

Спосіб прогнозування рівня розвитку кількісних ознак у популяціях злакових культур, що включає детекцію ДНК-маркерів до локусів кількісних ознак (QTL's) та перевірку їх маркуючої здатності, який **відрізняється** тим, що формують оптимальну маркерну тестову систему для певної ознаки за наступним принципом:

- 1) перевага надається маркерам одного типу;
- 2) комбінування домінантних маркерів в одній тестовій системі вимагає, щоб однакові алелі маркерних локусів мали найвищу селективну вагу;
- 3) комбінування домінантних і кодомінантних маркерів в одній тестовій системі вимагає ідентичності маркуючих алельних станів;
- 4) за каркасний краще використовувати SSR-локус;
- 5) розщеплення у маркерному локусі повинно відповідати теоретичному;

у вихідній популяції визначають систему узагальнених маркерних міток (УММ), що являє собою інтегральні значення всіх можливих алельних сполучень маркерних локусів, і фенотипічних значень QTL's, що їм відповідають, оцінюють між ними рівень функціонального зв'язку шляхом регресійного аналізу, і на основі розрахованих коефіцієнта регресії, критерію відхилення значення кількісної ознаки від популяційної середньої (d) та УММ локусів наступної спорідненої популяції прогнозують для неї рівень розвитку кількісних господарсько-цінних ознак.