

МРНТИ 34.23.21

Научная статья

<https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-155-2-91-110>

Влияние индуцированного мутагенеза диэтилсульфатом на количественные признаки растений проса поколения М₁

**Э.Н. Дюсибаева¹ , А.Б. Рысбекова² , М.М. Абылкаирова³ ,
А.Е. Зейнуллина⁴ , Н.А. Сарбасова^{*5} , А.Е. Оразов⁶ , Г.Т. Есенбекова⁷**

^{1,2,3,4,5,7} Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина

⁶ Международный университет Астана

E-mail: ¹e.dyussibayeva@kazatu.edu.kz, ²a.rysbekova@kazatu.edu.kz,
³margarita.abkv@gmail.com, ⁴aiym_92@mail.ru, ⁵nuriyasarbassova01@gmail.com,
⁶orazov_aidyn@mail.ru, ⁷gulzat_es@mail.ru

Аннотация. Просо обыкновенное (*Panicum miliaceum* L.) – важная сельскохозяйственная культура, используемая в пищевых и промышленных целях. По итогам многих исследований было обнаружено, что индуцированные мутации с помощью ДЭС (диэтилсульфатом) являются весьма полезным методом улучшения сельскохозяйственных культур. Кроме того, целенаправленное использование индуцированных мутаций в селекции растений стало одним из эффективных подходов в селекции растений. В настоящей статье приведены результаты по изучению обработки семян проса различными концентрациями мутагена. Данное исследование было проведено в лабораторных и полевых условиях с целью определения влияния ДЭС в качестве мутагена на первое поколение М₁. В полевых экспериментах учитывались: высота растения (см), полевая всхожесть (%), продуктивная кустистость (шт/1 раст.), число семян с метелки (шт), масса зерна с метелки (г), число семян с растения (шт), масса зерна с растения (г), масса 1000 семян (г), урожайность зерна (г/м²), продолжительность вегетационного периода (сутки). Построенная матрица корреляций на основе значимых связей ($r \geq 0,65$; $p < 0,05$) наглядно отразила структуру тесных взаимосвязей между признаками и их дифференциацию на два функциональных модуля как реакцию на обработку мутагеном. Все параметры были оценены и показали значительные различия между различными концентрациями мутагенных обработок. Было обнаружено, что ДЭС довольно эффективно индуцирует генетическую изменчивость уже в первом поколении М₁. Результаты выявили значительные различия по всем изученным признакам.

Поступила: 19.01.2026. Одобрена: 25.06.2026. Доступна онлайн: 30.06.2026

*Автор-корреспондент

Исследование также показало, что использование данного химического агента является эффективным подходом для создания улучшенных сортов *Panicum miliaceum* L.

Ключевые слова: *P. miliaceum* L., мутагенез, диэтилсульфат, морфометрические параметры, хозяйственно-ценные признаки

Введение

Просо (*Panicum miliaceum* L.) относится к семейству злаковых. Просо возникло в Восточной Азии и далее было распространено кочевниками по торговым путям в остальные части Евразии и на другие континенты [1-5]. Просо – важнейшая культура с точки зрения питания и корма. Просо легко адаптируется к высокогорным районам и выращивается в Гималаях на высоте до 3000 м над уровнем моря [6-8]. Просо обладает высокой урожайностью, а его зерна могут храниться годами без появления вредителей, что делает его идеальным продовольственным зерном для регионов, подверженных голоду [9]. Согласно Mehandi S., et al. (2013) высота растений, количество соцветий на растении и количество метелок на растении демонстрируют высокую наследуемость в сочетании с высоким или умеренным генетическим прогрессом в процентах от среднего, который может быть улучшен путем простого отбора растений [10]. Наличие генетического разнообразия является предпосылкой для генетического улучшения сельскохозяйственной культуры [11-15].

Существует большое генетическое разнообразие между сортами проса посевного. Помимо наличия генетического разнообразия, их характеристика необходима для эффективного использования при улучшении сельскохозяйственных культур [16-18]. Мутационная селекция является сравнительно более быстрым методом улучшения сельскохозяйственных культур. Было замечено, что индуцированные мутации могут повышать урожайность, а также улучшать другие количественные признаки растений [19, 20]. Большинство программ улучшения сельскохозяйственных культур, предпринятых с помощью традиционных методов селекции, использовали только естественную изменчивость. В стандартном генофонде недостаточно изменчивости для модификации растений. Индуцированный мутагенез может быть эффективно использован в качестве альтернативы для индукции изменчивости морфологических и физиологических признаков. Искусственное введение мутаций в сельскохозяйственных культурах достигается за счет использования физических и химических мутагенов, которые увеличивают частоту мутаций по сравнению со спонтанными мутациями [21]. Так, у алкилирующих агентов (этилметансульфонат (ЭМС), нитрозометилмочевина (НММ), азид натрия и колхицин) механизм воздействия проявляется в точечных мутациях (транзиции, трансверсии) и хромосомных aberrациях. Подобные типы мутации случайным образом могут сдвигать средние значения количественных признаков (высота, озерненность, масса 1000 семян) и резко расширяют генетическое разнообразие проса для отбора [22]. Несмотря на обширную литературу по мутагенезу мелкозерновых культур, в последующих поколениях М2-М3 до сих пор остается неизученным вопрос быстрой оценки первичной генотипической реакции (доминантных и физиологических эффектов) на химический агент ДЭС у современных высокопродуктивных сортов проса, так как существующие работы описывают лишь финальные фенотипы стабильных линий, упуская из виду динамику индуцированной изменчивости непосредственно в первом поколении М1. Настоящее исследование впервые восполняет данный пробел, показывая эффективность воздействия ДЭС на ранней

стадии, что позволяет оптимизировать затраты на следующий масштабный скрининг в последующих поколениях генотипов проса.

В связи с этим, целью данных исследований являлось изучение влияния различных концентраций ДЭС на морфологические и продуктивные признаки растений поколения М₁.

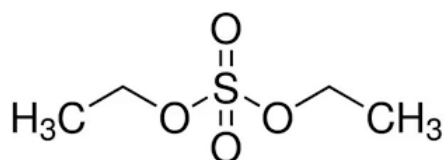
Материалы и методы исследования

Растительный материал

В 2025 г. для исследований с экспериментальным мутагенезом объектом исследований были семена проса рабочей селекционной коллекции, собранной Казахским агротехническим исследовательским университетом имени С.Сейфуллина.

Химический мутаген

В качестве химического агента был использован диэтилсульфат (Diethyl sulfate 98%, ThermoFisher, Kandel, Germany). Диэтилсульфат (ДЭС) - органическое соединение, сложный эфир серной кислоты и этилового спирта с химической формулой (C₂H₅)₂SO₄:



Обработка семян химическим мутагеном

Для обработки семена предварительно замачивали в дистиллированной воде в течение 12 часов при комнатной температуре, чтобы сделать их более чувствительными к мутагенному воздействию.

Затем семена высушивали на фильтровальной бумаге. С целью индуцирования мутагенеза семена замачивали в растворах диэтилсульфата с различными концентрациями: 10, 30 и 50 мМ. Все семена были равномерно обработаны. Здоровые, хорошо вызревшие и необработанные семена использованы в качестве контроля. После обработки семена тщательно промывали дистиллированной водой, высушивали на воздухе и хранили для дальнейших исследований [22-24].

В лабораторных условиях контрольные и обработанные семена проращивали в термостате при температуре +25 °С. Через семь дней измеряли морфометрические параметры: лабораторная всхожесть (ЛВ), длина coleoptily (ДКЛ), длина проростков (ДП), длина корешков (ДК), биомасса растений (БР).

В полевых условиях были заложены опыты на экспериментальных участках ТОО «Научно-производственный центр зернового хозяйства им. А. И. Бараева» (Акмолинская область, Шортандинский район). Полевые опыты производили по последовательным блочным схемам с тремя повторами для увеличения популяции М₁, размер делянки составлял 0,5 м² с нормой высева 3,5 г/м² согласно рекомендациям по агротехнологии региона. В размещении делянок первым номером сеялся контрольный вариант: 0мМ, а затем последующие в зависимости от концентрации мутагена: 10, 30 и 50 мМ.

Обработанные семена предварительно замачивали в дистиллированной воде и высевали вручную вместе с контрольными. Все рекомендуемые агротехнические мероприятия выполнялись в течение периода роста и развития растений поколения М₁.

Все выжившие растения М1 были собраны для определения средних хозяйственно-ценных количественных и качественных показателей культуры проса: полевая всхожесть (ПВ), высота растений (ВР), продуктивная кустистость (ПК), число семян с метелке (ЧСМ), масса семян с метелке (МСМ), число семян с растения (ЧСР), масса семян с растения (МСР), масса 1000 семян (МТС), урожайность зерна (УЗ), продолжительность вегетационного периода (ПВП). С каждого варианта было отобрано по 25 растений.

Статистический анализ данных. Для статистической обработки использовались данные лабораторных, полевых, морфологических и продуктивных показателей растений, полученных для различных генотипов при четырёх концентрациях обработки (0, 10, 30 и 50 ммоль). Обработку данных выполняли методом дисперсионного анализа (ANOVA). Из-за специфики исследований (гибели некоторых вариантов при высоких концентрациях мутагена) анализ проводили по сбалансированным блокам данных выживших генотипов. Достоверность различий оценивали по критерию наименьшей существенной разности (HCp_{05}) при уровне значимости $p \leq 0,05$. В анализ были включены показатели лабораторной всхожести и начального роста (LGER, LCOL, LSDL, LROT, LBIO), полевые морфологические признаки (FHGT, FTIL), а также элементы структуры урожая и продуктивности (FSPN, FMPN, FSPT, FMPT, FTSW, FGYP, FGSD) (табл. 1).

Таблица 1

Расшифровка лабораторных и полевых показателей, используемых в статистической обработке данных

№	Полное наименование показателя	Аббревиатура	Единица измерения
Лабораторные работы			
1	Лабораторная всхожесть	LGER	%
2	Длина coleoptily	LCOL	См
3	Длина проростков	LSDL	См
4	Длина корешков	LROT	См
5	Биомасса растений	LBIO	Г
Полевые работы			
6	Сохранность растений	FEMG	%
7	Высота растений	FHGT	см
8	Продуктивная кустистость	FTIL	колич.метелок/1 раст
9	Количество семян на метелку	FSPN	шт
10	Масса семян на метелку	FMPN	Г
11	Количество семян на растение	FSPT	шт
12	Масса семян на растение	FMPT	Г
13	Масса 1000 семян	FTSW	Г
14	Семенная продуктивность	FGYP	г/м ²
15	Продолжительность вегетации	FGSD	Сутки

Анализ главных компонент (РСоА). Анализ главных компонент (Principal Component Analysis, РСоА) был проведён с целью выявления основных градиентов вариабельности признаков. РСоА выполнялся на основе матрицы стандартизированных переменных. Для интерпретации результатов использовались две главные компоненты, объясняющие

наибольшую долю общей дисперсии. Результаты визуализировались в виде biplot-диаграмм, включающих одновременно координаты образцов (scores) и векторы нагрузок признаков (loadings). Это позволило оценить вклад отдельных показателей в формирование главных компонент и пространственное распределение генотипов в зависимости от дозы обработки.

Метод частично-наименьших квадратов (PLS). Для оценки связи между совокупностью признаков и урожайностью зерна применялся метод частично-наименьших квадратов (Partial Least Squares regression, PLS). В качестве зависимой переменной использовалась урожайность зерна (FGYD), тогда как независимыми переменными служили лабораторные, морфологические и продуктивные показатели. Оценка качества модели проводилась с использованием перекрёстной проверки (cross-validation), что позволило сопоставить наблюдаемые и предсказанные значения урожайности. Результаты визуализировались диаграммой «наблюдаемое – предсказанное», включая линию 1:1 для оценки точности модели и выявления возможных отклонений для отдельных комбинаций генотип $\times$ доза.

Корреляционный анализ. Корреляционный анализ между всеми парами признаков выполнялся с использованием коэффициента корреляции Пирсона. Для контроля ошибки множественных сравнений применялась поправка Бенджамини–Хохберга (False Discovery Rate, FDR). Значимыми считались корреляции при $p < 0,05$ после коррекции. Результаты корреляционного анализа представлены в виде корреляционной матрицы, где значения коэффициентов корреляции дополнительно кодировались цветовой шкалой, отражающей силу и направление связей между признаками.

Корреляционная сеть. На основе матрицы корреляций была построена корреляционная сеть для наглядного представления наиболее сильных и статистически значимых взаимосвязей между признаками. В сеть включались только связи с абсолютным значением коэффициента корреляции $|r| \geq 0,65$ и уровнем значимости $p < 0,05$. Узлы сети соответствовали отдельным признакам, а рёбра отражали наличие сильных положительных корреляций между ними. Анализ структуры сети позволил выявить функциональные кластеры признаков, характеризующие лабораторные показатели раннего онтогенеза и блок полевых морфологических и продуктивных характеристик.

Программное обеспечение. Все статистические анализы и графические визуализации выполнялись в приложении R (версия $\geq 4.2.0$) с использованием специализированных пакетов для многомерного анализа и визуализации данных (включая пакеты для PCoA, PLS-регрессии, корреляционного).

Результаты

В лабораторных условиях были изучены воздействия обработки семян диэтилсульфатом ДЭС на морфометрические показатели 10 сортообразцов, подобранных среди отечественной и зарубежной коллекции проса (табл. 2).

Таблица 2

Результаты модельных опытов с использованием ДЭС

Наименование генотипа	Концентрации, мМ	ЛВ, %	ДКЛ, см	ДП, см	ДК, см	БР, г
Памяти Берсиева	0,0	74,3	7,96	9,00	5,56	0,039
	10	72,5	4,00	4,90	6,50	0,017
	30	72,0	6,33	7,46	4,46	0,057
	50	68,8	5,80	6,00	2,80	0,037
Шортандинское 11	0,0	75,5	8,24	9,56	5,30	0,098
	10	73,5	9,00	9,96	3,33	0,120
	30	70,7	9,20	10,55	3,80	0,111
	50	65,5	8,10	9,67	4,73	0,087
Саратовское 6	0,0	72,5	7,50	9,00	4,00	0,021
	10	73,4	6,66	7,91	5,74	0,409
	30	70,5	3,30	3,50	2,60	0,013
	50	*	*	7,75	2,30	0,013
Давское	0,0	74,8	7,25	9,25	3,25	0,065
	10	68,5	4,37	5,15	2,80	0,061
	30	60,6	9,71	11,22	4,45	0,215
	50	29,3	7,00	8,16	4,33	0,081
Ильиновское	0,0	72,2	7,49	8,20	4,89	0,427
	10	68,2	8,85	9,99	6,48	0,443
	30	*	*	*	*	*
	50	*	*	*	*	*
Жадинское	0,0	71,4	9,57	11,59	13,27	0,292
	10	70,2	8,73	9,66	6,08	0,385
	30	60,8	2,17	2,56	3,25	0,450
	50	49,5	7,34	8,52	6,70	0,440
К-9703	0,0	69,3	8,21	8,70	5,31	0,451
	10	55,3	8,47	8,69	5,56	0,243
	30	*	*	*	*	*
	50	*	*	*	*	*
К-10215	0,0	72,6	3,39	4,39	4,79	0,129
	10	*	*	*	*	*
	30	69,7	5,25	5,60	1,75	0,021
	50	10,0	3,125	3,47	1,375	0,042
PI 177481	0,0	70,5	4,25	5,23	4,39	0,045
	10	*	*	*	*	*
	30	25,9	9,00	10,45	6,20	0,061
	50	*	*	*	*	*

PI 211058	0,0	74,3	7,60	8,46	5,00	0,155
	10	72,2	7,25	8,75	4,93	0,213
	30	23,6	6,08	11,20	3,80	0,023
	50	*	*	*	*	*
НСР ₀₅		13,0	3,75	4,18	3,66	0,071
Примечание: *- не проросшие варианты; ЛВ – лабораторная всхожесть; ДКЛ - длина калеоптиля; ДП - длина проростков; ДК - длина корешков; БР - биомасса растений. НСР ₀₅ - наименьшая существенная разность для оценки влияния фактора «Концентрация ДЭС» при $p \leq 0,05$.						

Лабораторная всхожесть (ЛВ, %) показала, что обработанные генотипы были ниже контрольных вариантов практически у всех испытанных мутантных образцов на 1,2-50,7%. Однако у сорта Саратовское 6 с концентрацией обработки 10 мМ ЛВ была выше стандарта на 0,9% и составила 73,4% всхожих семян.

Длина колеоптиля (ДКЛ, см) у 6 обработанных мутагеном сортов и образцов оказалась ниже контрольных вариантов, хотя сорт Шортандинское 11 при концентрациях в 10, 30 мМ; Давское при 30 мМ и образец PI 177481 при 30 мМ выделились по данному показателю. Длина колеоптиля составила 9,0-9,71 см, что выше на 0,1-4,75 см.

У длин проростков (ДП, см) и корешков (ДК), при измерении также наблюдалась аналогичная тенденция: с повышением концентрации мутагена показатели снизились с 1,05 до 9,03 см. По данным показателям выделились образцы: Шортандинское 11 при 10, 30 мМ, Давское при 30 мМ, Ильиновское 10 мМ, PI 177481 при 30 мМ и PI 211058 при 30 мМ, их длина составила 10,55 см, 9,67 см, 11,22 см, 9,99 см, 10,45 и 11,20 см, соответственно (Рис.1).

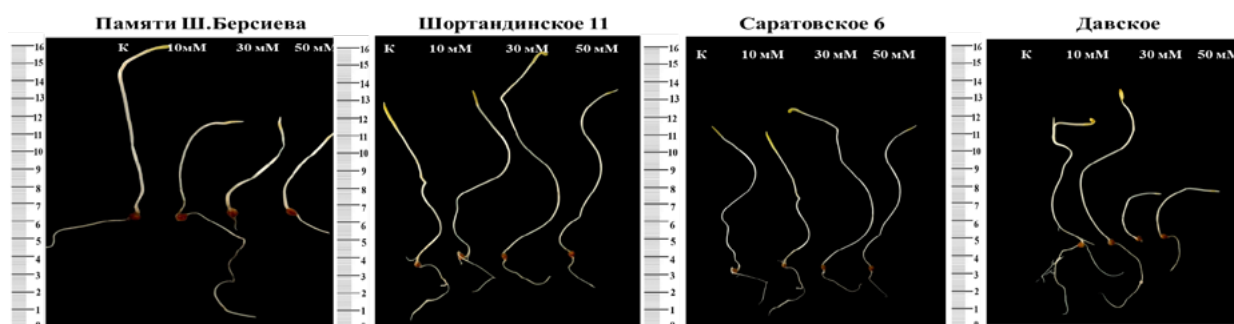


Рисунок 1. Проростки проса при разных концентрациях ДЭС

Биомасса растений (БР, г) является одним из важных морфометрических показателей. Образец Саратовское 6, подвергнутый обработке с концентрацией 10 мМ, показал наивысший результат 0,409 г, что выше контроля на 0,388 г.

Семена сортов Саратовское 6, Ильиновское и образцов К-9703, PI 177481 и PI 211058 не взошли при высокой концентрации обработкой ДЭС 50 мМ.

В полевых условиях были заложены опыты идентичными лабораторным вариантам с обработкой ДЭС. В течении вегетации 2025 г. проводились наблюдения за ростом и развитием популяции М1. В сентябре на стадии полного созревания, каждый вариант опыта был собран вручную с маркированием отдельных снопов мутантных образцов для анализа элементов продуктивности. Анализ продуктивных элементов урожайности включал в себя оценку и сопоставление ключевых показателей, таких как количество продуктивных стеблей, число зерен в метелке, масса 1000 зерен и масса зерна с метелки (табл. 3).

Таблица 3

**Результаты полевых наблюдений и структурного анализа
элементов продуктивности популяций М1**

Генотипы	Концент- рации, мМоль	ПВ, %	ВР, см	ПК, шт/1 раст	ЧСМ, шт	МСМ, г	ЧСР, шт	МСР, г	МТС, г	УЗ, г/ м ²	ПВП, сутки
Памяти Берсиева	К	62	98	2,0	506	8,96	2356	26,8	8,3	149,4	85
	10	12	95	1,0	444	6,0	509	6,8	8,7	29,8	82
	30	4	93	2,0	386	4,9	407	5,1	8,0	12,0	82
	50	8	95	1,0	302	4,2	395	4,9	8,0	23,0	83
Шортандинское 11	К	58	115	2,4	685	10,36	2674	21,4	8,6	155,8	89
	10	32	98	1,0	405	4,1	506	5,0	8,3	45,1	87
	30	52	98	1,0	405	4,1	506	5,0	8,3	45,1	87
	50	16	89	1,0	505	4,9	608	5,5	8,6	25,1	88
Саратовское 6	К	50	106	1,4	709	8,6	2281	18,3	8	34,7	87
	10	20	75	1,1	205	3,1	255	3,8	7,8	12,9	86
	30	48	72	1,3	109	2,9	188	3,0	7,7	11,6	86
	50	28	72	1,3	155	2,7	173	2,9	7,5	11,9	86
Давское	К	32	108	2	734	5,8	4032	32,2	8	61,18	89
	10	4	75	1,1	205	2,1	255	3,3	7,8	12,9	89
	30	20	72	1,3	109	2,3	188	3,0	7,7	11,6	88
	50	20	72	1,3	153	2,1	173	2,8	7,5	11,9	89
Ильиновское	К	48	99	3,2	863	6,9	4315	34,5	8	65,55	88
	10	8	75	1,1	205	1,1	255	3,8	7,8	12,9	88
	30	32	72	1,3	109	1,9	188	3,0	7,7	11,6	87
	50	28	72	1,3	155	1,7	173	2,9	7,5	11,9	87
Жадинское	К	28	101	2,2	420	4,1	708	22,1	8,9	41,99	89
	10	24	95	1,9	302	3,9	352	4,1	8,9	9,9	82
	30	24	98	2,5	569	8,5	1102	28,9	10,5	128	82
	50	32	97	1,1	403	8,3	459	7,7	9,3	10,3	82
К-9703	К	28	89	1,4	925	5,55	1732	10,5	6	19,95	87
	10	40	75	1,1	205	3,1	255	3,8	7,8	12,9	87
	30	12	72	1,2	109	2,9	188	3,0	7,7	11,6	87
	50	8	72	1,0	155	2,7	173	2,9	7,5	11,9	87

K-10215	К	40	99	2,2	2863	6,9	885	34,5	8	65,55	88
	10	20	75	1,1	205	3,1	255	3,8	7,8	12,9	86
	30	16	72	1,3	109	2,9	188	3,0	7,7	11,6	86
	50	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
PI 177481	К	10	86	2,1	954	8,5	852	18,6	8	15,6	84
	10	20	75	1,1	159	3,1	165	3,8	7,8	12,9	84
	30	16	72	1,3	99	1,9	109	2,0	5,7	11,6	80
	50	8	72	1,3	95	0,7	173	1,8	5,5	11,9	80
PI 211058	К	44	105	2,2	995	8,6	975	27,8	8	52,82	85
	10	8	75	1,1	205	2,1	355	3,8	7,8	12,9	85
	30	16	72	1,3	109	1,9	178	3,0	7,7	9,6	85
	50	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
НСР ₀₅	-	13,9	6,4	0,4	173,8	1,8	732	6,1	0,6	34,0	1,3
Примечание: * - не проросшие варианты; НСР ₀₅ - наименьшая существенная разность для оценки влияния фактора «Концентрация ДЭС» при $p \leq 0,05$.											

По результатам структурного анализа отдельных элементов продуктивности выявлено угнетающее воздействие практически на все рассматриваемые показатели, особенно на полевую всхожесть. Процент выживших растений варьировался от 2% до 40%. Было отмечено постепенное понижение высоты растений с увеличением концентрации мутагенов в поколениях М₁ по сравнению с контролем: при концентрациях 10 мМ длина растений в среднем составила 18,8%; при 30 мМ - 22,4 %; при 50 мМ - 14%. Семена двух образцов (K-10215 и PI 211058) не взошли или их проростки не выжили до конца вегетационного периода.

Согласно критерию мутабельности, несмотря на общий депрессивный эффект химического мутагенеза, критерий оценки эффективности выявил уникальную сортовую специфику ответа на обработку у отдельных генотипов. Единственным сортом, преодолевшим физиологическую депрессию и превзошедшим контроль по массе семян с метелки, оказался сорт Жадинское. При концентрациях ДЭС 30 мМ и 50 мМ масса семян с метелки достигла 8,5 г и 8,3 г, соответственно, тогда как в контрольном варианте этот показатель составлял всего 4,1 г.

По итогам оценки 40 вариантов обработки по важнейшему качественному критерию – массе 1000 семян – были выделены наиболее перспективные генотипы, у которых данный показатель превысил контроль в среднем на 1,6 г, достигнув максимального значения 10,5 г: образец K-9703 (при концентрациях 10 мМ, 30 мМ и 50 мМ); сорт Памяти Берсиева (при концентрации 10 мМ); сорт Жадинское (при концентрациях 30 мМ и 50 мМ).

Многомерный анализ системных сдвигов (РСоА). Анализ главных компонент (РСоА) позволил обобщить реакцию растений на химическое воздействие и математически подтвердить выдвинутую гипотезу об изменениях признаков из-за влияния различных концентраций мутагена. Первые две главные компоненты суммарно объясняют 65,7% общей дисперсии признаков, при этом вклад первой компоненты (РС1) составил 49,7%, а второй (РС2) – 16,0%. В координатном пространстве РС1-РС2 зафиксирована четкая дифференциация вариантов в зависимости от дозы ДЭС и исходного генотипа. Основным вектор вариабельности ориентирован вдоль оси РС1: контрольные группы (0 мМ) локализуются преимущественно в отрицательной области РС1, в то время как варианты, подвергнутые мутагенной обработке (10, 30 и 50 мМ), направлены смещаются в положительную зону.

Наиболее удаленные координаты по оси PC1 занимают генотипы K-10215 и PI 211058 при дозе 50 мМ, что строго аргументирует их максимальное физиологическое отклонение от нормы (контроля). Вторая главная компонента (PC2) описывает вектор внутригрупповой изменчивости между сортами при идентичных дозах мутагена, дифференцируя генотипы как в положительном, так и в отрицательном диапазонах оси.

Так, при дозе 10 ммоль сорта Ильиновское, Жадинское и Саратовское 6 располагаются преимущественно в верхней части диаграммы, тогда как ряд вариантов при дозах 30–50 ммоль смещён в область отрицательных значений PC2 (Рис.2).

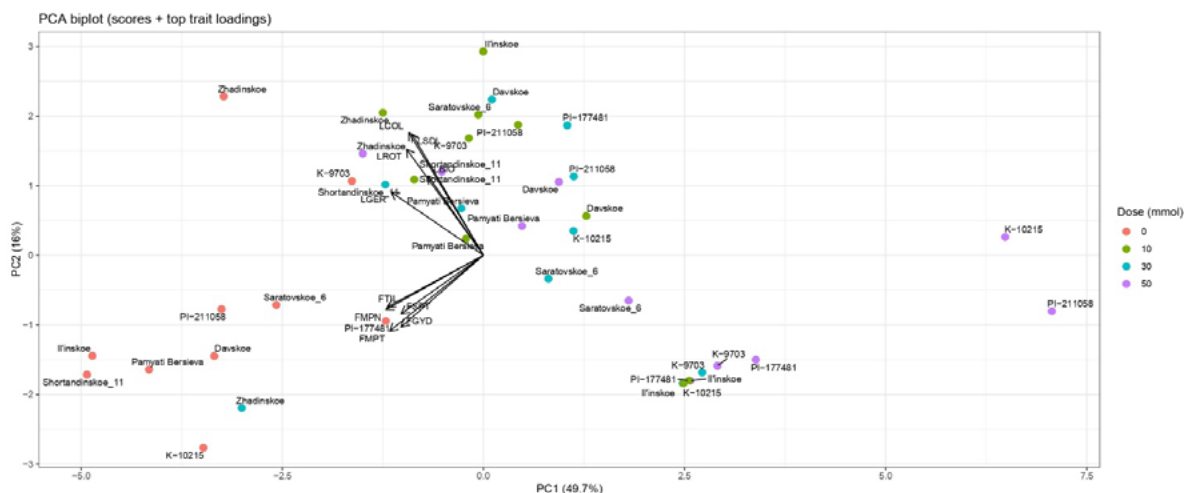


Рисунок 2. Анализ главных компонент (PCoA) изученных сортов с различными концентрациями мутагена

Анализ признаков показывает, что лабораторные морфометрические показатели раннего онтогенеза (LCOL, LSDL, LROT, LGER) ориентированы преимущественно в сторону положительных значений PC2, тогда как полевые и продуктивные признаки (FGYP, FMPN, FMPT, FTIL, LBIO, FSPT) ассоциированы главным образом с положительным направлением PC1 и отрицательным направлением PC2.

Метод частично-наименьших квадратов (PLS). Метод частично-наименьших квадратов (PLS) показал положительную связь между наблюдаемыми значениями урожайности зерна (FGYP) и значениями, предсказанными моделью при перекрёстной проверке. Точки на диаграмме располагаются вблизи линии 1:1, что указывает на удовлетворительное соответствие между наблюдаемыми и прогнозируемыми значениями (Рис. 3).

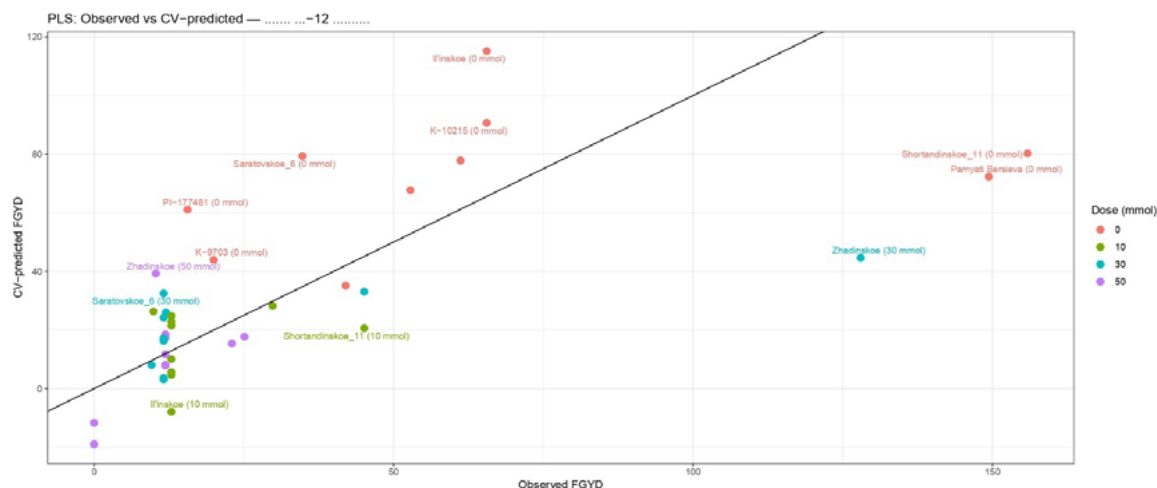


Рисунок 3. Взаимосвязь между наблюдаемыми признаками на основе анализа методом частично-наименьших квадратов (PLS)

При этом наибольшая согласованность между наблюдаемой и предсказанной урожайностью отмечается для вариантов с нулевой дозой (0 ммоль), которые формируют компактную группу в средней и верхней части графика. Варианты с повышенными дозами (10, 30 и 50 ммоль) демонстрируют большую разбросанность точек относительно линии соответствия, что отражает увеличение вариабельности отклика урожайности при усилении воздействия.

Для отдельных образцов, таких как Жадинское и Саратовское 6 при дозе 30 ммоль, наблюдаются более высокие значения предсказанной урожайности по сравнению с частью контрольных вариантов при сходных наблюдаемых значениях, тогда как некоторые варианты при дозе 50 ммоль характеризуются заниженными предсказаниями при низких наблюдаемых значениях FGYP.

Корреляционный анализ по Пирсону с поправкой на множественные сравнения (FDR, метод Бенджамини–Хохберга) выявил выраженную структуру взаимосвязей между лабораторными, морфологическими и продуктивными признаками (Рис. 4).

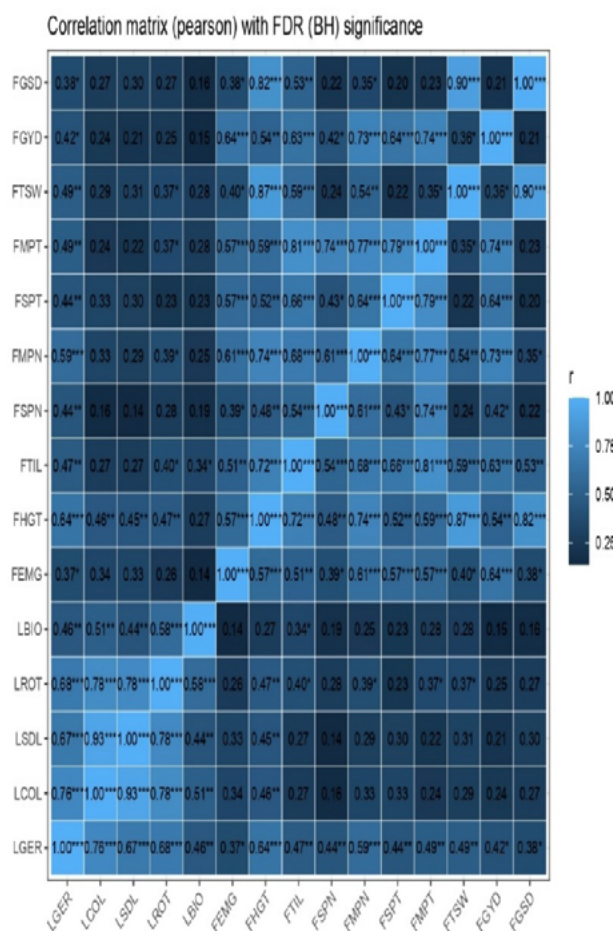


Рисунок 4. Результаты корреляционного анализа лабораторных и полевых экспериментов

Наиболее тесные положительные корреляции зафиксированы между лабораторными показателями раннего онтогенеза: длина колеоптиля (LCOL), длина проростков (LSDL), длина корешков (LROT) и лабораторная всхожесть (LGER) характеризуются высокими коэффициентами корреляции между собой ($r = 0,67-0,93$; $p < 0,001$), что указывает на их согласованное изменение и общую физиологическую основу. Лабораторная биомасса (LBIO) также положительно связана с этими показателями, однако сила корреляций несколько ниже ($r \approx 0,44-0,58$).

Полевые морфологические признаки, такие как высота растений (FHGT) и продуктивная кустистость (FTIL), демонстрируют значимые положительные корреляции как между собой ($r = 0,72$; $p < 0,001$), так и с рядом продуктивных показателей. Наиболее сильные связи отмечены между высотой растений и полевой массой тысячи семян (FTSW), а также между FTIL и поевым числом и массой семян (FMPN, FMPT), где значения r достигают $0,74-0,87$ ($p < 0,001$). Признаки, непосредственно связанные с элементами структуры урожая (FSPN, FMPN, FSPT, FMPT), образуют плотный корреляционный блок с коэффициентами r преимущественно выше $0,60$, что свидетельствует о высокой согласованности формирования урожайных компонентов.

Урожайность зерна (FGYD) показывает умеренные и высокие положительные корреляции с ключевыми полевыми и продуктивными признаками, включая FHGT, FTIL, FMPN, FSPT и FMPT ($r = 0,54-0,74$; $p < 0,001$), тогда как связи с лабораторными показателями выражены слабее и, как правило, находятся в диапазоне низких-умеренных значений ($r \approx 0,21-0,42$). Масса зерна с делянки (FGSD) тесно связана с FTSW и FHGT (r до $0,90-0,82$; $p < 0,001$), что подчёркивает вклад морфологических параметров и массы семян в формирование итоговой продуктивности.

Корреляционная сеть, построенная на основе значимых связей ($|r| \geq 0,65$; $p < 0,05$), наглядно отражает структуру наиболее тесных взаимосвязей между исследуемыми признаками и их группировку в функциональные кластеры. В сети чётко выделяются два основных модуля (Рис. 5).

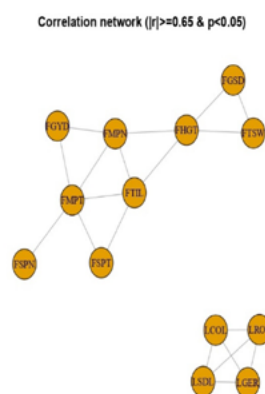


Рисунок 5. Корреляционная сеть основных изучаемых признаков

Первый модуль объединяет продуктивные и полевые морфологические признаки, формируя плотный кластер вокруг компонентов структуры урожая. В этом кластере центральное положение занимают показатели полевой массы семян с растения (FMPT) и полевой численности семян с растения (FMPN), которые связаны с урожайностью зерна (FGYD), полевой высотой растений (FHGT) и продуктивной кустистостью (FTIL). Также в данный модуль включены масса тысячи семян (FTSW) и масса зерна с делянки (FGSD), тесно связанные с высотой растений, что подчёркивает ключевую роль морфологических параметров в формировании конечной продуктивности. Наличие множественных перекрёстных связей внутри этого кластера указывает на высокую согласованность формирования элементов урожая и их совместный вклад в урожайность.

Второй модуль корреляционной сети представлен компактным кластером лабораторных показателей раннего онтогенеза, включающим лабораторную всхожесть (LGER), длину coleoptily (LCOL), длину проростков (LSDL) и длину корешков (LROT). Все признаки в этом кластере связаны между собой сильными положительными корреляциями, что отражает их синхронное изменение и общую физиологическую основу процессов прорастания и начального роста. При этом данный лабораторный кластер пространственно и функционально отделён от продуктивного блока, что указывает на ограниченное число прямых сильных связей между ранними лабораторными параметрами и показателями урожайности при заданных порогах значимости.

Обсуждение

Для выявления наиболее важных признаков, вносящих наибольший вклад в общую урожайность в конкретных условиях, был использован корреляционный анализ. Этот анализ помогает в селекции сортов, разработке агротехники и оптимизации выращивания культур для достижения максимальной продуктивности, как отмечено у ряда авторов [25-30].

Специфика действия ДЭС на количественные признаки проса проявилась не только в их угнетении, но и в локальном росте продуктивности, как было отмечено у сортов Жадинское и Давское. Данный факт возможно объяснить механизмами физиологического гормезиса, как было видно в работах Calabrese E. (2005) и компенсаторной реакцией растительного организма на сублетальный стресс. Сублетальное химическое воздействие может запускать каскад защитных реакций и активирует ростовые процессы у генетически устойчивых образцов. Дополнительным фактором может также послужить снижение плотности популяции M_1 , обеспечившее выжившие растения избыточным ресурсом для формирования биомассы [31].

Полученные нами данные о дозозависимом снижении лабораторной всхожести и полевой выживаемости проса под действием ДЭС согласуются с закономерностями химического мутагенеза злаковых культур. Так, аналогичный депрессивный эффект на ранних этапах онтогенеза проса (*Panicum miliaceum* L.) при воздействии алкилирующих агентов отмечали в своих работах Zeinullina A. et al. (2023). Нарастание токсического действия при повышении концентраций мутагена от 10 до 50 мМ объясняется ингибированием ферментативных систем и повреждением митотического аппарата клеток, что также детально описано для других мелкозерных злаков, например, сорго и могары (Rao et al., 2018; Дикарев, 2021) [32,33].

Для выявления закономерностей изменчивости морфологических, физиологических и продуктивных признаков растений, а также оценки их взаимосвязей в условиях различной дозы обработки и генотипической неоднородности был применён комплекс многомерных статистических методов. Использование анализа главных компонент (РСоА) позволило обобщить многомерные данные и выявить основные градиенты вариабельности признаков, тогда как метод частично-наименьших квадратов (PLS) был использован для оценки способности совокупности признаков предсказывать урожайность зерна. Дополнительно был проведён корреляционный анализ с поправкой на множественные сравнения и построена корреляционная сеть, что обеспечило детальное представление структуры связей между лабораторными, полевыми и продуктивными показателями. Совокупное применение этих методов позволило всесторонне охарактеризовать фенотипическую организацию признаков и их роль в формировании урожайности.

Распределение векторов указывает на согласованный вклад продуктивных показателей в формирование основной оси изменчивости. В целом результаты РСоА демонстрируют выраженное смещение многомерных признаков профилей растений при увеличении концентрации обработки и подчёркивают значимую роль как генотипических различий, так и уровня воздействия в формировании структуры фенотипической вариабельности.

При изучении взаимосвязи между наблюдаемыми признаками на основе анализа частично-наименьших квадратов (PLS), было установлено, что в целом распределение точек подтверждает способность PLS-модели улавливать общий тренд изменчивости урожайности зерна, однако также указывает на наличие отклонений для отдельных

комбинаций генотип × доза, особенно при высоких уровнях обработки, что проявляется в увеличении расхождений между наблюдаемыми и предсказанными значениями.

В целом корреляционная матрица демонстрирует чёткое разделение признаков на функциональные группы: лабораторные параметры раннего роста, полевые морфологические характеристики и показатели структуры урожая. При этом именно полевые и продуктивные признаки формируют наиболее сильные взаимосвязи с урожайностью, что отражает их ключевую роль в формировании конечного урожайного результата.

Корреляционный анализ и корреляционная сеть продемонстрировали модульную организацию признаков, где лабораторные показатели раннего онтогенеза формируют самостоятельный тесно связанный кластер, а полевые морфологические и продуктивные признаки образуют интегрированный блок, напрямую ассоциированный с урожайностью.

Заключение

По результатам оценки 40 вариантов обработки проса диэтилсульфатом (ДЭС) установлены наиболее эффективные концентрации мутагена, обеспечивающие максимальный селекционный эффект по элементам продуктивности. Наиболее выраженный стимулирующий эффект по показателю массы 1000 семян зафиксирован у образца К-9703 во всем диапазоне изученных концентраций (10, 30 и 50 мМ), у сорта Памяти Берсиева при минимальной дозе 10 мМ, а также у сорта Жадинское при средних и высоких дозах (30 и 50 мМ), где масса 1000 семян превысила контроль на 1,6 г.

Проведённый анализ с использованием корреляционных сетей показал наличие модульной организации признаков. Выявлено формирование изолированного кластера лабораторных показателей раннего онтогенеза (всхожесть, длина coleoptilya) и интегрированного блока полевых морфобиологических признаков, тесно связанных с финальной урожайностью зерна.

Использование химического мутагенеза позволило выделить перспективные мутантные формы проса с сокращённым на 2-4 суток периодом вегетации (у сортов Памяти Берсиева, Шортандинское 11 и образца PI 177481 при концентрациях 10-30 мМ). Выделенный скороспелый материал представляет высокую селекционную ценность для выведения адаптивных сортов проса, способных стабильно формировать урожай в лимитированных климатических условиях северных регионов Казахстана.

Вклад авторов

Э.Д. – концепция и руководство работой; А.Р. и М.А. – проведение экспериментов; Г.Е. и А.О. – обсуждение результатов исследования; А.З. и А.О. – предоставили научные консультации по вопросам применения искусственного мутагенеза и оказали методологическую поддержку при разработке экспериментального дизайна; А.О. и Н.С. – выполнили окончательную редакцию и литературное оформление рукописи.

Информация о финансировании

Данное исследование реализовано по проекту AP22785049 «Усовершенствование селекционного процесса на основе химического мутагенеза для получения скороспелых мутантных форм проса (*Panicum miliaceum* L.)» в рамках грантового финансирования Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан на 2024-2026 гг.

Благодарности

Авторы выражают искреннюю благодарность руководству ТОО «Научно-производственный центр зернового хозяйства им. А. И. Бараева» за предоставленные условия и инфраструктурную поддержку в проведении экспериментов.

Конфликт интересов

По данной статье отсутствует конфликт интересов в финансовой или какой-либо иной сфере.

Соблюдение этических норм

Настоящая статья не содержит описания выполненных авторами исследований с участием людей или использованием животных в качестве объектов.

Список литературы

1. Zhirnova I, Rysbekova A, Dyussibayeva E, et al. Pre-breeding for waxy proso millet by phenotyping and marker-assisted selection. *Chilean Journal of Agricultural Res.* 2021; 81(4):518-526. <https://doi.org/10.4067/S0718-58392021000400518>
2. Zargar M, Dyussibayeva E, Orazov A, et al. Microsatellite-Based Genetic Diversity Analysis and Population Structure of Proso millet (*Panicum miliaceum* L.) in Kazakhstan. *Agronomy.* 2023; 13(10): 2615. <https://doi.org/10.3390/agronomy13102615>
3. Abdelhameed A, Ali M, Darwish D, et al. Induced genetic diversity through mutagenesis in wheat gene pool and significant use of SCoT markers to underpin key agronomic traits. *BMC Plant Biology.* 2024;1-14. <https://doi.org/10.1186/s12870-024-05345-5>
4. Francis N, Rajasekaran R, Krishnamoorthy I, et al. Gamma irradiation to induce beneficial mutants in proso millet (*Panicum miliaceum* L.): an underutilized food crop. *Int J Radiat Biol.* 2022;98(7):1277-1288. <https://doi.org/10.1080/09553002.2022.2024292>
5. Mullainathan L, Aviya K. Mutagenic effectiveness and efficiency of EMS and DES in finger millet (*Eleusine coracana* L.). *Journal of Experimental Biology and Agricultural Sciences.* 2018; 10: 112-118. <https://doi.org/10.25081/jebt.2018.v10.3521>
6. Ravikesavan R, Ganesamurthy K, Monisha K. Studies on effect of induced mutagenesis on finger millet (*Eleusine coracana* L.). *Horticultural Biotechnology Research.* 2018; 4: 44-49. <https://doi.org/10.25081/hbr.2018.v4.3485>
7. Vanniarajan C., Souframanien J., Vetriventhan M. Effect of physical and chemical mutagenesis in little millet (*Panicum sumatrense* Roth ex Roemer & Schultes). *Plant Archives.* 2021;21(1):1120-1126. <https://doi.org/10.51470/PLANTARCHIVES.2021.v21.no1.146>
8. Muthamilarasan M, Prasad M. Induced mutagenesis enhances lodging resistance and photosynthetic efficiency of kodomillet. *Agronomy.* 2020; 10: 227. <https://doi.org/10.3390/agronomy10020227>
9. Bhave G, Dalvi V, Thaware L., et al. Mutagenesis in Proso Millet (*Panicum miliaceum* L.). *International Journal of Science and Research.* 2016; 5(3): 1635-1638. DOI: NA
10. Mehendi S, Singh C.M, Kushwaha V.K. Estimates of genetic variability and heritability for yield and yield component traits in mungbean [*Vigna radiate* (L.) Wilczek]. *Asian Journal of Agricultural Extension, Economics & Sociology.* 2013; 8(4): 1481-1484. <https://doi.org/10.9734/AJAEES/2022/V40I1031171>
11. Johnson M., Zhang J., Schmutz J., et al. SNP discovery in proso millet (*Panicum miliaceum* L.) using low-pass genome sequencing. *Plant Direct.* 2022; 6(9): e447. <https://doi.org/10.1002/pld3.447>

12. Jayasakthi P, Sathya R, Selvakumar G, Chandrasekaran P. Assessment on Genetic Diversity in Proso Millet (*Panicum miliaceum* L.) Mutants for Yield and Yield Parameters Raised during M₂ Generation. *Indian Journal of Agricultural Research*. 2025; 59(10): 1548. <https://doi.org/10.18805/IJAre.A-6425>
13. Habiyaemye C, Matanguihan J.B, Guedes J.D, et al. Proso Millet (*Panicum miliaceum* L.) and Its Potential for Cultivation in the Pacific Northwest, U.S.: A Review. *Frontiers in Plant Science*. 2017; 7: 1961. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01961>
14. Johnson M, Deshpande S, Vetriventhan M, et al. Genome-Wide Population Structure Analyses of Three Minor Millets: Kodo Millet, Little Millet, and Proso Millet. *The Plant Genome*. 2019;12(3):190021. <https://doi.org/10.3835/plantgenome2019.05.0021>
15. Vetriventhan M, Upadhyaya D, Dwivedi L, et al. Genetic and Genomic Resources, and Breeding for Accelerating Improvement of Small Millets. *Plant Breeding*. 2021; 140: 1–23. <https://doi.org/10.1111/pbr.12886>
16. Liu T, Liu X, He J, et al. Identification and Fine-Mapping of a Major QTL (PH1.1) Conferring Plant Height in Broomcorn Millet (*Panicum miliaceum*). *Frontiers in Plant Science*. 2022; 13: 1010057. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1010057>
17. Wang Y, Wang J, Chen L, et al. Identification and Function Analysis of Yellow-Leaf Mutant (YX-yl) of Broomcorn Millet. *BMC Plant Biology*. 2022; 22: 463. <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03843-y>
18. Poornima Jency J, Ravikesavan R. Studies on Mutagenic Effectiveness and Efficiency of Gamma Rays and EMS in Kodo Millet (*Paspalum scrobiculatum*). *International Journal of Plant & Soil Science*. 2022; 34(2): 1–10. <https://doi.org/10.9734/IJPSS/2022/v34i230831>
19. Liu T, He J, Dong K, et al. Genome-Wide Identification of Quantitative Trait Loci for Morpho-Agronomic and Yield-Related Traits in Foxtail Millet (*Setaria italica*) Across Multi-Environments. *Molecular Genetics and Genomics*. 2022; 297: 873–888. <https://doi.org/10.1007/s00438-022-01894-2>
20. Sood S, Joshi D, Rajashekara H, et al. Deciphering the Genomic Regions Governing Major Agronomic Traits and Blast Resistance Using Genome Wide Association Mapping in Finger Millet. *Gene*. 2023; 854: 147115. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2022.147115>
21. Khound R, Sun G, Mural R, et al. SNP Discovery in Proso Millet (*Panicum miliaceum* L.) Using Low-Pass Genome Sequencing. *Plant Direct*. 2022; 6: <https://doi.org/10.1002/pld3.447>
22. Zeinullina A, Dyussibayeva E, Zargar M, et al. Agro-Morphological Traits and Molecular Diversity of Proso Millet (*Panicum miliaceum* L.) Affected by Various Colchicine Treatments. *Agronomy*. 2023; 13: 2973. <https://doi.org/10.3390/agronomy13122973>
23. Priyadharshni B, Mullainathan L, Tamizharasi G. Studies on effects of induced mutagenesis on quantitative characteristics of proso millet (*Panicum miliaceum* L.) var-co3 in M₂ and M₃ generation // *International Journal of Agriculture and Environmental Research*. 2021; 07(01): 1384–1387. <https://doi.org/10.51193/IJAER.2021.7107>
24. Francis N., Ravikesavan R, Iyanar K, et al. Dose Optimization, Mutagenic Effectiveness and Efficiency of EMS in Proso Millet (*Panicum miliaceum* L.). *Madras Agricultural Journal*. 2022; 109: 47–51. DOI: NA
25. Kumar J, Kumar A, Sen Gupta D, et al. Reverse Genetic Approaches for Breeding Nutrient-Rich and Climate-Resilient Cereal and Food Legume Crops. *Heredity*. 2022; 128: 473–496. <https://doi.org/10.1038/s41437-022-00513-5>
26. Srivastava R, Yadav O, Kaliamoorthy S, et al. Breeding Drought-Tolerant Pearl Millet Using Conventional and Genomic Approaches: Achievements and Prospects. *Frontiers in Plant Science*. 2022; 13: 781524. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.781524>

27. Rajput SG, Plyler-harveson T, Santra DK. Development and characterization of SSR markers in proso millet based on switchgrass genomics. *Am. J. Plant Sci.* 2014; 5: 175-186 <https://doi.org/10.4236/ajps.2014.51023>
28. Wang L, Zhang K, Liu J, et al. Genetic diversity analysis of proso millet (*Panicum miliaceum* L.) germplasm resources using high-throughput sequencing. *Frontiers in Plant Science.* 2025;16:1649200. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1649200>
29. Mutanda M., Figlan S., Shargie N.G., Gwata E.T. Mutation breeding: an underutilized strategy for improving millet productivity and nutritional quality. *Frontiers in Sustainable Food Systems.* 2025;9:1679819. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2025.1679819>
30. Rajput SG, Schnable JC, Khound R, Santra DK. Genome-wide association study reveals marker-trait associations for major agronomic traits in proso millet (*Panicum miliaceum* L.). *Planta.* 2024;259(4):92. <https://doi.org/10.1007/s00425-024-04351-w>
31. Calabrese EJ. Hormesis: changing view of the dose-response relationship. *Scientific American.* 2005;293(3): 66-71. <https://doi.org/10.1038/scientificamerican0905-92>
32. Rao MS, Kumar A. Chemical mutagenesis in small millets: phenotypic screening of M₁ and M₂ generations. *Journal of Cereal Science.* 2018;82: 45-52. <https://doi.org/10.1016/j.jcs.2018.05.006>
33. Дикарев АВ, Дикарева НС. Сравнительный анализ токсичности и мутагенности химических агентов на злаковых культурах. *Физиология растений и генетика.* 2021;53(2): 115-124. <https://doi.org/10.15407/frg2021.02.115>

Диэтилсульфат индукциясының тары өсімдіктерінің М₁ сандық сипаттамаларына әсері

Э.Н. Дюсибаева¹, А.Б. Рысбекова², М.М. Абылкаирова³,
А.Е. Зейнуллина⁴, Н.А. Сарбасова^{*5}, А.Е. Оразов⁶, Г.Т. Есенбекова⁷

^{1,2,3,4,5,7} С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті,
Астана, Қазақстан

⁶Астана халықаралық университеті, Астана, Қазақстан

Аңдатпа. Тары (*Panicum miliaceum* L.) - бұл азық-түлік және өнеркәсіптік мақсаттарда қолданылатын маңызды ауылшаруашылық дақылына жатады. Көптеген зерттеулер ДЭС (диэтилсульфат) қолданыстағы мутациялар дақылдарды жақсартудың өте пайдалы әдіс екендігі анықталды. Сонымен қатар, өсімдік селекциясында индукциялық мутацияларды мақсатты пайдалану тиімді тәсілдердің біріне айналды. Бұл мақалада мутагеннің әртүрлі концентрациясымен тұқым өңдеудің зерттеу нәтижелері көрсетілген. Бұл зерттеу зертханалық және далалық жағдайларда, ДЭС мутагенімен М₁ бірінші мутанттық ұрпақтарында мутагендік әсерін анықтау үшін жүргізілді. Өсімдіктің тәжірибелерінде келесі сандық және сапалық белгілері: өсімдіктердің биіктігі (см), танаптық өнгіштік (%), өнімді түптену, шашақтағы дәндерінің саны (дана), шашақтағы дән салмағы (г), өсімдіктегі дәндерінің саны (дана), өсімдіктегі дән салмағы (г), дән өнімділігі (г/м²), вегетациялық кезең ұзақтығы (күн) есепке алынды. Маңызды байланыстар негізінде ($r \geq 0,65$; $p < 0,05$) құрылған корреляциялық желі белгілер арасындағы тығыз өзара байланыстардың құрылымын және олардың мутагенмен өңдеуге жауап ретінде екі функционалдық модульге саралануын көрнекі түрде көрсетті. Бірінші М₁ ұрпақта ДЭС генетикалық өзгергіштікті туғызатыны анықталды. Нәтижелер зерттелген барлық белгілердегі айтарлықтай айырмашылықтарды

анықтады. Зерттеу сонымен қатар осы химиялық агентті қолдану *P. miliaceum* жетілдірілген сорттарын жасау үшін тиімді тәсіл екенін көрсетті.

Түйін сөздер: *Panicum miliaceum* L., мутагенез, диэтилсульфат, морфометриялық параметрлер, шаруашылық-құнды белгілер

Effects of Diethyl Sulfate Induction on Quantitative Characteristics of M₁ Millet Plants

E.N. Dyussibayeva¹, A.B. Rysbekova², M. M. Abylkairova³, A.E. Zeinullina⁴, N.A. Sarbassova^{*5}, A.E. Orazov⁶, G.T. Yessenbekova⁷

^{1,2,3,4,5,7} S. Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University

⁶ Astana International University

Abstract. Common millet (*Panicum miliaceum* L.) is an important agricultural crop used for food and industrial purposes. Numerous studies have shown that induced mutations using DES (diethyl sulfate) are a very useful method for crop improvement. Furthermore, the targeted use of induced mutations in plant breeding has become an effective approach. This article presents the results of a study of seed treatment with various mutagen concentrations. This study was conducted under laboratory and field conditions to determine the effect of DES as a mutagen on the first generation of M₁ plants. The following parameters were measured in the field experiments: plant height (cm), field germination (%), productive tillering (pcs/plant), number of seeds per panicle (pcs), grain weight per panicle (g), number of seeds per plant (pcs), grain weight per plant (g), thousand-seed weight (g), grain yield (g/m²), and growing season duration (days). The correlation network constructed on the basis of significant relationships ($r \geq 0.65$; $p < 0.05$) clearly demonstrated the structure of close interrelations between the traits and their differentiation into two functional modules in response to the mutagen treatment. DES was found to be quite effective in inducing genetic variability already in the first M₁ generation. The results revealed significant differences for all the traits studied. The study also demonstrated that the use of this chemical agent is an effective approach for developing improved *Panicum miliaceum* L. varieties.

Keywords: *P. miliaceum* L., mutagenesis, diethyl sulfate, morphometric parameters, agronomic traits

Сведения об авторах:

Дюсибаева Эльмира Наурызбековна – PhD, ассоциированный профессор, Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина, пр.Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан.

Рысбекова Айман Бокеновна – кандидат биологических наук, профессор, Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина, пр.Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан.

Абылкаирова Маргарита Маратовна – PhD докторант, Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина, пр.Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан.

Зейнуллина Айым Ерболкызы – PhD, преподаватель, Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина, пр.Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан.

Сарбасова Нұрия Әкімжанқызы – автор корреспондент, PhD докторант, Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина, пр.Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан.

Оразов Айдын Ергалиевич – PhD, и.о. ассоциированного профессора, Международный университет Астана, пр. Кabanбай Батыра, 8, 010000, Астана, Казахстан.

Есенбекова Гүлзат Түйешиевна – PhD, и.о. ассоциированного профессора, Казахский агротехнический исследовательский университет им.С.Сейфуллина, пр.Жеңіс, 62, 010000, Астана, Казахстан.

Авторлар туралы мәлімет:

Дюсибаева Эльмира Наурызбекқызы – жетекші автор, PhD, қауымдастырылған профессор, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан.

Рысбекова Айман Бөкенқызы – PhD, профессор, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан.

Абылкаирова Маргарита Маратовна – PhD докторант, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан.

Зейнуллина Айым Ерболқызы – PhD, оқытушы, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан.

Сарбасова Нұрия Әкімжанқызы – хат-хабар авторы, PhD докторант, С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан.

Оразов Айдын Ергалиұлы – PhD, қауымдастырылған профессор м.а., Астана халықаралық университеті, Қабанбай батыр даңғылы, 8, 010000, Астана, Қазақстан.

Есенбекова Гүлзат Түйешіқызы – PhD, қауымдастырылған профессор м.а., С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, Жеңіс даңғылы, 62, 010000, Астана, Қазақстан.

Authors' information:

Dyussibayeva Elmira Nauryzbekovna – lead author, PhD, Associate Professor, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Zhenis Ave. 62, 010000, Astana, Kazakhstan.

Rysbekova Aiman Bokenovna – Candidate of Biological Sciences, Professor, S.Seifullin Kazakh Research Agrotechnical Research University, Zhenis Ave. 62, 010000, Astana, Kazakhstan.

Abylkairova Margarita Maratovna – PhD student, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Zhenis Ave., 62, 010000, Astana, Kazakhstan.

Zeynullina Aiym Erbolkyzy – PhD, Lecturer, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Zhenis Ave. 62, 010000, Astana, Kazakhstan.

Sarbassova Nuriya Akimzhankyzy – Corresponding Author, PhD student, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Zhenis Ave., 62, 010000, Astana, Kazakhstan.

Orazov Aydin Ergalievich – PhD, Acting Associate Professor, Astana International University, Kabanbay Batyr Ave., 8, 010000, Astana, Kazakhstan.

Yessenbekova Gulzat Tuyeshiyevna – PhD, Acting Associate Professor, Saken Seifullin Kazakh Agrotechnical Research University, Zhenis Ave., 62, 010000, Astana, Kazakhstan.