

## ПОИСК НОВЫХ ГЕНОТИПОВ РИСА С УСТОЙЧИВОСТЬЮ К ГЛУБОКОВОДНОМУ ЗАТОПЛЕНИЮ

© 2024 г. Н. Г. Черткова<sup>1, 2, \*</sup>, П. И. Костылев<sup>2</sup>, А. В. Усатов<sup>1</sup>, Н. Г. Дуплий<sup>1</sup>, Е. А. Фаддеева<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Южный Федеральный Университет, Ростов-на-Дону, 344090 Россия

<sup>2</sup>Аграрный научный центр “Донской”, Зерноград, 347740 Россия

\*e-mail: [tysik17082012@gmail.com](mailto:tysik17082012@gmail.com)

Поступила в редакцию 21.06.2024 г.

После доработки 24.10.2024 г.

Принята к публикации 26.10.2024 г.

Устойчивость растений риса к глубоководному затоплению в условиях Ростовской области может быть использована в качестве “природного гербицида” в борьбе с сорной растительностью, снижающей урожайность сортов риса до 50%. Проведено исследование генотипов риса, обладающих различным уровнем устойчивости к глубоководному затоплению. Используя молекулярные маркеры, мы выявляли новые генетические ресурсы толерантности к анаэробному стресс-фактору в гибридных образцах риса. Проведен анализ гибридных линий по важнейшим селекционным признакам и идентифицирован аллель гена *SNORKEL1 (SKI)* в образцах риса, отобранных после скрещивания доноров устойчивости с отечественными высокоурожайными сортами. Методом проращивания в условиях гипоксии оценена устойчивость гибридов и родительских сортов. Выделены перспективные генотипы, представляющие особый интерес для селекции, которые могут быть использованы в программах внедрения технологий безгербицидного земледелия.

**Ключевые слова:** *Oryza sativa* L., *SNORKEL1*, аллель, глубоководное затопление, гибриды, доноры устойчивости, реципиенты

**DOI:** 10.56304/S0234275824060036

Рис (*Oryza sativa* L.) — важнейшая злаковая культура, используемая в качестве ежедневного диетического компонента в питании более чем половиной населения мира [1]. В России рис выращивают на площади 189.6 тыс. га, а его урожайность в среднем составляет 69 ц/га (данные на 2023 год). Во многом это почвы юга России: Ростовской, Астраханской областей, Краснодарского края, Калмыкии, Дагестана. Урожайность и качество зерна относятся к главным хозяйственно ценными признакам для любых культур в разных странах. Снижение урожайности может быть вызвано биотическими и абиотическими стресс-факторами, такими как затопление, засоление, болезни, а также сорными растениями. Применение химических препаратов в борьбе с сорняками не всегда эффективно и может приводить к загрязнению фауны, ухудшению качества продукции и неблагоприятно воздействовать на здоровье человека [2]. Целесообразным и оптимальным решением этих проблем считается применение безпестицидной технологии при выращивании растений риса. Производство

экологически чистого зерна с высокими вкусовыми качествами — актуальная задача, стоящая перед сельским хозяйством сегодня.

В отличие от сорных растений, рис относится к полуводным растениям, хорошо приспособленным к условиям частичного затопления. Рис может переносить даже кратковременное погружение в воду, в то время как для сорняков эти условия губительны. Однако длительное затопление, более 8–9 сут, негативно влияет на всходы и урожайность риса [3, 4]. Справиться с такими условиями можно посредством внедрения в процесс скрещивания устойчивых к глубоководному затоплению сортов, однако в России их на данный момент нет. S. Oe с соавт. [5] выделили сорта риса (Kharsu 80A, Khao Hlan On и др.), обладающие толерантностью к анаэробным условиям. В настоящее время полиморфизм сортов риса из разных стран — главный источник для улучшения и создания новых, востребованных сортов собственной селекции. Улучшение сортов риса для повышения устойчивости к абиотическим стрессам с использованием традиционных подходов селекции (искусственный отбор, гибридизация, ибридинг) было не очень успешным из-за непонимания

*Список сокращений:* QTL (quantitative trait locus) — локус количественных признаков; LOES (low oxygen escape syndrome) — синдром низкого выхода O<sub>2</sub>.

сложных механизмов, определяющих эти признаки. Современные достижения в области молекулярной генетики и генотипирования привели к выявлению локусов количественных признаков (QTL), связанных с устойчивостью к глубоководному затоплению [4]. Zhao с соавт. [6] рассмотрели современные достижения биотехнологии, представляющие возможность использования молекулярных инструментов для исследования генетических факторов устойчивости к затоплению, манипулирования ДНК и РНК и разработки современных методов борьбы с сорняками без применения гербицидов.

За последние 20 лет азиатские и китайские исследователи добились значительного прогресса в изучении генетической основы повышения устойчивости риса к затоплению и вывели сорта, обладающие такой устойчивостью, а также разработали ряд результативных маркеров для контроля генной изменчивости. Устойчивость к глубоководному затоплению у растений риса, по мнению Miskelbart с соавт. [7], — комплексный полигенный признак, который контролируется взаимодействием множества физиологических и биохимических процессов, происходящих в растениях.

Гены устойчивости к затоплению у растений риса обнаружены и картированы на разных хромосомах. Адаптация растений в условиях затопления приводит к развитию анатомо-морфологических признаков, таких как аэренхима, придаточные корни и газовые пленки листьев. У растений риса есть два противоположных типа адаптации к затоплению:

1) синдром низкого выхода  $O_2$  (LOES), вызванный накоплением этилена и регулируемый локусом *SNORKEL*;

2) синдром покоя, который приводит к блокированию этилена, ограничению метаболизма и роста, регулируемый локусом *SUBMERGENCE1*.

Локусы *SNORKEL* (*SNORKEL1* и *SNORKEL2*, или *SK1* и *SK2* соответственно) локализованные на 12 хромосоме, индуцируют выработку гиббереллиновой кислоты, ауксина и вызывают значительное удлинение междоузлий до поверхности воды, чтобы облегчить поглощение кислорода из атмосферы и транспортировку его к корням через аэренхиму [8].

Идентификация генотипов, устойчивых к различным стрессам, с помощью традиционных методов в сочетании с молекулярными ускорит процесс создание сортов с необходимым набором селекционно ценных признаков. В настоящее время российскими учеными выведены высокоурожайные сорта, но, чтобы сохранить чистоту окружающей среды и бороться с сорняками без использования химикатов, необходимо ввести в их геном гены толерантности к глубоководному затоплению. Выведение сортов риса со “встроенной” то-

лерантностью к стресс-факторам экономически выгодно, так как позволит выращивать устойчивые к стрессам высокоурожайные селекционные линии этой ценной зерновой культуры [9].

Нами проанализирована информативность наиболее применяемых молекулярных маркеров, используемых исследователями при изучении местных гибридных линий риса. Такой скрининг позволяет выявить перспективные селекционные образцы риса, обладающие различным уровнем устойчивости к стресс-факторам.

Цель исследования — выявление новых генетических ресурсов толерантности к анаэробному стресс-фактору в гибридных образцах риса.

## УСЛОВИЯ ЭКСПЕРИМЕНТА

### Объекты исследования

Объектом исследования служили 66 скороспелых селекционных образцов риса поколений  $F_5$ – $F_6$ , любезно предоставленные сотрудниками лаборатории селекции и семеноводства риса Обособленного подразделения “Пролетарское” Аграрного научного центра “Донской” (Пролетарск, Ростовская область). Также были предоставлены данные о вегетационном периоде и высоте растений риса. В скрещивания включали азиатские линии доноров устойчивости к глубоководному затоплению: Kharsu 80A, Khao Hlan On и Mazhan Red, — а в качестве реципиентов использовали отечественные высокоурожайные сорта: Контакт и Кубояр. Исследовали следующие гибридные комбинации: Контакт × Khao Hlan On — 13 гибридных образцов (№ 4744, 4744/1, 4744/2, 4745, 4745/1, 4746, 4746/1, 4751, 4751/1, 4751/2, 4752, 4752/1, 4752/2); Кубояр × Kharsu 80A — 9 (4764, 4764/1, 4764/2, 4765, 4765/1, 4765/2, 4773, 4773/1, 4773/2); Кубояр × Mazhan Red — 3 (4776, 4776/1, 4776/2); Kharsu 80A × Контакт — 23 (4781, 4781/1, 41781/2, 4789, 4789/1, 4789/2, 4789/3, 4790, 4790/1, 4791, 4791/1, 4792, 4792/1, 4793, 4793/1, 4794, 4794/1, 4795, 4796, 4797, 4798, 4801, 4803); Khao Hlan On × Контакт — 3 (4783, 4783/1, 4783/2); Khao Hlan On × Кубояр — 15 (4784, 4784/1, 4784/2, 4784/3, 4785, 4785/1, 4786, 4786/1, 4786/2, 4787, 4787/1, 4787/2, 4788, 4788/1, 4788/2).

### Анализ селекционного материала

На первом этапе исследования проведен биометрический анализ полученного селекционного материала по признакам: длина метелки, число зерен с 1 метелки и масса 1000 зерен. На втором этапе, используя молекулярно-генетические методы, мы провели скрининг гибридов на наличие локусов генов *SNORKEL1*. На третьем этапе оценили устойчивость гибридов и родительских сортов методом проращивания в условиях водного

**Таблица 1.** Нуклеотидные последовательности молекулярных маркеров для идентификации аллельного статуса гена *SNORKEL1 (SKI)***Table 1.** Nucleotide sequences of molecular markers for identifying the allelic status of the *SNORKEL1 (SKI)* gene

Маркер	Последовательность праймера, 5' → 3'	Размер ампликона, п.н.	$T_m$ , °C
<i>SKI-1</i>	F: ATGTGCGGAGGTTGTCTCAT R: TCGTAGCGACAGCCGACTG	743	59
<i>SKI-2</i>	F: GCTACCGGTTTTAGCATTTCATAC R: TCGTCCTTGTCGTTCTCCTG	332	59
<i>SKI-3</i>	F: ACGGTATCCCTGAACTACTG R: GATACTCCATTGGGACGGGC	294	59

стресса. Для этого зерна проращивали в пробирках под слоем дистиллированной воды (15 см) 14 сут [10] при 26–28°C (в культуральной комнате). Скорость роста определяли по изменению длины ростка, измеренной на 5, 7, 9, 12 и 14 сутки.

#### Выделение ДНК риса

Для экстракции ДНК использовали молодые листья риса. Нуклеиновые кислоты выделяли из выдавленного участка листовой ткани, полученного при закрытии крышки пробирки Eppendorf ( $V = 1.5$  мл; Eppendorf, Германия). ДНК высаживали СТАВ-методом [11]. Амплификацию проводили в термоциклере Rotorgene 6000 (Corbett Research, Австралия). Концентрацию ДНК определяли в 2%-ном агарозном геле с добавлением бромистого этидия (1 мкг/мл). Гель фотодокументировали под ультрафиолетовым светом с помощью видеосистемы GelDoc 2000 (BioRad, США).

#### Молекулярно-генетический анализ аллелей гена *SNORKEL1 (SKI)*

Для молекулярно-генетического анализа были подобраны наиболее часто используемые праймеры к последовательности гена *SKI*, кодирующего этилензависимый фактор транскрипции и активирующийся в условиях затопления. Последовательности трех молекулярных маркеров для гена *SKI* подобраны в базе данных [www.ncbi.nih.gov](http://www.ncbi.nih.gov) и на основании литературных данных [5] (табл. 1).

#### Обработка результатов

Статистическую обработку экспериментальных данных проводили с помощью программы Excel пакета Microsoft Office. Рассчитывали стандартное отклонение и коэффициент вариации.

#### РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Применение молекулярных методов при “конструировании” сортов, обладающих определенными селекционно ценными признаками, на данный момент становится на первое место в селекции растений. Главным преимуществом использования молекулярных технологий в этой области является не только сокращение сроков и затрат на выведение нового сорта, но и защита окружающей среды от химических препаратов, используемых в сельском хозяйстве [12, 13]. Исследованиями по определению механизмов устойчивости растений риса к глубоководному затоплению в Российской Федерации занимаются в Федеральном государственном бюджетном научном учреждении “Аграрный научный центр “Донской” (Зерноград), в Южном федеральном университете (Ростов-на-Дону) и в Федеральном научном центре риса (Краснодар) [14].

Растения риса относятся к культурам с высокой чувствительностью к продолжительности светового дня. В условиях Ростовской области, согласно методическим указаниям и классификатору рода *Oryza sativa* L. (1982 г.), предпочтительно выращивать сорта с коротким периодом вегетации, то есть скороспелые (не более 125 сут). Результаты проведенного нами биометрического анализа изученного селекционного материала представлены в табл. 2.

Донорные линии риса имели более продолжительный вегетационный период (в среднем 138 сут), чем реципиентные (в среднем 110 сут). У гибридных линий этот показатель колебался от 119 (Khao Hlan On × Кубояр) до 122 сут (Контакт × Khao Hlan On). По признаку “высота растений” гибридные линии превосходили реципиентные в среднем на  $21.0 \pm 1.2$  см, но уступали донорным в среднем на  $8.0 \pm 1.1$  см; варьирование у гибридных линий составило от 109.2 до 112.1 см. Длина метелки в исследованных родительских образцах варьировала от 12.5 (сорт Контакт) до 19.5 см (Khao Hlan On), а у гибридных линий – от 14.9 (Kharsu × Контакт, Контакт × Khao Hlan On) до 18.2 см (Кубояр × Mazhan Red). По числу зерен с 1 метелки гибридные линии значительно превосходили как донорные, так и

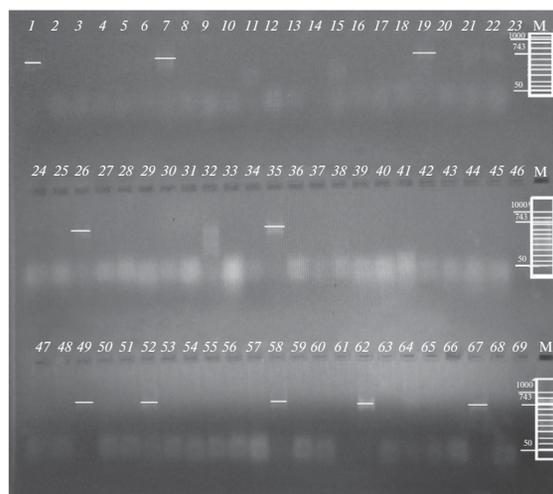
**Таблица 2.** Распределение средних показателей основных селекционных критериев у родительских сортов и гибридов риса (2022 г.)**Table 2.** Distribution of average values of main selection criteria in parental rice varieties and hybrids (2022)

Селекционный образец	Вегетационный период, сут	Высота растений, см	Длина метелки, см	Число зерен с 1 метелки, шт	Масса 1000 зерен, г
Контакт	105	80.0	12.5	98.9	29.4
Кубояр	115	97.5	16.3	175.5	30.5
Mazhan Red	140	119.2	18.5	120.5	29.9
Kharsu 80A	138	120.3	19.1	119.2	29.2
Khao Hlan On	135	120.2	19.5	117.4	28.8
Контакт × Khao Hlan On	122	110.6	14.9	182.9	26.8
Кубояр × Kharsu 80A	120	112.1	15.3	185.7	32.9
Кубояр × Mazhan Red	120	111.7	18.2	185.1	26.6
Kharsu 80A × Контакт	119	109.2	14.9	185.7	27.8
Khao Hlan On × Кубояр	120	110.8	15.4	204.6	26.5
Среднее значение признака	123.4	109.2	16.5	157.6	28.8
Стандартное отклонение	11.0	12.3	2.3	38.6	2.0

реципиентные сорта. Максимальное число зерен в метелке было у селекционных образцов Khao Hlan On × Кубояр (в среднем 204.6 штук). По признаку “масса 1000 зерен” практически все гибриды и родительские линии были однородны. Максимальное значение по этому критерию было

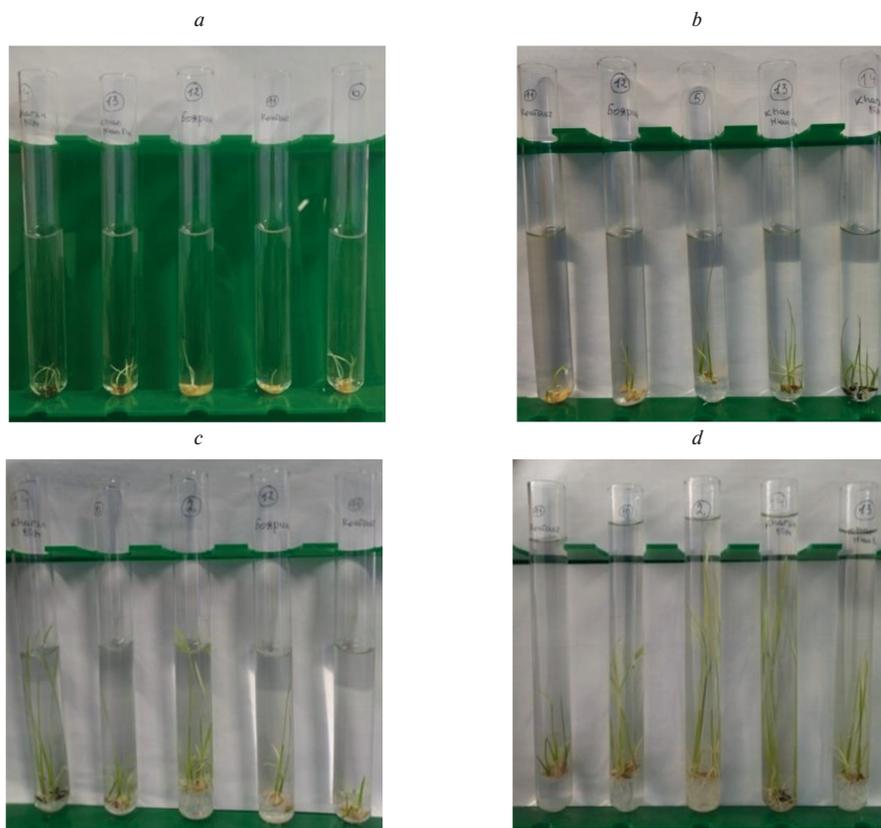
у гибридов Кубояр × Kharsu 80A и составило 32.9 г, минимальное – у гибридов Khao Hlan On × Кубояр (26.5 г) и Кубояр × Mazhan Red (26.6 г).

Результаты ПЦР-анализа с использованием locus-специфичных праймеров представлены на рис. 1.



**Рис. 1.** Электрофоретический анализ продуктов амплификации геномной ДНК образцов риса с праймером SK1-1. На дорожки 2%-ного агарозного геля нанесены: М – маркер длины ДНК 50+ bp DNA Ladder (“Евроген”, Россия); родительские и гибридные варианты риса, в том числе: 1 – Khao Hlan On (донор), 2 – Контакт (русский сорт без гена SK), 7 – № 4786 (Khao Hlan On × Кубояр), 19 – № 4773 (Кубояр × Kharsu 80A), 26 – № 4792 (Kharsu 80A × Контакт), 35 – № 4787 (Khao Hlan On × Кубояр), 49 – № 4784 (Khao Hlan On × Кубояр), 52 – № 4798 (Kharsu 80A × Контакт), 58 – № 4794 (Kharsu 80A × Контакт), 62 – № 4745 (Контакт × Khao Hlan On), 67 – № 4746 (Контакт × Khao Hlan On).

**Fig. 1.** Electrophoretic analysis of the amplification products of genomic DNA of rice samples with the SK1-1 primer. The following samples were loaded on 2% agarose gel tracks: M – DNA length marker 50+ bp DNA Ladder, (“Evrogen”, Russia); parental and hybrid rice variants including: 1 – Khao Hlan On (donor), 2 – Kontakt (Russian variety without the SK gene), 7 – No. 4786 (Khao Hlan On × Kuboyar), 19 – No. 4773 (Kuboyar × Kharsu 80A), 26 – No. 4792 (Kharsu 80A × Kontakt), 35 – No. 4787 (Khao Hlan On × Kuboyar), 49 – No. 4784 (Khao Hlan On × Kuboyar), 52 – No. 4798 (Kharsu 80A × Kontakt), 58 – No. 4794 (Kharsu 80A × Kontakt), 62 – No. 4745 (Kontakt × Khao Hlan On), 67 – No. 4746 (Kontakt × Khao Hlan On).



**Рис. 2.** Проращивание зерен риса в анаэробных условиях. Фотографии сделаны через 5 (a), 7 (b), 12 (c) и 14 (d) сут эксперимента. В пробирки внесены следующие образцы: № 4772 (2), № 4784 (5), № 4791 (6), № 4801 (10), Контакт (11), Боярин (12), Khao Hlan On (13), Kharsu 80A (14).

**Fig. 2.** Germination of rice grains under anaerobic conditions. Photographs were taken after 5 (a), 7 (b), 12 (c) and 14 (d) days of the experiment. The following samples were put into test tubes: No. 4772 (2), No. 4784 (5), No. 4791 (6), No. 4801 (10), Kontakt (11), Boyarin (12), Khao Hlan On (13), Kharsu 80A (14).

На электрофореграмме для некоторых из исследованных образцов риса четко различим фрагмент размером около 743 п.н., который соответствует нуклеотидной последовательности маркера *SK1-1*. Аллель гена *SK1* идентифицирован в 9 генотипах из 66 изученных гибридных образцов, а также в донорном сорте Khao Hlan On (дорожка 1). Маркеры *SK1-2* и *SK1-3*, расчетный размер которых составляет 332 и 294 п.н. соответственно, не обнаружены в исследованных гибридах.

На заключительном этапе мы проверили устойчивость образцов риса к длительному погружению в воду. Для этого использовали метод проращивания в анаэробных условиях. Семена (5 шт.) помещали в стеклянную пробирку с дистиллированной водой и инкубировали в культуральной комнате (рис. 2).

Измерение высоты растений проводили на 5, 7, 9, 12 и 14 сутки эксперимента. Длина ростков на 5 сутки варьировала от 5 (сорт Контакт) до 27 мм (№ 4798, Kharsu 80A × Контакт) (рис. 3). Через 7 сут

высота растений в некоторых комбинациях значительно увеличилась. Так, длина ростка у гибридов № 4786 (Khao Hlan On × Кубояр), № 4787 (Khao Hlan On × Кубояр) и № 4784 (Khao Hlan On × Кубояр) достигала в среднем 62 мм и превысила донорный сорт (Khao Hlan On) на 14 мм. Через 14 сут эксперимента различия в скорости роста стали еще заметнее. Так, некоторые гибридные образцы и донорные сорта превысили уровень воды и край пробирки. Длина ростка в гибридах варьировала от 79 (№ 4801) до 136 мм (№ 4786 и № 4773).

В результате проведенного исследования районированные сорта-реципиенты Контакт и Боярин, а также гибридные линии № 4790 (Kharsu 80A × Контакт), № 4791 (Kharsu 80A × Контакт), № 4801 (Kharsu 80A × Контакт), не унаследовавшие гены устойчивости к затоплению, значительно отставали по высоте. Значение коэффициента вариации составило 38.2% на 5, 42.5% на 7, 38.2% на 9, 35.3% на 12 и 32.5% на 14 сутки (табл. 3).

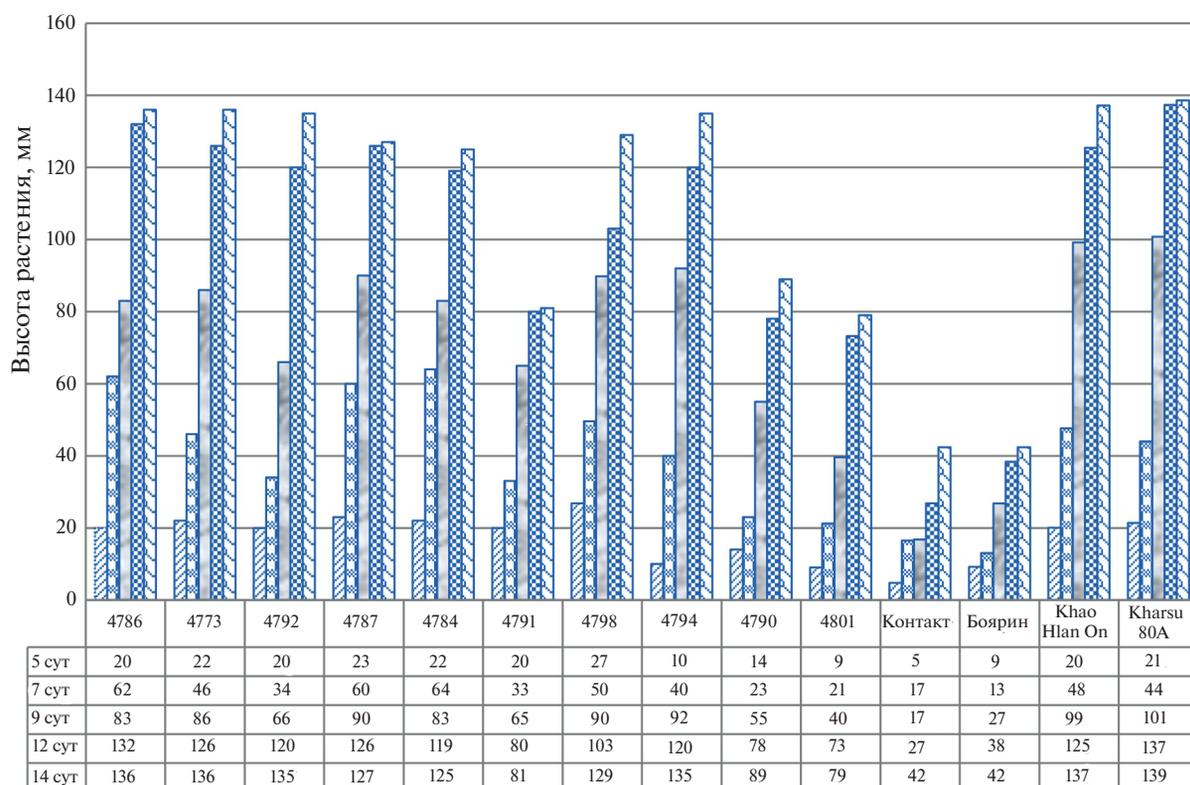


Рис. 3. Динамика роста растений риса в условиях затопления.

Fig. 3. Growth dynamics of rice plants under flooding conditions.

Следует заметить, что селекционный материал отличался неоднородностью, поэтому есть возможность отбора лучших образцов по динамике роста и генам устойчивости к глубоководному затоплению. А морфологическая и физиологическая оценка гибридных линий в условиях стресса позволяет идентифицировать толерантные к затоплению образцы, обладающие наибольшим потенциалом по показателям роста и развития.

В ходе работы нами проанализировано 68 генотипов риса на наличие функционального аллеля гена *SK1*, ответственного за толерантность к глубоководному затоплению. Отобранные для исследования гибридные линии имели лучшие показатели по следующим признакам: вегетационный период, длина растения, число зерен в 1 метелке и масса 1000 зерен. Для молекулярного анализа использовали три молекулярных маркера: *SK1-1*,

Таблица 3. Статистические показатели динамики роста селекционных образцов риса

Table 3. Statistical indicators of the growth dynamics of rice breeding samples

Статистические показатели	Динамика роста				
	время прорастивания, сут				
	5	7	9	12	14
Среднее значение признака, мм	17.3	39.6	70.9	100.4	109.5
Стандартное отклонение, мм	6.6	16.8	27.1	35.5	35.5
Коэффициент вариации, %	38.2	42.5	38.2	35.3	32.5

*SK1-2*, *SK1-3*, – из которых информативным оказался только *SK1-1*. Из 66 гибридов только в 9 комбинациях: № 4786 (Khao Hlan On × Кубояр), № 4773 (Кубояр × Kharsu 80A), № 4792 (Kharsu 80A × Контакт), № 4787 (Khao Hlan On × Кубояр), № 4784 (Khao Hlan On × Кубояр), № 4798 (Kharsu 80A × Контакт), № 4794 (Kharsu 80A × Контакт), № 4745 (Контакт × Khao Hlan On), № 4746 (Контакт × Khao Hlan On) – выявлен целевой продукт размером 743 п.н.

По итогам лабораторных испытаний устойчивости растений к глубоководному затоплению гибриды, унаследовавшие аллель гена *SK1*, значительно превышали по показателям роста и развития те, которые не унаследовали этот аллель. Отобранные по результатам молекулярного и лабораторного анализа генотипы представляют особый интерес для селекционеров и могут быть использованы в программах по разработке технологий безгербицидного земледелия.

#### ФИНАНСИРОВАНИЕ

Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации в рамках государственного задания в сфере научной деятельности (№ FENW-2023-0008).

#### ЭТИЧЕСКИЕ НОРМЫ

В работе не использованы животные в качестве объектов исследования.

#### КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. 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, 259(1), 9. <https://doi.org/10.1007/s00425-023-04285-y>
2. Черткова Н.Г., Усатов А.В., Костылев П.И., Дуплий Н.Г. Идентификация генов устойчивости к длительному затоплению в гибридных образцах риса. *Социально-экологические технологии*, 2023, 13(4), 366–383.
3. Azarin K.V., Usatov A.V., Kostylev P.I. Molecular breeding of submergence-tolerant rice. *Ann. Res. Rev. Biol.*, 2017, 18(1), 1–10. <https://doi.org/10.9734/ARRB/2017/35616>
4. Muthu V., Abbai R., Nallathambi J., Rahman H., Ramasamy S., Kambale R., Thulasinathan T., Ayenar B., Muthurajan R. Pyramiding QTLs controlling tolerance against drought, salinity, and submergence in rice through marker assisted breeding. *PLoS One*, 2020, 15(1), e0227421. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0227421>
5. Oe S., Sasayama D., Luo Q., Fukayama H., Hatanaka T., Azuma T. Growth responses of seedlings under complete submergence in rice cultivars carrying both the submergence-tolerance gene *Sub1A-1* and the floating genes *Snorkels*. *Plant Prod. Sci.*, 2021, 25(1), 70–77. <https://doi.org/10.1080/1343943x.2021.1943465>
6. Zhao J., He Y., Huang S., Wang Z. Advances in the identification of quantitative trait loci and genes involved in seed vigor in rice. *Front. Plant Sci.*, 2021, 12, 659307. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.659307>
7. Mickelbart M.V., Hasegawa P. M., Bailey-Serres J. Genetic mechanisms of abiotic stress tolerance that translate to crop yield stability. *Nat. Rev. Genet.*, 2015, 16(4), 237–251. <https://doi.org/10.1038/nrg3901>
8. Nagai K., Kurokawa Y., Mori Y., Minami A., Reuscher S., Wu J., Matsumoto T., Ashikari M. Snorkel genes relating to flood tolerance were pseudogenized in normal cultivated rice. *Plants*, 2022, 11(3), 376. <https://doi.org/10.3390/plants11030376>
9. Verulkar S., Singh N., Sharma C. Parbodh, Dr. Krishnamurthy S.L. From QTL to variety-harnessing the benefits of QTLs for drought, flood and salt tolerance in mega rice varieties of India through a multi-institutional network. *Plant Sci.*, 2015, 242, 278–287. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2015.08.008>
10. Kostylev P., Kalinina N., Vozhzhova N., Golubova V., Chertkova N. Creation of rice doubled haploids resistant to prolonged flooding using anther culture. *Plants*, 2023, 12(21), 3681. <https://doi.org/10.3390/plants12213681>
11. Yadav A., Sharma A., Kumar A., Yadav R., Kumar R. SSR based molecular profiling of elite cultivars of basmati rice (*Oryza sativa* L.). *Res. J. Biotechnol.*, 2021, 16(12), 55–63. <https://doi.org/10.25303/1612rjbt5563>
12. 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(4), 1632. <https://doi.org/10.3390/su12041632>
13. 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*, 2023, 50, 2795–2812. <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07853-9>
14. 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), 6–11. <https://doi.org/10.33775/1684-2464-2021-52-3-6-11>

## Search for New Rice Genotypes with Resistance to Deep-Sea Flooding

N. G. Chertkova<sup>a, b, #</sup>, P. I. Kostylev<sup>b</sup>, A. V. Usatov<sup>a</sup>, N. G. Dupliy<sup>a</sup>, and E. A. Faddeeva<sup>a</sup>

<sup>a</sup>*Southern Federal University, Rostov-on-Don, 344090 Russia*

<sup>b</sup>*Agrarian Research Center "Donskoy", Zernograd, 347740 Russia*

<sup>#</sup>*e-mail: tycik17082012@gmail.com*

**Abstract**—The resistance of rice plants to deep-water flooding in the Rostov region can be used as a “natural herbicide” to control weeds that reduce the yield of rice varieties up to 50%. The study of rice genotypes with different levels of resistance to deep-water flooding was carried out. Using molecular markers, we identified new genetic resources of tolerance to anaerobic stress factor in hybrid rice samples. Hybrid lines were analyzed for the most important breeding traits, and after crossing resistant donors with domestic high-yielding varieties, the *SNORKEL1* (*SKI*) gene allele was detected in selected rice samples. The resistance of hybrids and parental varieties to flooding was tested by germination under hypoxia conditions. Promising genotypes of special interest for breeding, which can be used in programs for the introduction of herbicide-free farming technologies, were identified.

**Keywords:** *Oryza sativa* L., *SNORKEL1*, allele, deep-sea flooding, hybrids, donors, resistance, recipients