

Есенбекова Г.Т., Кохметова А.М.

*Қазақ ұлттық аграрлық университеті,
Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты*

КҮЗДІК БИДАЙ СОРТТАРЫНАН САРЫ ТАТ (PUCCINIA STRIIFORMIS F.SP. TRITICI) АУРУЫНА ТӨЗІМДІ ГЕН ИЕЛЕРІН ИДЕНТИФИКАЦИЯЛАУ

Аңдатпа

Сары тат - әлем бойынша ең кең таралған және ең қатерлі аурулардың бірі және бидай өнімділігін төмендететін негізгі факторлардың бірі. STS, SCAR молекулалық маркерлерді қолдана отырып, сары татқа төзімді эффективті Yr5, Yr10, Yr15 гендерінің иелері анықталды. Зерттелген бидайдың 30 сортының ішінде Yr5 геномы бар Дастан сорты, Yr10 геномы бар Ажарлы, Қазақстан10, Қарасай, Матай, Моро, Наз, Мереке70, Мереке75, Султан2, Интенсивная, Ақдән сорттары, Yr15 геномы Раминал және Ақдән сорттары анықталды. Бұл генотиптер сары татқа төзімділікті арттыру мақсатында донор ретінде MAS (Marker assisted selection – маркер арқылы селекция) бағдарламасында қолдануға ұсынылады.

Кілт сөздер: бидай, сары тат, сорттар, төзімділік гендері, молекулалық маркерлер.

Кіріспе

Күздік бидайдан жоғары өнім алуды шектейтін факторлардың бірі - өсімдіктердің әртүрлі аурулармен залалдануы. Puccinia striiformis f.sp. tritici туындайтын сары тат - әлем бойынша ең кең таралған және ең қатерлі аурулардың бірі және бидай өнімділігін төмендететін негізгі факторлардың бірі. Өсімдік көктеп тұрған жағдайда сары тат инфекциясы бір-жапырақтық кезеннен бастап ересек өсімдік кезеңіне дейін кез келген уақытта жұғуы мүмкін. Сары тат фотосинтез қабілетін төмендетеді, булануды жоғарлатады, органикалық зат жиналуын төмендетеді, мұның нәтижесінде дән қурап, оның сапасы төмендейді [1]. Егін шаруашылығы тарихында құрылықты тұтас алып жатқан бидай таты эпифитотиялары белгілі, олардың салдарында апатты дерлік өнім шығындары болған. Қазақстанның оңтүстігі мен оңтүстік шығысында бидай патогендік кешенінің құрамында доминантты болып бидай сары таты Puccinia striiformis West табылады. Көптеген климат зоналарында аурудың зиянкестігінің себебі патогеннің жоғары түрленгіштігі және миграцияға қабілеттілігі. 2013 жылы Ауғанстан, Әзербайжан, Үндістан, Иран, Ирак, Марокко, Пакистан, Түркия және Өзбекстанның кейбір аймақтарында ең сезімтал сорттар сары тат әсеріне ұшырады [2-4]. Соңғы жылдары Орталық және Шығыс Азияда, Солтүстік Африкада, сонымен қатар Қазақстанда бидай сары татының тарауына байланысты фитосанитарлық жағдай асқынуда [5,6]. Соңғы 15 жылдың ішінде аймақта сары тат эпифитотиясының жайылуы бес рет орын алды (1998, 2000, 2005, 2009 және 2010 жылдары), бұл бидай өнімінің айтарлықтай шығынына әкеп соқты [6]. Кейбір қатты құрғақшылық жылдарын санамағанда, Қазақстан аумағында патоген жыл сайын кездеседі. Ауруға төзімді сорттарды шығарып, оларды кең тәжірибеге енгізу өсімдік ауруларына қарсы күрестің ең эффективті және де ең тиімді әдісі болып табылады. Төзімді сорттарды пайдалану мөлшерімен өнім бағасының 20%-не тең пайда әкелуі мүмкін. Сонымен қатар төзімді сорттарды пайдалану арқылы пестициттерді кең пайдалану қажеттілігінен құтылуға болады. Бұл экологиялық қауіпсіздік көзқарасы жағынан маңызы өте зор. Егін шаруашылығының алғашқы міндеттерінің бірі - астық дәнін өсіруді арттыру болып табылады. Осы міндетті орындау үшін қазіргі заманғы егін шаруашылығының талаптарына сай өнімділігі жоғары,

сары тат ауруына төзімді бидай сорттарын өндіріске енгізу. Осы жұмыстың нәтижесінде бидайдың сары тат ауруына төзімділігі жоғары жаңа сорттар шығарылады [7].

Зерттеу материалдары мен әдістері

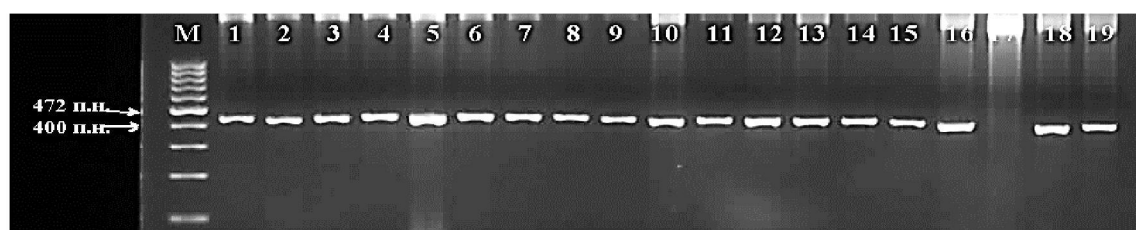
Біздің зерттеуімізде сары тат қоздырғышының популяцияларын генетикалық талдау үшін Avocet сортының изогенді линиялары қолданылды. Изогенді линиялар генетикалық зерттеулерде өте қолайлы нысана болып есептеледі, себебі изогенді линияларының генетикалық негізі бірдей болады. Бұл объектілердің бір бірімен айырмашылығы бір ғана ген, ал басқа гендері бідей болып табылады. Сондықтан, изогенді линияларды пайдаланып сары татқа төзімділікті анықтауда нақты және сенімді нәтиже алуға болады. Қазақстанда өндіріске егуге рұқсат етілген (коммерциялық) және болашағы бар 30 сорты пайдаланылды. Зерттеу барысында фитопатологиялық бағалау McIntosh en. al. Әдісімен [7], СТАВ-әдісімен (Edwards, 1991) ДНҚ бөліп алу жолдары жасалды. ПТР-дің реакциялық қоспасының көлемі 10 мкл құрайды, оның ішінде 1,0 мкл 10xTaq буфер, 1,0 мкл dNTP (нуклеотидтің концентрациясы 2,5 mM), әр 10 pMol праймерден 0,2 мкл, Taq-полимераза 0,25 мкл, 5,35 мкл MQ - H₂O болды. Амплификация BioRAD T100 (Singapore) амплификаторында келесі параметрлер бойынша жүзеге асты: алғашқы денатурация - 5 мин 94°C; 45 айналым - 1 мин 94°C; 1 мин - 45°C; 2 мин - 72°C; соңғы элонгация сатысы 7 мин 72°C. ПТР өнімі формамид бояуымен боялып, амплификацияланған ДНҚ фрагменттерінің бөлінуі 2%-тік агарозалық геледе электрофорез арқылы жүзеге асырылды.

Зерттеу нәтижелері мен талқылаулар

Қазіргі таңда бидай гендері каталогында 70-тен астам сары татқа төзімділік гендері тіркелген, оның ішінде 40 идентификацияланған ген және 30-дан астам уақытша белгісі бар Yr-ген [9]. Олардың көпшілігі – доминантты, расаға тәуелді, көбі сортты инфекциядан қорғай алмайды. Сондықтан бидай татына төзімділіктің жаңа гендер көзін іздеу қажет. Молекулалық генетикадағы соңғы жетістіктер сары татқа төзімділік гендерімен тығыз тізбектескен маркерлерді жасауға болатынын көрсетеді. MAS үшін молекулярлық маркерлерді қолдану мүмкіндігі маркерлердің төзімділік гендерімен тізбектесу дәрежесіне тәуелді [10]. Yr5, Yr10 және Yr15 төзімділік гендерімен байланысқан молекулалық маркерлерді қолданып, Қазақстанда өндіріске егуге рұқсат етілген, сары тат ауруына төзімді сорттардың ішінде 30 сортқа жасалған молекулалық скринингтің және фитопатологиялық бақылаудың нәтижелері кестеде көрсетілген. Тексерілген 30 сорттың ішінде Ақдән, Алия, Дастан, Алихан, Ажарлы, Динара, Қарасай, Егемен, Қазақстан-10, Қарлығаш, Керемет, Красноводопадская, Майра, Матай, Маншук, Нұреке, Тұңғыш, Таза сорттары ауруға 0-иммунды, залалданудың симптомдары жоқ болды. Интенсивная сорты 5R, Мереке-75 сорты 10MR, Қызылбидай, Наз, Мереке70 сорттары 10MS, Жетысу сорты 15MS, Егемен-20 және Сұлтан-2 сорттары 20 MS реакция типтерін көрсеткен болса, Раминал сорты 20S, Алмалы сорты 30S, Арап, Президент сорттары 40S болып сары тат ауруына төзімсіздік көрсетті. Тат түрлеріне төзімділік ген иелерін іздеу әр генге тән праймерлер қолданылып бидай үлгілерінің молекулалық скринингі жасалды. Молекулалық маркерлердің көмегімен өнімділігі мен сары тат ауруына төзімділігі жоғары сорттардан сары тат ауруына төзімді Yr5, Yr10, Yr15 гендерін анықтау жұмыстары жүргізілді. Ол үшін СТАВ әдісімен бөлінген бидай ДНҚ ларына ПТР реакциясын жүргіздік. Бақылау сорты ретінде Avocet сортынан алынған Yr5, Yr10, Yr15 изогенді линиялары мен генотипінде Yr10 гені бар Мого сорты алынды. Теріс бақылау ретінде ddH₂O болды. Сары татқа төзімділік Yr5 гені Triticum aestivum ssp. spelta cv. Album гексаплоидтық бидайда анықталды [11] және центромерадан 21 cM арақашықтықта 2B хромосомасының ұзын иығында шектетілген [12]. Yr5 ген иелерін анықтау үшін 0,0 cM арақашықтықтан Yr5 ген локусын екі қапталдан қорғайтын STS-9/10 маркерін қолданып,

Кесте - Қазақстандық бидай сорттарына жасалған селекциялық, фитопотологиялық және молекулалық бағалау, табиғи ортада, Алмалыбақ, 2015

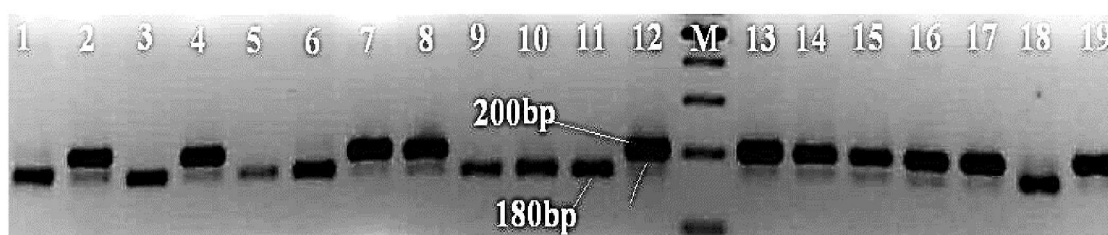
Сорттар	Масақтану мерзімі	Өсімдіктің биіктігі, см	Фитопатологиялық бағалау	Yr5 STS9/10	Yr10 SCAR	Yr15 Gwm11
Арап	25.05	99	40S	-	-	-
Алия	26.05	107	0	-	-	-
Алмалы	25.05	94	30S	-	-	-
Ажарлы	01.06	112	0	-	+	-
Алихан	22.05	101	0	-	-	-
Ақдән	24.05	93	0	-	+	+
Егемен	19.05	107	0	-	-	-
Егемен20	20.05	89	20MS	-	-	-
Қарлығаш	28.05	102	0	-	-	-
Керемет	25.05	125	0	-	-	-
Карасай	26.05	92	0	-	+	-
Красноводопадская	27.05	125	0	-	-	-
Қызыл-бидай	26.05	130	10MS	-	-	-
Майра	24.05	110	0	-	-	-
Мереке 70	24.05	110	10MS	-	+	-
Мереке75	27.05	101	10MR	-	+	-
Маншук	23.05	92	0	-	-	-
Матай	27.05	78	0	-	+	-
Наз	26.05	83	10MS	-	+	-
Нуреке	27.05	78	0	-	-	-
Дастан	24.05	73	0	+	-	-
Динара	24.05	82	0	-	-	-
Президент	24.05	71	40S	-	-	-
Раминал	24.05	76	20S	-	-	+
Султан2	26.05	96	20MS	-	+	-
Тұңғыш	26.05	91	0	-	-	-
Таза	01.06	87	0	-	-	-
Интенсивная	25.05	76	5R	-	+	-
Жетысу	31.05	87	15MS	-	-	-
Қазақстан-10	19.05	105	0	-	-	-
Yr5 (бақылау)	29.05	52	0	+	-	-
Yr10 (бақылау)	28.05	49	0	-	+	-
Мого (бақылау)	27.05	65	0	-	+	-
Yr 15 (бақылау)	23.05	62	0	-	-	+



Сурет 1- STS-9/10 маркерді қолданып Yr5 генін идентификациялау

М. молекулалық салмақ маркері (Gene-Ruler 50bp DNA Ladder); 1. Yr5 изогенді линия (бақылау); 2. Арап; 3. Раминал; 4. Алмалы; 5. Морокко (теріс бақылау); 6. Егемен; 7. Қарасай; 8. Майра; 9. Мереке 70; 10. Наз; 11. Нуреке; 12. Тунгыш; 13. Мереке75; 14. Интенсивная; 15. Матай; 16. Дастан; 17. теріс бақылау (ddH₂O); 18. Султан2; 19. Ақдән. бидай генотиптерінің ПТР анализы жүргізілді [13]. Yr5 генінің STS-9/10 локусы үшін амплификация фрагментінің үлкендігі – 472 ж.н. деп күтілуде. Бірінші суретте ДНҚ амплификациясы өнімдерінің электрофореграммасы көрсетілген. ПТР нәтижелерін талдау көрсеткендей, 2 генотип Yr5 генінің маркерімен ұқсас амплификацияланған өнім құрайды. Yr5/6* Avocet және Дастан линияларын осы геннің иелері ретінде қарастыруға болады. Сары таттың Қазақстандық популяциясының инфекциялық фонында бағалау келтірілген бидай үлгілерінің (0–5R) жоғары төзімділігін көрсетті. Осылайша, молекулалық скрининг нәтижесінде Yr5 генінің жалғыз көзі – Дастан сорты анықталды.

Доминантты ген Yr10 1В хромосомасының қысқа иығында шектелді, масақ қабыршағының қызыл түсін бақылайтын Rgl генінен 2,0 сМ арақашықтықта, [14], және Gli-1В кодты ген глиадиндерінен 5,0 сМ арақашықтықта [15]. Бұл геннің тесттік линиясы болып Мого француз сорты табылады. Yr10 гені Қытайда [16] және Қазақстанда [11] бар *P. striiformis tritici* изоляттардың көбіне төзімділік көрсетті. Осы геннің иелерін анықтау үшін Yr10 генін 0,5 сМ арақашықтықтан екі қапталдан қорғайтын SCAR маркері бар үлгілердің ПТР талдауы жасалды. Бэнд аймағы Yr10Yr10=200bp yr10yr10=180bp. Yr10SCAR маркерін қолданып реакция жасаған кезде Yr10 гендері бар ПТР өнімдері ген доминантты болған жағдайда 200 жұп нуклеотид аймағында, ген рецессивті болған жағдайда 180 жұп нуклеотид аймағында синтезделінді [17]. ПТР нәтижесінде Ажарлы, Ақдән, Қазақстан10, Қарасай, Матай, Моро, Наз, Мереке70, Мереке75, Султан2, Интенсивная сорттарында Yr10 гені бар екендігі анықталды. Екінші суретте Yr10 төзімділік генімен байланысқан SCAR локусы праймерлері қолданылған бидай үлгілерінің ДНҚ амплификацияланған өнімдері көрсетілген. Биология ғылымының докторы А.М. Кохметованың 2005 жылғы жарыққа шыққан еңбегінде Отандық Наз сортының фенотиптік көрінісі бойынша Yr10 гені болуы мүмкін деген болатын. Молекулалық талдаудың нәтижесінде Наз сортының генотипінде Yr10 генінің бар екендігі дәлелденді. Осылайша, ПТР-анализ нәтижелері және фитопатологиялық бағалау сарапталған 30 үлгілі бидай линияларының он генотипінде Yr10 эффективті гені болғанын көрсетеді.

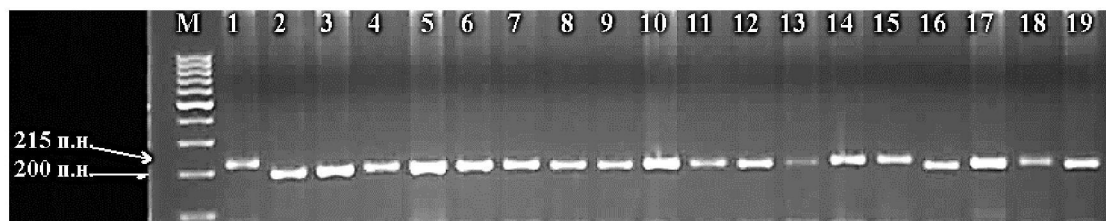


Сурет 2 - SCAR маркерді қолданып Yr10 генін идентификациялау

1. Арап; 2. Ажарлы; 3. Алмалы; 4. Қазақстан10; 5.Раминал; 6. Егемен; 7. Қарасай; 8. Матай; 9. Майра; 10. Нуреке; 11. Морокко (теріс бақылау); 12. Моро (бақылау); М. молекулалық салмақ маркері (Gene-Ruler 50bp DNA Ladder); 13. Yr10 изогенді линия (бақылау); 14. Наз; 15. Мереке70; 16. Мереке75; 17. Султан2; 18. Дастан; 19. Интенсивная;

Доминантты ген Yr15 бидайға *Triticum dicoccoides* Korn. G-25 үлгісінен тасымалданған және 1В хромосомасының қысқа иығында шектелген [18, 19]. Yr15 көзі-Dippes Triumph, ал тест линиясы-T. *dicoccoides* G-25. X. Chen зерттеулерінде Yr15-ке вирулентті солтүстік америкалық изоляттар анықталмады [20]. Бұл ген сары таттың Қазақстандық изоляттарына

қарсы тиімді екендігі біздің зерттеулерде бұрын көрсетілген [5]. Yr15 ген иелерін анықтау үшін іздеудегі геннен 6,2 сМ қашықтықта орналасқан Xgwm11 SSR маркері қолданылған бидай генотиптерінің ПТР анализы жүргізілді. Yr15 генінің R- аллелімен тізбектескен Xgwm11 локусы үшін амплификация фрагментінің болжамдық үлкендігі – 215 ж.н., ал S- аллелімен тізбектескен локус үшін – 213 ж.н. [21]. Анализ үшін (5R–10MR) инфекциялық фонда сары таттың жергілікті популяциясына төзімділік танытқан бидай үлгілері қолданылды. Yr15 гені бар екендігін көрсететін ДНҚ фрагменттері бидайдың екі Раминал және Ақдән сорттарында анықталды.



Сурет 3 - SSRXgwm11 маркерді қолданып Yr15 генін идентификациялау

М. молекулалық салмақ маркері (Gene-Ruler 50bp DNA Ladder); 1. Yr15 изогенді линия (бақылау); 2. Арап; 3. Интенсивная; 4. Алмалы; 5. Морокко (теріс бақылау); 6. Егемен; 7. Қарасай; 8. Майра; 9. Мереке 70; 10. Наз; 11. Нүреке; 12. Тұңғыш; 13. Мереке75; 14. Раминал; 15. Ақдән; 16. Дастан; 17. Султан2; 18. Матай; 19. Ажарлы.

Қорытынды

Инфекциялық фонда сары татқа (*Puccinia striiformis*) сезімталдықты фитопатологиялық бағалау нәтижесінде төзімді бір қатар сорттар іріктелді. Зерттелген Отандық 30 сорттың ішінде Ақдән, Алия, Дастан, Алихан, Ажарлы, Динара, Қарасай, Егемен, Қазақстан-10, Қарлығаш, Керемет, Красноводопадская, Майра, Матай, Маншүк, Нүреке, Тұңғыш, Таза сорттары ауруға 0-иммунды, залалданудың симптомдары жоқ болды.

Yr- төзімділік гендерімен тізбектескен молекулалық маркерлерді қолдану арқылы бидайдың сары татына тиімді төзімділік ген иелері анықталды. Молекулалық скрининг және фитопатологиялық бағалау негізінде зерттелген бидай материалы ішінен Yr5 геномы бар Дастан сорты, Yr10 геномы бар Ажарлы, Қазақстан10, Қарасай, Матай, Моро, Наз, Мереке70, Мереке75, Султан2, Интенсивная сорттары, Yr15 геномы Раминал және Ақдән сорттары анықталды. Ақдән сорты татқа төзімділіктің ең құнды доноры болып табылады. Онда татқа төзімділіктің екі генінен анықталды.

Селекциялық процесті тездету үшін біз осы белгімен түйіндес молекулалық маркерлерді қолданып, ауруларға төзімді линияларды іріктеуді жалғастырамыз. Молекулалық-генетикалық әдістерді және Marker Assisted Selection технологиясын қолдану арқасында, біздің жұмыстың нәтижелері Қазақстандағы селекциялық процесті жаңа ғылыми деңгейге шығаруға мүмкіндік береді.

Әдебиеттер

1. Животков Л.А. Пшеница. – Киев, 1989. – С.320.
2. Morgounov A., Abugalieva A., Martynov S. 2013a. Effect of Climate Change and Variety on Long-term Variation of Grain Yield and Quality in Winter Wheat in Kazakhstan // Cereal Research Communications. – 2013.
3. Kokhmetova A., Yessenbekova G., Morgounov A., Ogbonnaya F. The screening of wheat germplasm for resistance to stripe and leaf rust in Kazakhstan using molecular markers // Journal of Life Sciences, USA. – 2012. – Vol. 6. – №4. – P. 353-362.

4. FAO создала веб-сайт для контроля за распространением ржавчины пшеницы (Rust spore) // <http://www.fao.org/agriculture/crops/rust/stem/en.>
5. Kokhmetova A., Chen X., Rsaliyev S. Identification of *Puccinia striiformis* f.sp. tritici. Characterization of wheat cultivars for resistance, and inheritance of resistance to stripe rust in Kazakhstan wheat cultivars // The Asian and Australasian Journal of Plant Science and Biotechnology. – 2010. – Vol. 4. – P. 64-70.
6. Ziyaev Z.M., Sharma R.C., Nazari K. et al. Improving wheat stripe rust resistance in Central Asia and the Caucasus // Euphytica. – 2011. – Vol. 179. – P.197-207.
7. Кохметова А.М. Генетические аспекты адаптивности пшеницы. – Алматы, 2005. – С.255.
8. McIntosh R.A., Wellings C.R., Park R.F. Wheat Rusts: An atlas of Resistance Genes. CSIRO. 1995. - Australia. P.200.
9. McIntosh R.A., Dubcovsky J., Rogers J., Morris C., Appels R., Xia X. Catalogue of gene symbols for wheat: 2010 supplement // <http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene2010>.
10. Chen X.M. Epidemiology and control of stripe rust on wheat // Can J Plant Pathol. – 2005. – Vol. 27. – С. 314-337.
11. Macer R.C.F. The formal and monosomic genetic analysis of stripe rust (*Puccinia striiformis*) resistance in wheat. In: IJ. Mackey (ed.) Proc. of 2nd Int. Wheat Genet. Symp. Lund, Sweden 1963. Hereditas Suppl. – 1966. – Vol. 2. – P. 127-142.
12. Law C.N. Genetic control of yellow rust resistance in *T. spelta album*. In: Plant Breeding Institute, Cambridge, Annual Report 1975. – 1976. – P. 108-109.
13. Chen X., Soria M.A., Yan G., Sun J., Dubcovsky J. Development of sequence tagged site and cleaved amplified polymorphic sequence markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr5* // Crop Sci. – 2003. – Vol. 43(6). – P. 2058-2064.
14. Mago R., Spielmeyer W., Lawrence G.J., Lagudah E.S., Ellis J.G., Pryor A. Identification and mapping of molecular markers linked to rust resistance genes located on chromosome 1RS of rye using wheat-rye translocation lines // Theor. Appl. Genet. – 2002. – Vol. 104(8). – P. 1317-1324.
15. Macer R.C.F. The formal and monosomic genetic analysis of stripe rust (*Puccinia striiformis*) resistance in wheat. In: IJ. Mackey (ed.) Proc. of 2nd Int. Wheat Genet. Symp. Lund, Sweden 1963. Hereditas Suppl. – 1966. – Vol. 2. – P. 127-142.
16. Wang L.F., Ma J.X., Zhou R.H., Wang X.M. and Jia J.Z. Molecular tagging of the yellow rust resistance gene *Yr10* in common wheat, P.I. 178383 (*Triticum aestivum* L.) // Euphytica. – 2002(1). – Vol. 124. – P. 71-73.
17. Shao Y.T., Niu Y.C., Zhu L.H., Zhai W.X., Xu S.C., Wu L.R. Identification of an AFLP marker linked to the stripe rust resistance gene *Yr10* in wheat // Chinese Science Bulletin. – 2001. – Vol. 46(17). – P. 1466-1468.
18. Gerecht-Amitai Z.K., Van Silfhout C.H., Grama A., Kleitman F. *Yr15*: A new gene for resistance to *Puccinia striiformis* in *Triticum dicoccoides* sel. G-25 // Euphytica. – 1989. – Vol. 43(1-2). – P. 187-190.
19. McIntosh R.A., Silk J. Cytogenetic studies in wheat XVII. Monosomic analysis and linkage relationships of gene *Yr15* for resistance to stripe rust // Euphytica. – 1996. – Vol. 89(3). – P. 395-399.
20. Disease resistance. Stripe rust. *Yr15*. Wheat Cap <http://maswheat.ucdavis.edu>.
21. Peng J.H., Fahima T., Röder M.S., Huang Q.Y., Dahan A., Li Y.C., Grama A., Nevo E. High-density molecular map of chromosome region harboring stripe-rust resistance genes *YrH52* and *Yr15* derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides* // Genetica. – 2000. – Vol. 109(3). – P. 199-210.

Есенбекова Г.Т., Кохметова А.М.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ НОСИТЕЛЕЙ УСТОЙЧИВЫХ К ЖЕЛТОЙ РЖАВЧИНЕ (PUCCINIA STRIIFORMIS F.SP. TRITICI) ГЕНОВ ОЗИМЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ

Аннотация

Желтая ржавчина – одна из наиболее распространенных и самых опасных болезней пшеницы, также она является одним из основных факторов снижения урожайности. Используя молекулярные маркеры STS, SCAR, были определены носители эффективных к желтой ржавчине генов Yr5, Yr10, Yr15. Из 30 исследованных сортов пшеницы были определены сорт Дастан с геномом Yr5, сорта Ажарлы, Қазақстан10, Қарасай, Матай, Моро, Наз, Мереке70, Мереке75, Султан2, Интенсивная, Акдан с геномом Yr10, сорта Раминал и Акдан с геномом Yr15. В целях повышения устойчивости к желтой ржавчине предлагается использовать эти генотипы в качестве доноров в программе MAS (Marker assisted selection – Селекция с помощью маркеров).

Ключевые слова: пшеница, желтая ржавчина, сорт, гены устойчивости, молекулярные маркеры.

Yessenbekova G., Kokhmetova A.

IDENTIFICATION OF HOSTS OF RESISTANT TO YELLOW RUST DISEASE (PUCCINIA STRIIFORMIS F.SP. TRITICI) GENES OF WINTER WHEAT CULTIVARS

Annotation

Yellow rust - one of the most common and most dangerous diseases of wheat, also it is one of the main factors reducing yields. Using molecular markers STS, SCAR, hosts of effective to yellow rust genes Yr5, Yr10, Yr15 were identified. Among 30 investigated wheat cultivars, cultivar Dastan with genome Yr5, cultivars Azharly, Kazakhstan10, Karasay, Matai, Moreau, Naz, Mereke70, Mereke75, Sultan2, Intensivnaya, Akdan with genome Yr10, cultivars Raminal and Akdan with genome Yr15 were identified. In order to improve resistance to yellow rust, it is proposed to use these genotypes as donors in the program MAS (Marker assisted selection).

Keywords: wheat, stripe rust, cultivar, resistance genes, and molecular markers.

УДК 635.656:631.55

Джуманова С.Р., Петров Е.П.

Казахский национальный аграрный университет

СОРТОИЗУЧЕНИЕ КУСТОВОЙ ФАСОЛИ В АЛМАТИНСКОЙ ОБЛАСТИ

Аннотация

В статье приведены результаты исследований по сортоизучению кустовой фасоли. Установлены наиболее продуктивные сорта для климатических условий Алматинской области.

Ключевые слова: фасоль, сорт, продуктивность, экономическая эффективность.

Введение

Фасоль обыкновенная (*Phaseolus vulgaris* L.) – растение семейства бобовых происходит из Центральной и Южной Америки. В пищу используют как молодые 12-14 дневные бобы, так и семена в технической спелости.