

the mass of grain per ear, the length of the ear and the number of grains in the ear are the determining factors for obtaining high grain productivity in the conditions of Northern Kazakhstan. According to the results of the research, samples were selected that have advantages over the Akmola 2 standard and other samples in terms of grain weight from the plot, ear length, number of grains per ear, weight of 1000 grains: Start, Step, KS 111/09-2, Leader 1143, Lutescens 1012 (collection samples from Russia), GVK 2097/14 (sample from Kazakhstan). The samples selected for the complex and individual elements of productivity are recommended for inclusion in breeding programs as a starting material for creating new varieties.

Keywords: *spring soft wheat, collection samples, economically valuable traits, productivity, ear length, ear grain content, weight of 1000 grains*

МРНТИ 68.37.31;34.15.23

DOI <https://doi.org/10.37884/3-2023/14>

Д.К. Жанузак, М.Т. Кумарбаева, А.А. Болатбекова, К. Бахытулды, А.М. Кохметова*

*Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан,
dolphin_969@mail.ru*, madina_kumar90@mail.ru, ardashka1984@mail.ru,
kanat1499@gmail.com, asia.k68@mail.ru*

ИДЕНТИФИКАЦИЯ НОСИТЕЛЕЙ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ЖЕЛТОЙ РЖАВЧИНЕ НА ОСНОВЕ МОЛЕКУЛЯРНОГО СКРИНИНГА ОБРАЗЦОВ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ

Аннотация

Пшеница является основной зерновой культурой Республики Казахстан. Желтая ржавчина пшеницы, вызываемая *Russinia striiformis f.sp. tritici*, является одним из наиболее значимых заболеваний злаковых культур во всем мире. Инфекция способна поражать около 320 видов злаковых трав из 50 родов. Актуальность исследований - одним из вредоносных заболеваний пшеницы является желтая ржавчина, вызываемая грибом *Russinia striiformis f.sp. tritici*. Патоген снижает урожай, качество семян, может вызвать 100 % потерю урожая при наличии оптимальных погодных условий. Использование устойчивых сортов пшеницы является экономически и экологически надежным методом контролировать болезни, что позволяет снизить применение фунгицидов. Создание устойчивых к желтой ржавчине сортов пшеницы и обеспечение длительного сохранения их устойчивости остается основной задачей селекции. Поэтому в связи с этим всегда необходим постоянный поиск новых доноров устойчивости. В статье представлена результаты исследования коллекции пшеницы (из 50 образцов) идентифицировано 15 сортов яровой пшеницы, которые являлись носителями гена *Yr9*. Выявлено 15 носителей гена *Yr10*, 17 носителя гена *Yr15*, один носитель гена *Yr17*, 4 носителей гена *Yr18* и 8 носителей гена *Yr29*. Наибольшая частота встречаемости среди образцов яровой пшеницы наблюдалась у гена *Yr 15* (34 %), затем идут гены *Yr9* (30 %), *Yr10* (30 %), *Yr29* (16 %) и *Yr18* (8 %). Ген *Yr17* выявлен только у одного (2 %) генотипа пшеницы.

Ключевые слова: яровая пшеница, сорт, гены устойчивости, устойчивость к болезням, желтая ржавчина, молекулярный скрининг, молекулярные маркеры.

Введение

Пшеница является основной зерновой культурой Республики Казахстан. Казахстан имеет самые высокие показатели производства пшеницы: общая площадь, засеянная пшеницей, достигает 13-14 млн га, что составляет 82,4 % от общей площади пшеницы в Центральной Азии. Кроме того, Казахстан является самым крупным производителем пшеницы в этом регионе с общим объемом 9,6 млн тонн в год [1]. Пшеница (лат. *Triticum*) —

очень важная зерновая культура, относящаяся к семейству злаков. В Казахстане произрастает 6 видов (волжская пшеница, польская пшеница, мягкая пшеница, твердая пшеница, мягкая пшеница), дикорастущие виды встречаются редко [2]. Урожайность 30-40 центнеров с гектара. Желтая ржавчина впервые была описана в 1777 году. К тому времени бурая и стеблевая ржавчины были уже известны, и в 1827 году *Schmidt* описал ее как третий вид ржавчины зерновых, дав возбудителю название *Uredo glumarum* [3]. В 1860 году *Fuckel* назвал изучаемую им ржавчину *Puccinia straminis*, но подвергал сомнению является она подвидом бурой ржавчины или отдельным видом. В 1894 году *Westendorp*, собрав споры гриба на ржи, описал их как *Puccinia striaeformis*. В 1894 году *Eriksson* и *Henning* предположили, что желтая ржавчина – отдельный вид ржавчины злаковых трав и дали ей название *Puccinia glumarum*. В 1953 году *Hylander* и др. дали патогену название *Puccinia striiformis* West, которое используется и в наши дни. Ежегодно желтая ржавчина вызывает большие потери урожая [4,5]. Желтая ржавчина пшеницы, порождаемая *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* является одной из самых распространенных и самых опасных болезней. Желтая ржавчина снижает способность растения к фотосинтезу, повышает испаряемость. В результате патоген приводит к высыханию зерна пшеницы снижению и его качества [6]. Семена растений, пораженных этим заболеванием, теряют всхожесть либо слабо прорастают. Для районов с благоприятными условиями, где возможно раннее заражение и развитие патогена в течение нескольких месяцев, потери урожая могут составлять 100%. Объем потерянного урожая зависит от устойчивости сорта, длительности периода с благоприятными условиями, времени развития первичной инфекции, скорости развития заболевания и его продолжительности. Более детальная история номенклатуры и систематики желтой ржавчины описана в монографии *Eriksson* и *Henning* «Ржавчины злаковых культур» (1896 г.) [7]. В Казахстане основным ареалом желтой ржавчины является южный и юго-восточный регионы. Природный очаг находится в горной зоне Алматинской области на высоте 1500-2000 м над уровнем моря. Эпифитотии желтой ржавчины на пшенице в последние годы наблюдались в 1992, 1999, 2000 и 2002 годах [8]. Большинство возделываемых сортов пшеницы в значительной степени поражаются этой болезнью. Эффективным методом борьбы с болезнями пшеницы является создание сортов, устойчивых к ржавчинам и внедрение их в производство. Возделывание устойчивых сортов избавляет от необходимости применения пестицидов, что очень важно для экологической безопасности. Для этого необходимо внедрение в производство высокопроизводительных устойчивых сортов пшеницы, отвечающих требованиям современного земледелия. Поэтому необходим поиск носителей генов устойчивости к желтой ржавчине. Одним из наиболее успешных походов является идентификация эффективных носителей

Yr генов с помощью маркер-вспомогательной селекции (MAS). Преимуществом селекции с применением молекулярных маркеров (Marker Assisted Selection – MAS) является возможность проведения отбора растений независимо от условий среды и на любой стадии развития (Shi et al., 2001; Castro et al., 2002). Целью исследования является идентификация носителей генов устойчивости к желтой ржавчине на основе молекулярного скрининга образцов пшеницы.

Методы исследования

Объектами исследования являются 50 яровых сортов пшеницы, возделываемых или используемых в селекции в Казахстане. Проведен анализ образцов ДНК пшеницы на присутствие маркеров, сцепленных с генами устойчивости к желтой ржавчине. Использование ПЦР (полимеразной цепной реакции) открыло новые возможности для маркирования устойчивости к болезням растений. Для идентификации носителей генов устойчивости использован метод ПЦР. Амплификация проведена в амплификаторе BIO RAD T100 Thermal Cycler и Long Gene A300 Fast Thermal Cycler.

Для проведения ПЦР анализа использовали реакционную смесь объемом 25 мкл следующего состава: геномная ДНК – 2 мкл; 10xPCR буфер – 2,5 мкл; MgCl₂ (25mM) – 1 мкл; смесь dNTPs (10mM) – 2,5 мкл; по 1,25 мкл каждого праймера (1 μmol); Таq-полимераза (5 U)

– 0,25 мкл; деионизированная вода – 14,25 мкл. Программы (протоколы) амплификации выбраны в зависимости от идентифицируемых *Yr* генов устойчивости. Начальная денатурация составляла – 94 °C – 3 мин, 45 циклов (94 °C – 1 мин, 60 °C – 1 мин, 72 °C – 2 мин); элонгация – 72 °C – 10 мин (BremenKamp-Barrett et al., 2008). Визуализацию продуктов амплификации выполняли на 2% агарозном геле методом горизонтального электрофореза в ТВЕ-буфере 45 mMтрист-борат, 1 mM EDTA, pH=8.0. (Анисимова и др., 2010). Горизонтальный электрофорез продуктов ПЦР отражает наличие или отсутствие *Yr* гена в генотипах, исследуемых образцов пшеницы. Агарозный гель после прохождения электрофореза окрашивали бромистым этидием, затем продукты ПЦР визуализировали с помощью прибора GelDoc Bio Print Mega XR+ с программным обеспечением Mega Capt. Размер ампликонов или пар нуклеотидов на агарозном геле определяли с использованием маркера молекулярного веса Gene-Ruler 100bp DNA Ladder. Для ПЦР анализа использованы маркеры для идентификации присутствия генов *Yr*, которые представлены в **таблице 1**.

Таблица-1. Маркеры, используемые для идентификации присутствия генов *Yr* в образцах пшеницы

Ген	Локализация	Название праймеров	Последовательность праймеров	T°C отжига	Амплифицируемый фрагмент	Источник
<i>Lr26/ Yr9/ Sr31/ Pm8</i>	2BL	<i>Iag95</i>	5'-CTCTGTGGATAGTTACTTGATCGA -3' 5'-CCTAGAACATGCATGGCTTACA -3'	55°C	1100bp [R]	[10]
<i>Yr10</i>	<i>IAS</i>	<i>Xpsp3000</i>	5'-GTGTTATGCATGCAGGTTCC -3' 5'-AGGTGTGAGTGAGTTATGTT -3'	55°C	240bp [S] 260bp [R]	[11]
<i>Yr15</i>	1BS	<i>Xgwm 413</i>	5'-TGC TTG TCT AGA TTG CTT GGG -3' 5'-GAT CGT CTC GTC CTT GGC A -3'	60°C	100,110bp [R]	[12-13]
<i>Lr37/ Yr17/ Sr38</i>	2AS	<i>Ventriup/ LN2</i>	5'-AGGGGCTACTGACCAAGGCT -3' 5'-TGCAGCTACAGCAGTATGTACACAAAA -3'	65°C	262bp [R]	[14-15]
<i>Lr34/ Yr18/ Sr57</i>	7DS	<i>csLV34-f</i> <i>csLV34-r</i>	5'-GTTGGTTAACAGACTGGTGATGG -3' 5'-TGCTTGCTATTGCTGAATAGT -3'	60°C	150bp [R] 229bp [S]	[16-17]
<i>Lr46/ Yr29</i>	1BL	<i>WMC44-f</i> <i>WMC44-r</i>	5'-GGTCTTCTGGGCTTGATCCCTG -3' 5'-GTTGCTAGGGACCCGTAGTGG -3'	57°C	242bp [R]	[18-19]

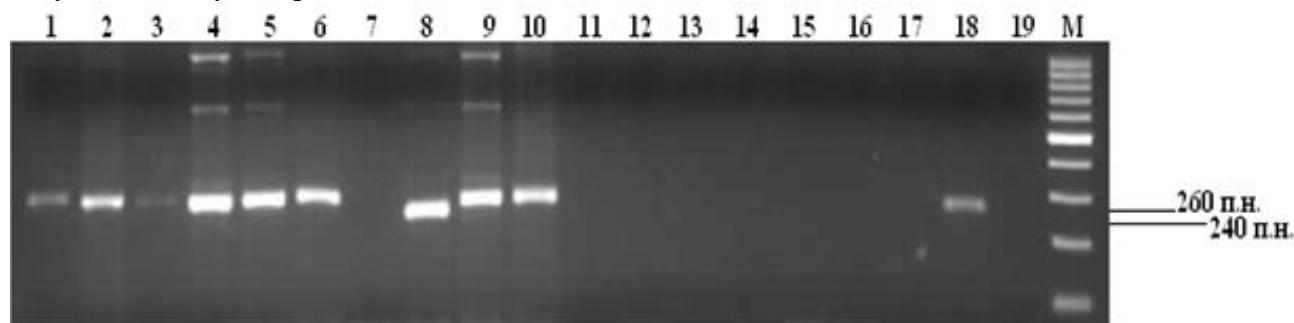
Результаты и обсуждение

Проанализировано 50 яровых образцов ДНК пшеницы на наличие в их геноме маркерных локусов устойчивости к желтой ржавчине. Эффективными генами являются гены устойчивости к желтой ржавчине *Yr 9*, *Yr 10*, *Yr 15*, *Yr17*, *Yr 18*, и *Yr 29* [9]. Для проведения ПЦР подготовлено 50 чистых проб ДНК, полученных из образцов яровой пшеницы.

Для поиска носителей к желтой ржавчине с геном *Yr 9* использован *STS* маркер *Iag 95*, ожидаемый фрагмент для устойчивого аллеля составляет 1100 п.н. Локализация гена *Yr 9* на хромосоме *1BL-1RS* и источником гена является *Imperial rye*. Результаты ПЦР по поиску этого гена показывают у некоторых генотипов наличие продуктов амплификации ДНК образцов яровой пшеницы с использованием праймеров к локусу *Iag 95* сцепленному с геном *Yr 9*. Выявлено 15 образцов: Астана, Астана Шортанды, Акмола 40, Актобе 14, Актобе 130, Казахстанская раннеспелая, Казахстанская 12, Казахстанская 25, Карагандинская 70, Карабалыкская 98, Самад, Байтерек, Целинная 21, Целинная 60, Целинная юбилейная, и они являются носителями гена *Yr 9*. Продукты амплификации отсутствовали у 35 образцов пшеницы [10].

Для поиска носителей к желтой ржавчине с геном *Yr10* использован *SSR* маркер *Xpsp300*, ожидаемый фрагмент для устойчивого аллеля составил 260 п.н. Локализация гена *Yr 10* на хромосоме *1BS*, источником гена является *Moro*.[11]. Результаты ПЦР по поиску этого гена показывают у некоторых генотипов наличие продуктов амплификации ДНК образцов яровой пшеницы с использованием праймеров к локусу *Xpsp300* сцепленному с геном *Yr 10*. Показано что сорта Карагандинская 70, Карабалыкская 98, Самад, Байтерек, Целинная 21, Целинная 60

и Целинная юбилейная являются носителями гена *Yr 10* (Рис 1). Продукты амплификации отсутствовали у 9 образцов пшеницы.



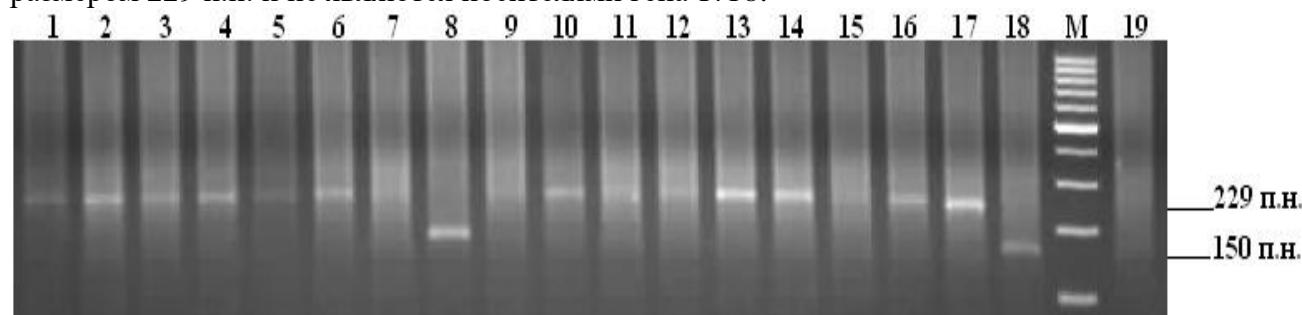
1-Карагандинская 70, 2-Карабалыкская 98, 3-Шортандинская юбилейная, 4-Самад, 5-Байтерек, 6- Целинная 21, 7-Целинная 26, 8- Целинная 50, 9-Целинная 60, 10-Целинная юбилейная, 11-Целинная 20, 12-Целинная 90, 13-Казахстан 20, 14-Шортандинская 95 улучшенная, 15-Карабалыкская 101, 16-Карагандинская 22, 17-Карабалыкская остистая, 18-Yr 10/6* Avocet S (положительный контроль), 19- ddH₂O (отрицательный контроль), Маркер молекулярного веса (Gene-Ruler 100bp DNA Ladder).

Рисунок-1. Продукты амплификации ДНК образцов яровой пшеницы с использованием праймеров к локусу *Xpsp 3000*, сцепленному с геном *Yr10*

Для идентификации носителей гена *Yr 15* проведен ПЦР анализ генотипов яровой пшеницы с использованием SSR маркера *Xgwm 413*. Ген *Yr 15* локализован на хромосоме – 1B, источником *Yr 15* является *Dipper Triumph*. Ожидаемый размер фрагмента амплификации для локуса *Xgwm 413* с аллелем гена *Yr 15* – 100-110 п.н. [12,13]. Фрагменты ДНК, указывающие на присутствие гена *Yr 15* выявлены у 17 (Астана, Астана Шортанды, Акмола 2, Акмола 3, Актобе 10, Актобе 14, Актобе 39, Актобе 130, Казахстанская 7, Казахстанская 25, Карагандинская 70, Карабалыкская 98, Самад, Байтерек, Целинная 21, Целинная 60 и Целинная юбилейная) образцов пшеницы. Продукты амплификации отсутствовали у 33 образцов яровой пшеницы.

Для идентификации носителей генов устойчивости, содержащий ген *Yr 17* был использован SCAR маркер *Ventriup/LN2*. [14,15]. Ген *Yr 17* локализован на хромосоме 2 AS, источником гена является *T. ventricosa*. Для идентификации *Yr 17* ожидаемый продукт амплификации размером 262 п.п. выявлен только у сорта Байтерек. Продукты амплификации отсутствовали у 49 образцов пшеницы. Для положительного контроля был использован сорт *Madsen*, *ddH₂O* для отрицательного контроля.

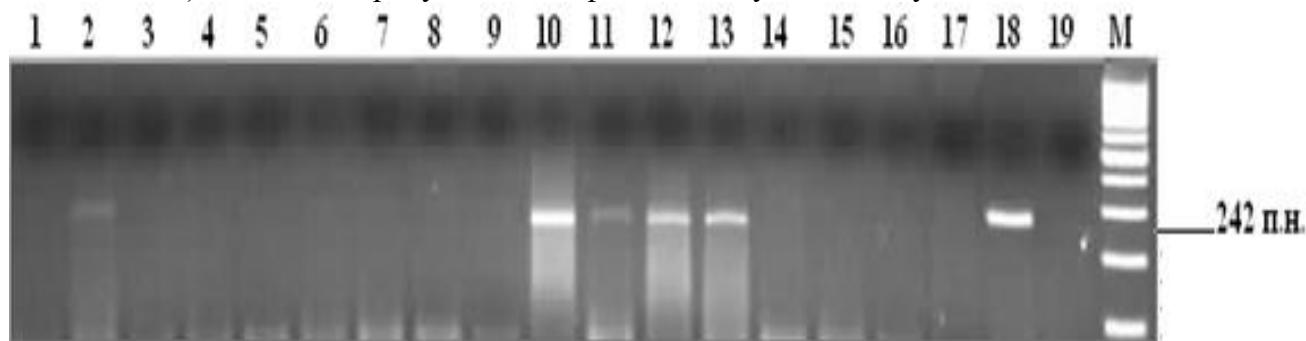
Для идентификации носителей генов устойчивости, содержащий ген *Yr18* был использован STS маркер *csLV34* [16,17]. Ген *Yr 18* локализован на хромосоме 7DS, источником гена является *Triticum aestivum* (сорта *Anza*, *Condor*). На рисунке 2 представлены результаты ПЦР-амплификации с использованием STS маркера *csLV34*. Для идентификации гена *Yr* ожидаемый продукт амплификации размером 150 п.н. выявлен у сорта Актобе 14 и у изогенной линии *Yr18* (*Yr18/6* Avocet S*). Остальные 14 образцов показали ПЦР-продукт размером 229 п.н. и не являются носителями гена *Yr18*.



1-Астана 2, 2-Астана, 3-Астана Шортанды, 4-Акмола 2, 5-Акмола 3, 6-Акмола 40, 7-Актобе 10, 8-Актобе 14, 9-Актобе 39, 10- Актобе 130, 11-Казахстанская раннеспелая, 12-Казахстан 7, 13-Казахстан 12, 14-Казахстан 25, 15-Казахстан 75, 16-Карагандинская 70, 17- Карабалыкская 98, 18-Yr 18/6* Avocet S (положительный контроль), М- Маркер молекулярного веса (Gene-Ruler 100bp DNA Ladder), 19- ddH₂O (отрицательный контроль).

Рисунок-2. Продукты амплификации ДНК образцов яровой пшеницы с использованием праймеров к локусу *csLV34*, сцепленному с геном *Yr18*.

Для поиска носителей гена *Yr29* использован маркер *Wmc44*, сцепленный с комплексом генов *Lr46/Yr29* [18,19]. Ген *Yr29* локализован на хромосоме *1BL*, источником гена является *Triticum aestivum (Pavon 76)*, *Chinese Spring* является отрицательным контролем. Проведен ПЦР-анализ генотипов пшеницы с использованием *SSR* маркера *Xwmc44*. Ожидаемый размер фрагмента амплификации для локуса *Xwmc44* – 242 п.н. На рисунке 3 представлена электрофорограмма ПЦР-анализа генотипов яровой пшеницы. ПЦР-продукты размером 242 п.н. выявлены у 5 образцов (Астана, Актобе 130, Казахстанская раннеспелая, Казахстан 7 и Казахстан 12) пшеницы. Продукты амплификации отсутствовали у 13 генотипов пшеницы.



1-Астана 2, 2-Астана, 3-Астана Шортанды, 4-Акмола 2, 5-Акмола 3, 6-Акмола 40, 7-Актобе 10, 8-Актобе 14, 9-Актобе 39, 10-Актобе 130, 11-Казахстанская раннеспелая, 12-Казахстан 7, 13-Казахстан 12, 14-Казахстан 25, 15-Казахстан 75, 16-Карагандинская 70, 17-Карабалыкская 98, 18- Lr 46 (положительный контроль), 19- ddH₂O (отрицательный контроль), М – Маркер молекулярного веса (Gene-Ruler 100bp DNA Ladder).

Рисунок-3. Продукты амплификации ДНК образцов яровой пшеницы с использованием праймеров к локусу *Xwmc44*, сцепленному с геном *Lr46/Yr29*

Таблица-2. Молекулярный скрининг яровых образцов и перспективных линий пшеницы генов устойчивости

№	Наименование	Iag 95 1100 п.н. Lr26/Sr31/Yr9/Pm8	Xpsp_3000 +260 п.н. 240 п.н. Yr 10	Xgwm413 100-110 п.н. Yr 15	Ventriuo/LN2 262 п.н. Lr37/Yr17/Sr38	csLV34 +150 п.н. -229 п.н. Lr34/Yr18/Sr57	Wmc 44_1 Wmc 44_2 242 п.н. Lr46/Yr29	Наличие гена
1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	Акмола 2	-	+	+	-	-	-	Yr10, Yr15
2	Акмола 3	-	-	+	-	-	-	Yr15
3	Акмола 40	+	+	-	-	-	-	Yr9, Yr10
4	Актобе	-	-	-	-	-	-	-
5	Актобе 10	-	-	+	-	-	-	Yr15
6	Актобе 130	+	+	+	-	-	+	Yr9, Yr29, Yr10, Yr15
7	Актобе 14	+	+	+	-	+	-	Yr9, Yr18, Yr10, Yr15
8	Актобе 39	-	+	+	-	-	-	Yr10, Yr15
9	Алем	-	-	-	-	-	-	-
10	Алмакен	-	-	-	-	-	-	-
11	Алтайская 50	-	-	-	-	-	-	-
12	Астана	+	-	+	-	-	+	Yr9, Yr29, Yr15
13	Астана 2	-	-	-	-	-	-	-
14	Астана Шортанды	+	+	+	-	-	-	Yr9, Yr10, Yr15
15	Байтерек	+	+	+	+	-	-	Yr9, Yr10, Yr15, Yr17
16	Казахстанская 12	+	-	-	-	-	+	Yr9, Yr29
17	Казахстанская 19	-	-	-	-	-	-	-
18	Казахстанская 20	-	-	-	-	-	-	-
19	Казахстанская 25	+	+	+	-	-	-	Yr9, Yr10, Yr15
20	Казахстанская 4	-	-	-	-	-	-	-
21	Казахстанская 7	-	+	+	-	-	+	Yr29, Yr10, Yr15,
22	Казахстанская 75	-	-	-	-	-	-	-
23	Казахстанская раннеспелая	+	-	-	-	-	+	Yr9, Yr29
24	Карабалыкская 101	-	-	-	-	-	-	-

Продолжение таблицы-2

1	2	3	4	5	6	7	8	9							
25	Карабалыкская 90	-	-	-	-	-	-	-							
26	Карабалыкская 92	-	-	-	-	-	-	-							
27	Карабалыкская 98	+	+	+	-	-	-	Yr9, Yr10, Yr15							
28	Карабалыкская остистая	-	-	-	-	+	-	Yr18							
29	Карагандинская 22	-	-	-	-	+	-	Yr18							
30	Карагандинская 70	+	+	+	-	-	-	Yr9, Yr10, Yr15							
31	Омская 18	-	-	-	-	-	-	-							
32	Омская 19	-	-	-	-	-	-	-							
33	Павлодар 93	-	-	-	-	-	-	-							
34	Память Азиева	-	-	-	-	-	-	-							
35	Самад	+	+	+	-	-	+	Yr9, Yr29, Yr10, Yr15							
36	Саратовская 42	-	-	-	-	-	-	-							
37	Саратовская 58	-	-	-	-	-	-	-							
38	Целинная 20	-	-	-	-	-	-	-							
39	Целинная 21	+	+	+	-	+	+	Yr9, Yr29, Yr18, Yr10, Yr15,							
40	Целинная 26	-	-	-	-	-	-	-							
41	Целинная 3С	-	-	-	-	-	-	-							
42	Целинная 50	-	-	-	-	-	-	-							
43	Целинная 60	+	+	+	-	-	-	Yr9, Yr10, Yr15							
44	Целинная 90	-	-	-	-	-	-	-							
45	Целинная юбилейная	+	+	+	-	-	+	Yr9, Yr29, Yr10, Yr15							
46	Шортандинская 2007	-	-	-	-	-	-	-							
47	Шортандинская 25	-	-	-	-	-	-	-							
48	Шортандинская 95 улучшенная	-	-	-	-	-	-	-							
49	Шортандинская юбилейная	-	-	-	-	-	-	-							
50	Шортанды 70	-	-	-	-	-	-	-							
Контроли															
Сорт или линия		источник		родословная											
Yr 9/6*Avocet S (NIL Lr 26)		USA		TC*6/ST-1-25											
Yr 10/6*Avocet S		AUSTRALIA		Moro											
Yr 15/6*Avocet S		AUSTRALIA		Dippes Triumph											
Yr 17/6*Avocet S (NIL Lr 37)		AUSTRALIA		TC*6/VPM-RL6081											
Madsen (VPM/Moisson951//2*Hill 81)(Lr 37)		USA		VPMI1/Moisson951//2*Hill 81											
Yr 18/6*Avocet S (NIL Lr 34)		AUSTRALIA		TC*6/PI58548											
Yr29/Lr46 (Pavon 76)		BANGLADESH		VCM/CNO/7C/3/KAL/BB CMH74.630/5X//SERI82/3/AGENT											
Примечания															
М – Маркер молекулярного веса (Gene-Ruler 100bp DNA Ladder)															
ddH2O (отрицательный контроль)															

Заключение

В результате исследования коллекции пшеницы (из 50 образцов) идентифицировано 15 сортов яровой пшеницы, которые являлись носителями гена *Yr9*. Выявлено 15 носителей гена *Yr10*, 17 носителя гена *Yr15*, один носитель гена *Yr17*, 4 носителей гена *Yr18* и 8 носителей гена *Yr29* (таблица 2). В таблице 2 представлена информация о генах устойчивости, которые были идентифицированные при молекулярном скрининге 50 сортов яровой пшеницы, возделываемых в Казахстане. Наибольшая частота встречаемости среди образцов яровой пшеницы наблюдалась у гена *Yr15* (34 %), затем идут гены *Yr9* (30 %), *Yr10* (30 %), *Yr29* (16 %) и *Yr18* (8 %). Ген *Yr17* выявлен только у одного (2 %) генотипа пшеницы. Не выявлены *Yr* гены устойчивости к желтой ржавчине у 27 образцов пшеницы (54 %). Идентифицированные носители *Yr* рекомендуется использовать в качестве доноров в селекционных программах для повышения устойчивости сортов к желтой ржавчине.

Финансирование. Работа выполнена по проекту НТП BR18574149 «Создание устойчивых к бурой ржавчине перспективных линий пшеницы на основе внедрения в

селекционный процесс технологии *Marker Assisted Gene Pyramiding»* (руководитель проекта – Кумарбаева М.Т.)

Список литературы

1. Мониторинг и обследование болезней, вредителей и сорных растений на посевах зерновых культур (Отчет по Центральной Азии за 2012 год) // Субрегиональный офис ФАО по Центральной Азии (ФАО-СЕК). – 2012. – С. 28.
2. [https://kk.wikipedia.org/wiki/Бидай_\(астық\)](https://kk.wikipedia.org/wiki/Бидай_(астық))
3. Клычников, Е. С. Как желтая ржавчина поражает разные сорта пшеницы / Е. С. Клычников, И. П. Матвеева, Г. В. Волкова. — Текст: непосредственный // Юный ученый. — 2020. — № 9 (39). — С. 33-37.
4. Roelfs, A.P. The cereal rust: Diseases, distribution, epidemiology control / A.P. Roelfs, W.R. Bushnell // N.Y.: Acad. Press. - 1985. – Vol. 2. – P.512.
5. Sharma-Poudyal, D. Potential over summering and overwintering regions for the wheat stripe rust pathogen in the contiguous United States / D SharmaPoudyal, X.M. Chen, R.A.Rupp // Int J Biometeorol. - 2014.-№ 58.-P. 987–997. - DOI: 10.1007/s00484-013- 0683-6 PMID: 23722926
6. Shao Y.T. Identification of an AFLP marker linked to the stripe rust resistance gene *Yr10* in wheat/ Shao Y.T, Niu Y.C, Zhu L.H, Zhai W.X., Xu S.C, Wu L.R// *Chin Bull.* - 2001.-№ 46. -P. 1466–1469.
7. Chen, X.M. Epidemiology and control of stripe rust (*Puccinia striiformis f. sp. tritici*) on wheat / X.M.Chen // Canadian Journal of Plant Pathology. - 2005. - № 27. –P. 314-337.
8. Койшибаев М. Желтая ржавчина зерновых культур в Центральной Азии / М. Койшибаев, А. Яхъяуи, Ж. Оспанбаев // Защита и карантин растений. -2005. - №10. – С. 13-15.
9. Кохметова А.М., Сапахова З.Б., Маденова А.К., Есенбекова Г.Т. Идентификация носителей генов устойчивости к желтой *Yr5*, *Yr10*, *Yr15* и бурой ржавчине *Lr26*, *Lr34* на основе молекулярного скрининга образцов пшеницы // Биотехнология. Теория и практика. – 2014. – № 1. – С. 71-78.
10. Mago R. Identification and mapping of molecular markers linked to rust resistance genes located on chromosome 1RS of rye using wheat-rye translocation lines/ [Mago R](#), [Spielmeyer W](#), [Lawrence J](#), [Lagudah S](#), [Ellis G](#), [Pryor A](#) // Theoretical and Applied Genetics.- 2002.- № 104.- P. 1317-1324.
11. Wang, L.F. Molecular tagging of the yellow rust resistance gene (*Yr10*) in common wheat PII78382 (*Triticmaestivum*)/ Wang, L.F.; Ma, J.X.; Zhou R.H.; Wang, X.M.; Jia, J.Z./ Euphytica, - 2002.- № 124.-P. 71-73.
12. Cabuk E, Assessing wheat (*Triticum aestivum*) genotypes for "Yr" resistance genes using conserved regions and simple-sequence motifs/ Cabuk E, [Aydin Y](#), [Uncuoglu A. A](#)//Genet Mol Res.-2011.- № 10(4):3463-71. doi: 10.4238/2011.December.5.2.
13. <https://maswheat.ucdavis.edu/protocols/Yr15>
14. Helguera M., Khan I.A., Kolmer J., Lijavetzky D., Zhong-qj L., Dubcovsky J. PCR assays for the *Lr37-Yr17-Sr38* cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines // Crop Science. – 2003. – Vol. 43. – P. 1839-1847.
15. <https://maswheat.ucdavis.edu/protocols/Sr38>
16. Lagudah E.S., McFadden H., Singh R.P., Huerta-Espino J., Bariana H.S., Spielmeyer W. Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat // Theoretical and Applied Genetics. – 2006. – Vol. 114 (1). – P. 21-30.
17. <https://maswheat.ucdavis.edu/protocols/Lr34>
18. William M, Singh RP, Huerta-Espino J, Ortiz Islas S, Hoisington D. Molecular Marker Mapping of Leaf Rust Resistance Gene *Lr46* and Its Association with Stripe Rust Resistance Gene *Yr29*in Wheat. In: Phytopathology, – 2003, – Vol. 93(2). –P.153-159
19. <https://maswheat.ucdavis.edu/protocols/Lr46>

References

1. Monitoring i obsledovanie boleznej, vreditelej i sornyh rastenij na posevah zernovyh kul'tur (Otchet po Central'noj Azii za 2012 god) // Subregional'nyj ofis FAO po Central'noj Azii (FAO-SEK). – 2012. – S. 28.
2. [https://kk.wikipedia.org/wiki/Bidaj_\(astyk\)](https://kk.wikipedia.org/wiki/Bidaj_(astyk))
3. Klychnikov, E. S. Kak zheltaya rzhavchina porazhaet raznye sorta pshenicy / E. S. Klychnikov, I. P. Matveeva, G. V. Volkova. — Tekst: neposredstvennyj // YUnyj uchenyj. — 2020. — № 9 (39). — S. 33-37.
4. Roelfs, A.P. The cereal rust: Diseases, distribution, epidemiology control / A.P. Roelfs, W.R. Bushnell // N.Y.: Acad. Press. - 1985. – Vol. 2. – R.512.
5. Sharma-Poudyal, D. Potential over summering and overwintering regions for the wheat stripe rust pathogen in the contiguous United States / D SharmaPoudyal, X.M. Chen, R.A.Rupp // Int J Biometeorol. - 2014.-№ 58.-R. 987–997. - DOI: 10.1007/s00484-013-0683-6 PMID: 23722926
6. Shao Y.T. Identification of an AFLP marker linked to the stripe rust resistance gene Yr10 in wheat/ Shao Y.T, Niu Y.C, Zhu L.H, Zhai W.X., Xu S.C, Wu L.R// Chin Bull. - 2001.-№ 46. -R. 1466–1469.
7. Chen, X.M. Epidemiology and control of stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) on wheat / X.M.Chen // Canadian Journal of Plant Pathology. - 2005. - № 27. –R. 314-337.
8. Kojshibaev M. ZHeltaya rzhavchina zernovyh kul'tur v Central'noj Azii / M. Kojshibaev, A. YAh'yau, ZH. Ospanbaev // Zashchita i karantin rastenij. -2005. - №10. – S. 13-15.
9. Kohmetova A.M., Sapahova Z.B., Madenova A.K., Esenbekova G.T. Identifikasiya nositelej genov ustojchivosti k zheltoj Yr5, Yr10, Yr15 i buroj rzhavchine Lr26, Lr34 na osnove molekulyarnogo skrininga obrazcov pshenicy // Biotekhnologiya. Teoriya i praktika. – 2014. – № 1. – S. 71-78.
10. Mago R. Identification and mapping of molecular markers linked to rust resistance genes located on chromosome 1RS of rye using wheat-rye translocation lines/ Mago R, Spiel Meyer W, Lawrence J, Lagudah S, Ellis G, Pryor A // Theoretical and Applied Genetics. - 2002.- № 104.-R. 1317-1324.
11. Wang, L.F. Molecular tagging of the yellow rust resistance gene (Yr10) in common wheat PII78382 (*Triticmaestivum*)/ Wang, L.F.; Ma, J.X.; Zhou R.H.; Wang, X.M.; Jia, J.Z// Euphytica, - 2002.- № 124.-P. 71-73.
12. Cabuk E, assessing wheat (*Triticum aestivum*) genotypes for "Yr" resistance genes using conserved regions and simple-sequence motifs/ Cabuk E, Aydin Y, Uncuoglu A.A//Genet Mol Res.- 2011.- № 10(4):3463-71. doi: 10.4238/2011.December.5.2.
13. <https://maswheat.ucdavis.edu/protocols/Yr15>
14. Helguera M., Khan I.A., Kolmer J., Lijavetzky D., Zhong-qí L., Dubcovsky J. PCR assays for the Lr37-Yr17-Sr38 cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines // Crop Science. – 2003. – Vol. 43. – R. 1839-1847.
15. <https://maswheat.ucdavis.edu/protocols/Sr38>
16. Lagudah E.S., McFadden H., Singh R.P., Huerta-Espino J., Bariana H.S., Spielmeyer W. Molecular genetic characterization of the Lr34/Yr18 slow rusting resistance gene region in wheat // Theoretical and Applied Genetics. – 2006. – Vol. 114 (1). – P. 21-30.
17. <https://maswheat.ucdavis.edu/protocols/Lr34>
18. William M, Singh RP, Huerta-Espino J, Ortiz Islas S, Hoisington D. Molecular Marker Mapping of Leaf Rust Resistance Gene Lr46 and Its Association with Stripe Rust Resistance Gene Yr29in Wheat. In: Phytopathology, – 2003, – Vol. 93(2). –P.153-159
19. <https://maswheat.ucdavis.edu/protocols/Lr46>

Д. К. Жанузак*, М.Т. Кумарбаева, А.А. Болатбекова, К. Бахытулы, А.М. Кохметова
Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты, Алматы қаласы,
Қазақстан, [dolphin_969@mail.ru*](mailto:dolphin_969@mail.ru), madina_kumar90@mail.ru, ardashka1984@mail.ru,
kanat1499@gmail.com, asia.k68@mail.ru

**ЖАЗДЫҚ БИДАЙ ҮЛГІЛЕРІН САРЫ ТАТҚА ТӨЗІМДІЛІК ГЕНДЕРІНІҢ
ТАСЫМАЛДАҒЫШТАРЫН МОЛЕКУЛАЛЫҚ СКРИНИНГТЕУ НЕГІЗІНДЕ
ИДЕНТИФИКАЦИЯЛАУ**

Аңдатта

Бидай – Қазақстан Республикасының негізгі дәнді дақылы. Бидайдың сары таттары *Puccinia striiformis f.sp. tritici* – дүние жүзіндегі дәнді дақылдардың ең маңызды ауруларының бірі. Инфекция 50 тұқымдастардың дәнді дақылдардың 320-ға жуық түрін жүктіруды мүмкін. Зерттеудің өзектілігі – бидайдың зиянды ауруларының бірі – *Puccinia striiformis f.sp* саңырауқұлағы тудыратын сары тат *tritici*. Қоздырығыш өнімділікті, тұқым сапасын төмендетеді және қолайлы ауа райы жағдайында 100% өнім жоғалтуына әкелуі мүмкін. Бидайдың төзімді сорттарын пайдалану аурулармен күресудің экономикалық және экологиялық түрғыдан тиімді әдісі болып табылады, осылайша фунгицидтерді қолдануды азайтады. Сары татқа төзімді бидай сорттарын шығару және олардың төзімділігін ұзақ уақыт сақтауды қамтамасыз ету селекцияның негізгі міндеті болып қала береді. Сондықтан да тұрақтылықтың жаңа донорларын үнемі іздестіру қажет. Мақалада бидай коллекциясын зерттеу нәтижелері келтірілген (50 сорттың ішінен) *Yr9* генінде жаздық бидайдың 15 тасымалдаушысы анықталды. *Yr10* генінің 15 тасымалдаушысы, *Yr15* генінің 17 тасымалдаушысы, *Yr17* генінің бір тасымалдаушысы, *Yr18* генінің 4 тасымалдаушысы және *Yr29* генінің 8 тасымалдаушысы анықталды. Жаздық бидай үлгілерінің ең жоғары жиілігі *Yr15* генінде (34%) байқалды, содан кейін *Yr9* (30 %), *Yr10* (30 %), *Yr29* (16 %) және *Yr18* (8%) гендері келеді. *Yr17* гені бидайдың бір (2 %) генотипіндеға анықталды. Идентификацияланған *Yr* тасымалдаушы сорттарын сары татқа төзімділігін арттыру үшін селекциялық бағдарламаларда донор ретінде пайдалану ұсынылады.

Кілт сөздер: жаздық бидай, гендерге төзімділігі, ауруларға төзімділік, сары тат, молекулярлық скринингі, молекулярлық маркерлері.

D.K. Zhanuzak*, M.T. Kumarbaeva, A.A. Bolatbekova, K. Bakhytuly, A.M.Kokmetova

Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan, [dolphin_969@mail.ru*](mailto:dolphin_969@mail.ru),
madina_kumar90@mail.ru, ardashka1984@mail.ru, kanat1499@gmail.com, asia.k68@mail.ru

**IDENTIFICATION OF CARRIERS OF YELLOW RUST RESISTANCE GENES ON
THE BASIS OF MOLECULAR SCREENING OF SPRING WHEAT SAMPLES**

Abstract

Wheat is the main grain crop of the Republic of Kazakhstan. Wheat yellow rust caused by *Puccinia striiformis f.sp. tritici* is one of the most important cereal diseases worldwide. The infection can infect about 320 species of cereal grasses from 50 genera. Relevance of research - one of the harmful diseases of wheat is yellow rust caused by the fungus *Puccinia striiformis f.sp. tritici*. The pathogen reduces yield, seed quality, and can cause 100% yield loss under optimal weather conditions. The use of resistant wheat varieties is an economically and environmentally sound way to control diseases, thus reducing the use of fungicides. The development of wheat varieties resistant to yellow rust and ensuring the long-term preservation of their resistance remains the main task of breeding. Therefore, in this regard, a constant search for new donors of sustainability is always necessary. The article presents the results of a study of the wheat collection (out of 50 samples), 15 spring wheat varieties were identified that were carriers of the *Yr9* gene. 15 carriers of the *Yr10* gene, 17 carriers of the *Yr15* gene, one carrier of the *Yr17* gene, 4 carriers of the *Yr18* gene carriers of the *Yr29* gene. The highest frequency of occurrence among spring wheat samples was observed in the *Yr15* gene (34%), followed by the *Yr9* (30%), *Yr10* (30%), *Yr29* (16%), and *Yr18* (8%). The *Yr17* gene was found in only one (2%) wheat genotype.

Key words: spring wheat, variety, resistance genes, disease resistance, yellow(stripe) rust, molecular screening, molecular markers.

МРНТИ 68.37.31

DOI <https://doi.org/10.37884/3-2023/15>

M.M. Bekezhanova, N.Zh. Sultanova*

¹“Kazakh Research Institute of Plant Protection and Quarantine after Zh. Zhiembaev” LLP,
Almaty, The Republic of Kazakhstan, madina.bekezhanova.80@mail.ru*; nadira.sultanova@mail.ru

THE FUNGICIDES EFFECT TESTING ON FLAX AND LENTILS SEED INFECTION IN THE LABORATORY CONDITIONS

Abstract

In recent years, research on the study of flax diseases has not been conducted in Kazakhstan and Russia. Research on diseases and pests of flax in the CIS countries is devoted to applied issues aimed at evaluating the effectiveness of preparations for pre-sowing seed treatment, monitoring the spread of diseases and pests, and assessing their impact. Research on flax seeds in different parts of the world is especially important because the response of cultivars to fungal pathogens can vary regionally due to the presence and/or development of new strains of the pathogen. The article presents the research results on the influence of fungicides on seed infection of flax and lentils in laboratory conditions. The data from phytoexamination of lentil and flax seeds showed that these crops were dominated by fungi from the genera Fusarium and Alternaria, and bacterial exudate was also noted with a frequency of occurrence ranging from 57.1% to 85.7%. Evaluation of the effectiveness of seed dressing in a controlled laboratory environment showed that all tested preparations, including Selest Top 312.5, s.c. (thiamethoxam, 262.5 g/l + difenoconazole, 25 g/l + fludioxonil, 25 g/l), Lamador, s.c. (prothioconazole, 250 g/l + tebuconazole, 150 g/l), and Olimp, s.c. (flutriafol, 75 g/l + thiabendazole, 50 g/l + imazalil, 15 g/l), were highly effective against Fusarium spp. and Alternaria spp.

Key words: *phytoexamination, flax, lentil, fungicide, microorganisms, diseases, seeds, isolates.*"

Introduction

In the last 10 years, the area under oilseeds has doubled: from 1.2 million hectares in 2009 to 2.9 million hectares in 2019. The increase in sown areas of oilseeds was achieved by expanding the areas of flax by 5 times, soybeans by 2 times, and safflower by 39%. According to the Committee on Statistics of the Ministry of Economy of Kazakhstan, the sown area of oilseeds in Kazakhstan for the 2020 harvest increased by 14% compared to the previous year, reaching a record 2.838 million hectares for the country. Statistics show that in the structure of sown areas, the largest sector is occupied by oilseed flax. For instance, in 2018, 1.1 million hectares were sown with this crop, compared to 869.7 thousand hectares the previous year. Furthermore, there is a 47% increase in the area allocated for rapeseed cultivation in the farms of Kazakhstan. Flax is an economically important industrial crop in the Republic of Kazakhstan, cultivated on an area of 654 thousand hectares, with an average yield of 8 centners per hectare and a gross harvest of 490 thousand tons. The demand for flax is constantly growing [1].

In recent years, in the Republic of Kazakhstan, there has been a significant increase in acreage under oilseeds. For example, the area for sowing and growing flax has almost doubled. For Kazakhstan, the cultivation of flax has become one of the most important components of agribusiness [2]. However, despite the significant increase in the area of demanded agricultural crops, the yield of many of them remains low. Depending on weather conditions, crop losses of agricultural crops, especially oilseeds, from pests, diseases, and weeds reach 20–30% or even more [3]. For example, flax Alternaria blight, caused by *Alternaria lini Dey*, is the main fungal disease that significantly reduces the quantity and quality of seeds, leading to yield reductions of 18–43%. The disease was first discovered on flower buds in Kanpur, Uttar Pradesh, in 1933. The causative agent persists in seeds, soil, and plant debris. It is possible to combat the disease using favorable crop rotation, optimal sowing dates, removal of plant residues, soil solarization, resistant varieties, and pre-sowing seed treatment with chemical and biological agents [5–11].

In Kazakhstan and Russia, research on flax diseases has been limited in recent years. Research on diseases and pests of flax in the CIS countries is primarily focused on applied issues, such as evaluating the