

Borankulova D.M., Takirova A.K.

ENVIRONMENTAL CONDITIONS IN THE ASH GROVE CHARYN CANYON

Annotation

The Charyn Canyon is one of the most unique places in Kazakhstan. There is a unique monument of nature - the relict ashen grove. The Charyn ashen grove is a unique natural formation. The construction of the reservoir and the impact of hydraulic structures have a negative impact on the conservation and natural regeneration of Ashen Grove, which will lead to a complete loss of this unique natural object. And also, it will have a negative impact on the ecological system of Charyn canyon.

Keywords: Charyn canyon, ashen grove, forest tract, Sogdian ash, Charyn rivers.

ӘОЖ 575.24.1:633.11.16

Есенбекова Г.Т., Кохметова А.М., Кампитова Г.А., Атишова М.Н.

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

БИДАЙ СЕЛЕКЦИЯСЫНДА САРЫ ТАТ (*PUCCINIA STRIIFORMIS F.SP. TRITICI*) АУРУЫНА ТӨЗІМДІ ГЕН ИЕЛЕРІН ПИРАМИДАЛАУ

Аңдатпа

Бидайдың сары тат ауруы әлем бойынша ең кең таралған, өте қатерлі аурулардың бірі және бидай өнімділігін төмендететін негізгі факторлардың бірі болып табылады. Гендерді пирамидалау үшін маркерлерді қолдану селекцияның басқа әдістерінің алдында маңызды артықшылықтары бар. STS, SCAR, SSR молекулалық маркерлерді қолдана отырып, зерттелген 7 үлгінің 68 өсімдігінің ішінде №1420 үлгісінің №7, 8, 9 өсімдіктерінде сары татқа төзімді Yr5, Yr10, Yr15 гендерінің пирамидаланғаны анықталды. Алынған мәліметтер бидайдың сары тат ауруына төзімді сорттарын шығару мақсатында селекциялық бағдарламаларда қолдануға ұсынылады.

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

Кіріспе

Қазақстан жоғары сапалы бидайдың негізгі өндірушілерінің бірі болып табылады. Халықаралық нарықта Қазақстанның орыны жылдан жылға нығаюда. Бүгінгі таңда Қазақстан бидай экспорттаушы 6 көшбасшылары арасында АҚШ, ЕуроОдақ, Аргентина, Австралия және Канададан кейінгі өз орынын табуда. Қазақстан бидайы 40-тан астам елге экспортталады [1]. ФАО (Азық-түлік және ауылшаруашылық ұйымының) мәліметтері бойынша, алдағы 20 жылда бидайға сұраныс ұлғаяды және оны қамту үшін бидай өнімі жылына 1,6-2,6 %-ға жоғарлау керек, орташа өнімділік кәзіргі 25ц/га-дан 38ц/га дейін көтерілу керек. Бүгінгі таңда Мемлекеттік селекция жетістіктері реестріне ауылшаруашылық дақылдардың 1288 сорты енгізілді және қолдануға рұқсат етілді. Қазақстан селекциясында бидай сорттарының үлесі – 55%. Күрделі экономикалық жағдайға қарамастан селекция қарқыны төмендемеді. Тарихи тұрғыдан қысқа мерзімде қыстық және жаздық бидайдың бірқатар бағалы сорттары шығарылып, өндіріске енгізілді [2]. Соңғы жылдарда бидайдың сары тат ауруының таралуына байланысты Орта Азияда және Закавказ елдерінде фитосанитарлық жағдай қиындап кетті. Қазақстанның оңтүстік аймақтарында сары таттың эпифитотиялық дамуының себептерінің бірі – көршілес елдерде (Тәжікстан,

Өзбекстан) күздік бидай егіндік алқаптарының кеңейтілуі. Бұл елдерде қыс жылы болғандықтан, патоген жеңіл қыстап шығады [3]. Қазіргі таңда Қазақстанда аталған аурға төзімділікті бақылау үшін заманауи әдістермен қатар сары татқа төзімділік белгілерімен тіркескен молекула-генетикалық маркерлерді пайдаланып, ғалым А.М. Кохметованың басшылығымен гендерді пирамидалау жұмыстары жүргізілуде. Зерттеу жұмысы төзімді ген иелерін бағытты іріктеуге, яғни селекциялық процестің сенімділігі мен эффективтілігін айтарлықтай арттыруға мүмкіндік береді.

Бірдей қасиетті бақылайтын бірнеше геннің бір генотипке бірігу процесін пирамидалау деп атаймыз. Гендерді пирамидалау үшін маркерлерді қолдану – MAS (Marker Assisted Selection) - тың әдеттегі селекцияның басқа әдістерінің алдында маңызды артықшылықтарының бірі. Мысалы, саңырауқұлақ патогеніне төзімділік қасиеттері үшін фенотиптік мәліметтер негізінде бірден артық төзімділік гені бар өсімдіктерді анықтау қиын. Маркерлерді қолдану арқылы ерте кезеңдерде ген комбинациялары бар генотиптерді анықтауға болады [4]. Татқа төзімділік жеке гендерінің өмір сүру ұзақтығы қысқа болғандықтан Австралиялық және басқа селекционерлер бірнеше эффективті генді біріктірген сорттарды шығара бастады. Селекционерлер патогеннің кең тараған расалары авирулентті бірнеше генін біріктіргенде, таттың вируленттік генотипі дамуы үшін вируленттіктің барлық қажетті мутацияларының комбинациясы қажет болады. Патогеннің ішінде екі немесе одан көп мутация бір уақытта пайда болу ықтималдығы өте төмен. Өкінішке орай мұндай жағдай жиі кездеседі: пайда болған сорттар жеке гендердің ғана иесі бола алады. Мұндай жағдайда тат бұл сорттарды бір генге әсер ететін бірнеше кезеңдік мутациялардың бір кезеңі ретінде пайдаланады. Кейде кешендік сортта бар барлық гендерге вирулентті генотип пайда болады. Әр геннің вируленттігі егістікке бөлек тат изоляттарында пайда болса да екі түрлі вируленттікті біріктіретін ешбір изолят пайда болмады. Бірақ, екі түрлі вируленттілікті біріктіретін бірнеше изолят лабораторияда жасап шығарылды. Тат төзімділігінің әртүрлі генотиптері бар сорттарды шығару татты бақылауға көп көмегін тигізбек. Гендерді пирамидалаған кезде қандай гендерді біріктіру және әртүрлі ата-анасында қандай гендер бар екенін білгеніміз дұрыс. Қайта шағылыстыру кезінде қажетті ген комбинацияларына ие өсімдікті немесе линияны анықтау оңай болмауы мүмкін. Кейде гендерді анықтау үшін бір ген төзімділікті көрсететін, басқалары төзімсіз болатын тат изоляттары пайдаланылады. Егер екі генде төзімділік көрсетіп бірақ барлық пайда болған расаларға иммунитет көрсете алмаса онда төзімділіктің жоғарылауына қарап ген комбинацияларын анықтауға болады. Атап айтқанда осылайша егістіктегі таттың қатерлі эпидемиялары кезінде анықтауға болады. Егер гендердің бірі температураға сезімтал болса, екінші ген үшін сынақтан бірінші геннің қасиеттерін көрсетуге бөгет жасайтын температурада жасалуы керек. Кейде геннің төзімділігін бақылау үшін ген байланыстарын пайдалануға болады. Біріктіретін гендер туралы информация көп болған сайын оларды біріктіру стратегиясын анықтау оңайға түседі. Егер басқа әдістің бәрі нәтиже бермесе онда шағылыстырудан гомозиготалық төзімді линияларды алып, оларды төзімсіз линиялармен шағылыстырып сегрегацияланған гендер санын анықтау қажет болуы мүмкін [5].

Молекула - генетикалық маркерлердің және фитопатологиялық әдістердің негізінде генотипінде сары тат ауруының төзімділік гендері пирамидаланған бидай линияларын анықтау жұмысымыздың басты мақсаты болып табылады.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Біздің зерттеуімізде бақылау сорты ретінде Avocet сортынан алынған Yr5, Yr10, Yr15 изогенді линиялары мен генотипінде Yr10 гені бар Mogo сорты, Молекула - генетикалық маркерлердің және фитопатологиялық әдістердің негізінде генотипінде сары тат ауруының төзімділік гендері пирамидаланған бидай линияларын алынды. Теріс бақылау ретінде ddH₂O пайдаланылды. Зерттеу барысында фитопатологиялық бағалау McIntosh en. al. Әдісімен [6], СТАВ-әдісімен (Edwards, 1991) ДНҚ бөліп алу 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: Yr5 гені үшін Yr5/S23M41(TCAACGGAACCTCCAATTTC, AGGTAGGTGTTCCAGCTTGC) праймері пайдаланылды, алғашқы денатурация - 2 мин 95°C; 40 айналым – 30 сек 95°C; 30 сек - 58°C; 30 сек - 72°C; соңғы элонгация сатысы 5 мин 72°C [7]. Yr10 гені үшін SCAR (CTGCAGAGTGACATCATACA, TCGAACTAGTAGATGCTGGC) праймері алынды, алғашқы денатурация - 3 мин 94°C; 35 айналым – 1 мин 94°C; 1 мин - 60°C; 2 мин - 72°C; соңғы элонгация сатысы 10 мин 72°C [8]. Yr15 гені үшін алғашқы денатурация - 3 мин 94°C; 35 айналым – 1 мин 94°C; 1 мин - 60°C; 2 мин - 72°C; соңғы элонгация сатысы 10 мин 72°C, Yr15-Xbarc/GCGGGAATCATGCATAGGAAAACAGAA, CGGGGGCGAAACATACACATAAAAAACA, SSR праймері қолданылды [9]. ПТР өнімі формамид бояуымен боялып, амплификацияланған ДНҚ фрагменттерінің бөлінуі 1,5 %-дық агароза гелінде электрофорез арқылы жүзеге асырылды.

Зерттеу нәтижелері мен талқылаулар

Өсімдіктің иммунологиялық және генетикалық көрсеткіштерін зерттеу, дақылдан мол өнім және сапалы түсім алу қажеттілігінен туындайды. Гибридті тәлімбақтың F₁ линияларының сары татқа төзімділік қасиеттері зерттелінді. Бұл бағалы линияларға ерекше көңіл бөле отырып олардың өнімділік элементтеріне құрылымдық талдау, фитопатологиялық бағалау және молекулалық зерттеулер жүргізілді. 1-кестеде бидай линияларының өлшемдері мен өнім түсімінің құрылымдық талдауы және фитопатологиялық бағалауы көрсетілген.

1-кесте. Бидай F₁ ұрпағының өнімділік элементтеріне құрылымдық талдауы және фитопатологиялық бағасы, табиғи жағдай (Алмалыбақ, 2015ж.)

№ 2015ж	Үлгілердің тегі	Өсімдіктің биіктігі, см	Масақтың ұзындығы, см	Масақтағы масақшалар саны, дана	Негізгі масақтағы дән саны, дана	Негізгі масақтағы дән салмағы, г.	1000 дән салмағы, г	Фитопатологиялық бағасы
1415	F ₁ (ICARDA-CAC L35/ GN-169/(Yr5, Yr10, Yr15, Yr32) xYr9xYr10	71	9,61	19	48,0	1,69	35,41	20MS
1416	F ₁ IC-CAC L35/ GN-169/Yr5,Yr10,Yr15, Yr32xYr9 x Yr18x Yr10	85	9,68	20	59,9	2,16	35,99	15 MS
1417	F ₁ (18-IC-IPBB-2013) x Yr18 x Yr5 xYr10	117	13,5	20	49,4	2,49	50,83	10MR
1419	F ₁ U11AGEC-7(Yr5, Yr10 xYr15xYr18xYr10	90	9,68	18	56,6	2,36	41,85	0
1420	F ₁ (д.845 F5 № 23x Куп x №1659 д.1030 д620. F ₄ Улуг xYr 4 x Мер) (Yr4,Yr9,Yr10,Yr18)xYr5/T.sp x Yr15	104	10,8	18	51,3	2,24	43,57	0

1422	F ₁ д.845 F5 № 23 х Куп х №1659 д.1030Д620. F ₄ Улугбек хУг 4 х Мереке(Yr9, Yr4,Yr10, Yr18) х д.Yr10/№ 294 Yr15/6* Avocet S(Yr15)	81	9,74	16	62,1	2,13	34,26	0
1423	F ₁ д.845 F5 № 23 х Купава х№1659д.1030 д620. F ₄ Улугбек хУг 4хМереке(Yr9, Yr10, Yr18) х Yr15/№ 294 Yr15/6* Avocet S (Yr15) х Алмалы	84	11	19	72,4	2,34	34,08	0

Нәтижесінде өсімдіктің биіктігі бойынша ең жоғарғы көрсеткіш (112-104 см) аралығында №1417, №1420 линиялары, ал ең төмен көрсеткіш (71 см) №1415 линиясында байқалған, масақтың ұзындығы бойынша ең жоғары көрсеткішке №1417 линиясы ие болды (13,5 см). Масақтағы масақшалар саны №1416 линиясында 20 болып ең жоғарғы нәтиже берген болса, №1422 линиясы 16 масақшасы болғандығын байқатты. Негізгі масақтағы дән саны бойынша ең төменгі көрсеткіш 48 данадан болған болса, бұл көрсеткіш №1423 линиясында 72 данаға жетті. Бір масақтың дән салмағы бойынша №1417, №1419, №1423 линиялары ерекшеленді, олардың көрсеткіші 2,34 - 2,49 г шамасында болды. 1000 дән салмағы бойынша ең жоғарғы көрсеткіш №1417 (50,83 г) линиясында байқалды. Бидайдың масақтану мерзімі 26-мамыр мен 1-маусым аралығында болды. F₁ гибридтеріне фитопатологиялық баға беру нәтижесінде №1419, №1420, №1422 және №1423 линиялары иммунды, №1415, №1416 MS-орташа төзімсіз, урединийлер көлемі орташа, жапырақ бетін 20-40% - ға дейін басқан болды. Сонымен, F₁ гибридтеріне шаруашылық құнды белгілерін сұрыптаудың нәтижесінде келесі бидай линияларын ерекше атауға болады: №1417, №1420, №1423. Аталған бидай линиялары стандарт ретінде Алмалы, Жетісу және Прогресс сорттарымен салыстырғанда жоғары өнімділік көрсеткіштеріне ие болды.

F₁ популяциясындағы өсімдіктерді талдау дамудың ерте кезеңдерінде маркер аллельдері болуын айқындау және жалған гибридтерді болғызбау мақсатында жүргізілді. Өсімдіктің патогенге төзімділігін қамтамасыз ететін гендермен тығыз тізбектескен молекулалық маркерлерді қолдану селекция жұмысын айтарлықтай жеңілдетеді. Пирамидаланған Yr5, Yr10 және Yr15 төзімділік гендері бар бастапқы бидай материалын құру үшін молекулалық маркерлеу әдістері қолданылып, BC₁F₁ популяциясының жеке өсімдіктеріне скрининг жасалды, сосын маркерледің қалаулы аллельдерінің (гетерозиготалық күйде) иесі болып табылатын жеке өсімдіктер рекуренттік аталықпен будандастырылды. Осылайша, беккросс негізінде бидай материалының гибридизациясы жүргізілді, онда реципиент ретінде бейімделген сары татқа сезімтал жергілікті бидай материалы, ал донор ретінде эффективті Yr-ген иелері қолданылды. Гибридизация нәтижесінде Yr5, Yr10 және Yr15 сары татқа төзімділік ген иелерімен будандастыру комбинациясы бойынша BC₁F₁ гибридтік ұрпақ алынды, будандастыру комбинациясына сәйкес ол ұрпақтың дән байлану пайызы 52 - 85% аралығында болды. Гибридтік ұрпақтың 7 үлгісінің әрқайсысының 10 масағынан СТАБ әдісімен геномдық ДНҚ бөлініп, молекулалық талдау жасалынды. Yr-ген иелері полимеразалық тізбектік реакция (ПТР) әдісі арқылы идентификацияланды. Yr-ген кассеталарын құру үшін MAS әдісі арқылы Yr5, Yr10 және Yr15 төзімділік гендерін пирамидалануына (2-кестеде) бақылау жүргізілді.

Yr5 сары татқа төзімділік гені *Triticum aestivum* ssp. *spelta* cv. *Album* гексаплоидты бидайда анықталып, 2В хромосомасының ұзын иығында центромерадан 21 cM қашықтықта

орналасқан [10, 11]. Yr5 ген иелерін анықтау үшін Yr5 гені локусынан 0.7 сМ қашықтықта орналасқан S23M41 маркерін қолданып бидай генотиптерінің ПТР талдауы жүргізілді. Yr5 генінің S23M41 локусы үшін амплификация фрагментінің ұзындығы – 275 ж.н. деп күтілуде. ПТР нәтижелерін талдау көрсеткендей, зерттелген 7 үлгінің 68 өсімдігінің 27- де Yr5 гені бар екендігі анықталды.

Доминантты Yr10 гені 1В хромосомасының қысқа иығында шектелген. Осы геннің иелерін анықтау үшін Yr10 гені локусынан 0,5 сМ арақашықтықта орналасқан SCAR маркері бар үлгілердің ПТР талдауы жасалды. Бэнд аймағы Yr10Yr10=200bp yr10yr10=180bp. Yr10 гендері бар ПТР өнімдері ген доминантты болған жағдайда 200 жұп нуклеотид аймағында, ген рецессивті болған жағдайда 180 жұп нуклеотид аймағында синтезделінді [12]. ПТР нәтижесінде 7 үлгінің 68 өсімдігінің ішінде 25 өсімдігі аллельдерінің гетерозиготалық күйіндегі (генотип Yr10yr10), 3 өсімдігі аллельдерінің гомозиготалық күйіндегі Yr10 төзімділік гені идентификацияланды.

2-кесте. Бидай үлгілерінің төзімді Yr5, Yr10, Yr15 гендеріне скрининг

Үлгілер №	Yr5 S23M4 275ж.н.	Yr10 SCAR R-200, S-180 ж.н.	Yr15 Xbarc8 R-221, S- 257 ж.н.	Үлгілер №	Yr5 S23M 41275 ж.н.	Yr10 SCAR R-200, S- 180 ж.н.	Yr15 Xbarc8 R-221, S-257 ж.н.
1415-1	-	180/200	-	1419-6	275	-	-
1415-2	275	180/200	-	1419-7	-	-	-
1415-3	-	180/200	-	1419-8	275	-	221/257
1415-4	-	180	-	1419-9	275	-	221/257
1415-5	-	180/200	-	1419-10	275	-	-
1415-6	275	180	-	1420-1	275	180/200	-
1415-7	275	180/200	-	1420-2	275	180/200	-
1415-8	-	180	-	1420-3	275	-	-
1415-9	275	180/200	-	1420-4	-	180/200	-
1415-10	-	180/200	-	1420-5	275	180/200	-
1416-1	275	180/200	-	1420-6	275	-	-
1416-2	-	-	-	1420-7	275	180/200	221/257
1416-3	275	180/200	-	1420-8	275	180/200	221/257
1416-4	-	180/200	-	1420-9	-	180/200	221/257
1416-6	-	180/200	-	1420-10	275	180/200	221/257
1416-7	275	180/200	-	1422-1	-	-	221/257
1416-8	275	180/200	-	1422-2	-	-	221/257
1416-9	-	180/200	-	1422-3	-	-	221
1416-10	-	180/200	-	1422-4	-	-	-
1417-1	275	-	-	1422-5	-	-	221/257
1417-2	-	-	-	1422-6	-	-	221/257
1417-3	-	-	221/257	1422-7	-	-	-
1417-4	-	-	-	1422-8	-	-	-
1417-5	-	-	-	1422-9	-	-	-
1417-6	275	-	-	1423-1	-	-	-
1417-7	275	-	-	1423-2	-	-	221
1417-8	275	-	-	1423-3	-	-	-
1417-9	275	-	-	1423-4	-	-	-
1417-10	-	-	-	1423-5	-	-	-

1419-1	-	-	221	1423-6	-	-	221/257
1419-2	275	180/200	-	1423-7	-	-	221/257
1419-3	-	-	221/257	1423-8	-	-	221/257
1419-4	275	-	221/257	1423-9	-	-	221/257
1419-5	-	-	221/257	1423-10	-	180/200	-

Yr15 доминантты гені бидайға *Triticum dicoccoides* Korn. G-25 үлгісінен тасымалданған және 1В хромосомасының қысқа иығында шектелген [13, 14]. Бұл ген сары таттың Қазақстандық изоляттарына қарсы тиімді екендігі біздің зерттеулерде бұрын көрсетілген [15]. Yr15 гені бар сары татқа төзімділік иелерін іздеу үшін іздеудегі генмен толығымен тізбектескен (0.0 cM) SSR маркер Xbarc8.2 қолданылды. ПТР нәтижелерін талдау генотиптерді Yr-гендердің әртүрлі саны бойынша топтастыруға мүмкіндік берді. Yr15 генінің R- аллелімен тізбектескен Xbarc8.2 локусы үшін амплификация фрагментінің болжамдық ұзындығы – 221 ж.н., ал S-аллелімен тізбектескен локус үшін – 257 ж.н.

Нәтижесінде, 7 үлгінің 68 өсімдігінің ішінде 3 өсімдігі аллельдерінің гомозиготалық күйіндегі, 18 өсімдігі аллельдерінің гетерозиготалық (генотип Yr15yr15) күйіндегі, Yr15 төзімділік гені айқындалды. Зерттелген 7 үлгінің 68 өсімдігінің ішінде №1420 үлгісінің №7, 8, 9 өсімдіктерінде сары татқа төзімді үш бірдей (Yr5, Yr10, Yr15) гендерінің пирамидаланғаны анықталды. Алынған мәліметтер бидайдың сары тат ауруына төзімді сорттарын шығару мақсатында селекциялық бағдарламаларда қолдануға ұсынылады.

Қорытынды

Сонымен, F₁ гибридтеріне шаруашылық құнды белгілерін сұрыптаудың нәтижесінде келесі бидай линияларын №1417, №1420, №1423 ерекше атауға болады. Аталған бидай линиялары стандарт ретінде Алмалы, Жетісу және Прогресс сорттарымен салыстырғанда жоғары өнімділік көрсекіштеріне ие болды.

Гибридизация нәтижесінде Yr5, Yr10 және Yr15 сары татқа төзімділік ген иелерімен будандастыру комбинациясы бойынша BC₁F₁ гибридтік ұрпақ алынды, будандастыру комбинациясына сәйкес ол ұрпақтың дән байлану пайызы 52 - 85% аралығында болды. Гибридтік ұрпақтың 7 үлгісінің әрқайсысының 10 масағынан СТАБ әдісімен геномдық ДНҚ бөлініп, молекула-генетикалық талдау жасалынды. Yr-ген иелері полимеразалық тізбектік реакция (ПТР) әдісі арқылы идентификацияланды. Yr-ген кассеталарын құру үшін MAS әдісі арқылы Yr5, Yr10 және Yr15 төзімділік гендерінің пирамидалануына бақылау жүргізілді.

ПТР нәтижесінде зерттелген 7 үлгінің 68 өсімдігінің 27- де Yr5, 25 өсімдігі аллельдерінің гетерозиготалық күйіндегі (генотип Yr10yr10), 3 өсімдігі аллельдерінің гомозиготалық күйіндегі Yr10, 3 өсімдігі аллельдерінің гомозиготалық күйіндегі, 18 өсімдігі аллельдерінің гетерозиготалық (генотип Yr15yr15) күйіндегі, Yr15 төзімділік гендерінің бар екендігі айқындалды.

№1420 үлгісінің №7, 8, 9 өсімдіктерінде сары татқа төзімді үш бірдей (Yr5, Yr10, Yr15) гендерінің пирамидаланғаны анықталды.

Сары татқа төзімділік гендері пирамидаланған төзімді бидай сорттарын селекцияда қолдану арқылы өнімді 25-30% жоғарылатуға және пестицид қолдануды шектеуге яғни, экологиялық қауіпсіздікті қамтамасыз етуге мүмкіндік береді.

Әдебиеттер

1. Куришбаев А.К. Актуальные вопросы селекции и генетических ресурсов сельскохозяйственных растений // Матер. Междунар. конф. «Развитие ключевых направлений сельскохозяйственной науки в Казахстане: селекция, биотехнология, генетические ресурсы. Алматы: ТОО изд-во «Бастау», 2004. С. 3–17.

2. Уразалиев Р.А., Абсамтарова А.С. Селекционно-генетические исследования зерновых культур в казахстане// Вестник ВОГиС. 2005. Том 9. №3. С. 415-422.
3. Койшибаев М.К., Моргунов А.И. О выступлениях на 1-й Центральноазиатской конференции по пшенице, г. Алматы, 10–13 июня 2003 г. // Информ. бюл. «Семеноводство и селекция пшеницы в Центральной Азии. 2003. № 2 (05). С. 3–17.
4. Sivasamy M., Vinod, Tiwari S. et al. Introgression of useful linked genes for resistance to stem rust, leaf rust and powdery mildew and their molecular validation in wheat (*Triticum aestivum* L.) // Indian J. Genet. 2009. V. 69. P. 17–27.
5. Сюков В.В. Методы подбора родительских пар для гибридизации у самоопыляющихся растений.- Самара: «Известия Самарского научного центра РАН», 2007. 80 с.
6. McIntosh R.A., Wellings C.R., Park R.F. Wheat Rusts: An atlas of Resistance Genes. CSIRO. 1995. - Australia. P.200.
7. Smith P.H., Hadfield J., Hart N.J., Koebner R.M.D., and Boyd L.A. STS markers for the wheat yellow rust resistance gene Yr5 suggest a NBS–LRR-type resistance gene cluster, DOI: 10.1139/g07-004. – 2007. № 50 (3). – P. 259-65.
8. 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.
9. Yaniv E., Raats D., Ronin Y., Korol A.B., Grama A., Bariana H., Dubcovsky J., Schulman A.H and Fahima T. Evaluation of marker-assisted selection for the stripe rust resistance gene Yr15, introgressed from wild emmer wheat, DOI 10.1007/s11032-015-0238-0, Mol breeding. – 2015. – № 35. – P. 45.
10. 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.
11. 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.
12. 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. – № 46 (17). – P. 1466-1468.
13. 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.
14. 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.
15. 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.

Есенбекова Г.Т., Кохметова А.М., Кампитова Г.А., Атишова М.Н.

ПИРАМИДИРОВАНИЕ НОСИТЕЛЕЙ УСТОЙЧИВЫХ К ЖЕЛТОЙ РЖАВЧИНЕ (*PUCCINIA STRIIFORMIS* F.SP. *TRITICI*) ГЕНОВ В СЕЛЕКЦИИ ПШЕНИЦЫ

Аннотация

Желтая ржавчина является одной из наиболее распространенных и самых вредоносных болезней пшеницы, а также одним из основных факторов снижения

урожайности пшеницы. По сравнению с другими методами селекции, применение маркеров имеет ряд важных преимуществ для пирамидирования генов. Применяя молекулярные маркеры STS, SCAR, SSR, среди изученных 68 растений 7 линии было определено пирамидирование устойчивых к желтой ржавчине генов Yr5, Yr10, Yr15 в растениях №7, 8, 9 линии №1420. Рекомендуется использовать полученные данные в селекционных программах для создания сортов пшеницы, устойчивых к желтой ржавчине.

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

Yessenbekova G., Kokhmetova A., Kampitova G., Atishova M.N.

PYRAMIDING OF CARRIERS OF GENS RESISTANT TO YELLOW RUST (PUCCINIA STRIIFORMIS F.SP. TRITICI) DISEASE IN WHEAT SELECTION

Annotation

Yellow rust is one of the most spread and most harmful diseases of wheat, as well, it is one of the main factors decreasing wheat yield. Using markers for gens pyramiding has a number of advantages in comparison with other selection methods. 68 plants of 7 lines were investigated by means of use of molecular markers STS, SCAR, SSR, and pyramiding of gens Yr5, Yr10, Yr15 resistant to yellow rust was identified in plants №7, 8, 9 of lines №1420. It is recommended to use the obtained data in selection programs to create the wheat lines, which are resistant to yellow rust.

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

УДК 552.482.2:577.4

Жанымхан К., Мустафаев Ж.С., Козыкеева А.Т.

Казахский национальный аграрный университет

ОСОБЕННОСТИ ФОРМИРОВАНИЯ ГИДРОГЕОХИМИЧЕСКОГО РЕЖИМА МАЛЫХ РЕК В БАССЕЙНЕ ОЗЕРА БАЛХАШ

Аннотация

На основе существующих математических моделей продуктивности водной среды позволяющих определить экологически допустимые пределы антропогенного воздействия на основе принципа Ле-Шателье-Брауна, разработана одна из модификаций математических моделей, на базе уравнения гидрохимического баланса вещества в речных бассейнах, описывающей поведение водной системы с учетом всех природных и антропогенных факторов, характеризующих поведение водной экосистемы, находящейся в состоянии устойчивого равновесия

Ключевые слова: модель, оценка, ресурсы, природа, река, расход, сток, возвратные воды, водопотребление, загрязнение, функция, соли, факторы.

Постановка проблемы

В настоящее время все водные объекты суши являются не только источниками водопотребления для промышленности, сельского и коммунально-бытового хозяйства, но и местом сброса отработанных сточных вод городов и различных отраслей экономика. В связи с этим возникает необходимость и важность изучения условий формирования и изменения гидрогеохимического режима малых рек диктуется рядом их особенностей. С одной стороны малые реки необычайно уязвимы за счет тесной связи формирования их