

NEWS

OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

SERIES OF BIOLOGICAL AND MEDICAL

ISSN 2224-5308

Volume 3, Number 309 (2015), 57 – 63

**IDENTIFICATION OF CARRIERS OF RESISTANCE GENES
TO YELLOW AND LEAF RUST
OF WHEAT USING MOLECULAR MARKERS****M. N. Atishova¹, A. M. Kokhmetova¹, Z. B. Sapakhova¹,
A. K. Madenova¹, R. A. Urazaliev², M. A. Yessimbekova²**¹Institute of Plant Biology and Biotechnology, Almaty, Kazakhstan,²Kazakh Research Institute of Farming, Almalyk, Kazakhstan.

E-mail: Maki_87@mail.ru

Key words: wheat, resistance genes, yellow rust, leaf rust, molecular.

Abstract. Yellow (*Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*) and leaf (*Puccinia recondite* Rob.et desm f. *tritici* Eriks) rusts are of the most widespread and dangerous diseases of wheat and are the major factor that adversely affects wheat yield and quality and causes considerable economic damage. In order to control the resistance, it is very important to have molecular markers linked with resistance genes to stripe and leaf rust. As the objects of study the set of advanced lines provided by center ICARDA were used. The molecular analysis on the base of PCR using markers Ventriup/LN2, SCM9, and csGS was conducted, which allowed identifying 19 genotypes resistant to yellow and leaf rust of wheat. As a result of molecular screening 10 entries with *Lr68* gene, 6 – with gene complex *Lr37/Sr38/Yr17*, and 4 – with gene complex *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* were identified. It was shown that the entry of wheat U11AGEC-15 has in their genotype *Lr68* and *Lr37/Sr38/Yr17* resistance genes. Identified sources of resistance to yellow and leaf rust recommended as a donors in breeding programs on wheat improvement for diseases resistance.

УДК 632.42: 633:576.3/7.086.83:581.4

**МОЛЕКУЛАЛЫҚ МАРКЕРЛЕРДІҢ КӨМЕГІМЕН БИДАЙДЫҢ
САРЫ ЖӘНЕ ҚОҢЫР ТАТ АУРУЛАРЫНА ТӨЗІМДІ ГЕН
ТАСЫМАЛДАУШЫЛАРЫН ИДЕНТИФИКАЦИЯЛАУ****М. Н. Атишова¹, А. М. Кохметова¹, З. Б. Сапахова¹,
А. К. Маденова¹, Р. А. Уразалиев², М. А. Есимбекова²**¹Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институты, Алматы, Қазақстан,²Қазақ егіншілік және өсімдік шаруашылығы ғылыми-зерттеу институты, Алмалыбақ, Қазақстан**Тірек сөздер:** бидай, төзімді гендер, сары тат, қоңыр тат, молекулалық маркерлер.

Аннотация. Тат аурулары бидайдың ең қауіпті ауруларының бірі болып табылып, үлкен экономикалық шығын әкеледі. Тат эпифитотиясы көптеген континенттерді жайлап, апатты өнімсіздік жағдайына ұшыратады. Қазіргі таңда ауруларға төзімділікті бақылау үшін, дәстүрлі селекциялық әдістермен қатар заманауи молекулалық тәсілдерді қолдану қажет. Осы мақсатқа жету үшін төзімділік белгілермен байланысқан молекулалық маркерлер пайдаланылды. Ventriup/LN2, SCM9 және csGS маркерлерін қолданып молекулалық скрининг жүргізу нәтижесінде сары және қоңыр татқа төзімді 19 бидай үлгілері идентификацияланды. Зертеу нәтижесінде 10 бидай генотипінде *Lr68* ген табылды. Сонымен қатар, *Lr37/Sr38/Yr17* комплексті гендер 6 үлгіде, ал *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* комплексті гендер 4 үлгіде идентификацияланды. Алынған нәтижелерді сары және қоңыр татқа төзімді бидай сорттарын шығару үшін қолдануға болады деп жоспарлануда.

Бидай – дүниежүзіндегі маңызды ауылшаруашылық дақылының бірі болып табылады. Қазақстан жоғары өнімді бидай өндіру жағынан алдынгы қатардағы мемлекеттердің бірі (жыл сайын 10 млн. т дейін өнім өндіріледі), ол Республикадағы бүкіл ауылшаруашылық өндірісінің 70 % құрайды [1]. Ауруды бақылау үшін генетикалық төзімді сорттарды қолдану экономика және экология жағынан пайдалы. Дүниежүзі бойынша бидай өнімінің көп мөлшерде шығынға ұшырауының негізгі себептерінің бірі саңырауқұлақ ауруларының қарқынды дамуы.

Генетикалық маркерлерді қолданып сары және қоңыр татқа төзімді, әрі жоғары өнімді бидайдың жаңа перспективті линиялары мен сорттарын шығару қазіргі таңда өсімдік генетикасы мен селекциясының өзекті мәселелерінің бірі болып отыр. Ауруға төзімділікті бақылау үшін осы белгілермен байланысқан молекулалық маркерлердің болуы қажет. Тат аурулары барлық астық дақылдарын өндіретін аймақтарда тараған.

Сары таттың қоздырушысы – *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* патогенді саңырауқұлағы. Бидайдың бұл ауруы дүниежүзінің көптеген аймақтарында кездеседі [2, 3 б.]. ФАО-ның мәліметтері бойынша бидайдың сары татынан өнімнің шығыны 10 нан 60 %-ға дейін жеткен, ол сорттардың төзімсіздігіне, инфекцияның даму уақытына, аурудың даму деңгейі мен жалғасуына байланысты [4, 5 б.]. Қазіргі таңда бидайдың төзімділік гендерінің каталогында 70-ке жуық сары татқа төзімді гендер тіркелген [6].

Қоңыр тат Қазақстандағы ең көп тараған бидай аурулары болып табылады [7]. Аурудың қоздырушысы – облигатты саңырауқұлақ *Puccinia triticiana* Eriks (синонимі – *Puccinia recondita* Rob.ex Desm. f.sp. *tritici*.) [8]. Әдебиеттердегі мәліметтер бойынша бидайдың қоңыр татының қоздырушысының 200-ге жуық расасы (патотиптері) анықталынған [9], олар өздерінің белгілі бір сорттарға агрессивтілігімен және вируленттілігімен ерекшеленеді. Генетикалық төзімділік қоңыр таттан өнім шығынын азайтудың негізгі әдістерінің бірі болып табылады. Қазіргі таңда төзімділік гендерінің каталогында қоңыр татқа төзімді 68 ген тіркелген [10].

Сары және қоңыр тат қоздырушыларына төзімді эффективті Yg және Lr -гендері жыл өткен сайын азаюда. Төзімді гендердің көздірін әрдайым іздеу қажет. Молекулалық маркерлерді селекция процесстерінде табысты қолдануға болады. Осылайша бұл зерттеуде сары және қоңыр татқа төзімді мынадай эффективті гендерге - *Lr68*, *Lr37-Sr38-Yr17* және *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* көңіл бөлінді. *Lr37* гені 1991 жылы анықтаған [11]. *Lr37* гені 2AS хромосомасында орналасқан. Бұл геннің көзі *Triticum ventricosa*, ал тесторлық линия VPM1 болып табылады. *Lr37* гені *Sr38* және *Yr17* гендерімен тығыз тіркескен [12], яғни *Lr37/Sr38/Yr17* комплексті гендерінде қоңыр (*Puccinia triticina*), сабақты (*Puccinia graminis*) және сары татқа (*Puccinia striiformis*) төзімді гендер орналасқан [13–16]. Төзімді *Lr26* гені карабидайдан интрадукцияланған және бидайдың 1BL.1RS транслокациясында орналасқан. 1BL.1RS карабидай транслокациясы дүниежүзі бойынша бидайдың селекциялық программаларында кеңінен пайдаланылған, себебі, онда сабақты (*Sr31*), сары татқа (*Yr9*) және ұнды шыққа төзімді (*Pm8*) гендер бар [17]. *Lr68* ересек кездегі төзімділік гені болып табылады және бидайдың қоңыр татының дамуын бәсеңдетеді. *Lr68* гені 7BL хромосомада локализацияланған, ген көзі ретінде бразилиялық бидай сорты Frontana қолданылған [18]. Зерттеудің мақсаты – эффективті Yg және Lr-ген тасымалдаушыларды молекулалық маркерлердің көмегімен идентификациялау.

Зерттеу әдістері мен материалдар

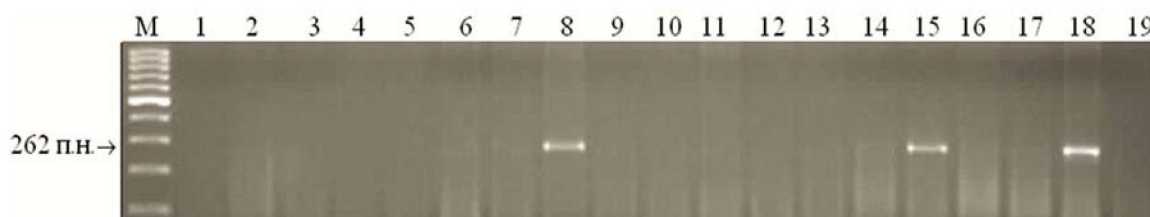
Зерттеу нысаны ретінде халықаралық ICARDA орталығынан жіберілген күздік бидайдың 30 үлгісі қолданылды. Геномдық ДНК бидайдың 5 күндік өскінінен СТАВ әдісінің негізінде бөлінді [19]. Төзімді гендердің тасымалдаушыларын идентификациялау үшін бидайдың сары және қоңыр татына төзімді гендермен байланысқан спецификалық праймерлермен ПТР (Полимеразалық тізбектік реакция) жүргізілді. Оң бақылау ретінде төзімділік гені бар бидай үлгілері қолданылды. *Lr37/Sr38/Yr17* комплексті гендерінің тасымалдаушыларын Ventrup/LN2 маркер [12], *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* комплексті гендерін SCM9 маркер қолдану арқылы анықтады [20]. *Lr68* ген тасымалдаушыларын идентификациялау үшін csGS маркерін қолданып ПТР амплификациясы жүргізілді.

ПТР-дің реакциялық қоспасының көлемі 25 мкл құрайды, оның ішінде 2,5 мкл 10x буфер Тақ-полимераза, 2,5 мкл dNTP, 0,5 мкл әр праймерден, 0,5 мкл Тақ-полимераза, 18 мкл MQ-H₂O. Амплификацияланған ДНК фрагменттерін анықтау үшін 2 %-тік агарозалық гель қолданылды [21]. Амплификацияны BIO RAD (T100TM Thermal Cycler, USA) амплификаторында келесі параметрлер бойынша жүргізілді: бастапқы денатурация – 94 °С 5 мин. 45 цикл – 1 мин. 94 °С; 1 мин .45 °С; 2 мин. 72 °С; соңғы элонгация 7 мин. 72 °С.

Нәтижелер мен талқылаулар

Қазіргі таңда ДНК-технологияны селекцияда қолдану селекциялық процесстің эффективтілігін жоғарлату үшін маңызды әдістердің бірі болып табылады. MAS (Marker assisted selection – маркер арқылы селекция) селекциясының әртүрлі схемасының көмегімен гендерді идентификациялау дәстүрлі селекциямен салыстырғанда сұрыптау көлемін азайтуға, беккросс жүргізу уақытын және бөгде фрагменттің ұзындығын бақылауға мүмкіндік береді [22]. Зерттеу – бидай үлгілеріне молекулалық скрининг жүргізу нәтижесінде төзімді Yr және Lr-гендерін анықтауға негізделген. Үлгілерден сары және қоңыр татқа төзімді (*Lr68*, *Lr37/Sr38/Yr17* және *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8*) гендері идентификацияланды.

Lr37/Sr38/Yr17 комплексті гендерінің тасымалдаушыларын идентификациялау үшін CAPS маркерлерінің көмегімен ПТР амплификация жүргізілді. Ventriup/LN2 CAPS-маркері (праймерлер: Ventriup 5'-TGC AGC TAC AGC AGT ATG TAC ACA AAA-3' және LN2 5'-AGG GGC TAC TGA CCA AGG CT-3') қазіргі таңда дүниежүзі бойынша бидай скринингі үшін ең көп қажет етілетіндердің бірі. Ventriup/LN2 маркермен ПТР жүргізгенде күтілетін амплификация өнімінің молекулалық салмағы 262 ж.н. [12]. Оң бақылау ретінде идентификацияланған *Lr37* төзімді гені бар американдық Madsen сорты қолданылды. 1-ші суретте амплификацияланған ДНК өнімінің электрофореграммасы көрсетілген.



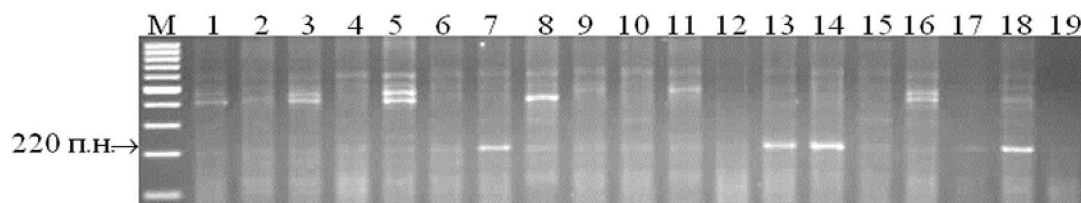
1-сурет – CAPS маркердің көмегімен *Lr37/Sr38/Yr17* комплексті гендерін идентификациялау:

М – Молекулалық маркердің салмағы (Gene-Ruler 50bp DNA Ladder); 1 – U11AGEC-1; 2 – U11AGEC-2; 3 – U11AGEC-3; 4 – U11AGEC-4; 5 – U11AGEC-5; 6 – U11AGEC-6; 7 – U11AGEC-7; 8 – U11AGEC-8; 9 – U11AGEC-9; 10 – U11AGEC-10; 11 – U11AGEC-11; 12 – U11AGEC-12; 13 – U11AGEC-13; 14 – U11AGEC-14; 15 – U11AGEC-15; 16 – U11AGEC-16; 17 – U11AGEC-17; 18 – Madsen (оң бақылау); 19 – Могоcco (теріс бақылау).
2 %-к агарозалық гель

ПТР-өнімінің салмағы 262 ж.н. құрайтын *Lr37/Sr38/Yr17* комплексті гендерінің тасымалдаушылары бар 2 бидай генотипі (U11AGEC-8 және U11AGEC-15) ерекшеленген (1-сурет).

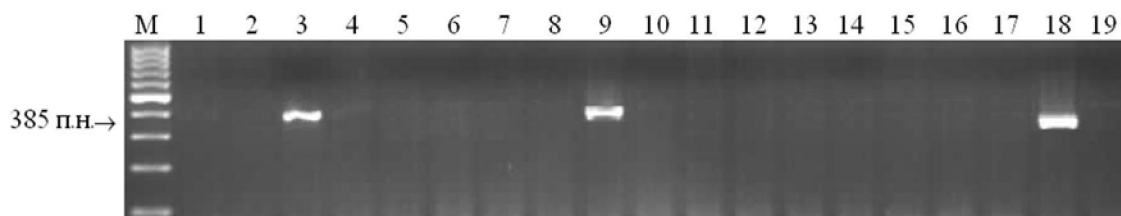
Төзімді *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* комплексті гендерінің идентификациясы SCM9 маркер арқылы WheatCap сайтында жарияланған ПТР протокол бойынша жүргізілді, күтілетін амплификация өнімінің молекулалық салмағы 220 ж.н. тұрады. [23]. SCM9 маркердің тізбегі: 5'-TGA CAA CCC CCT TTC CCT CGT-3' және 5'-TCA TCG ACG CTA AGG AGG ACC C-3'. Оң бақылау ретінде идентификацияланған *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* төзімді гендері бар Seti-82 сорты қолданылды. 2-ші суретте бидайдың 19 үлгісінің амплификацияланған ДНК өнімінің электрофореграммасы көрсетілген.

ПТР-ның нәтижесінде салмағы 220 ж.н. құрайтын амплификацияланған өнімі бар U11AGEC 10, U11AGEC 16, U11AGEC 17 линиялары ерекшеленді, яғни бұл 3 бидай генотипі *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* комплексті гендерінің тасымалдаушылары болып есептеледі (2-сурет).



2-сурет – STS маркердің көмегімен *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* комплексті гендерін идентификациялау:
 М – Молекулалық маркердің салмағы (Gene-Ruler 100bpDNALadder); 1 – U11AGEC 4, 2 – U11AGEC 5,
 3 – U11AGEC 6, 4 – U11AGEC 7, 5 – U11AGEC 8, 6 – U11AGEC 9, 7 – U11AGEC 10, 8 – U11AGEC 11,
 9 – U11AGEC 12, 10 – U11AGEC 13, 11 – U11AGEC 14, 12 – U11AGEC 15, 13 – U11AGEC 16, 14 – U11AGEC 17,
 15 – U11AGEC 18, 16 – U11AGEC 19, 17 – U11AGEC 20, 18 – Seri-82 (оң бақылау), 19 – Мороссо (теріс бақылау).
 3% агарозалық гель

Lr68 ген тасымалдаушыларын идентификациялау мақсатында STS csGS маркері арқылы ПТР-анализ жүргізілді. Бұл маркердің тізбегі: 5'-AAG ATT GTT CAC AGA TCC ATG TCA-3' және 5'-GAG TAT TCC GGC TCA AAA AGG-3'. ПТР жүргізгенде күтілетін амплификация фрагментінің салмағы 385 ж.н. [18]. Оң бақылау ретінде *Lr68* төзімді гені бар Parula сорты қолданылды. 3-ші суретте *Lr68* ген тасымалдаушыларын анықтау үшін ПТР анализдің нәтижесі көрсетілген.



3-сурет – *Lr68* гені үшін STS маркерді пайдаланып ДНК амплификация өнімдерінің электрофореграммасы:
 М – молекулалық маркердің салмағы (Gene-Ruler 100bp DNA Ladder); 1 – U11AGEC 13, 2 – U11AGEC 14,
 3 – U11AGEC 15, 4 – U11AGEC 16, 5 – U11AGEC 17, 6 – U11AGEC 18, 7 – U11AGEC 19, 8 – U11AGEC 20,
 9 – U11AGEC 21, 10 – U11AGEC22, 11 – U11AGEC23, 12 – U11AGEC24, 13 – U11AGEC25, 14 – U11AGEC27,
 15 – U11AGEC 28, 16 – U11AGEC 29, 17 – U11AGEC 30, 18 – Parula (оң бақылау); 19 – Мороссо (теріс бақылау).
 2% агарозалық гель

ПТР-анализ нәтижесінде салмағы 385 жұп нуклеотидті құрайтын *Lr68* гені бар 2 бидай генотипі ерекшеленді – U11AGEC15, U11AGEC21 (3-сурет).

Кестеде *Lr68*, *Lr37/Sr38/Yr17* және *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* төзімділік гендерімен байланысқан молекулалық маркерлерді қолданып бидайдың 30 перспективті линияларына жүргізілген молекулалық скринингтің нәтижесі көрсетілген.

Нәтижесінде зерттелген 30 бидай үлгілерінің ішінен 19 генотиптерінде төзімді *Yr* немесе *Lr*-гендер анықталды. Молекулалық скрининг барысында *Lr68* гені 10 үлгіде, *Lr37/Sr38/Yr17* комплексті гендері 6 үлгіде ал *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* комплексті гендері 4 үлгіде идентификацияланды. 11 бидай генотипінде төзімді гендер анықталмады, сондықтан бұл линиялар ауруға төзімсіз болып табылды. U11AGEC-15 линиясынан *Lr68* және *Lr37/Sr38/Yr17* төзімділік гендері анықталды, яғни бидайдың бұл үлгісі сары және қоңыр тат ауруларына төзімді болып табылды.

Қорыта келгенде, молекулалық маркерлерді қолданып бидайдың халықаралық ICARDA орталығынан алынған бидайдың 30 үлгісі молекулалық скрининг жүргізіліп, сары және қоңыр татқа төзімді *Lr68*, *Lr37/Sr38/Yr17*, *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* гендері идентификацияланды. Сонымен, зерттеу нәтижесінде келесі *Lr*-ген тасымалдаушылар ерекшеленді: *Lr68* гені U11AGEC-1, U11AGEC-2, U11AGEC-3, U11AGEC-4, U11AGEC-5, U11AGEC-7, U11AGEC-9, U11AGEC-11, U11AGEC-15, U11AGEC-21 линияларда; *Lr37/Sr38/Yr17* комплексті гендері U11AGEC-8, U11AGEC-15, U11AGEC-24, U11AGEC-25, U11AGEC-28, U11AGEC-29 линияларда және *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* комплексті гендері U11AGEC-10, U11AGEC-16, U11AGEC-17, U11AGEC-26 линияларда анықталды. U11AGEC-15 перспективті линиясы ерекше көзге түскен төзімділік доноры болып табылды, себебі бұл линияда *Lr68* және *Lr37/Sr38/Yr17* гендері идентификацияланды. Идентификацияланған *Lr*-гендер сорттардың қоңыр татқа төзімділігін жоғарлату үшін селекциялық бағдарламаларда донор ретінде қолдануға ұсынылады.

Бидай линияларының қоңыр татқа төзімді гендерінің молекулалық скринингінің нәтижесі

Атауы	Мекеме	Идентификацияланған <i>Lr</i> -гендері*		
		<i>Lr68</i> , 385 ж.н.	<i>Lr37/Sr38/Yr17</i> , 262 ж.н	<i>Lr26/Sr31/Yr9/Pm8</i> , 220 ж.н
U11AGEC-1	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-2	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-3	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-4	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-5	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-6	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-7	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-8	ICARDA	0	1	0
U11AGEC-9	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-10	ICARDA	0	0	1
U11AGEC-11	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-12	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-13	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-14	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-15	ICARDA	1	1	-
U11AGEC-16	ICARDA	0	0	1
U11AGEC-17	ICARDA	0	0	1
U11AGEC-18	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-19	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-20	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-21	ICARDA	1	0	0
U11AGEC-22	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-23	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-24	ICARDA	0	1	0
U11AGEC-25	ICARDA	0	1	0
U11AGEC-26	ICARDA	0	0	1
U11AGEC-27	ICARDA	0	0	0
U11AGEC-28	ICARDA	0	1	0
U11AGEC-29	ICARDA	0	1	0
U11AGEC-30	ICARDA	0	0	0

* “1” – төзімді *Lr*-гендері бар, “0” – төзімді *Lr*-гендері жоқ.

ӘДЕБИЕТ

[1] Уразалиев Р.А., Абсаггарова А.С. Селекционно-генетические исследования зерновых культур в Казахстане // Вестник ВОГиС. – 2005. – Т. 9, № 3. – С. 415-422.

[2] McIntosh R.A., Wellings C.R., Park R.F. Wheat rust: An atlas of Resistance Genes. – Dordrecht: Kluwer Acad. Publ., 1995. – P. 29-82.

[3] Wang C., Zhang Y., Han D., Kang Z., Li G., Cao A., Chen P (2008) SSR and STS markers for wheat stripe rust resistance gene Yr26. Euphytica 159: 359-366.

[4] McIntosh R.A., Wellings C.R., Park R.F., “Wheat Rusts: An Atlas of Resistance Genes,” Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, 1995. DOI:10.1007/978-94-011-0083-0.

[5] Chen X.M., Moore M., Milus E.A., Long D.L., Line R.F., Marshall D., Jackson L. Wheat stripe rust epidemics and races of *Puccinia striiformis* f.sp. tritici in the United States in 2000. Plant Disease. – 2002. – Vol. 86. – P. 39-46.

[6] McIntosh R.A., Dubcovsky J., Rogers J., Morris C., Appels R., Xia X., Catalogue of gene symbols for wheat: 2010 supplement // <http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene2010>.

- [7] Seyfarth R., Feuillet C., Schachermayr G., Winzeler M., Keller B (1999.) Development of a molecular marker for the adult plant leaf rust resistance gene *Lr35* in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 99: 554-560.
- [8] Кольбин Д.А., Волкова Г.В. Сорта зарубежной селекции, как источники неспецифической устойчивости к бурой ржавчине пшеницы // Мат-лы научно-практич. конф., посвящ. 50-летию ВНИИБЗР. – Краснодар, 2010. – С. 559-562.
- [9] Нettekвич Э.Д. Рождение и жизнь сорта. – М.: Московский рабочий, 1978. – 175 с.
- [10] Catalogue of Gene Symbols for Wheat. // Proceeding 12th International Wheat Genetics Symposium. 8–13 September 2013. Yokohama. – Japan, 2013. – 31 p.
- [11] Bariana H.C., McIntosh R.A. Genetic Studies on Stripe Rust Resistance in Wheat // Thesis, University of Sydney. – 1991. – P. 115.
- [12] Helguera M., Khan IA., Kolmer J., Lijavetzky D., Zhong-qi 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. – 43:1839-1847.
- [13] DyCK P.L., LUKOW O.M. (1988): The genetic analysis of two interspecific sources of leaf rust resistance and their effect on the quality of common wheat // *Can. J. Plant Sci.* – 1988. – Vol. 68, N 3. – P. 633-639.
- [14] MCINTOSH R.A., WELLINGS C.R., PARK R.F. (1995): *Wheat Rusts, an Atlas of Resistance Genes*. CSIRO Australia, Sidney, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht. The Netherlands, 1995. – 200 p. – ISBN 0-7923-3430-2.
- [15] ROBERT O., ABELARD C., DEDRYVER F. (1999): Identification of molecular markers for the detection of the yellow rust resistance gene *Yr17* in wheat // *In: Mol. Breed.* – 1999. – Vol. 5. – P. 167-175.
- [16] SEAH S., SPIELMEYER W., JAHIER J., SIVASITHAMPARAM K., LAGUDAH E.S. (2000): Resistance gene analogs within an introgressed chromosomal segment derived from *Triticum ventricosum* that confers resistance to nematode and rust pathogens in wheat // *Mol. Plant Microbe Interac.* – 2000. – Vol. 13. – P. 334–341.
- [17] De Froimont D. (1998): A co-dominant marker for the 1BL/1RS wheat-rye translocation via multiplex PCR // *Journal of Cereal Science*. – 27: 229-232.
- [18] Herrera-Foessel SA, Singh RP, Huerta-Espino J, Rosewarne GM, Periyannan SK, Viccar L, Calvo-Salazar V, Lan C, Lagudah ES. *Lr68*: a new gene conferring slow rusting resistance to leaf rust in wheat // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2012. – 124:1475-1486. DOI 10.1007/s00122-012-1802-1.
- [19] Riede C.R., Anderson J.A. Linkage of RFLP markers to an aluminum tolerance gene in wheat // *Crop Sci.* – 1996. – Vol. 36. – P. 905-909.
- [20] Saal B.G., Wricke G. Development of simple sequence repeats markers in rye (*Secale cereale L.*) // *Genome*. – 1999. – Vol. 42. – P. 964-972.
- [21] Chen X.M., Line R.F., Leung H. Genome scanning for resistance gene analogs in rice, barley, and wheat by high resolution electrophoresis // *Theor. Appl. Genet.* – 1998. – Vol. 97. – P. 345-355
- [22] Timonova E.M., Leonova I.N., Roder M.S., Salina E.A. Marker-assisted development and characterization of a set of *Triticum aestivum* lines carrying different introgressions from the *T. timopheevii* genome // *Mol. Breed.* – 2013. – Vol. 31. – P. 123-136.
- [23] Wheat Cap <http://maswheat.ucdavis.edu>

REFERENCES

- [1] Urazaliev R.A., Absattarova A.S. Selection and genetic studies of crops in Kazakhstan // *Bulletin VOGiS*. – 2005. – V. 9, № 3. – p. 415-422. (in Russ.).
- [2] McIntosh R.A., Wellings C.R., Park R.F. *Wheat rust: An atlas of Resistance Genes*. Dordrecht: Kluwer Acad. Publ., 1995. P. 29–82 (in Eng.).
- [3] Wang C., Zhang Y., Han D., Kang Z., Li G., Cao A., Chen P. 2008. SSR and STS markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr26*. *Euphytica* 159:359–366 (in Eng.).
- [4] McIntosh R.A., Wellings C.R., Park R.F., “*Wheat Rusts: An Atlas of Resistance Genes*,” Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, 1995. DOI:10.1007/978-94-011-0083-0 (in Eng.).
- [5] Chen X.M., Moore M., Milus E.A., Long D.L., Line R.F., Marshall D., Jackson L. Wheat stripe rust epidemics and races of *Puccinia striiformis* f. sp. tritici in the United States in 2000. *Plant Disease*. 2002. Vol. 86. P. 39–46 (in Eng.).
- [6] McIntosh R.A., Dubcovsky J., Rogers J., Morris C., Appels R., Xia X., Catalogue of gene symbols for wheat: 2010 supplement//<http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene2010> (in Eng.).
- [7] Seyfarth., Feuillet c., Schachermayr G., Winzeler M., Keller B. (1999.) Development of a molecular marker for the adult plant leaf rust resistance gene *Lr35* in wheat. *Theor. Appl. Genet.* 99: 554-560 (in Eng.).
- [8] Kolbin D.A., Volkova G.V. Foreign breeding varieties as sources of non-specific resistance to leaf rust of wheat. Materials of scientific-practical. Conf., dedicated. 50th anniversary VNIIBZR. - Krasnodar, 2010. - p. 559-562. (in Russ.).
- [9] Nettekвич E.D. The birth and life of variety. - M.: Moscow Worker, 1978. - 175 p. (in Russ.).
- [10] Catalogue of Gene Symbols for Wheat. Proceeding 12th International Wheat Genetics Symposium. 8–13 September 2013. Yokohama. Japan, 2013. 31 p (in Eng.).
- [11] Bariana H.C., McIntosh R.A. Genetic Studies on Stripe Rust Resistance in Wheat. Thesis, University of Sydney. 1991. P. 115 (in Eng.).
- [12] Helguera M, Khan IA, Kolmer J, Lijavetzky D, Zhong-qi 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, 43:1839-1847 (in Eng.).
- [13] DyCK, P.L. LUKOW, O.M. (1988): The genetic analysis of two interspecific sources of leaf rust resistance and their effect on the quality of common wheat. *In: Can. J. Plant Sci.* 1988. Vol. 68, N 3. P. 633–639 (in Eng.).
- [14] MCINTOSH, R.A. – WELLINGS, C.R. – PARK, R.F. (1995): *Wheat Rusts, an Atlas of Resistance Genes*. CSIRO Australia, Sidney, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands, 1995, 200 p. ISBN 0-7923-3430-2 (in Eng.).

- [15] ROBERT, O. – ABELARD, C. – DEDRYVER, F. (1999): Identification of molecular markers for the detection of the yellow rust resistance gene Yr17 in wheat. In: Mol. Breed. 1999. Vol. 5, P. 167–175 (in Eng.).
- [16] SEAH, S. – SPIELMEYER, W. – JAHIER, J. – SIVASITHAMPARAM, K. – LAGUDAH, E.S. (2000): Resistance gene analogs within an introgressed chromosomal segment derived from *Triticum ventricosum* that confers resistance to nematode and rust pathogens in wheat. In: Mol. Plant Microbe Interac., vol. 13, 2000. P. 334–341 (in Eng.).
- [17] De Froidmont D. (1998): A co-dominant marker for the 1BL/1RS wheat-rye translocation via multiplex PCR. Journal of Cereal Science, 27: 229–232 (in Eng.).
- [18] Herrera-Foessel S.A., Singh R.P., Huerta-Espino J., Rosewarne G.M., Periyannan S.K., Viccar L., Calvo-Salazar V., Lan C., Lagudah E.S. *Lr68*: a new gene conferring slow rusting resistance to leaf rust in wheat. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 124:1475-1486. DOI 10.1007/s00122-012-1802-1 (in Eng.).
- [19] Riede, C.R., and Anderson, J.A. Linkage of RFLP markers to an aluminum tolerance gene in wheat. Crop Sci. 1996. Vol. 36. P. 905-909 (in Eng.).
- [20] Saal B.G., Wricke G. Development of simple sequence repeats markers in rye (*Secale cereale L.*). Genome. 1999. Vol. 42. P. 964 972 (in Eng.).
- [21] Chen X.M., Line R.F., Leung H. Genome scanning for resistance gene analogs in rice, barley, and wheat by high resolution electrophoresis. Theor. Appl. Genet. 1998. Vol. 97. P. 345-355 (in Eng.).
- [22] Timonova E.M., Leonova I.N., Roder M.S., Salina E.A. Marker-assisted development and characterization of a set of *Triticum aestivum* lines carrying different introgressions from the *T. timopheevii* genome. Mol. Breed. 2013. Vol. 31. P. 123–136 (in Eng.).
- [23] Wheat Cap <http://maswheat.ucdavis.edu> (in Eng.).

ИДЕНТИФИКАЦИЯ НОСИТЕЛЕЙ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ЖЕЛТОЙ И БУРОЙ РЖАВЧИНЕ ПШЕНИЦЫ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ

М. Н. Атишова¹, А. М. Кохметова¹, З. Б. Сапахова¹,
А. К. Маденова¹, Р. А. Уразалиев², М. А. Есимбекова²

¹Институт биологии и биотехнологии растений, Алматы, Казахстан,

²Казахский НИИ земледелия и растениеводства, Алмалыбақ, Казахстан

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

Аннотация. Желтая (*Puccinia striiformis f.sp. tritici*) и бурая (*Puccinia recondite Rob.et desm f. tritici Eriks*) виды ржавчины пшеницы являются наиболее распространенными и опасными болезнями пшеницы, которые наносят серьезный экономический ущерб, снижая урожай и качества зерна. Для того чтобы контролировать устойчивость, очень важно иметь в распоряжении молекулярно-генетические маркеры, сопряженные с этим признаком. В качестве объектов исследования использован набор перспективных линий, предоставленных международным центром ICARDA. Молекулярный анализ на основе ПЦР проведен с использованием маркеров *Ventriur/LN2*, *SCM9* и *csGS*, который позволил идентифицировать 19 генотипов, устойчивых к бурой и желтой ржавчине пшеницы. В результате молекулярного скрининга выявлено 10 образцов с геном *Lr68*, 6 – с комплексом генов *Lr37/Sr38/Yr17* и 4 – с комплексом генов *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8*. Показано, что линия пшеницы U11AGEC-15 имеет в генотипе гены устойчивости *Lr68* и *Lr37/Sr38/Yr17*. Выявленные источники устойчивости к желтой и бурой ржавчине рекомендуются в качестве доноров в селекционных программах по повышению устойчивости к болезням пшеницы.

Поступила 20.05.2015 г.