

7. Слюсаренко З.С., Бережко С.Т., Петрушина С. Методические рекомендации по созданию селекционных материалов и гибридов с высокой плодovitостью семенников и всхожестью семян // ВНИИСС. Киев.

8. Доспехов Б.А. Методика полевого опыта // М.: Агропромиздат, 1985, 351с.

Мырзалиев К.

ЖАМБЫЛ ОБЛЫСЫ ЖАҒДАЙЫНДА КӨШЕТСІЗ ҚЫЗЫЛША СЕБУ ТӘСІЛДЕРІ АРҚЫЛЫ ОНЫҢ ТҰҚЫМЫН АЛУ ЖОЛДАРЫ

Түйін

Мақалада уақыт талабына сай қызылша тұқымын көшетсіз өсірудің негізінде себу мезгілдері, себу тәсілдері, себу нормалары және қызылша шыққаннан кейін қысқа кетер алдында көңмен жабу арқылы тәжірибе жұмыстарының нәтижесі 2012-2014 жылдары Жамбыл облысының климаттық жағдайында берілген.

Кілт сөздер: Қант қызылша, себу мерзімі, тәсілі, мөлшері, үсіктен қорғау, тұқым өнімі.

Mirzaliyev K.

WITHOUT MEANS OF HEADERS SUGAR BEET CROP IN T ERMS OF ZHAMBYL REGION

Annotation

In the article summarizes the results of a 3 year investigated conducted under irrigation on the serozoms soil in Zhambyl region. A modern solution to the problems of increasing the yield of sugar beet on the basis of a non-shrinking ridge and a sulcus sowing method and sheltering of plants during the winter.

Keywords: Sugar beet, plow method, time-period, plow dosage, protect frosty, beet grain.

УДК 579.64:631.46(574.1)

Нагиева А.Г., Сергалиев Н.Х., Андронов Е.Е.

*Казахский национальный аграрный университет,
Западно-Казахстанский аграрно-технический университет им. Жангир хана, г.Уральск
Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной
микробиологии, г. Санкт-Петербург*

ИЗУЧЕНИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ ПОЧВ ЗАПАДНОГО КАЗАХСТАНА МЕТОДОМ МЕТАГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

Аннотация

В статье приведены результаты метагеномных исследований ненарушенных почв Западного Казахстана. Микроорганизмы населяют почву по всему профилю, но большинство метагеномных исследований касаются лишь поверхностного слоя почвы. Преимуществом профильно-генетического исследования является возможность связать структуру микробных сообществ с почвообразовательными процессами и свойствами почвы, отличающимся именно по генетическим горизонтам.

Ключевые слова: почвенный микробиом, тип почвы, секвенирование, таксономия.

Введение

В настоящее время микробиологические исследования проводятся с использованием молекулярно-генетических методов, благодаря которым в геометрической прогрессии увеличивается объем данных о последовательностях бактериальных генов и разнообразии природных бактериальных сообществ на основе выделения операционных таксономических единиц [1].

С развитием технологий высокоэффективного секвенирования появилась возможность более полного описания разнообразия микробных сообществ. современные метагеномные исследования позволяют получить информацию не только о таксономическом составе всех присутствующих в образцах микроорганизмах, но и оценить их функциональную роль, – через определение относительной представленности генов, кодирующих белки различных функциональных категорий. Такие исследования проводятся для выявления связи микробного разнообразия почвы с такими факторами как pH, содержанием и качеством органического вещества, влажностью, температурой, структурой почвы и т.д. [2, 3, 4, 5, 6].

Реакция среды (pH) признается многими исследователями одним из наиболее значительных факторов формирования почвенного микробного сообщества. Влажность может косвенно влиять на общее микробное разнообразие почвы, определяя связность между различными микролокусами. Показано, что снижение влажности почвы посредством разрыва пор увеличивает количество несвязанных между собой микросред с различающимися свойствами, что может приводить к увеличению микробного разнообразия [7, 8].

Бактериальные сообщества выполняют множество различных биологических функций в почвах, в том числе связанных с поддержанием биогеохимических циклов элементов и стабильности почвенных экосистем [9, 10, 11, 12].

Свойства почвы (в том числе, определяющиеся составом растительности и антропогенным воздействием), в свою очередь, выступают важными экологическими факторами, контролирующими состав, структуру и активность почвенных бактериальных сообществ через различные эндогенные физиолого-биохимические процессы [13, 14, 15].

Как известно, микроорганизмы населяют почву по всему профилю, но большинство метагеномных исследований касаются лишь поверхностного слоя почвы. Микробные сообщества верхних гумусовых горизонтов, (очевидно, за счет ассоциации с корнями растений и легкодоступным органическим веществом) более подвержены изменениям из-за внешних воздействий, в то время как менее лабильные микробиомы глубоких горизонтов могут быть более информативными для сравнения различных типов почв [16]. Преимуществом профильно-генетического является возможность связать структуру микробных сообществ с почвообразовательными процессами и свойствами почвы, отличающимся именно по генетическим горизонтам.

Целью работы было изучение почвенных микроорганизмов ненарушенных темно-каштановых, солонцов и лугово-каштановых почв Западного Казахстана.

Материалы и методы

Исследуемые объекты располагались на территории Западного Казахстана на целинных участках темно-каштановых, лугово-каштановых и солонцовых почв. Образцы почв отобраны по всему профилю, проведено морфологическое описание, проанализированы агрохимические и микробиологические показатели. При выделении ДНК брали навеску 0,2 г замороженной почвы, добавляли равное по объему количество шариков, 350 мкл раствора А, 350 мкл раствора Б и 400 мкл смеси фенол-хлороформ и разрушали образец при максимальной мощности в течении 1 мин на приборе «FastPrep». Подготовку проб и секвенирование проводили на приборе GS Junior, Roche. Обработку полученных

данных проводили с помощью программы «QIIME». Классификацию последовательностей на OTU (Operational Taxonomic Unit) проводили с использованием критерия 97% сходства [17].

Результаты и обсуждение

Почвенные образцы отбирали из горизонтов по всему профилю (таблица 1). Для выявления основных факторов влияющих на агроэкологическое состояние почв проведено морфологическое описание почв с целью выяснения особенностей условий почвообразования. Данные агрохимических исследований показывают преобладание содержания гумуса на темно-каштановой и лугово-каштановой почвах в сравнении с солонцами (таблица 1, рисунок 1).

Таблица 1 – Содержание агрохимических показателей в исследуемых почвах

Тип почвы	Координаты GPS	Вид угодья	Горизонты	Гумус %	pH	Сумма солей, %
Темно-каштановая карбонатная нормальная среднemocная тяжелосуглинистая	N 51° 15.48,8' E 050° 46.52,9'	целина	A1 (0-14)	3,0	8,5	0,066
			B1 (14-33)	2,5	8,3	0,110
			B2 (33-69)	0,9	9,1	0,116
			BC (69-107)	-	8,2	0,887
			C (107-200)	-	8,4	0,451
Солонец мелкий тяжелосуглинистый	N 51° 11' 17.9'' E 051° 58' 59.2''	целина	A1 (0-6)	2,7	8,4	0,044
			B1 (6-26)	2,1	8,5	0,037
			B2 (26-80)	0,5	8,9	0,022
Лугово-каштановая обыкновенная среднemocная тяжелосуглинистая	N 51° 10' 32.6'' E 051° 42.515'	целина	A1 (0-13)	3,1	7,9	0,053
			B1 (13-25)	2,5	8,3	0,040

Исследуемые образцы всех типов почв указывают на незасоленность, за исключением образцов темно-каштановой почвы с глубины 69см показали средне и слабозасоленные. Реакция среды вниз по профилю увеличивается до 8,98.

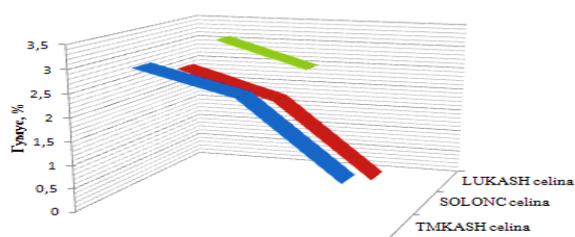


Рисунок 1 - Динамика содержания гумуса в исследуемых образцах

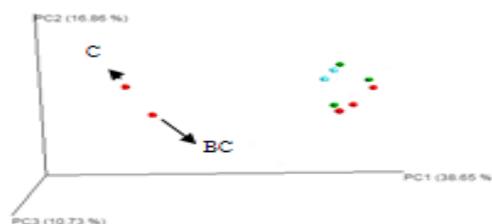


Рисунок 2 - Данные анализа β-разнообразия в почвенных образцах

В любой почве при изучении наблюдается большое разнообразие микроорганизмов, но главным является то, что они обладают часто противоположными и несовместимыми для одной среды обитания свойствами. По данным анализа β-разнообразия основная часть образцов близко расположены друг с другом независимо от типа почв. Вероятно, такое сходство определено с некоторыми физико-химическими параметрами, такими, например, как значения pH (рисунок 2). Образцы нижних горизонтов BC и C темно-каштановой почвы указывают на низкое содержание разнообразия. Наиболее часто используемым для

характеристики разнообразия сообществ индексом являются индексы Шеннона и Chao1. Индексы биоразнообразия показывают численные показатели, рассчитанные на основе числа таксонов в исследуемом сообществе и числа сиквенсов в разных таксонах (таблица 2).

Таблица 2 – α –разнообразии почвенных образцов

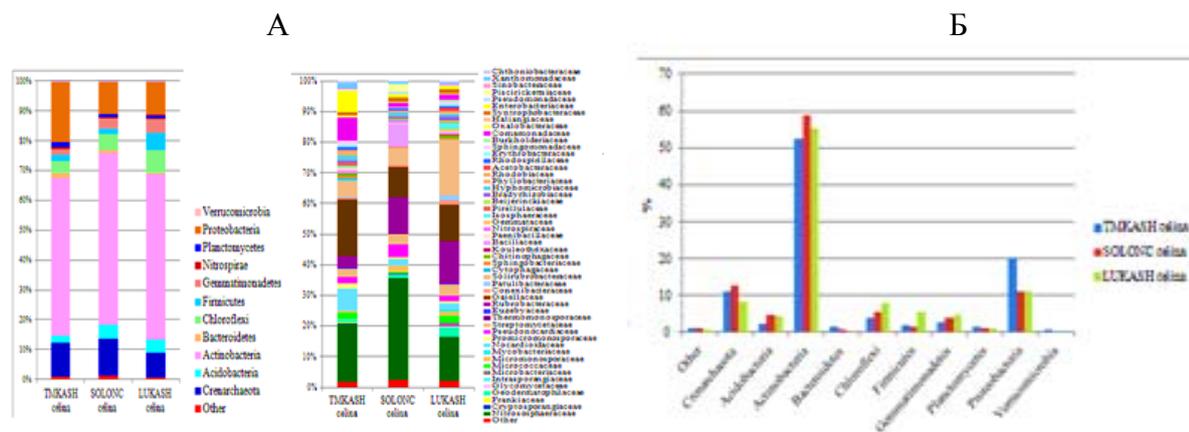
Образец	Сиквенсы	Индекс Chao1	ОТЕ	Индекс Шеннона
1	1050	1208,53	377	7,09
2	1050	1551,79	456	7,62
3	1050	1373,65	430	7,60

При проведении молекулярно-генетического анализа было выявлено 82178 прочтений нуклеотидных последовательностей, из них идентифицировано 1050 последовательностей операционных таксономических единиц (ОТЕ).

По количеству ОТЕ с незначительной меньшей разницей отмечена темно-каштановая почва. Статистической разницы между ненарушенными образцами в индексе Шеннона не наблюдалось, что нельзя сказать о показателях индекса Chao1, где превышение отмечается на солонцовых образцах.

Большую часть исследуемых почв составляют представители филы *Actinobacteria* (до 55%) (рисунок 3). Также образцы представляют и другие филы *Acidobacteria*, *Bacteroidetes*, *Chloroflexi*, *Firmicutes*, *Gemmatimonadetes*, *Nitrospirae*, *Planctomycetes*, *Proteobacteria* и *Verrucomicrobia*, и одного археотного домена *Crenarchaeota*, представленный семейством *Nitrososphaeraceae*, доминирующий в образцах SOLONC celina и ТМКASH celina, которые превышают LUKASH celina на 3-4%. Филы *Actinobacteria*, представленные 21 семействами с незначительной разницей (0,3-0,6%) преобладают в образце SOLONC celina (58,7%). С существенной разницей по численности выступили филы *Proteobacteria*, их содержание варьировала в широких пределах, так в образце ТМКASH celina они превысили другие образцы на 10%. Преобладание представителей фил *Chloroflexi*, *Firmicutes*, *Gemmatimonadetes* выявлены на лугово-каштановых почвах, превышающие почти в два раза другие типы. В минимальных количествах представлены филы *Nitrospirae*, *Verrucomicrobia* (0,6%).

Таксономический состав ТМКASH celina последовательности семейств *Gaiellaceae* (10,9%), *Nocardioideaceae* (4,2%) оказались самыми многочисленными, в образцах SOLONC celina и LUKASH celina они составили до 2%. В образцах SOLONC celina по численности последовательностей доминировали *Solirubrobacteraceae* (до 7,6%), *Rubrobacteraceae* (до 6,8%), *Geodermatophilaceae* (1,5%). Представители семейства *Patulibacteraceae* (1,6%), *Streptomyetaceae* (2,5%). Фил *Chloroflexi*, представленный только одним семейством *Kouleothrixaceae* не был обнаружен в ТМКASH celina, в других образцах в незначительной численности (до 0,5%). Бактерии домена *Proteobacteria* 19 семейств, доминировали *Comamonadaceae* (4,4%), *Enterobacteriaceae* (4,1%), *Xanthomonadaceae* (1%) в ТМКASH celina, превышающий другие образцы до 4%.



А. На диаграмме представлено разнообразие микробиомов на уровне филумов и семейств различных типов почв, полученных в ходе высокопроизводительного секвенирования
 Б. На диаграмме представлена частота встречаемости последовательностей фрагментов 16S рНК.

Рисунок 3 - Разнообразие бактерий в образцах ненарушенных почв (на уровне филумов и семейства)

Таким образом, уменьшение биоразнообразия вниз по профилю обусловлено не просто увеличением глубины и снижением содержания органического вещества, но качественным изменением всей совокупности почвенных свойств, при переходе от органоминеральной к минеральной части почвенного профиля. Возможно, что доминирующие таксоны, численность и состав микробных сообществ являются горизонт – специфичными.

Выводы

Исходя из вышеизложенного, можно отметить, что почвенный микробиом почв зависит от физико-химических параметров почв такими, как засоленность почвы, недостаток воды и растительный опад, экстремальные температурные условия. Полученные результаты показывают, что в ненарушенных почвах сообщество является сбалансированным, с преобладанием актинобактерий, свойственных почвам засушливых местообитаний. Распределение микроорганизмов по профилю соответствует содержанию гумуса: наибольшая их численность обнаруживается в верхних органогенных слоях, а с глубиной она убывает более или менее резко в зависимости от типа почвы.

Литература

1. Hofle, M.G. Molecular diversity of bacterioplankton: link to a predictive biogeochemistry of pelagic ecosystems / M.G. Hofle, D.L. Kirchman, R. Christen, I. Brettar // *Aquatic Microbial Ecology*. – 2008. – V. 53. – I. 1. –P. 39–58.
2. Torsvik, V. Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems / V. Torsvik, L. Øvreås // *Current Opinion in Microbiology*. – 2002. – V. 5. – I. 3. – P. 240–245.
3. Lauber, C.L. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale / C.L. Lauber, M. Hamady, R. Knight, N. Fierer // *Applied and Environmental Microbiology*. – 2009. – V. 75. – No. 15. – P. 5111–5120.
4. Castro, H.F. Soil microbial community responses to multiple experimental climate change drivers / H.F. Castro, A.T. Classen, E.E. Austin, R.J. Norby, C.W. Schadt // *Applied and Environmental Microbiology*, 2010. – V. 76. – No. 4. – P. 999–1007.

5. King, A.J. Biogeography and habitat modelling of high-alpine bacteria / A.J. King, K. R. Freeman, K.F. McCormick, R.C. Lynch, C. Lozupone, R. Knight, S.K. Schmidt // *Nature Communications*. – 2010. – No. 1. P. 53.
6. Eilers, K.G. Digging deeper to find unique microbial communities: The strong effect of depth on the structure of bacterial and archaeal communities in soil / K.G. Eilers, S. Debenport, S. Anderson, N. Fierer // *Soil Biology and Biochemistry*. – 2012. – V. 50: – P. 58–65.
7. Carson, J.K. Low pore connectivity increases bacterial diversity in soil / J.K. Carson, V. Gonzalez-Quiñones, D.V. Murphy, C. Hinz, J.A. Shaw, D.B. Gleeson // *Applied and Environmental Microbiology*. – 2010. – V. 76. – No. 12. – P. 3936–3942.
8. Chau, J.F. The effect of soil texture on richness and diversity of bacterial communities / J. F. Chau, A.C. Bagtzoglou, M. R. Willig // *Environmental Forensics*. – 2011. – V. 12. – I. 4. – P. 333–341.
9. Torstensson, L. Role of microorganisms in decomposition. / L. Torstensson // *Interaction between herbicides and the soil*. – London: Academic Press, 1980. – P. 159–177.
10. Zehnder, G.W. Application of rhizobacteria for induced resistance / G.W. Zehnder, J. F. Murphy, E.J. Sikora, J.W. Kloepper // *European Journal of Plant Pathology*. – 2001. – V. 107. – I. 1. – P. 39–50.
11. Weller, D.M. Microbial populations responsible for specific soil suppressiveness to plant pathogens / D.M. Weller, J.M. Raaijmakers, B.B. M. Gardener, L.S. Thomashow // *Annual Review of Phytopathology*. – 2002. – V. 40. – P. 309–348.
12. Basak, B.B. Co-inoculation of potassium solubilizing and nitrogen fixing bacteria on solubilization of waste mica and their effect on growth promotion and nutrient acquisition by a forage crop / B. B. Basak, D.R. Biswas // *Biology and Fertility of Soils*. – 2010. – V. 46. – I. 6. – P. 641–648.
13. Smalla, K. Bulk and rhizosphere soil bacterial communities studied by denaturing gradient gel electrophoresis: plant-dependent enrichment and seasonal shifts revealed / K. Smalla, G. Wieland, A. Buchner, A. Zock, J. Parzy // *Applied and Environmental Microbiology*. – 2001. – V. 67. – No. 10. – P. 4742–4751.
14. Gattinger, A. Microbial community structure varies in different soil zones of a potato field / A. Gattinger, R. Ruser, M. Schloter, J.C. Munch // *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*. – 2002. – V. 165 – I. 4. – P. 421–428.
15. Upchurch, R. Differences in the composition and diversity of bacterial communities from agricultural and forest soils / R. Upchurch, C.Y. Chiu, K. Everett, G. Dyszynski, D.C. Coleman // *Soil Biology and Biochemistry*. – 2008. – V. 40. – I. 6. – P. 1294–1305.
16. Hartman, W.H. Environmental and anthropogenic controls over bacterial communities in wetland soils / W.H. Hartman, C.J. Richardson, R. Vilgalys, G.L. Bruland // *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. – 2008. – V. 105. – No. 46. – P. 17842–17847.
17. Caporaso J.G. QIIME allows analysis of highthroughput community sequencing data / J.G. Caporaso, J. Kuczynski, J. Stombaugh et al. // *Nature methods*. – 2010. - V. 7(5). – P 335-336.

Нагиева А.Г., Сергалиев Н.Х., Андронов Е.Е.

**МЕТАГЕНОМДЫҚ СЕКВЕНЕРЛЕУ ӘДІСІМЕН БАТЫС ҚАЗАҚСТАН
ТОПЫРАҒЫНЫҢ МИКРООРГАНИЗДЕРІН МЕҢГЕРУ**

Түйін

Бұл мақалада Батыс Қазақстан бұзылмаған топырақтарының метагеномдық зерттеу нәтижелері келтіріліген. Микроорганизмдер топырақты бейіні бойынша мекендейді, бірақ

көптеген метагеномдық зерттеулер топырақтың беткі қабатын зерттеуге арналған. Бейіндік-генетикалық зерттеудің жетістігі генетикалық қабаттары бойынша микробтық қауымдастығы құрылымын топырақ түзуші процестер және топырақ қасиеттерімен байланыстыру мүмкіндігі болып табылады.

Кілт сөздер: топырақ микробиомы, топырақ түрі, секвенерлеу, таксономия.

Nagiyeva A.G., Sergaliev N.H., Andronov E.E.

STUDY OF MICROORGANISMS OF SOILS OF WEST KAZAKHSTAN BY METAGENOUS SEQUENTIATION METHOD

Summary

The article presents the results of metagenomic studies of undisturbed soils of Western Kazakhstan. Microorganisms inhabit the soil throughout the profile, but most metagenomic studies only concern the surface layer. The advantage of profile-genetic research is the ability to associate it with microbial communities with soil-cultivating processes and soil properties that differ precisely in the genetic horizons.

Key words: soil microbiology, soil type, sequencing, taxonomy.

УДК633.31:633.361:631.527

Нуралиев С.К., Мейірман Ғ.Т., Ержанова С.Т.

*Казахский национальный аграрный университет,
ТОО «Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства»*

СОЗДАНИЕ ИНБРЕДНЫХ ЛИНИЙ ЛЮЦЕРНЫ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ ПОЛИКОМПОНЕНТНЫХ СИНТЕТИЧЕСКИХ СОРТОВ

Аннотация

Установлено значение самофертильности и на этой основе отобрано 50 элитных генотипов люцерны для продолжения процесса инбридинга. Из поколений инбридинга J₁, также отобрано 100 генотипов для продолжения инбридинга в поколениях J₂ и J₃.

Ключевые слова: Люцерна, инбредные линии, самофертильность, общая комбинационная способность, поликроссный питомник.

Введение

Выведение синтетических сортов с использованием инбредных линий является логическим продолжением метода селекции сложногибридных популяций. Усовершенствование последнего касается подбора исходных форм через показатель общей комбинационной способности, как генетический признак, обеспечивающий высокий и устойчивый эффект гетерозиса в популяциях.

В настоящее время термин «синтетический сорт» стал модным, и часто применяется не по назначению. К синтетическим - не правильно относят любые сорта трав, созданные разными методами, часто от двух или более родительских форм при свободном опылении (или при поликроссе) без выявления общей комбинационной способности (ОКС) составляющих компонентов. Отличия метода выведения синтетических сортов от других