

Изобретение относится к способу прогнозирования уровня развития количественных признаков в популяциях злаковых культур, включающий детекцию ДНК-маркеров к локусам количественных признаков (QTL's) и проверку их маркирующей способности. Формируют оптимальную маркерную тестовую систему для определенного признака по следующему принципу:

- 1) предпочтение отдается маркерам одного типа;
- 2) комбинирование доминантных маркеров в одной тестовой системе требует, чтобы одинаковые аллели маркерных локусов имели наивысший селективный вес;
- 3) комбинирование доминантных и кодоминантных маркеров в одной тестовой системе требует идентичности маркирующих аллельных состояний;
- 4) в качестве каркасного лучше использовать SSR-локус;
- 5) расщепление в маркерном локусе должно отвечать теоретическому.

В исходной популяции определяют систему обобщенных маркерных меток (ОММ), представляющих собой интегральные значения всех возможных аллельных соединений маркерных локусов, и фенотипических значений QTL's, соответствующих им, оценивают между ними уровень функциональной связи путем регрессионного анализа. На основе рассчитанных коэффициента регрессии, критерия отклонения значения количественного признака от популяционной средней (\bar{d}) и ОММ локусов следующей родственной популяции прогнозируют для нее уровень развития количественных хозяйственно-ценных признаков.