R*	**GAGGAGGGGCGAAGATTGA**	
	RM307 F	GTACTACCGACCTACCGTTCAC	174
	RM307 R	CTGCTATGCATGAACTGCTC	
	RM122 F	GAGTCGATGTAATGTCATCAGTGC	227
	RM122 R	CTGCTATGCATGAACTGCTC	

Примечание: ***** – информативные SSR–маркеры выделенные по результатам настоящего исследования

Солеустойчивость изученных сортов и линий гибридного происхождения определяли лабораторным методом, т.е. проводили проращивание зерен риса в растворах NaCl в концентрациях 1,0 % и 1,5 %. Для этого воздушно–сухие семена замачивали в воде, в течение 12 часов, и после помещали их в сосуды при этих концентрациях NaCl. Повторность 3–х кратная. После 14 суток эксперимента измеряли длину корней и ростков, а также определяли всхожесть (Костылев, Кудашкина, 2019).

Фенологические наблюдения и оценку по хозяйственно ценным признакам проводили по методическим указаниям ВИР и классификатору рода *Oryza* L (1982). Определяли продолжительность вегетационного периода, высоту растений и длину метелок, подсчитывали количество зерен в 1 метелке и массу 1000 зерен. Статистическую обработку данных проводили с помощью программы Excel пакета Microsoft Office и STATISTICA 6, рассчитывали показатели стандартного отклонения выборки и частоту рекомбинации.

Результаты исследования и их обсуждение. В ходе исследования родительских и гибридных линий риса на наличие интродуцированных аллелей генов устойчивости к хлоридному засолению было оценено 6 пар SSR-маркеров, из них 3 пары гена *SKC1* и 3 пары гена *SNC*. SSR-анализ показал следующие результаты, представленные на рисунках 2 и 3.

При скрещивании солеустойчивого зарубежного сорта IR52713-2B-8-2B-1-2 с отечественным высокопродуктивным сортом Новатор доминантная аллель гена *SKC1*

была идентифицирована у сорта–донора дорожка *№1*, а также у гибридных линий *№ 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20* (рис. 2).

Рис. 2 – Электрофореграмма продуктов амплификации геномной ДНК гибридов риса с маркером DQ148410 (ген SKC1)

М–маркер молекулярного веса (100–1000 пн); *№1* – IR52713-2B-8-2B-1-2 (положительный контроль); *№2* – Новатор (отрицательный контроль); *№3 – 22* – исследуемые линии риса IR52713-2B-8-2B-1-2 х Новатор; *№3* – 3137; *№4* – 3143; *№5* – 3177; *№6* – 3181; *№7* – 3192; *№8* – 3194; *№9* – 3198; *№10* –3212; *№11* – 1657; *№13* – 4383; *№14* – 4448; *№15* – 2776; *№17* – 1964; *№18* –1961; *№19* – 1658; *№20* – 1958 – с геном *SKC1*

Частота рекомбинации между маркером DQ148410 и геном *SKC1* составила 1,5 % (т.е. 1,5 сМ), что свидетельствует о довольно тесном сцеплении маркера с геном солеустойчивости.

Доминантную аллель гена *SNC* идентифицировали у зарубежного сорта *№2* (IR86385-87-1-1-B), а также у гибридных линий *№3, 5, 10, 21, 22, 23*. Остальные образцы унаследовали рецессивную аллель от отечественного сорта *№1* – Новатор (рис. 3). Частота рекомбинации маркера qSNC с геном *SNC* составила 1,4 % (т.е. 1,4 сМ).

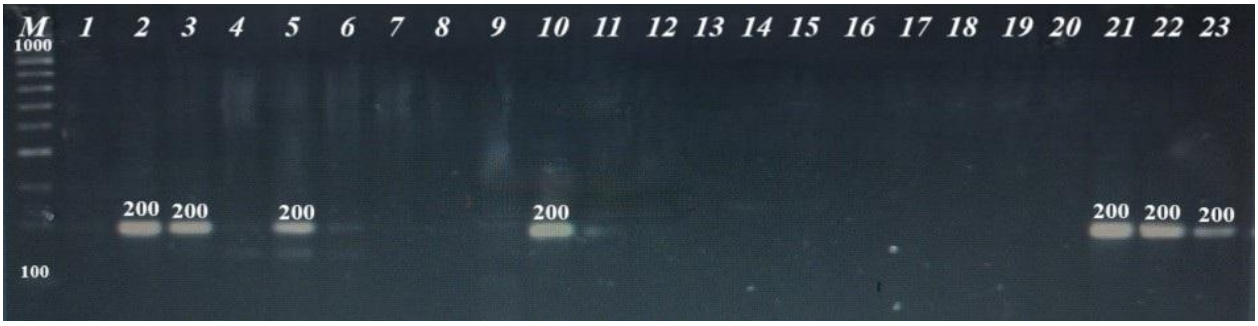

Рис. 3 – Электрофореграмма продуктов амплификации геномной ДНК гибридов риса с маркером qSNC (ген SNC)

М–маркер молекулярного веса (50–1000 пн); *№1* – Новатор (отрицательный контроль); *№2* – IR86385-87-1-1-B (положительный контроль); *№3–23* – исследуемые линии риса IR86385-87-1-1-B х Новатор; *№3* – 2010; №5 – 1959; *№10* – 2519; *№21* – 1963; *№22* – 1962; *№23* – 2775 – с геном *SNC*

В результате SSR–анализа были отобраны 25 гибридных линий риса с доминантными аллелями генов *SKC1* в количестве 19 шт. и *SNC* – 6 шт., ассоциированных с устойчивостью к хлоридному засолению, что составляет 25,3 % от общего количества изученных комбинаций.

На следующем этапе исследования провели определение устойчивости к хлоридному засолению родительских и гибридных линий риса. Результаты тестирования представлены в таблице 2 и 3.

Таблица 2 – Показатели длины ростков и корней через 14 дней прорастания в условиях хлоридного засоления (1,0 % NaCl)

№	Название комбинации	Длина ростка, см			Длина корня, см		
		Контр.	Опыт	О/К, %	Контр.	Опыт	О/К, %
1	Контакт	8,4±1,2	3,4±1,3	40,5	9,6±1,7	2,9±1,3	30,2
2	Новатор	8,1±1,2	3,3±1,4	39,5	10,2±2,1	3,1±1,2	30,4
3	Боярин	9,7±2,3	3,5±1,3	36,1	11,1±1,9	3,2±1,1	28,8
4	R17(IR86385)	10,8±1,8	6,0±1,3	55,6	10,9±1,5	3,6±2,1	33,0
5	IR527132B	9,9±1,9	6,6±1,2	66,7	10,2±1,4	3,5±2,2	34,3
6	IR74099	12,7±1,6	5,7±1,2	44,9	11,9±1,7	3,4±2,1	28,6
7	FL-478	11,9±1,4	6,9±1,4	58,0	11,4±1,6	3,4±2,1	29,8
1643	(IR52713 х Новатор) х Контакт	9,6±1,8	4,3±1,3	44,8	8,6±1,2	2,5±1,1	29,1
1642	(IR52713 х Новатор) х Контакт	9,2±1,4	2,4±1,3	26,1	10,2±2,3	1,1±0,5	10,8
1644	(IR52713 х Новатор) х Айсберг	8,1±1,7	3,2±1,3	39,5	12,9±2,5	3,2±2,1	24,8
1645	(IR52713 х Новатор) х Айсберг	9,6±1,8	3,1±1,3	32,3	8,6±1,2	2,2±1,1	25,6
1646	(NSIC Rc106 х Новатор) х (BR-11 х Новатор)	10,4±1,8	3,2±1,4	30,8	12,5±3,0	2,3±1,2	18,4
1647	(NSIC Rc106 х Новатор) х (BR-11 х Новатор)	10,0±1,3	5,0±1,4	50,0	8,6±1,6	3,5±2,1	40,7
1648	(NSIC Rc106 х Новатор) х (BR-11 х Новатор)	10,1±1,0	2,3±1,4	22,8	8,7±1,6	2,1±1,2	24,1
1650	(NSIC Rc106 х Новатор) х (BR-11 х Новатор)	11,2±1,0	4,6±1,8	41,1	9,8±2,7	3,3±2,2	33,7
1670	BRRY dhan47х Контакт	9,0±1,8	2,6±1,7	28,9	8,2±3,9	1,9±1,2	23,2
1954	FL-478 х Контакт	10,6±1,9	4,5±1,3	42,5	9,0±1,0	3,2±2,1	35,6
1955	IR74099 х Контакт	9,2±1,6	2,8±1,4	30,4	8,1±1,2	2,3±1,2	28,4

Продолжение таблицы 2

1956	IR74099 х Контакт	10,1±1,7	6,7±1,2	66,3	8,7±1,3	3,3±2,2	37,9
1957	IR74099 х Контакт	8,7±1,0	5,5±1,3	63,2	8,5±1,9	4,2±2,1	49,4
1958	(IR52713 х Новатор) х Контакт	9,8±1,4	2,8±1,5	28,6	8,6±2,1	1,2±0,9	14,0
1961	(IR52713 х Новатор) х Контакт	9,1±2,8	4,6±1,6	50,5	8,8±2,9	3,2±1,4	36,4
1964	(IR52713 х Новатор) х Контакт	8,3±0,9	4,3±1,6	51,8	8,3±1,4	3,2±1,2	38,6
2085	(IR74099 х Новатор) х К2495	8,9±2,3	4,5±1,3	50,6	8,6±1,6	3,3±1,3	38,4
2361	R17(IR86385) х Боярин	8,6±1,8	4,4±1,7	51,2	10,7±2,7	3,2±1,1	29,9
2362	R20(IR86385) х Контакт	9,7±1,3	5,9±1,3	60,8	8,5±1,7	4,4±2,1	51,8
2363	R20(IR86385) х Контакт	9,3±2,0	5,1±1,4	54,8	10,2±2,0	4,1±1,8	40,2
2364	R21(IR86385) х Контакт	8,7±1,7	2,6±1,6	29,9	9,1±1,6	1,1±0,5	12,1
2365	R21(IR86385) х Контакт	9,8±2,1	2,7±1,5	27,6	8,9±2,0	1,1±0,5	12,4
2366	R21(IR86385) х Контакт	8,8±1,1	2,8±1,3	31,8	8,8±1,2	1,2±0,5	13,6
2367	R26(IR86385) х Контакт	8,3±2,4	2,4±1,8	28,9	8,8±2,4	1,1±0,4	12,9
2491	OM Saltol T35 х Боярин	8,7±2,0	2,5±1,4	28,7	10,8±3,0	1,1±0,4	10,2
2517	FL-478 х Контакт	9,6±1,7	4,9±1,4	51,0	11,9±3,1	3,4±2,1	28,6
2518	FL-478 х Контакт	11,6±2,5	4,5±1,3	38,8	10,1±2,5	3,3±2,2	32,7
2521	FL-478 х Контакт	9,0±2,0	5,8±1,5	64,4	9,2±2,7	4,3±2,1	46,7
2522	FL-478 х Контакт	10,1±1,4	4,5±1,7	44,6	10,0±2,0	3,2±2,1	32,0
2525	(Pokkali х Новатор) х Аметист	10,7±2,1	5,3±1,7	49,5	8,9±2,3	4,3±2,1	48,3
2723	(Pokkali х Новатор) х Аметист	10,6±2,1	4,7±1,5	44,3	10,6±2,3	4,4±1,9	41,5
2767	IR74099 х Новатор	11,1±1,1	6,1±1,8	55,0	8,5±1,4	4,6±2,2	54,1
2769	IR74099 х Новатор	8,0±1,7	2,2±1,5	27,5	9,4±1,7	1,1±0,5	11,7
2770	IR74099 х Новатор	9,4±0,9	4,8±1,4	51,1	10,6±1,4	3,3±1,2	31,1
2771	IR74099 х Новатор	9,2±1,9	2,8±1,6	30,4	14,1±2,2	1,1±0,3	7,8
2772	IR74099 х Новатор	9,3±1,6	2,3±1,3	24,7	8,7±1,3	1,1±0,3	12,6
2773	IR74099 х Новатор	8,0±1,4	2,5±1,5	31,3	9,2±1,8	1,1±0,3	12,0
2776	IR5271 х Новатор	9,6±2,0	5,1±1,2	53,1	8,9±1,6	4,5±2,1	50,6
2774	IR74099 х Новатор	10,2±1,6	4,1±1,6	40,2	12,3±3,0	3,2±1,1	26,0
2778	IR74099 х Новатор	10,2±1,6	2,9±1,6	28,4	8,2±1,4	1,2±0,6	14,5
2858	IR52713 х Новатор	8,7±1,2	4,1±1,4	47,1	9,5±2,0	3,2±1,1	33,7
2861	IR52713 х Новатор	10,8±1,8	4,9±1,6	45,4	8,5±1,5	3,4±1,2	40,0
2862	IR52713 х Новатор	10,2±1,8	4,5±1,7	44,1	9,0±1,5	3,5±1,2	38,9
2863	IR52713 х Новатор	10,9±2,6	4,7±1,2	43,1	9,4±1,7	3,3±1,1	35,1
2864	IR52713 х Новатор	10,8±1,4	4,3±1,3	39,8	9,9±1,6	3,3±1,1	33,3

*Примечание: О/К, % – (Опыт/Контроль)*100%

Всхожесть контрольной группы при проращивании в воде составила от 93 до 100 %, при концентрации 1 % NaCl – 65–85 %, а при увеличении концентрации до 1,5 % NaCl – 40–75 %. В ходе анализа ростовых характеристик ростков риса при проращивании в растворе NaCl концентрации 1 % получены следующие результаты: длина ростков у гибридных линий варьировала от 41,1 % (№3143(IR52713 х Новатор) до 66,3 % (№3177(IR52713 х Новатор), относительно контроля. Наибольшее снижение длины корня в сравнении с контрольными значениями наблюдалось у №3143(IR52713 х Новатор). Наибольшие показатели длины ростка при 1 % засолении были у зарубежных сортов – R17 (6,0±1,3 см), IR52713 (6,6±1,2 см) и FL–478 (6,9±1,4 см); у гибридных линий –№3177 (IR52713 х Новатор) (6,7±1,2 см), №2032(R26 х Контакт) (5,9±1,3 см) и №3137 (IR52713 х Новатор) (5,8±1,5 см), в которых идентифицировали гены *SNC* и *SKC1*.

При увеличении концентрации NaCl до 1,5 % достоверно снижалась интенсивность роста ростков и корней (табл. 3).

Таблица 3 – Показатели длины ростков и корней через 14 дней прорастания в условиях хлоридного засоления (1,5 % NaCl)

№	Название комбинации	Длина ростка, см			Длина корня, см		
		Контр.	Опыт	О/К, %	Контр.	Опыт	О/К, %
1	Контакт	8,4±1,2	1,4±0,3	16,7	5,6±1,7	0,1±0,1	1,8
2	Новатор	8,1±1,2	1,3±0,4	16,0	10,2±2,1	0,1±0,2	1,0
3	Боярин	9,7±2,3	1,5±0,3	15,5	11,1±1,9	0,2±0,1	1,8
4	R17(IR86385)	10,8±1,8	3,0±0,3	27,8	10,9±1,5	0,6±0,1	5,5
5	IR52713	9,9±1,9	3,6±0,2	36,4	10,2±1,4	0,5±0,2	4,9
6	IR74099	12,7±1,6	2,7±0,2	21,3	11,9±1,7	0,4±0,2	3,4
7	FL-478	11,9±1,4	2,9±0,4	24,4	11,4±1,6	0,4±0,1	3,5
1643	(IR52713 х Новатор) х Контакт	9,6±1,8	3,3±0,3	34,4	8,6±1,2	0,5±0,1	5,8
1642	(IR52713 х Новатор) х Контакт	9,2±1,4	1,4±0,3	15,2	10,2±2,3	0,1±0,1	1,0
1644	(IR52713 х Новатор) х Айсберг	8,1±1,7	2,2±0,3	27,2	12,9±2,5	0,2±0,1	1,6
1645	(IR52713 х Новатор) х Айсберг	9,6±1,8	2,1±0,3	21,9	8,6±1,2	0,2±0,1	2,3
1646	(NSIC Rc106 х Новатор) х (BR-11 х Новатор)	10,4±1,8	2,2±0,4	21,2	12,5±3,0	0,3±0,2	2,4
1647	(NSIC Rc106 х Новатор) х (BR-11 х Новатор)	10,0±1,3	3,0±0,4	30,0	8,6±1,6	0,5±0,1	5,8

Продолжение таблицы 3

1648	(NSIC Rc106 x Новатор) x (BR-11 x Новатор)	10,1±1,0	1,3±0,4	12,9	7,7±1,6	0,1±0,2	1,3
1650	(NSIC Rc106 x Новатор) x (BR-11 x Новатор)	11,2±1,0	2,6±0,8	23,2	9,8±2,7	0,3±0,2	3,1
1670	BRRY dhan47x Контакт	9,0±1,8	1,6±0,7	17,8	8,2±3,9	0,1±0,2	1,2
1954	FL-478 x Контакт	10,6±1,9	2,5±0,3	23,6	9,0±1,0	0,2±0,1	2,2
1955	IR74099 x Контакт	9,2±1,6	2,7±0,2	29,3	7,1±1,2	0,3±0,2	4,2
1956	IR74099 x Контакт	10,1±1,7	2,7±0,2	26,7	4,7±1,3	0,3±0,2	6,4
1957	IR74099 x Контакт	8,7±1,0	2,5±0,3	28,7	7,5±1,9	0,2±0,1	2,7
1958	(IR52713 x Новатор) x Контакт	9,8±1,4	1,8±0,5	18,4	8,6±2,1	0,2±0,2	2,3
1961	(IR52713 x Новатор) x Контакт	9,1±2,8	2,6±0,6	28,6	7,8±2,9	0,2±0,1	2,6
1964	(IR52713 x Новатор) x Контакт	8,3±0,9	2,3±0,6	27,7	8,3±1,4	0,2±0,2	2,4
2085	(IR74099 x Новатор) x К2495	8,9±2,3	2,5±0,3	28,1	6,6±1,6	0,3±0,2	4,5
2361	R17(IR86385) x Боярин	8,6±1,8	2,4±0,7	27,9	10,7±2,7	0,2±0,1	1,9
2362	R20(IR86385) x Контакт	9,7±1,3	2,9±0,3	29,9	7,5±1,7	0,4±0,1	5,3
2363	R20(IR86385) x Контакт	9,3±2,0	2,1±0,4	22,6	10,2±2,0	0,1±0,1	1,0
2364	R21(IR86385) x Контакт	8,7±1,7	1,6±0,6	18,4	9,1±1,6	0,1±0,1	1,1
2365	R21(IR86385) x Контакт	9,8±2,1	1,7±0,5	17,3	8,9±2,0	0,1±0,1	1,1
2366	R21(IR86385) x Контакт	8,8±1,1	1,8±0,3	20,5	7,8±1,2	0,1±0,1	1,3
2367	R26(IR86385) x Контакт	8,3±2,4	1,4±0,8	16,9	5,8±2,4	0,1±0,1	1,7
2491	OM Saltol T35 x Боярин	8,7±2,0	1,5±0,4	17,2	10,8±3,0	0,1±0,1	0,9
2517	FL-478 x Контакт	9,6±1,7	2,9±0,4	30,2	11,9±3,1	0,4±0,1	3,4
2518	FL-478 x Контакт	11,6±2,5	2,5±0,3	21,6	10,1±2,5	0,3±0,2	3,0
2521	FL-478 x Контакт	9,0±2,0	2,8±0,5	31,1	9,2±2,7	0,3±0,1	3,3
2522	FL-478 x Контакт	10,1±1,4	2,5±0,7	24,8	10,0±2,0	0,2±0,1	2,0
2525	(Pokkali x Новатор) x Аметист	10,7±2,1	2,3±0,7	21,5	6,9±2,3	0,3±0,2	4,3
2723	(Pokkali x Новатор) x Аметист	10,6±2,1	2,7±0,5	25,5	10,6±2,3	0,4±0,1	3,8
2767	IR74099 x Новатор	11,1±1,1	3,1±0,8	27,9	8,5±1,4	0,4±0,2	4,7
2769	IR74099 x Новатор	8,0±1,7	1,2±0,5	15,0	9,4±1,7	0,1±0,1	1,1
2770	IR74099 x Новатор	9,4±0,9	2,8±0,4	29,8	10,6±1,4	0,3±0,2	2,8
2772	IR74099 x Новатор	9,3±1,6	1,3±0,3	14,0	6,7±1,3	0,1±0,1	1,5
2773	IR74099 x Новатор	8,0±1,4	1,5±0,5	18,8	9,2±1,8	0,1±0,1	1,1

Продолжение таблицы 3

2776	IR52713 х Новатор	9,6±2,0	3,1±0,2	32,3	7,9±1,6	0,5±0,1	6,3
2774	IR74099 х Новатор	10,2±1,6	2,1±0,6	20,6	12,3±3,0	0,2±0,1	1,6
2778	IR74099 х Новатор	10,2±1,6	1,9±0,6	18,6	8,2±1,4	0,2±0,2	2,4
2858	IR52713 х Новатор	8,7±1,2	2,1±0,4	30,0	6,5±2,0	0,2±0,1	3,1
2861	IR52713 х Новатор	10,8±1,8	2,9±0,6	26,9	8,5±1,5	0,2±0,1	2,4
2862	IR52713 х Новатор	10,2±1,8	2,5±0,7	24,5	7,0±1,5	0,5±0,2	7,1
2863	IR52713 х Новатор	10,9±2,6	2,7±0,2	24,8	7,4±1,7	0,3±0,1	4,1
2864	IR52713 х Новатор	10,8±1,4	2,3±0,3	21,3	7,9±1,6	0,3±0,1	3,8

*Примечание: О/К, % – (Опыт/Контроль)*100%

Длина ростков родительских сортов и гибридов варьировала от 15,5 % у сорта Боярин до 36,4 % у зарубежного сорта IR52713. Наибольшие показатели длины ростка зафиксировали у солеустойчивого сорта IR52713 (3,6±0,2 см), а также у гибридных линий – №3143(IR52713 х Новатор) (3,3±0,3 см), №3177(IR52713 х Новатор) (3,0±0,3 см), №2776(IR52713 х Новатор) (3,1±0,2 см) и №1657(IR52713 х Новатор) х Контакт) (3,0±0,4 см).

По результатам молекулярно-генетического анализа и лабораторного опыта 25 гибридных линий оценили по важнейшим хозяйственно ценным признакам (табл. 4).

Таблица 4 – Хозяйственно ценные признаки отечественных сортов и гибридных линий риса, устойчивых к хлоридному засолению

№ делянки	Комбинация скрещивания	Вегетационный период, дней	Высота растений, см	Длина метелки, см	Количество зерен с 1 метелки, шт.	Масса 1000 зерен, г
1	**Контакт**	**111**	**97**	**15,3**	**141**	**29,5**
2032	R26(IR86385) х Контакт	115	92	14,5	165	29,0
2033	R26(IR86385) х Контакт	113	92	14,5	167	30,0
2364	R26(IR86385) х Контакт	116	93	16,3	192	32,0
1657	(IR52713 х Новатор) х Контакт	120	96	15,9	177	33,0
2	**Новатор**	**112**	**98**	**14,7**	**147**	**29,5**
3137	IR52713 х Новатор	117	103	16,5	205	29,0
3143	IR52713 х Новатор	116	102	17,0	176	31,0
3177	IR52713 х Новатор	120	90	17,3	142	29,5
3181	IR52713 х Новатор	116	96	15,8	141	30,7
3192	IR52713 х Новатор	118	91	17,0	129	27,4
3194	IR52713 х Новатор	118	90	17,5	146	26,6
3198	IR52713 х Новатор	111	92	14,5	132	29,7
3212	IR52713 х Новатор	119	90	16,8	150	28,2

Продолжение таблицы 4

4383	IR52713 х Новатор	120	96	13,5	127	28,1
4448	IR52713 х Новатор	118	92	16,8	123	26,3
2776	IR52713 х Новатор	115	91	14,5	139	28,1
1964	IR52713 х Новатор	120	95	16,8	150	28,3
1961	IR52713 х Новатор	116	93	16,0	134	32,2
1658	IR52713 х Новатор	113	97	14,8	131	27,1
1958	IR52713 х Новатор	115	91	14,3	128	31,8
3	**Боярин**	**118**	**95**	**14,8**	**148**	**30,9**
2010	R17(IR86385) х Боярин	119	92	12,8	174	30,0
2775	R17(IR86385) х Боярин	118	90	16,0	124	27,4
1963	R17(IR86385) х Боярин	119	95	17,5	146	26,9
2519	R17(IR86385) х Боярин	113	91	15,2	126	28,4
1962	R17(IR86385) х Боярин	116	92	14,5	132	26,1
1959	R17(IR86385) х Боярин	120	95	12,8	156	27,7
Среднее значение		116,5	93,8	15,5	148,1	29,1
Стандартное отклонение		2,8	3,4	1,4	21,4	1,9

Важным хозяйственно ценным признаком при культивировании риса в агроклиматической зоне Ростовской области является вегетационный период от 110 до 125 дней. Из таблицы 4 видно, что все гибридные линии являлись среднеспелыми с периодом вегетации от 113 до 120 дней. Родительские сорта Контакт и Новатор созревали на 1–2 дня раньше. В среднем у родительских и гибридных линий значение составило 116,5 дней. Оптимальная высота растения для механизированной уборки является 90–110 см. Высота растений у родительских сортов варьировала от 95 до 98 см, а у гибридов от 90 до 103 см, в среднем 93,8 см. Длина метелки в среднем у гибридных линий составила 15,6 см, варьируя от 12,8 до 17,5 см, а количество зерен с 1 метелки 148,5 шт., варьируя от 123 до 205 шт. Масса 1000 зерен в среднем составила 29,1 г, максимальные значения – №1657((IR52713 х Новатор) х Контакт), №2364(R26(IR86385) х Контакт), №3143(IR52713 х Новатор), №1961(IR52713 х Новатор), №1958(IR52713 х Новатор).

Выводы. В результате SSR–анализа были отобраны солеустойчивые комбинации риса с геном *SKC1* в количестве 19 шт. и с геном *SNC* – 6 шт. с оптимальными показателями хозяйственно ценных признаков, которые рекомендуются для выращивания в агроклиматической зоне Ростовской области. Отобранные солеустойчивые комбинации риса внедрены в селекционную программу лаборатории риса АНЦ «Донской» для создания новых сортов, которые позволят получать высокие урожаи риса на засоленных почвах.

Благодарности. Авторы благодарны сотрудникам ЮФУ за помощь в

проведении молекулярно–генетических опытов по идентификации генов солеустойчивости у селекционного материала риса.

Литература / References

Азарин К.В., Усатов А.В., Макаренко М.С., Хачумов В.А. и др. Маркерная селекция солеустойчивых форм риса. Зерновое хозяйство России, 2016. № 6(48). С. 28-32.

Жоголева О.С., Вожжова Н.Н., Дубина А.Ю., Купрейшвили Н.Т., Костылев П.И. Идентификация QTL *Saltol* в селекционных образцах риса. Зерновое хозяйство России, 2021. №6(78). С. 73–77. https://doi.org/10.31367/2079-8725-2021-78-6-73-77.

Костылев П. И., Кудашкина Е. Б. Изучение солеустойчивости риса на генеративной стадии развития. Таврический вестник аграрной науки, 2019. № 2(18). С. 70–77. https://doi.org/10.33952/2542-0720-2019-2-18-70-77.

Лесняк С.А., Дубина Е.В., Гаркуша С.В., Корж С.О., Рубан М.Г. Создание генетических ресурсов риса, устойчивых к абиотическим стрессорам, на основе методов молекулярного маркирования. Рисоводство, 2021. №3(52). С. 6–11. https://doi.org/10.33775/1684-2464-2021-52-3-6-11.

Маркин Н.В., Усатов А.В., Макаренко М.С., Усатенко Т.В., Горбаченко О.Ф. Исследование ДНК-маркеров устойчивости подсолнечника к заразихе (*Orobanche cumana* Wallr.). Современные проблемы науки и образования, 2016. №6. С. 500–506.

Харитонов Е.М., Гончарова Ю.К. Механизм солеустойчивости российских сортов риса. Аграрный вестник Урала, 2010. Т. 8(74). С.45–48.

Харитонов Е. М., Гончарова Ю.К. О генетико-физиологических механизмах солеустойчивости у риса (*Oryza sativa* L.) (обзор). Сельскохозяйственная биология, 2013. Т. 3. С.3–11.

Черткова Н. Г., Усатов А. В., Костылев П. И., Скрининг гибридных генотипов риса на наличие гена устойчивость к засолению Saltol // «Живые и биокосные системы». – 2024. – № 48. https://doi.org/10.18522/2308-9709-2024-48-5.

Ali Md.N., Yeasmin L., Gantait S., Goswami R., Chakraborty S. Screening of rice landraces for salinity tolerance at seedling stage through morphological and molecular markers // Physiol Mol Biol, 2014. P. 411–423. https://doi.org/10.1007/s12298-014-0250-6.

Bonilla P., Dvorak J., Mackill D., Deal K., Gregorio G. RFLP and SSLP mapping of salinity tolerance genes in chromosome 1 of rice (Oryza sativa L.) using recombinant inbred lines. Philippine Agricultural Scientist, 2002. Vol. 65(1). P. 68–76.

Ganie, S.A. Molla, K.A. Henry, R.J. Bhat, K. V., Mondal, T. K. Advances in understanding salt tolerance in rice. Theoretical and Applied Genetics, 2019. https://doi.org/10.1007/s00122-019-03301-8.

Haque A., Rafii Y., Yusoff M., Ali N., Yusuff O., Arolu F., Anisuzzaman M. Flooding tolerance in Rice: adaptive mechanism and marker-assisted selection breeding approaches. Nature, 2022. https://doi.org/10.1007 / s11033-022-07853-9.

Horie T., Karahara I., Katsuhara M. Salinity tolerance mechanisms in glycophytes: Anoverview with the central focus on rice plants. The rice journal, 2012. Vol. 5:11. https://doi.org/10.1186/1939-8433-5-11.

Jena K.K., Kim S.R Genomics, biotechnology and plant breeding for the improvement of rice production. In: Accelerated Plant Breeding, 2020. Vol. 1. P. 217–232. https://doi.org/10.1007/978-3-030-41866-3_9.

Ju C., Ma X., Han B., Zhang W., Zhao Z., Geng L., Cui D., Han L. Candidate gene discovery for salt tolerance in rice (Oryza sativa L.) at the germination stage based on genome-wide association study. Frontiers in Plant Science, 2022; 13:1010654. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1010654.

Kuang Y. H., Fang Y.F., Lin S. C., Tsai S. F., Yang Z. W., Li C. P., Huang S. H., Hechanova S. L., Jena K. K., Chuang W. P. The Impact of Climate Change on the Resistance of Rice Near-Isogenic Lines with Resistance Genes Against Brown Planthopper. Rice, 2021. Vol. 14:64. https://doi.org/10.1186/s12284-021-00508-6.

Mardani, Z. Identification of molecular markers linked to salt-tolerant genes at germination stage of rice / Z. Mardani1, B. Rabiei, H. Sabouri, A. Sabouri // Plant Breeding, 2014. V. 133. P. 196–202. https://doi.org/10.1111/pbr.12136.

Oladosu Y., Rafii M. Y., Arolu, F. Chukwu S. C., Muhammad I., Kareem I., Salisu M. A., Arolu I. W. Submergence tolerance in rice: Review of mechanism, breeding and, future prospects. Sustainability, 2020; 12:1632. https://doi.org/10.3390/su12041632.

Pandit A., Rai V., Bal S., Sinha S., Kumar V., Chauhan M., Gautam R. K., Singh R., Sharma P. C., Singh A. K., Gaikwad K., Sharma T. R., Mohapatra T., Singh N. K. Combining QTL mapping and transcriptome profiling of bulked RILs for identification of functional polymorphism for salt tolerance genes in rice (*Oryza sativa* L.). Mol Genet Genomics, 2010. Vol. 284(2). P. 121–136. https://doi.org/10.1007/s00438-010-0551-6.

Pareek A. Transcriptome map for seedling stage specifc salinity stress response indicates a specifc set of genes as candidate for saline tolerance in Oryza sativa L. Funct. Integr. Genomics, 2009. № 9. P.109-123.

Phukan U.J., Jindal S., Laldinsangi C., Singh P.K., Longchar B. A microscopic scenario on recovery mechanisms under waterlogging and

submergence stress in rice. Planta, 2024. Vol. 259(1). P. 9. https://doi.org/10.1007/s00425-023-04285-y.

Singh R. K., Kota S., Flowers T.J. Salt tolerance in rice: seedling and reproductive stage QTL mapping come of age. Theoretical and Applied Genetics, 2021; 134:3495–3533. https://doi.org/10.1007/s00122-021-03890-3.

Thomson M. J., Ocampo M., Egdane J., Rahman M. A., Sajise A. G., Adorada D. L., Singh R. K., Gregorio G. B., Ismail A. M. Characterizing the Saltol Quantitative Trait Locus for Salinity Tolerance in Rice. Agricultural Plant Science, 2010. Vol.3(2). P. 148–160. https://doi.org/10.1007/s12284-010-9053-8.

Waziri A., Kumar P., Purty R. S. Saltol QTL and Their Role in Salinity Tolerance in Rice. Austin Journal of Biotechnology & Bioengineering, 2016. Vol. 3(3). P. 1067.

Yin W., Lu T., Chen Z., Lu T., Ye H., Mao Y., Luo Y., Lu M., Zhu X., Yuan X., Rao Y., Wang Y. Quantitative trait locus mapping and candidate gene analysis for salt tolerance at bud stage in rice. Front. Plant Sci, 2022. Vol. 13. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1041081/.

Zhu J.K. Salt and drought stress signal transduction in plant. Annual Review of Plant Biology, 2005. 53:247-273. https://doi.org/10.1146/annurev. arplant.53.091401.143329.

Статья поступила в редакцию 2 сентября 2025 г.

Поступила после доработки 12 сентября 2025 г.

Принята к печати 16 сентября 2025 г.

Received September 2, 2025

Revised September 12, 2025

Accepted September 16, 2025