

6. Информационный бюллетень о состоянии окружающей среды Республики Казахстан за 2007 – 2013гг. // Министерство охраны окружающей среды Республики Казахстан. Казгидромет. – Алматы, 2007 – 2013гг.

7. *Lerner, Jorge Esteban Colman, Kohajda, Tibor, Aguilar.* Improvement of health risk factors after reduction of VOC concentrations in industrial and urban areas // *Environmental Science and Pollution Research International.* – 2014. – Vol. 21. – P.9676-9688.

8. *Ляпкало А.А., Дементьев А.А., Цурган А.М.* Влияние скорости и направления ветра на уровень загрязнения атмосферного воздуха города продуктами сгорания топлива // *Фундаментальные исследования* – 2013. – № 7. – С 125 – 129

9. Погода в Алматы. Температура воздуха и осадки // <http://www.pogoda.ru.net>

10. *Сонькин Л.Р.* Синопто-статистический анализ и краткосрочный прогноз загрязнения атмосферы. – Л.: Гидрометеиздат, 1991. – 224 с.

11. *Thijssse T.R., van Oss R.F., Lenschow P.* Determination of source contributions to ambient volatile organic compound concentrations in Berlin // *Journal of Air Waste Management Association.* – 1999. – Vol. 49. – P.1394-1404.

Даулбаева А.Н.

АЛМАТЫ ҚАЛАСЫ МЫСАЛЫНДА АТМОСФЕРАЛЫҚ АУАНЫҢ ЛАСТАНУ ДЕҢГЕЙІНІҢ ЖЕЛ ЖЫЛДАМДЫҒЫ МЕН БАҒЫТЫНА ТӘУЕЛДІЛІГІ

Автор негізгі ластаушы заттың шоғырлану өзгерісінің тәуелділігін ара атмосфералық ауадағы жел режимі мен жел жылдамдығы сыйпаттамасын Алматы қаласы мысалында зерттеді.

Кілт сөздер: атмосфералық бассейнің ластануы, желдің жылдамдығы

Daulbayeva A.N.

THE DEPENDENCE OF THE LEVEL OF POLLUTION OF ATMOSPHERIC AIR FROM SPEED AND WIND DIRECTION ON THE EXAMPLE OF ALMATY CITY

The author investigates the dependence of changes in the concentrations of major pollutants in the atmospheric air from the characteristics of the wind regime and wind speed in the city of Almaty. For example, the seven years considered periods of favorable and not favorable for the dispersion of pollutants in the city. Identified repeatability rebovich trends in percentage of other areas, and calculated the average wind speed for the season in seven years.

Keywords: pollution of the basin, wind speed.

УДК 631.527.5

Жамбакин К.Ж., Затыбеков А.К., Волков Д.В., Шамекова М.Х.

Институт биологии и биотехнологии растений КН МОН РК

ПЕРСПЕКТИВЫ ПОЛУЧЕНИЯ И ИСПОЛЬЗОВАНИЯ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ РАПСА

Аннотация В предлагаемой статье обсуждаются перспективы использования отдаленной гибридизации в селекционной практике рапса.

Наилучшими родственными видами для создания отдаленных гибридов являются горчица сарептская (*Brassica juncea*) и сурепица (*Brassica campestris*). При этом для повышения эффективности исследований необходимо использование современных методов цитогенетики (FISH, GISH), эмбриокультуры и культуры изолированных микроспор.

Ключевые слова: межвидовые гибриды, FISH, GISH, гаплоидная биотехнология.

Введение По данным Статистического агентства Казахстан в среднем за год за период 2007–2011 годов экспортировал рапс на сумму 17642000 долларов США, в тоже время импортировал рапс на сумму 1415000 долларов США, в основном за счет закупки семян сортов иннорайонной селекции.

В селекционной работе по выведению новых казахстанских сортов рапса преобладают традиционные методы. Сроки создания отечественных сортов затянуты и не отвечают современным требованиям. Поэтому среди возделываемых в Казахстане сортов рапса преобладают сорта инорайонной селекции. При этом, селекционная работа над созданием новых сортов затруднена низким уровнем варибельности среди исходного материала. Одним из выходов из этой ситуации является привлечение в скрещивание близкородственных видов, имеющих ряд положительных признаков, которые могут быть привнесены в рапс. Более того, в перспективе возможно создание высокопродуктивных и с надлежащим качеством масла константных гибридных линий, которые будет возможно выращивать непосредственно в производстве.

Основным лимитирующим фактором для рапса является его низкая засухоустойчивость. Кроме того, для улучшения технологических качеств получения масла, желательно иметь желтые семена. Поскольку в Северном Казахстане, основном регионе выращивания рапса, основным источником воды для растений является весенняя влага, необходимы сорта с укороченным вегетационным периодом, для более эффективного его использования.

Одним из перспективных направлений селекционных работ является скрещивание рапса (*Brassica napus*) с горчицей сарептской (*Brassica juncea*) и сурепицей (*Brassica campestris*) для получения гибридных линий устойчивых к засушливым условиям Северного Казахстана. В дальнейшем отбор гибридных линий с хорошими количественными признаками урожайности, с признаками желтосемянности и качеством семян соответствующим технологическим требованиям, предъявляемым к каноле (низкое содержание эруковой кислоты и глюкозинолатов).

Горчица сарептская (*Brassica juncea*), имея геномный состав AABB, ($n = 18$) отличается от рапса (*Brassica napus*), у которого геномный состав AACC ($n = 19$). Центром происхождения горчицы считается Центральная Азия. Культура неприхотлива, устойчива к абиотическим и биотическим стрессовым факторам. В природе рапс и горчица сарептская могут свободно скрещиваться [1]. При проведении принудительного скрещивания этих двух видов отмечено, что наилучшая завязываемость происходит, когда рапс является материнским родителем, при этом с помощью молекулярных маркеров и FISH метода показано, что фрагмент хромосомы В генома горчицы присутствует в межвидовом гибриде [2]. Интересно, что при скрещивании рапса и горчицы можно ресинтезировать другой вид, именно, засухоустойчивую эфиопскую горчицу *Brassica carinata* с геномным набором BBCC. В результате чего получена линия эфиопской горчицы с улучшенными качественными показателями масла [3]. В другом случае, при скрещивании желтосемянной горчицы сарептской (AABB), желтосемянной капусты (CC), и черноссемянного рапса (AACC) получены линии желтосемянного гибрида с различным набором хромосом разных геномов [4]. Более того, проводятся попытки создания гексаплоидного полиплоида с геномным набором AABBCC [5]. Показано, что горчица сарептская в засушливых условиях более урожайна, чем рапс, она имеет более укороченный вегетационный период, чем у рапса [6], а также устойчива к осыпанию [7].

Исследования проведенные с гибридами рапса и горчицы показали перспективность селекционной работы по устойчивости к выращиванию в засушливых условиях [8].

Сурепица (*Brassica campestris*) в отличие от рапса имеет геном АА, количество хромосом в гаплоидном состоянии $n=10$. В современных мировых статистических данных не всегда разделяют посевы рапса и сурепицы. Часто именуя эти культуры термином «канола», подразумевая пищевое использование масла семян, с низким содержанием эруковой кислоты и глюкозинолатов. В то же время, сурепица имеет более короткий вегетационный период, более продуктивна в местностях с суровым климатом и на бедных почвах.

Уникальность семейства *Brassica* состоит в том, что в настоящее время найдены способы принудительного скрещивания его видов между собой, в результате чего могут быть получены синтетические комплексы из различных видов и соответствующих им полиплоидов. Таким образом, могут быть получены одни из самых уникальных модельных систем для исследований влияния полиплоидии на урожай растения [9]. Появляется возможность наблюдать за тем, как те, или участки геномов могут повлиять на проявление тех, или иных признаков в гибридном материале [10]. Гибриды между *Brassica napus* и родственных видов могут относительно легко создаваться, что является идеальным способом получения новых форм растений с признаками устойчивости, примером служит В геном - *Brassica niger* [11,12]. Более того, используя современные биотехнологические методы, такие как выращивание межвидовых эмбрионов *in vitro* для преодоления барьера несовместимости, появилась еще большая возможность создавать межвидовые и межродовые гибриды между *B. napus* и широким спектром соответствующих сельскохозяйственных культур и диких видов [13,14]. Стратегию получения гибридов можно значительно упростить путем определения потомства цитологическими методами, что позволяет отбирать растения, содержащие желаемый признак с минимальным фоном генома донора.

В 1993 году Maluszynska и Heslop-Harrison [15] были первыми, кто описали ряд 18S - 5.8S - 25Sp ДНК локусов в диплоидах *Brassica* (*Brassica nigra*, *Brassica oleracea* и *Brassica napus*) и аллотетраплоидах (*Brassica carinata*, *Brassica juncea* и *Brassica napus*). Локализация 25Sp ДНК зондов FISH у видов *Brassica* [15,16] позволили провести геномные сравнения рДНК-несущих хромосом в амфидиплоидных видах с их диплоидным предшественником. Комбинируя эту технику с методом компьютерной визуализации, выявлены «количественные кариотипы» для диплоидных видов *Brassica* на основе измерений компьютерной-денситометрии длин хромосом и центромерных позиций [17]. В гибридизации с 45S и 5Sp ДНК получены маркеры для 20 из 36 хромосом *B. juncea* [18]. В хромосомах высших растений 45S и 5Sp ДНК физически разделены и картируются независимо друг от друга.

Более точное определение хромосомных перестроек может быть получено с использованием комбинированного FISH/GISH метода [19,20], который используется в гибридизации с общей геномной ДНК в качестве зонда, чтобы отличить геномы и с хромосом специфическими ДНК-зондами для идентификации пар митотических хромосом или визуализации спаривания гомеологичных хромосом в мейозе [21,22]. Кроме того, применение GISH [23], позволило пометить в *B. juncea* хромосомы А или В. геномов. Многоцветный FISH с ДНК зондом и GISH маркер идентифицировал 28 хромосом этого вида.

В селекции с использованием интрогрессивной гибридизации рапса (*B. napus*) в основном используются тетраплоидные виды *Brassica*, которые содержат геном В (*B. juncea* и *B. carinata*), потому что при слиянии родственных видов формирование жизнеспособного потомства, более вероятно, так как они имеют одинаковую ploидность [24]. Для выбора подходящего решения селекционных задач, связанных с использованием метода интрогрессивной гибридизации, требуется набор различных ДНК маркеров. В частности, в селекции сурепицы (*B. campestris*), овощных форм *B. rapa*, капусты (*B.*

oleracea) и рапса (*B. napus*) играют важную роль интрогрессия генетического материала В генома, который может нести гены контролирующие устойчивость к таким бактериальным и грибным заболеваниям, как фомоз, черная ножка рапса, сухая гниль капусты (*Leptosphaeria maculans*) [25,26] и сосудистый бактериоз (патоген *Xanthomonas campestris* spv. *Campestris*) [27], а также к засухе и повышенным температурам [28], осыпаемости семян [29]. Для того чтобы проследить передачу В генома, в наборе должны содержаться ДНК-маркеры, разбросанные равномерно по всем восьми хромосомам В генома. Маркеры участков хромосом или отдельных хромосом В генома, несущие гены хозяйственно полезных признаков, позволят провести детальный анализ, чтобы выявить результаты гибридизации и проследить перенос хозяйственно ценных признаков, если эти маркеры картированы на хромосомах.

Вместе с тем, различные комбинации отдаленных гибридов возможно быстро перевести в гомозиготное состояние посредством культивирования изолированных микроспор. Именно для семейства *Brassica* данная технология широко и удачно используется. Преимуществом получения удвоенных гаплоидов в культуре изолированных микроспор является быстрое получение гомозиготного материала, который можно сразу оценивать на перспективность использования в селекционном процессе, поскольку в последующих поколениях при семенном размножении в потомстве не будет происходить расщепления по количественным и качественным признакам [30,31]. В Институте биологии и биотехнологии растений активно используется метод культуры изолированных микроспор [32]. Планируется с его помощью создание гомозиготных линий межвидовых гибридов. Кроме того, для определения жирнокислотного состава гибридных семян использовать методы хроматографии. С целью определения засухоустойчивости полученных линий будут использованы стандартные тест-методы.

В перспективе будут использованы GISH и FISH методы для характеристики изучаемого материала. Участники проекта планируют получить достаточно разнообразный гибридный материал рапса с сурепицей и горчицей, часть из которого будет переведена в гомозиготное состояние посредством культуры изолированных микроспор.

При проведении отдаленной гибридизации для повышения количества гибридных растений будет использована культура изолированных зародышей и соответственно оптимизированы питательные среды культивирования. С целью получения гомозиготных линий межвидовых гибридов будет использована культура изолированных микроспор. Соответственно будут оптимизированы питательные среды и способы выделения, культивирования, регенерации и выращивания удвоенных гаплоидов полученных гибридов. Для характеристики отдаленных гибридов будут использованы GISH и FISH методы, а также молекулярные маркеры. Будет проведен соответствующий анализ проявления тех или иных признаков в зависимости от встроженных участков соответствующих геномов. Будут получены совершенно новые линии отдаленных гибридов для использования в создании новых сортов масличных культур пищевого направления для выращивания в условиях Северного Казахстана.

Планируемые эксперименты позволят повысить эффективность создания новых отечественных сортов. Значимость планируемых исследований заключается в том, что будут выяснены цитогенетические особенности создания межвидовых гибридов семейства *Brassica*. Будет определены оптимальные параметры при культивировании изолированных микроспор межвидовых гибридов. Анализ гибридов и дигаплоидных линий из них позволит выяснить роль отдельных хромосом геномов А, В и С в реализации количественных и качественных признаков. В результате реализации научных исследований будет получен ценный исходный материал для создания отечественных сортов рапса (канолы), который будет передан селекционерам.

Литература

1. Liu Y.B., Wei W., Ma K.P., Darmencya H. // Backcrosses to Brassica napus of hybrids between B. juncea and B. napus as a source of herbicide-resistant volunteer-like feral populations // Plant Science. – 2010. – V. 179. – P. 459–465.
2. Christopher James Schelfhout // DNA marker assisted breeding in interspecific crosses to improve canola (Brassica napus L.) // University of Western Australia. – 2008.
3. Sheikh F.A., Najeeb S., Rather A.G., Shashi Banga // Resynthesis of Ethiopian mustard (Brassica carinata L.) from related digenomic species: An unexplored possibility // American Journal of Agricultural Science Research. – 2014. – V. 1 (1). – P. 018-022.
4. Wen J., Zhu L., Qi L., Ke H., Yi B., Shen J., Tu J., Ma C., Fu T. // Characterization of interploid hybrids from crosses between Brassica juncea and B. oleracea and the production of yellow-seeded B. napus // Theor Appl Genet. – 2012. – V. 125(1). – P. 19-32.
5. Weerakoon S.R. // Producing inter-specific hybrids between Brassica juncea (L.) czern & coss and B. oleracea (L.) to synthesize trigenomic (abc) Brassica // J Sci. Univ. Kelaniya. – 2011. – V. 6. – P. 13-34.
6. Iqbal M., Akhtar N., Zafar S., Ali I. // Genotypic responses for yield and seed oil quality of two Brassica species under semi-arid environmental conditions // South African Journal of Botany. – 2008. – V. 74. – P. 567–571.
7. M.C.M. Iqbal, S. R. Weerakoon, P.K.D. Peiris // Variability of fatty acid composition in interspecific hybrids of mustard Brassica juncea and Brassica napus // Cey. J. Sci. (Bio. Sci.). – 2006. – V. 35 (1). – P. 17-23.
8. Singh V.V., Rai P.K., Siddiqui S.A., Verma V., Rajbir Yadav // Genetic variability and relative drought tolerance in interspecific progenies of Brassica juncea // Agric. Biol. J. N. Am. – 2011. – V.2(1). – P. 34-41.
9. Lukens Lewis N., Pires J. Chis, Leon Enrique, Vogelzang Robert, Oslach Lynne, Osborn Thomas // Patterns of sequence loss and cytosine methylation within a population of newly resynthesized Brassica napus allopolyploids // Plant Physiol. – 2006. – V. 140. – P. 336-348.
10. Nagaharu U. // Genome analysis in Brassica with special reference to the experimental formation of B. napus and peculiar mode of fertilization // Japan Journal of Botany. – 1935. – V. 9. – P. 389 – 452.
11. Chevre A.M., Eber F., This P., Barret P., Tanguy X., Brun H., Delseny M., Renard M. // Characterization of Brassica nigra chromosomes and of blackleg resistance in B. napus-B. nigra addition lines // Plant Breed. – 1996. – V. 115. – P. 113-118.
12. Struss D., Quiros C.F., Plieske J., Robbelen G. // Construction of Brassica B-genome synteny groups based on chromosomes extracted from three different sources by phenotypic, isozyme and molecular markers // Theor Appl Genet. – 1996. – V. 93. – P. 1026-1032.
13. Friedt Wolfgang, Liihs Wilfried // Recent developments and perspectives of industrial rapeseed breeding // Fat-Lipid. – 1998. – V. 100. – P. 219-226
14. Glimelius K. // Somatic hybridization. In: Gomez-Campo C, ed. Biology of Brassica coenospecies // Amsterdam: Elsevier Science. – 1999. – P. 07-148.
- Maluszynska J., Heslop-Harrison P. // Physical mapping of rDNA loci in Brassica species // Genome. – 1993. – V. 36. – P. 774-781.
15. Snowdon R.J., Kohler W., Kohler A. // Chromosomal localization and characterization of rDNA loci in the Brassica A and C genomes. // Genome. – 1997. – V. 40. – P. 582-587.
16. Fukui K., Nakayama S., Ohmido N., Yoshiaki H., Yamabe M. // Quantitative karyotyping of three diploid Brassica species by imaging methods and localization of 45S rDNA loci on the identified chromosomes // Theor Appl Genet. – 1998. – V. 96. – P.325-330.
17. Hasterok Robert, Jenkins Glyn M., Langdon Tim, Jones R. Neil, Maluszynska J: Ribosomal DNA is an effective marker of Brassica chromosomes // Theor Appl Genet. – 2001. – V. 103. – P. 486-490.

18. Moscone E.A., Matzke M.A., Matzke A.J.M // The use of combined FISH/GISH in conjunction with DAPI counterstaining to identify chromosomes containing transgene inserts in amphidiploid tobacco // *Chromosoma*. – 1996. – V. 105. – P. 231-236.
19. Lim K.Y., Matyasek R., Lichtenstein C.P., Leitch A.R. // Molecular cytogenetic analyses and phylogenetic studies in the *Nicotiana* section *Tomentosae* // *Chromosome*. – 2000. – V.109. – P. 245-258.
20. Abbasi F.M., Brar D.S., Carpena A.L., Fukui K., Khush G.S. // Detection of autosyndetic and allosyndetic pairing among A and E genomes of *Oryza* through genomic in situ hybridization // *RGN*. – 1999. – V. 16. – P. 24-25.
21. Cao M., Sleper D.A., Dong F., Jiang J. // Genomic in situ hybridization (GISH) reveals high chromosome pairing affinity between *Lolium perenne* and *Festuca mairei* // *Genome*. – 2000. – V. 43. – P.398-403.
22. Maluszynska J., Hasterok R. // Identification of individual chromosomes and parental genomes in *Brassica juncea* using GISH and FISH // *Cytogenet. Genome Res.* – 2005. –V. 109. – P. 310-314.
23. Warwick S.I., Gugel R.K., McDonald T., Falk K.C. // Genetic variation of Ethiopian mustard (*Brassica carinata* A. Braun) germplasm in Western Canada. // *Genet. Resour. Crop Evol.* –2006. –V. 53. – P. 297-312.
24. Christianson J.A., Rimmer S.R., Good A.G., Lydiate D.J. // Mapping genes for resistance to *Leptosphaeria maculans* in *Brassica juncea* // *Genome*. – 2006. –V. 49. –P. 30-41.
25. Delourme R., Chevre A.M., Brun H., Rouxel T., Balesdent M.H., Dias J., Salisbury P., Renard M., Rimmer S.R. // Major gene and polygenic resistance to *Leptosphaeria maculans* in oilseed rape (*Brassica napus*) // *Eur. J. Plant Pathol.* – 2006. – V. 114. – P. 41-52.
26. Vicente J.G., Taylor J.D., Sharpe A.G., Parkin I.A.P., Lydiate D.J., King G.J. // Inheritance of race-specific resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* in *Brassica* genomes // *Phytopathology*. – 2002. – V.92. – P. 1134-1141.
27. Kumar A., Singh P., Singh D.P., Singh H., Sharma H.C. // Differences in osmoregulation in *Brassica* species // *Annals of Botany*. – 1984. – V.54. – P.537-541.
28. Prakash Shyam, Chopra V.L. // Introgression of resistance to shattering in *Brassica napus* from *Brassica juncea* through non-homologous recombination // *Plant Breed.* – 1988. – V. 101. – P. 167-168.
29. Matthew N. Nelson, Annaliese A.S. Mason, Marie-Claire Castello, Linda Thomson, Guijun Yan, Wallace A. // Cowling Microspore culture preferentially selects unreduced (2n) gametes from an interspecific hybrid of *Brassica napus* L. x *Brassica carinata* Braun // *Theor Appl Genet.* – 2009. – V.119. – P.497–505.
30. Zhang G.Q., He Y., Xu L., Tang G.X., Zhou W.J.// Genetic analyses of agronomic and seed quality traits of doubled haploid population in *Brassica napus* through microspore culture // *Euphytica*. – 2006. – V.149. – P.169–177.
31. Жамбакин К.Ж., Шамекова М.Х., Волков Д.В., Затыбеков А.К., Дауров Д.Л., Жорабекова А.К., Халиков А.Р. Получение удвоенных гаплоидов рапса // «Вестник», КазНУ. – Алматы. – 2012 г. - № 5 (35). – С. 47-57.

Жамбакин К.Ж., Волков Д.В., Затыбеков А.К., Шамекова М.Х.

РАПСТЫҢ ТҮРАРАЛЫҚ ГИБРИДТЕРІН АЛУ МЕН ҚОЛДАНУЫНЫҢ БОЛАШАҒЫ

Ұсынылып отырған мақалада рапстың селекциялық практикасында алшақ будандастыруды қолданудың болашағы талқыланды. Алшақ гибридтерді алу үшін лайықты сарептік қыша (*Brassica juncea*) және қышабас (*Brassica campestris*) туыс түрлері қаралды. Зерттеудің тиімділігін арттыру үшін заманауи цитогенетикалық әдістерді (FISH, GISH), эмбриодақылдарын және жекеленген микроспор дақылдарын қолдану керек.

Кілт сөздер: тұраралық гибридтер, FISH, GISH, гаплоид биотехнологиясы.

PROSPECTS FOR THE PRODUCTION AND USE OF RAPE INTERSPECIFIC HYBRIDS

This article discusses the prospects of hybridization in breeding canola. The best related species to create hybrids are remote mustard (*Brassica juncea*) and rape (*Brassica campestris*). In order to increase the efficiency of research requires the use of modern methods of cytogenetics (FISH, GISH), embryo culture and isolated microspores.

Keywords: interspecific hybrids, FISH, GISH, haploid biotechnology.

УДК 551.510.42:581.13

**Жарасова Д.Н., Кенжебаева С.С., Доктырбай Г., Байболова Т.К.,
Дәуір Б., Жомарт А.С., Нармуратова Ж.Б.**

Казахский национальный университет имени аль-Фараби

ВЗАИМОСВЯЗЬ МЕЖДУ СОДЕРЖАНИЕМ БЕЛКА В ЗЕРНЕ И МАССОЙ ТЫСЯЧА ЗЕРЕН У МУТАНТНЫХ ЛИНИЙ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ СОРТА «АЛМАКЕН»

Аннотация В статье представлены данные скрининга М₅ мутантных линий яровой пшеницы, созданных на генетической основе сорта Алмакен и с использованием различных доз гамма радиации, 100 и 200 Gy, по признаку качества зерна, содержание белка в зерне. Идентифицированы новые источники в обоих типах мутантной гермоплазм пшеницы для генетического улучшения количественного признака содержание белка в зерне. В 100 Gy мутантной гермоплазме пшеницы идентифицированы 8 образцов (53,3%), характеризующиеся значимо повышенным содержанием белка в зерне по сравнению с сортом Алмакен. Из них две М₅ линии, №89(8) и №91(1), имеют высокий коэффициент корреляции между признаками СБЗ и массой тысяча зерен. В 200 Gy типе гермоплазме у М₄ линии сорта №95(3) высокий положительный коэффициент корреляции между СБЗ и количеством и массой зерен главного колоса.

Ключевые слова: М₅ мутантные линии сорта яровой пшеницы Алмакен с повышенным содержанием белка в зерне, корреляционный анализ между содержанием белка в зерне и массой тысяча зерен.

Введение Пшеница одна из самых жизненно важных сельскохозяйственных культур в мире. Около 75 % мировой пшеницы напрямую используется в пищу, 15 % потребляется в виде корма для животных и 10 % - в виде семян и на нужды промышленности. В течение последних 30 лет мировое потребление пшеницы удвоилось и с недавних пор достигло почти 600 млн. т в год [1].

Генетическое разнообразие и методы генетической реконструкции улучшаемых полезных признаков - основа селекционного улучшения культуры. Генетические ресурсы во всем мире рассматриваются как основной источник улучшения сельскохозяйственных культур на ближайшие десятилетия. Генофонд предопределяет создание сорта с улучшенными хозяйственно ценными признаками и качеством конечного продукта, повышенным адаптивным потенциалом и устойчивостью к неблагоприятным факторам, способного конкурировать с лучшими сортами в конкретных производственных условиях. Усиливающейся недостаток генетического разнообразия отмечается в селекции важнейших сельскохозяйственных культур Казахстана [2]. Актуальна необходимость расширения, изучения и качественного изменения спектра доступной отбору генотипической изменчивости культурных растений.