

Сәкен Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университетінің Ғылым жаршысы (пәнаралық) =Вестник науки Казахского агротехнического исследовательского университета имени Сакена Сейфуллина (междисциплинарный). – Астана: С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, 2023. -№ 3 (118). - Б.251-264. - ISSN 2710-3757, ISSN 2079-939X

doi.org/ 10.51452/kazatu.2023.3 (118).1471

УДК 633.11: 577. 21: 632.4: 631.147

ИЗУЧЕНИЕ ИНТРОГРЕССИВНЫХ ЛИНИЙ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ ПО ГЕНАМ УСТОЙЧИВОСТИ К ТВЕРДОЙ ГОЛОВНЕ *TILLETIA CARIES* (DC.) ДЛЯ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В ОРГАНИЧЕСКОМ ЗЕМЛЕДЕЛИИ

Базылова Тамара Амангельдовна

Магистр

ТОО «Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства»

с. Алмалыбак, Казахстан

E-mail: t.bazylova@mail.ru

Кожакметов Кенебай

Доктор биологических наук

ТОО «Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства»

с. Алмалыбак, Казахстан

E-mail: kenebai.kozhakhmetov@mail.ru

Абекова Альфия Магдиевна

Кандидат сельскохозяйственных наук

ТОО «Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства»

с. Алмалыбак, Казахстан

E-mail: aabekova@mail.ru

Слямова Назира Дусупкановна

Кандидат сельскохозяйственных наук

ТОО «Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства»

с. Алмалыбак, Казахстан

E-mail: slyamova@mail.ru

Ержебаева Раушан Сайлауовна

Кандидат биологических наук

ТОО «Казахский научно-исследовательский институт земледелия и растениеводства»

с. Алмалыбак, Казахстан

E-mail: raushan.yerzhebayeva@zir.kz

Аннотация

Твёрдая головня пшеницы – одна из наиболее вредоносных болезней в производстве пшеницы по всему миру. Возбудителем является гриб *Tilletia caries* (DC.). Одним из эффективных методов борьбы с данной болезнью является создание и внедрение новых генетически устойчивых к твердой головне сортов пшеницы. Для решения вопросов отбора устойчивых к твердой головне генотипов актуальным является использование высокоэффективных ДНК-маркеров в селекционном процессе пшеницы. Целью данного исследования являлась оценка селекционных линий пшеницы на естественном фоне органического земледелия на устойчивость к твердой головне и идентификация по генам *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* и *Bt11* с использованием ДНК-маркеров. В качестве материала исследований были использованы 16 интрогрессивных линий озимой пшеницы из коллекции КазНИИЗиР, полученные на основании скрещиваний с дикими сородичами. В работе были использованы два SSR маркера - *Xgwm114* и *Xgpw7433*. Молекулярно-генетическое маркирование 16-ти селекционных образцов по устойчивости к твердой головне позволило выделить две интрогрессивные линии озимой пшеницы (1127-7, 2041-7), имеющие комплекс генов *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* и *Bt11*. Использование маркера *Xgpw7433* позволило выделить два носителя гена

Bt9 (1127-7, 2041-7). С использованием маркера *Xgwm114* выделено девять образцов с генами устойчивости к твердой головне *Bt8, Bt10, Bt11* (1127-7, 1675-170, 1717-27, 1723-11, 2005-1 2005-13, 2041-7, 2046-1, KZ231). Установлено, что все 16 линий при изучении в условиях органического земледелия не поражаются возбудителями твердой головни. Выделенные интрогрессивные линии озимой пшеницы являются ценным донорным и исходным материалом для селекции на устойчивость к твердой головне. Данные линии могут иметь большое практическое значение для применения в органическом земледелии.

Ключевые слова: интрогрессивные линии пшеницы; SSR- маркеры; гены устойчивости; твердая головня; ПЦР.

Введение

Пшеница – главная продовольственная культура Казахстана. Ее производство в стране за 2021 год, по данным ФАО (*Food and Agriculture Organization of the United Nation, FAO UN*), составило 11 814 124 тонн на площади 12 719 434 га. Доля производства пшеницы в мировом масштабе составила 1,5% [1].

Среди болезней, поражающих пшеницу, твердая головня является одной из самых вредоносных заболеваний. Заражение пшеницы спорами твердой головни приводит к существенным (до 40%) потерям урожая [2]. Возбудителем является головня обыкновенная, рода *Tilletia*, которая широко распространена по всему миру, где выращивается пшеница. На пшенице паразитируют 5 видов головневых грибов: *Tilletia carries*, *Tilletia levis*, *Ustilago tritici*, *Tilletia indica* и *Uromyces tritici*, наиболее широко распространены первые два вида. Признаки болезни более отчетливо проявляются в начале фазы молочной спелости зерна. При надавливании на зараженные зерновки выделяется сероватая жидкость с запахом триметиламина, поэтому твердую головню называют «вонючей». На стадии полной спелости здоровые и больные колосья внешне мало чем отличаются [3]. Твердая головня разрушает зерно пшеницы, превращая их в черную плотную массу спор. Если семена высаживают без какой-либо химической обработки в течение нескольких лет, то ущерб урожаю может достигать 75-90% [4]. Для озимой пшеницы, возделываемой на юге и юго-востоке Республики Казахстан, твердая головня так же является одной из доминирующих болезней [5].

Эффективным методом борьбы с этим заболеванием является обработка семян фунгицидами, но использование фунгицидов на органических полях запрещено, и предпочтение отдается посадке генетически устойчивых сортов и линий. Генетическая устойчивость пшеницы к твердой головне обеспечивается ге-

нами *Bt*. Известны 16 генов устойчивости к твердой головне пшеницы (*Bt1 – Bt15, Btp*) [6]. Большой запас генов, которые контролируют хозяйственно ценные признаки, находятся в генофонде диких видов и родов мягкой пшеницы. В настоящее время часть эффективных генов устойчивости к болезням происходит из этого генофонда [7].

В течение многих лет в Казахстане и за рубежом проводились фитопатологические исследования с целью изучения коллекций пшеницы по всему миру и выявления источников устойчивости к твердой головне [8,9,10,11]. Румынские генетики установили, что линии, созданные на основе сорта *Dropia* являются источниками генов *Bt11, Bt13, Bt10, Bt8, Bt12* и *Bt5*. В настоящее время эти линии выращивают на больших площадях в Румынии [12]. В Турции были изучены синтетические генотипы пшеницы, которые являются эффективным источником увеличения разнообразия зародышевой плазмы пшеницы. Исследователи оценили набор из 25 синтетических материалов, устойчивых к расе турецкой обыкновенной головни, по сравнению с американской расой обыкновенной головни из Небраски. Было обнаружено, что четыре генотипа очень устойчивы к расе головни обыкновенной в Небраске. Четыре изолинии, несущие гены *Bt10, Bt11, Bt12* и *Btp*, обеспечивали устойчивость как к расам турецкой головни, так и к расам обыкновенной головни из Небраски. Генотипы, несущие любой или все эти четыре гена, могут быть использованы в качестве источника резистентности в обеих странах [13].

В Казахстане в условиях предгорной зоны Заилийского Алатау установлено, что формула вирулентности местного патотипа включала 3 наиболее эффективных гена — *Bt8, Bt9, Bt10*, наличие которых в селекционном материале способствовало расширению генетического разнообразия национальных селекционных

программ по устойчивости к твердой головне [14].

Таким образом, ученые отмечают, что самая эффективная, многолетняя и экологически безопасная стратегия против твердой головки в пшенице это генетическая устойчивость. Сорты и линии пшеницы, созданные на основе отдаленной гибридизации, несущие гены устойчивости к твердой головне, могут быть использованы как альтернативный метод борьбы вместо химических фунгицидов против болезни. Актуальность таких исследований вызвана необходимостью создания генетически разнородных источников устойчивости, доноров и перспективных линий пшеницы. Эти линии могут быть использованы в селекции устойчивых к болезням сортов. Генетическая устойчивость у синтетических и интрогрессивных линий пшеницы к опасным грибным паразитам является эффективным выбором управления

Материалы и методы

Материалом исследований служили 16 образцов интрогрессивных линий озимой пшеницы отдела органического земледелия КазНИИЗиР. В качестве положительных контролей для ПЦР-идентификации использованы изогенные линии пшеницы, носители генов *Vt*, полученные из лаборатории иммунитета и защиты растений КазНИИЗиР (материал СИММИТ), в качестве стандарта для полевой оценки продуктивности использован сорт Алмалы.

Фитопатологическая оценка устойчивости интрогрессивных линий пшеницы к твердой головне проведена на полевом участке отдела органического земледелия по принятой стандартной методике на естественном фоне [17]. Опытное поле органического земледелия КазНИИЗиР расположено в предгорной зоне Алматинской области юго-востока Республики Казахстан (43° с.ш., 77° в.д., 740 м над уровнем моря). В 2022 году все образцы интрогрессивных линий пшеницы выращивались как в сеялочных делянках в трехкратной повторности при парном расположении стандарта, так и в делянках ручного посева без применения пестицидов и удобрений. Учет пораженности интрогрессивных линий озимой пшеницы головневыми болезнями проводили в фазу молочно-восковой спелости зерна, тщательно

инфекционным процессом, который является не вредным для окружающей среды.

В Казахском научно-исследовательском институте земледелия и растениеводства (КазНИИЗиР) с целью передачи культурной пшеницы генетической устойчивости к болезням от диких сородичей были созданы интрогрессивные линии пшеницы [15,16]. Данные линии являются ценным материалом для использования в органическом земледелии. В этой связи необходимо изучение данного материала для выявления его ценности для органического земледелия.

Целью нашего исследования было изучение интрогрессивного материала озимой пшеницы по устойчивости к твердой головне с использованием методов фитопатологии и молекулярных маркеров для использования в органическом земледелии.

просматривая и подсчитывая все колосья на делянке [18].

ДНК-идентификация по генам устойчивости к генам твердой головки проведена на базе лаборатории биотехнологии, физиологии, биохимии растений и оценки качества продукции Казахского НИИ земледелия и растениеводства.

Выделение геномной ДНК из 7-10-дневных проростков проведено с использованием методики *De Laporta* [19]. Измерение концентрации ДНК проведено спектрофотометрическим методом по оптической плотности. Метод основан на отношении длин волн при максимальной фотометрической абсорбции нуклеиновых кислот при 260 нм (A_{260}) и 280 нм (A_{280}) на приборе *Jenway* (Англия).

Для идентификации носителей генов устойчивости к головне у исследуемых образцов применен метод полимеразной цепной реакции (ПЦР). ПЦР-анализ проведен в амплификаторе *Eppendorf Mastercycler* (Германия).

При исследовании использованы наборы реагентов компаний ООО «Биосан», г.Новосибирск, Россия. Реакционная среда для ПЦР-амплификации показана в таблице 1 и она состояла из следующих компонентов:

Таблица 1- Состав и концентрация реагентов ПЦР-амплификации на гены устойчивости к твердой головне

Название реагентов	Концентрация	Количество,мкл	ПЦР режим
Очищенная от нуклеазы вода (Biotechnology Grade)	-	10.8	94°C – 3 мин 95°C–30с 55°C–30с 72°C – 30с 72°C – 5 мин 4° C – ∞
ПЦР-буфер (KCl), Россия	10 x	2.0	
MgCl ₂	25 mM	2.0	
dNTPs, «Биосан», Россия	(4 mM)	1.0	
Primers F/R		по 1.0	
Тақ- ДНК полимеразы «Биосан», Россия	5u/μl	0.2	
БСА«Thermo Scientific», США	20мкг/см ³	0.5	
ДНК	10 ng/μL	2	

Реакционная среда для ПЦР-амплификации состояла из следующих компонентов: 2 мкл (50 ng) исследуемой ДНК, 2 мкл реакционного буфера (10 x ПЦР-буфер), 1 мкл смесь из четырех dNTP (4 mM) ООО «Биосан», 1 мкл каждого из двух праймеров, 2 мкл (25 mM) MgCl₂, 0,5 мкл БСА («Thermo Scientific», США), 0,5 мкл (5u/μl) Тақ- ДНК полимеразы 5 е.а./мкл, 1000е.а. (ООО «Биосан»), а также 10,8 мкл воды, очищенной от нуклеазы (Biotechnology Grade). Разделение продуктов амплификации проведено в 8% полиакриламидном геле (ПААГ) в 1xTBE буфере. Амплифицированные фрагменты разделяли с помощью электрофореза под действием электрического тока. Фрагменты ДНК продвигались в геле от катода к аноду («от минуса к плюсу»), скорость их движения при этом обратно пропорциональна размерам (мелкие фрагменты проходят больший путь). Положение фрагментов в геле определяли по флуоресценции бромид аэтидия – интеркалирующего агента, который встраивается между двумя цепями молекулы ДНК. Использовалось следующее оборудование: электрофоретическая камера «Sigma Life Science», Китай), источник постоянного тока (до 500 В). В качестве маркеров молекулярных весов использован ДНК мар-

кер 1500bp (Step 50 plus).

Для проведения ПЦР (полимеразной цепной реакции) применяли следующие температурные режимы: начальная денатурация 94 °C-3мин, 36 циклов (денатурация 94 °C-30 с, отжиг 55 °C- 30 с, элонгация 72 °C- 30 с), 72 °C - финальная элонгация проводится в течение 5 мин. Программы ПЦР модифицировались в зависимости от идентифицируемых генов.

Для получения качественного изображения гелевых электрофореграмм и оценки ПЦР-продукта использована гель-документирующая камера QUANTUM-ST4 (Франция).

На основании анализа научной литературы по генам устойчивости к твердой головне подобраны 2 молекулярных SSR-маркера (таблица 2). Среди множества молекулярных маркеров SSR-маркеры применяют благодаря их высокой воспроизводимости, различной вариабельности, кодоминантному наследованию, широкому охвату генома, специфическому расположению хромосом [20] и обнаружению с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР). SSR-маркеры были использованы для оценки устойчивости генов к болезням твердой головни [21, 22].

Таблица 2 – Молекулярные маркеры и размеры продукта ПЦР, связанные с генами устойчивости к твердой головне

Ген	Локализация	Тип маркера	Молекулярный маркер		Размер продукта ПЦР, п.н.	Литературный источник
			Название	Нуклеотидная последовательность		
Bt8	3В	SSR	Xgwm114	F-5' ACAAACAGAAAAT	180	Goates and Mercier, 2009 [21]
Bt10				CAAAACCCG 3'	160	
Bt11				R- 5' ATCCATCGCCAT	120	
				TGGAGTG 3'		

Продолжение таблицы 2

Bt9	6D	SSR	Xgpw7433	F-5'-GTACATGGAAAG AGACCAACACCA 3' R- 5'CGCTGAGCAAGG ACGATAG 3'	296	Steffan et.al., 2017 [22]
-----	----	-----	----------	---	-----	------------------------------

Результаты

Идентификация генов устойчивости на присутствие генов Bt8, Bt10, Bt11.

Идентификация генов *Bt8, Bt10, Bt11* проведена с использованием маркера *Xgwm114*. Данный маркер относится к *SSR*-маркерам (simple sequence repeats/ простые повторяющиеся последовательности), микросателлиты. Они, как известно, относятся к монокусным маркерам. Монокусные маркеры чаще всего наследуются по кодоминантному типу [23]. Идентификация с данным маркером позволяет идентифицировать сразу три фрагмента 180 п.н., 160 п.н., 120 п.н., соответствующие *Bt8, Bt10, Bt11*, локализованные на 3В хромосоме. Для контроля результатов идентификации в качестве положительного контрольного образца использована линия М83-1621. В качестве отрицательного контроля холостой опыт с водой.

ПЦР-анализ с исследуемыми образцами интрогрессивных линий пшеницы на присутствие генов *Bt8, Bt10, Bt11* с маркером *Xgwm114* установил, что ожидаемые фрагменты, длина которых составила 160 п.н., 120 п.н. были у девяти линий (1127-7, 1675-170, 1717-27, 1723-11, 2005-1 2005-13, 2041-7, 2046-1, KZ231), рисунок 1, таблица 3. Ожидаемая длина 180 п.н. не была зафиксирована ни у одного образца. Вместо фрагмента 180 п.н у указанных девяти линий был зафиксирован фрагмент 210 п.н., соответствующий фрагменту у положительного контроля. Данный факт был отмечен так же в работах Маденовой А. с совт. [8]. Заключение о присутствии ценной аллели гена *Bt8* было сделано на основании присутствия фрагмента на уровне положительного контроля.



Маркер 1500 п.н. Step (50plus) К (+)- положительный контроль М83-1621, к (-) -отрицательный контроль, 1.1127-7, 2.1633-31, 3.1633-40, 4.1674-27 5.1675-149, 6.1675-170,7. 1676, 8.1716-23, 9.1716-24,10.1717-27,11.1723-11,12.2005-13,13.2041-7, 14.2041-1, 15.2046-1, 16. KZ231

Рисунок 1 – Продукты амплификации ДНК образцов интрогрессивных линий пшеницы с использованием маркера *Xgwm114*, сцепленного с генами *Bt8, Bt10, Bt11*.

Количество носителей указанных генов составили 56,2% от исследуемых образцов интрогрессивных линий пшеницы. Из изучаемых 16 образцов амплификация фрагмента длиной 180 п.н. и 160 п.н. с маркером *Xgwm114* была зафиксирована у 12 интрогрессивных линий пшеницы (1127-7, 1633-31, 1633-40, 1675-170, 1676, 1717-27, 1723-11, 2005-13, 2041-7, 2041-13, 2046-1, KZ231). Все они имеют два гена - *Bt8* и *Bt10*. Размер 120 п.н. был амплифицирован с маркером *Xgwm114* у 10 образцов интрогрессивных линий пшеницы (1127-

7, 1675-170, 1676, 1717-27, 1723-11, 2005-13, 2041-7, 2041-13, 2046-1, KZ231). Эти линии являются носителями гена *Bt11*.

Идентификация генов устойчивости на присутствие генов Bt9. Для идентификации гена *Bt9* был использован маркер *Xgpw7433*. Данный маркер так же имеет *SSR* тип [23].

В результате ПЦР-анализа 16 образцов интрогрессивных линий пшеницы на присутствие гена *Bt9* (таблица 3), локализованного в 6D хромосоме, было установлено, что длину 296 п.н. имели образцы 1127-7 и 2041-7. О-

стальные генотипы не являются носителями гена *Bt9*. Положительным контрольным образцом являлась линия М77-1140. В качестве от-

рицательного контроля был образец, в котором присутствует вода (рисунок 2, таблица 3).



Маркер 1500 п.н. Step (50 plus) K(+) -положительный контроль М77-1140, K(-) -отрицательный контроль, 1.1127-7, 2.1633-31, 3. 1633-40, 4.1674-27 5.1675-149, 6. 1675-170, 7. 1676, 8.1716-23, 9. 1716-24, 10.1717-27, 11.1723-11,12.2005-13, 13. 2041-7, 14.2041-13, 15. 2046-1, 16. KZ231

Рисунок 2 – Продукты амплификации ДНК образцов интрогрессивных линий пшеницы с SSR-маркером Xgprw7433, сцепленного с геном *Bt9*

Два образца (1127-7,2041-7) у которых присутствует ген *Bt9* составили 12,5% от всех исследуемых интрогрессивных линий пшеницы. Четыре номера (1674-27, 1675-149, 1716-23,1716-24) показали полное отсутствие генов *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* и *Bt11*. Это составило 25% от исследуемых линий пшеницы.

В таблице 3 представлены результаты ПЦР-анализа интрогрессивных линий пшеницы, которые отражают наличие или отсутствие в исследуемых образцах генов устойчивости к *Tilletia caries*. Похожие исследования были также проведены для молекулярной идентификации носителей генов устойчивости к головне у казахстанских, а также зарубежных сортов пшеницы. Выделены сорта с идентифицированными генами *Bt9*, *Bt8*, *Bt10*, *Bt11*[24].

Таблица 3- Молекулярный скрининг образцов интрогрессивных линий озимой пшеницы по генотипированию на гены головки *Bt9*, *Bt8*, *Bt10*, *Bt11*

№	Название образцов	Xgprw 7433	Xgwm114		
		<i>Bt9</i>	<i>Bt8</i>	<i>Bt10</i>	<i>Bt11</i>
		296 bp	180 bp	160 bp	120 bp
1	1127-7(Пржевальская хАД231-10 Япония)	+	+	+	+
2	1633-31(Безостая 1х <i>Ae. triaristata</i> Willd) х Безостая 1	-	+	+	-
3	1633-40(Безостая 1х <i>Ae. triaristata</i> Willd) х Безостая 1	-	+	+	-
4	1674-27(Жетысу х <i>T.kiharae</i>)х Алмалы	-	-	-	-
5	1675-149Эритроспермум350х <i>T.kiharae</i>) хЭритроспермум 350	-	-	-	-
6	1675-170(Эритроспермум 350х <i>T.kiharae</i>)х Эритроспермум 350	-	+	+	+
7	1676(Стекловидная 24х <i>T.timopheevii</i>)	-	+	+	-
8	1716-23(Безостая 1х <i>Ae. cylindrica</i>) х Карлыгаш	-	-	-	-
9	1716-24(Безостая 1х <i>Ae. cylindrica</i>) х Стекловидная 24	-	-	-	-
10	1717-27(Безостая 1х <i>Ae. cylindrica</i>) х Стекловидная 24	-	+	+	+
11	1723-11(Безостая 1х <i>Ae. cylindrica</i>) х <i>T.kiharae</i>)	-	+	+	+
12	2005-13(Эритроспермум 121х <i>Ae. triaristata</i> Willd) х Эритроспермум 121	-	+	+	+
13	2041-7 (ПЭГ 347х <i>T. kiharae</i>) хЖадыра	+	+	+	+
14	2041-13(ПЭГ 347х <i>T. kiharae</i>) хЖадыра	-	+	+	+
15	2046-1(Стекловидная 24х <i>T.timopheevii</i>)х Карлыгаш	-	+	+	+
16	KZ231(Безостая 1х <i>Ae. triaristata</i> Willd) х Карлыгаш	-	+	+	+
	<i>Всего</i>	2	12	12	9

Таблица 4- Количественные признаки структурного анализа и фитопатологический скрининг интрогрессивных линий пшеницы на посеве отделе органического земледелия (2022г.)

№	Каталог	Происхождение образцов	Высота растений, см	Кол-во стеблей, шт.	Длина гл. колоса, см	Кол-во колосков, шт	Число зерен в гл. кол., штг.	Масса 1000 зерен, г	Урожайность, ц/га	Степень поражения тв. головней %
		Сорт Алмалы (стандарт)	110,2	4,5	10,1	18,2	56,0	48,1	47,1	0
1	1127-7	(Пржевальская x АД231-10 Япония)	100,0	5,5	10,3	18,0	66,0	50,0	56,0	0
2	1633-31	(Безостая 1x Ae. triaristata Willd) x Безостая 1	120,2	5,0	10,3	22,3	70,2	50,4	51,1	0
3	1633-40	(Безостая 1x Ae. triaristata Willd) x Безостая 1	106,1	5,6	10,2	18,3	46,0	48,7	52,8	0
4	1674-27	(Жегысу x T.kiharae)x Алмалы	113,3	5,6	10,1	18,7	65	54,1	62,8	0
5	1675-149	(Эритроспермум350xT.kiharae)x Эритроспермум 350	120,3	7,1	13,2	18,4	64,0	50,0	59,7	0
6	1675-170	(Эритроспермум350xT.kiharae)x Эритроспермум 350	125,2	5,5	10,3	18,6	79,0	47,2	48,2	0
7	1676	(Стекловидная 24x T. timopheevii)	90,0	6,3	11,2	18,4	65	66,6	61,3	0
8	1716-23	(Безостая 1x Ae. cylindrica) x Карлыгаш	100,1	5,0	10,0	18,1	64,0	49,0	55,0	0
9	1716-24	(Безостая 1x Ae. cylindrica) x Стекловидная 24	120,0	5,0	8,0	16,4	57,0	49,3	63,7	0
10	1717-27	(Безостая 1x Ae. cylindrica) x Стекловидная 24	135,2	8,2	13	26,0	65,0	55,0	56,2	0
11	1723-11	(Безостая 1x Ae. cylindrica) x T.kiharae)	120,4	5,0	12,2	18,0	67,0	52,1	67,8	0
12	2005-13	(Эритроспермум 121x Ae. triaristata Willd) x Эритроспермум 121	135,2	9,4	13,2	24,3	74,0	67,0	58,4	0
13	2041-7	(ПЭГ 347x T. kiharae) xЖадыра	120,1	6,4	7,1	16,3	54	43,2	57,5	0
14	2041-13	(ПЭГ 347x T. kiharae) xЖадыра	115,2	7,3	10,0	18,4	84,1	49,1	53,7	0
15	2046-1	(Стекловидная 24x T. timopheevii)x Карлыгаш	120,3	6,1	10,3	18,2	60,0	48,3	52,5	0
16	KZ231	(Безостая 1x Ae. triaristata Willd) x Карлыгаш	115,3	7,2	10,1	20,7	65,0	64,0	64,2	0
		Среднее значение	115,7	6,1	10,5	19,2	64,7	52,4	56,9	0
		Стандартное отклонение	11,86	1,31	1,64	2,62	9,10	6,92	5,80	0

Проведен фитопатологический скрининг к твердой головне интрогрессивных линий пшеницы на естественном фоне. Все изученные линии в полевых условиях показали высокую устойчивость к твердой головне (0%), таблица 4.

В таблице 4 представлены данные оценки элементов продуктивности и урожайность изучаемых линий в условиях 2022 года на поле органического земледелия. В результате анализа структурных элементов у образцов интрогрессивных линий пшеницы максимальный средний показатель по высоте растений был 135,2 см, которая была у следующих образцов 1717-27 и 2005-13. Соответственно самая низкая высота растений составила 90 см у образца 1676.

Продуктивная кустистость изучаемых линий была в пределах 4,5-9,4 см, в среднем показатель составил 6,1 см. Наиболее высокие показатели кустистости были зафиксированы по образцам 2005-13 (9,4 шт), 1717-27 (8,2 шт), меньше всего количество стеблей (4,5шт.) было у образца Век.

По длине главного колоса можно выделить образцы 1675-149 и 2005-13, у которых длина составила 13,2 см. Среднее значение длины главного колоса составило 10,5 см. Наименьший показатель длины главного колоса (7,1см) был у линии пшеницы 2041-7. Стандартное от-

Обсуждение

Таким образом, был проведен молекулярный скрининг 16 образцов интрогрессивных линий пшеницы озимой пшеницы на устойчивость к возбудителю твердой головни и выделены 2 линии, носители 4-х генов устойчивости к твердой головне *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* и *Bt11*. Сопоставление данных фитопатологической оценки на естественном фоне органического земледелия и наличия среди интрогрессивных линий высокого процента носителей генов *Bt* говорит о перспективности данных линий

Заключение

На основании ДНК-идентификации с SSR-маркерами *Xgwm114* и *Xgpw7433* из 16 изученных интрогрессивных линий озимой пшеницы выделено 2 линии (1127-7, 2041-7), носители четырех ценных генов устойчивости к твердой головне *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* и *Bt11*.

Выделено девять линий носителей трех генов устойчивости к твердой головне *Bt8*, *Bt10*, *Bt11* (1127-7, 1675-170, 1717-27, 1723-11, 2005-

клонение составило 1,64см.

Структурный анализ по плотности колоса растений интрогрессивных линий пшеницы на заключительном этапе развития показал, что максимальная озерненность колоса была отмечена у образца 1717-27 и составила в среднем на главном побеге 26,0 штук, а среднее значение составило 19,2 шт. Самый низкий показатель был у линии 2041-7(16,3шт.).

Колос по количеству зерен у линии пшеницы 2041-7 составил 84,1 штук зерен, это был наилучший результат. Линия 1633-40 показала наименьший результат (46,0 шт.) зерен в главном колосе. Среднее значение по числу зерен в главном колосе по всем образцам составило 64,7 шт.

По хозяйственно-ценному признаку масса 1000 зерен был выделен образец 2005-13 (67,0 г). Самый низкий показатель был у линии 2041-7(43,2г). Среднее значение у всех изучаемых интрогрессивных линий составило 52,4г.

Средняя урожайность у всех изучаемых образцов составила 56,9 ц/га. Показатели варьировались у линии 1675-170(48,2ц/га) и до линии 1723-11(53,7ц/га). Максимальная урожайность интрогрессивных линий пшеницы в 2022 году была 67,8 ц/га (линия 1723-11). Наименьшая урожайность составила 46,8 ц/га (линия Век).

для органического земледелия. Сопоставление данных урожайности и наличия ценных аллелей генов *Bt* позволило выделить два образца *1723-11* и *KZ231* с урожайностью выше 64 ц/га и наличию трех генов *Bt8*, *Bt10* и *Bt11*.

Настоящее исследование было обусловлено необходимостью создания источников устойчивости к болезни, поиска доноров пшеницы, которые могут быть использованы в селекции.

1 2005-13, 2041-7, 2046-1, KZ231).

Сопоставление данных урожайности и наличия ценных аллелей генов *Bt* позволило выделить два образца *1723-11* и *KZ231* с урожайностью выше 64 ц/га и наличию трех генов *Bt8*, *Bt10* и *Bt11*.

Установлено, что все изучаемые 16 линий при изучении в условиях органического земледелия не поражались возбудителями твердой

головни.

Выделенные интрогрессивные линии пшеницы могут быть использованы для селекции с помощью маркеров устойчивости к твердой головне (MAS) в качестве источников ценных генов для пирамидирования.

Полученные нами результаты дают возможность для перехода селекционного процесса в Казахстане на новый научный уровень

за счет комплексного применения молекулярно-генетических и фитопатологических методов. Данные являются ценными в селекционных программах для повышения устойчивости к твердой головне.

Выделенные интрогрессивные линии озимой пшеницы рекомендованы для применения в органическом земледелии.

Информация о финансировании

Работа выполнена по бюджетной программе 267« Повышение доступности знаний и научных исследований», подпрограмме 101«Программно-целевое финансирование научных исследований и мероприятий», по программе ИРН BR10764907 «Выработка технологий ведения органического сельского хозяйства по выращиванию сельскохозяйственных культур с учетом специфики регионов, цифровизации и экспорта». Авторы выражают благодарность за содействие в проведении данного исследования.

Список литературы

- 1 Официальный сайт Корпоративной статистической базы данных Продовольственной и сельскохозяйственной организации ФАО - (<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>)
- 2 Coța L.C., Screening for resistance to artificial infection by common bunt (*Tilletia caries* and *Tilletia foetida*) in F2 populations of wheat (*Triticum aestivum* L.) [Text]/ Botez C., Grigoraș M. and Curticiu D. // Bull. Univ. Agric. Sci. Vet. Med. (USAMV). – 2009. – Vol.66. – P.24–31.
- 3 Koishybayev M., Wheat diseases. Ankara: Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) [Text] / M.Koishybayev // Turkey. - Ankara, – 2018. –P. 365.
- 4 Akan K., Important cereals and chickpea diseases in Central Anatolia [Text] / Cetin L., Albostan S., Dusunceli F., Mert Z. // J. Central Res. Inst. Field Crops, -2014. – P. 29-48.
- 5 Койшибаев М. Фитосанитарная роль агротехнологии возделывания зерновых культур в Казахстане [Текст]/ Защита и карантин растений. – 2009. – №. 4. – С. 26-28.
- 6 Goates B.J. Identification of new pathogenic races of common bunt and dwarf bunt fungi, and evaluation of known races using an expanded set of differential wheat lines [Text] / Plant Dis., -2012. -Vol 96. -P. 361-369.
- 7 McIntosh R.A., Catalogue of Gene Symbols for Wheat [Text] / R.A. McIntosh // 12th Intern. Wheat Genet. Symp. –Yokohama, Japan, – 2013. – P. 283
- 8 Madenova A., Screening of wheat genotypes for the presence of common bunt resistance genes [Text] / Sapakhova Z., Bakirov S., Galymbek K., Yernazarova G., Kokhmetova A., Keishilov Z. // Saudi Journal of Biological Sciences. – 2021. -Vol. 28 -P.2816-2823.
- 9 Позднякова Н.Н., Современное состояние селекции устойчивых к болезням сортов зерновых колосовых культур [Текст]: Аубекерова Н.Г., Сулейманова Ш.С. // Мат. межд. конф. «Современные методы защиты и сохранения биоразнообразия Кыргызстана» (молекулярно-биологические, генетические) и создание базы данных о биоразнообразии. – Бишкек, 2010. – 151-155 с.
- 10 Есимбекова М.А., Генетические ресурсы в селекции пшеницы на устойчивость к твердой головне [Текст] / Мукин К.Б., Абугалиева А.И., Абдрахманов К., Дубекова С. // Аграрная наука. – 2019. -С.22-26.
- 11 Шишкин Н. В., Результаты оценки коллекционных образцов озимой пшеницы на устойчивость к твердой головне [Текст] / Дерова Т. Г., Марченко Д. М. //Зерновое хозяйство России. – 2015. – №. 2. – С. 60-63.
- 12 Oncica F., Sources of resistance to bunt (*Tilletia* spp.) in modern semidwarf winter wheat (*Triticum aestivum* L.) [Text] / Saulesku, N.N. // Romanian Agricultural Research. – 2007. – Vol. 24. – P. 29-32.

13 Mourad A.M.I., Genetic Variation in Common Bunt Resistance in Synthetic Hexaploid Wheat [Текст]/ Morgounov, A., Baenziger, P. S., Samar, M. E. // Plants (Basel). Dec 20;12(1):2. doi: 10.3390/plants12010002.

14 Yessimbekova M., Screening of Kazakhstan winter bread wheat germplasm for resistance to common bunt [Text] / Morgounov A., Kenenbaev S., Kokhmetova A., Dutbaev E., Abugalieva A. // XIX International Workshop on Smuts and Bunts. Izmir. - 2016. -P. 79–80.

15 Abugalieva A., The wheat introgressive form evaluation by grain biochemical and technological properties [Text] / Savin T.V. // Vavilovskii zhurnal genetiki i selektsii, -2018. -Vol. 22 (3). -P.353-3627

16 Abugalieva A.I., Registration of wheat germplasm originating from wide crosses with superior agronomic performance and disease resistance [Text] / Savin T.V., Kozhahmetov K.K., Morgounov A.I. // Journal of Plant Registrations this link is disabled, -2021. -Vol. 15. -№1. -P. 206–214.

17 Левченко, Ю.Г. Устойчивость пшеницы и тритикале к возбудителям твердой головки в Краснодарском крае и создание нового исходного материала для селекции [Текст]: Ю.Г. Левченко // дисс. ... на соиск. уч. степ. канд. с/х наук, г. Краснодар, Россия – 2018.

18 Кривченко В.И., Головные болезни зерновых культур [Текст]: Хохлова А.П. / Изучение генетических ресурсов зерновых культур по устойчивости к вредным организмам. Методическое пособие. // – М.: Россельхозакадемия, – 2008. – 32-85 с.

19 De Laporta S.L., A plant DNA miniprep. Version II [Text] / Wood J., Hicks J.B. // Plant Mol. Biol. Rep. – 1983. – Vol.4.- P.19-21.

20 Agarwal M., Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences [Text] / Shrivastava, N., Padh, H. // Plant Cell Rep. – 2008. – Vol.27. – P.617–631.

21 Laroche A., Development of a PCR marker for rapid identification of the Bt10 gene for common bunt resistance in wheat [Text] / Demeke, T., Gaudet, D., Puchalski, B., Frick, M. and McKenzie, R. // Genome. – 2000. – Vol. 43. – P. 217-223.

22 Goates B.J., Effect of biofumigation with volatiles from *Muscodor albus* on the viability of *Tilletia* spp. teliospores [Text] / Mercier J. // Canadian Journal of Microbiology, - 2009. -№55(2). -P.203-206.

23 Poyraz I., Comparison of resistance rates and detection of five resistance genes (BtS) in ten local wheat varieties against common bunt disease [Text] / Gumus N. // Anadolu University Journal of Science and Technology-C.Life Sciences and Biotechnology– 2016. –Vol. 5. –P. 37-45.

24 Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции [Текст]/ Е.К. Хлесткина // Вавиловский журнал генетики и селекции- 2013.- Т17. - №4/2. -С.1044-1054.

25 Steffan P.M., Mapping of common bunt resistance gene Bt9 in wheat [Text] / Torp A.M., Borgen A., A.Backes G., Rasmussen S.K. // Theor. Appl. Genet. -2017. -№130(5). -P.1031-1040.

References

1 Oficial'nyj sajt Korporativnoj statisticheskoj bazy dannyh Prodovol'stvennoj i sel'skohozyajstvennoj organizacii FAO - (<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>)

2 Coța L.C., Screening for resistance to artificial infection by common bunt (*Tilletia caries* and *Tilletia foetida*) in F2 populations of wheat (*Triticum aestivum* L.) [Text]/ Botez C., Grigoraș M. and Curticiu D. // Bull. Univ. Agric. Sci. Vet. Med. (USAMV). -2009. -Vol.66. -P.24–31.

3 Koishybayev M., Wheat diseases. Ankara: Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) [Text] / M.Koishybayev // Turkey.-Ankara, -2018.- 365 p.

4 Akan K., Important cereals and chickpea diseases in Central Anatolia [Text]/ Cetin L., Albostan S., Dusunceli F., Mert Z. // J.Central Res. Inst. Field Crops, 15 -2014-, P. 29-48

5 Kojshibaev M. Fitosanitarnaya rol' agrotekhnologii vzdelyvaniya zernovykh kul'tur v Kazahstane [Text] /Zashchita i karantin rastenij. – 2009. – №. 4. – S. 26-28.

6 Goates B.J. Identification of new pathogenic races of common bunt and dwarf bunt fungi, and evaluation of known races using an expanded set of differential wheat lines [Text] / Plant Dis., -2012. -Vol 96. -P.361-369.

7 McIntosh R.A., Catalogue of Gene Symbols for Wheat [Text] / R.A. McIntosh // 12th Intern. Wheat Genet. Symp. –Yokohama, Japan, – 2013. – P. 283

8 Madenova A., Screening of wheat genotypes for the presence of common bunt resistance genes [Text] / Sapakhova, Z., Bakirov, S., Galymbek, K., Yernazarova, G., Kokhmetova, A., Keishilov, Z.// Saudi Journal of Biological Sciences. -2021. -Vol 28. -P.2816-2823.

9 Pozdnyakova N.N., Sovremennoe sostoyanie selekcii ustojchivyh k bolezniam sortov zernovyh kolosovyh culture [Text]: Aubekerova, N.G., Sulejmanova, Sh.S. // Mat. mezhd. konf. «Sovremennye metody zashchity i sohraneniya bioraznoobraziya Kyrgyzstana» (molekulyarno-biologicheskie, geneticheskie) i sozdanie bazy dannyh o bioraznoobrazii. – Bishkek, 2010. – 151-155 s.

10 Esimbekova M.A., Geneticheskie resursy v selekcii pshenicy na ustojchivost' k tverdoj golovne. [Text] / Mukin K.B., Abugalieva A.I., Abdrahmanov K., Dubekova S. //Agrarnaya nauka. -2019; 1: C.22-26.

11 Shishkin N. V., Rezul'taty ocenki kollekcionnyh obrazcov ozimoy pshenicy na ustojchivost' k tverdoj golovne [Text] / Derova, T. G., Marchenko, D. M. // Zernovoe hozyajstvo Rossii. – 2015. – №. 2. – S. 60-63.

12 Oncica F., Sources of resistance to bunt (*Tilletia* spp.) in modern semidwarf winter wheat (*Triticumaestivum*L/) [Text] / Saulesku, N.N.// Romanian Agricultural Research. – 2007. – Vol. 24. – P. 29-32.

13 Mourad A.M.I., Genetic Variation in Common Bunt Resistance in Synthetic Hexaploid Wheat [Text] / Morgounov, A., Baenziger, P. S., Samar, M. E. // Plants (Basel).

14 Yessimbekova M., Screening of Kazakhstan winter bread wheat germplasm for resistance to common bunt [Text] / Morgounov, A., Kenenbaev, S., Kokhmetova, A., Dutbaev, E., Abugalieva, A.// XIX International Workshop on Smuts and Bunts. Izmir. - 2016. - P. 79–80.

15 Abugalieva A., The wheat introgressive form evaluation by grain biochemical and technological properties [Text] / Savin, T.V.// Vavilovskii zhurnal genetiki i selekcii, -2018.- Vol. 22 (3). -P. 353-362.

16 Abugalieva A.I., Registration of wheat germplasm originating from wide crosses with superior agronomic performance and disease resistance [Text] / Savin, T.V., Kozhahmetov, K.K., Morgounov, A.I. // Journal of Plant Registrations this link is disabled, - 2021. -Vol. 15. -№1. -P. 206–214.

17 Levchenko, YU.G. Ustojchivost' pshenicy i tritikale k vozbuditelyam tverdoj golovni v Krasnodarskom krae i sozdanie novogo iskhodnogo materiala dlya selekcii [Text]: Yu.G. Levchenko // diss. ... na soisk. uch. step. kand. s/h nauk, g. Krasnodar, Rossiya – 2018.

18 Krivchenko V.I., Golovnevye bolezni zernovyh kul'tur [Text]: Hohlova A.P./ Izuchenie geneticheskikh resursov zernovyh kul'tur po ustojchivosti k vrednym organizmam. Metodicheskoe posobie. // – M.: Rossel'hozokademiya, – 2008. – 32-85 s.

19 De Laporta S.L., A plant DNA minipreparation.VersionII [Text]/ Wood J., Hicks J.B. // Plant Mol. Biol. Rep. – 1983. – Vol.4.- P.19-21.

20 Agarwal M., Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences [Text] / Shrivastava N., Padh H. // Plant Cell Rep. – 2008. – Vol.27. – P.617–631.

21 Laroche A., Development of a PCR marker for rapid identification of the Bt10 gene for common bunt resistance in wheat. [Text] / Demeke T., Gaudet D., Puchalski B., Frick M. and McKenzie R. // Genome. – 2000. – Vol. 43. – P. 217-223.

22 Goates B.J., Effect of biofumigation with volatiles from *Muscodor albus* on the viability of *Tilletia* spp.teliospores [Text]/ Mercier J. // Canadian Journal of Microbiology, - 2009. -№5(2). -P.203-206.

23 Poyraz I., Comparison of resistance rates and detection of five resistance genes (BtS) in ten local wheat varieties against common bunt disease [Text]/ Gumus N. // Anadolu University Journal of Science and Technology-C.Life Sciences and Biotechnology– 2016. –Vol. 5. –P. 37-45.

24 Hlestkina E.K. Molekulyarnye markery v geneticheskikh issledovaniyah i v selekcii [Text]/ E.K. Hlestkina // Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii- 2013.- T 17. - №4/2. -S.1044-1054.

25 Steffan P.M., Mapping of common bunt resistance gene Bt9 in wheat. [Text] / Torp, A.M., Borgen, A., A.Backes ,G., Rasmussen S.K. // Theor. Appl. Genet. -2017. -№130(5). -P.1031-1040.

**ОРГАНИКАЛЫҚ ЕГІНШІЛІККЕ ҚОЛДАНУ ҮШІН КҮЗДІК БИДАЙДЫҢ
ИНТРОГРЕССИВТІ ЖЕЛІЛЕРІНІҢ ҚАТТЫ ҚАРА КҮЙЕ *TILLETIA CARIES* (DC.)
ҚОЗДЫРҒЫШЫНА ТӨЗІМДІЛІК ГЕНДЕРІН ЗЕРТТЕУ**

Базылова Тамара Амангелдықызы

Магистр

«Қазақ егіншілік және өсімдік шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты» ЖШС

Алмалыбақ ауылы, Қазақстан

E-mail: t.bazylova@mail.ru

Қожахметов Кенебай

Биология ғылымдарының докторы

«Қазақ егіншілік және өсімдік шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты» ЖШС

Алмалыбақ ауылы, Қазақстан

E-mail: kenebai.kozhakhmetov@mail.ru

Абекова Альфия Магдиевна

Ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты

«Қазақ егіншілік және өсімдік шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты» ЖШС

Алмалыбақ ауылы, Қазақстан

E-mail: aabekova@mail.ru

Слямова Назира Дүсіпқанқызы

Ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты

«Қазақ егіншілік және өсімдік шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты» ЖШС

Алмалыбақ ауылы, Қазақстан

E-mail: slyatova@mail.ru

Ержебаева Раушан Сайлауқызы

Биология ғылымдарының кандидаты

«Қазақ егіншілік және өсімдік шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты» ЖШС

Алмалыбақ ауылы, Қазақстан

E-mail: raushan.yerzhebayeva@zir.kz

Түйін

Бидайдың қатты қара күйе ауруы – бүкіл әлем бойынша бидай өндірісіндегі ең зиянды аурулардың бірі. Қоздырғышы -*Tilletia caries* (DC.) саңырауқұлағы. Бұл аурумен күресудің тиімді әдістерінің бірі - бидайдың қатты қара күйе ауруына генетикалық төзімді жаңа сорттарын шығару және енгізу болып табылады. Қатты қара күйе ауруына төзімді генотиптерді таңдау мәселелерін шешу үшін бидайдың селекциялық процесінде жоғары тиімді ДНҚ маркерлерін қолдану өзекті болып табылады. Бұл зерттеудің мақсаты органикалық егіншіліктің табиғи фонында бидайдың селекциялық үлгілерін қара күйе ауруына төзімділігін бағалап, ДНҚ маркерлерін қолдана отырып, *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* және *Bt11* гендері бойынша анықтау. Зерттеу материалы ретінде жабайы туыстарымен будандастыру негізінде алынған «Қазақ егіншілік және өсімдік шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты» ЖШС коллекциясынан алынған күздік бидайдың 16 интрогрессивті желілері пайдаланылды. Жұмыста екі SSR маркері қолданылды - *Xgwm114* және *Xgpr7433*. 16 селекциялық үлгілердің қатты қара күйе ауруына төзімділігі бойынша молекулярлық-генетикалық таңбалануы *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* және *Bt11* гендер кешені бар күздік бидайдың екі интрогрессивті үлгілерін (1127-7, 2041-7) анықтауға мүмкіндік берді. *Xgpr7433* маркерін қолдану *Bt9* генінің екі тасымалдаушысын анықтауға мүмкіндік берді (1127-7, 2041-7). *Xgwm114* маркерін қолдана отырып, *Bt8*, *Bt10*, *Bt11* қара күйе ауруына төзімділік гендері бар тоғыз үлгі анықталды (1127-7, 1675-170, 1717-27, 1723-11, 2005-1 2005-13, 2041-7, 2046-1, KZ231). Органикалық егіншілік жағдайында зерттелген барлық 16 желіге қара күйе

ауруының қоздырғыштары әсер етпегені анықталды. Күздік бидайдың ерекше интрогрессивті үлгілері қара күйе ауруына төзімділік көрсеткен құнды донорлық және бастапқы материал болып табылады. Бұл желілер органикалық егіншілікте қолдану үшін үлкен практикалық мәнге ие болуы мүмкін.

Кілт сөздер: бидайдың интрогрессивті желілері; SSR маркерлер; төзімділік гендері; қатты қарақүйе; ПТР; ген.

STUDY OF INTROGRESSIVE LINES OF WINTER WHEAT BY GENES OF RESISTENCE TO HARD SMUT *TILLETIA CARIES* (DC.) FOR USE IN ORGANIC FARMING

Bazylova Tamara Amangeldovna

Master

LLP «Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing»

Almalybak village, Kazakhstan

E-mail: t.bazylova@mail.ru

Kozhakhmetov Kenebai

Doctor of Biological Sciences

LLP «Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing»

Almalybak village Kazakhstan

E-mail:kenebai.kozhakhmetov@mail.ru

Abekova Alfiya Magdievna

Candidate of Agricultural Science

LLP «Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing»

Almalybak village, Kazakhstan

E-mail:aabekova@mail.ru

Slyamova Nazira Dusupkanovna.

Candidate of Agricultural Sciences

LLP «Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing»

Almalybak village, Kazakhstan

E-mail: slyamova@mail.ru

Yerzhebaeva Raushan Saylaovna

Candidate of Biological Sciences

LLP «Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing»

Almalybak village, Kazakhstan

E-mail: raushan.yerzhebayeva@zir.kz

Abstract

Hard wheat smut is one of the most harmful diseases in wheat production worldwide. The causative agent is the fungus *Tilletia caries* (DC.). One of the effective methods of combating this disease is the creation and introduction of new genetically resistant to hard smut wheat varieties. To solve the issues of selection of genotypes resistant to smut, it is relevant to use highly effective DNA markers in the wheat breeding process. The purpose of this study was to evaluate wheat breeding lines on the natural background of organic farming for resistance to hard smut and identification by genes *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* and *Bt11* using DNA markers. Wheat samples were evaluated against the natural background of organic farming for resistance to hard smut and identified by the genes *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* and *Bt11* using DNA markers. As the research material, 16 introgressive lines of winter wheat from the LLP «Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant Growing» collection were used, obtained on the basis of crosses with wild relatives. Two SSR markers were used in the work - *Xgwm114* and *Xgwp7433*. Molecular genetic labeling of 16 breeding samples for resistance to hard smut allowed us to identify

two introgressive lines of winter wheat (1127-7, 2041-7) having a complex of genes *Bt9*, *Bt8*, *Bt10* and *Bt11*. The use of the *Xgpw7433* marker made it possible to isolate two carriers of the *Bt9* gene (1127-7, 2041-7). Using the marker *Xgwm114*, nine samples with the genes of resistance to hard smut *Bt8*, *Bt10*, *Bt11* were isolated (1127-7, 1675-170, 1717-27, 1723-11, 2005-1 2005-13, 2041-7, 2046-1, KZ231). It was found that all the studied 16 lines were not affected by hard smut pathogens when studied under organic farming conditions. Distinguished introgressive lines of winter wheat are a valuable donor and source material for breeding for resistance to hard smut. These lines can be of great practical importance for use in organic farming.

Key words: introgressive lines wheat; SSR- markers; resistance genes; hard smut; PCR; gene.