

¹Ашимова А.Н.,
¹Ермекбаев К.А.,
^{1,2}Туруспеков Е.К.,
¹Абугалиева С.И.

¹Институт биологии и биотехнологии растений, Казахстан, Алматы
²Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Казахстан, Алматы

Генотипирование мировой коллекции овса с использованием микросателлитных маркеров

¹Ashimova A.N.,
¹Yermekbaev K.A.,
¹Turuspekov Y.K.,
¹Abugalieva S.I.

¹Institute of Plant Biology and Biotechnology, Kazakhstan, Almaty
²Kazakh National University by al-Farabi, Kazakhstan, Almaty

Genotyping the world collection of oat by microsatellite markers

¹Әшімова Ә.Н.,
¹Ермекбаев К.А.,
¹Туруспеков Е.К.,
¹Абугалиева С.И.

¹Өсімдіктердің биологиясы және биотехнологиясы институты, Қазақстан, Алматы
²Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Қазақстан, Алматы

Микросателлитті маркерлерді қолдану арқылы сұлының әлемдік коллекциясын генотиптеу

Коллекция овса *Avena sativa* L. и *Avena byzantina* c. Koch., состоящая из 163 сортов и линий селекции Казахстана, стран Европы и Америки, проанализирована с использованием 19 микросателлитных маркеров. В работе использовано 29 микросателлитных маркеров, 19 из которых оказались полиморфными для изучаемой коллекции. Генетическая изменчивость образцов коллекций проанализирована с применением программ PopGene и GenAlEx 6.5. Обнаружено 89 аллелей, со средним количеством аллелей на локус, равным 4,5 и эффективным количеством аллелей, равным 2,6. Количество аллелей на локус варьировало от 2 (AM25) до 8 (AM3). Рассчитаны индексы генетического разнообразия Шеннона и Нея как для всей коллекции, так и для регионов отдельно. Анализ позволил четко дифференцировать популяции овса из Казахстана, стран Северной и Южной Америки, Западной, Восточной и Северной Европы. Полученная информация может быть эффективно использована для генетической паспортизации коммерческих сортов, защиты интеллектуальных прав селекционеров, и для усиления селекционных проектов, направленных на повышение адаптивности и продуктивности овса в различных регионах Казахстана.

Ключевые слова: овес, мировая коллекция, генетическое разнообразие, ДНК-маркеры.

The collection of oat *Avena sativa* L. and *Avena byzantina* c. Koch. consisting from 163 accessions from Kazakhstan, Europe and America, has been studied by using polymorphic DNA microsatellite markers. In total, out of screened 29 markers, 19 markers were found to be polymorphic ones for this collection. Genetic variability of the collection was studied using PopGene and GenAlEx 6.5 software packages. In general 86 alleles were identified for analyzed markers, which suggested 4.5 average alleles per locus and 2.6 average effective alleles. Number of alleles was varied from 2 (AM25) to 8 (AM3). Genetic indexes of Shannon and Nei were calculated both for the entire population and separate regions. The grouping of the accessions allowed of identifying 11 separate clusters. Most of studied accessions from Kazakhstan were allocated in clusters I, III, and IV. The principal coordinate analysis (PCoA) was successfully applied to differentiate the groups of oat within studied collection. The total sum of first two coordinates in PCoA was 71.33%. It was found that North American and European accessions are genetically close to each other and far from distinct groups in Kazakhstan and South America. Obtained results could be effectively used in genotyping of commercial cultivars, in protection of intellectual rights of breeders, and for improving of oat adaptation and productivity in different regions of Kazakhstan.

Key words: oat, world collection, genetic diversity, DNA markers.

Қазақстан мен Американың және Еуропаның бірқатар мемлекеттерінің селекциясының 163 сорттары мен линияларынан құралған сұлының *Avena sativa* L. и *Avena byzantina* c. Koch., коллекциясы 19 микросателлитті маркерлерді қолдану арқылы талданды. Зерттеу жұмысына барлығы 27 микросателлитті маркер қолданылса, соның 19-ы зерттеліп жатқан коллекцияның ішінде полиморфизм көрсетті. Коллекция үлгілерінің генетикалық алуантүрлілігін талдау PopGene және GenAlEx 6.5 программаларының көмегімен жүзеге асты. Барлығы 86 аллель анықталды және орта есеппен бір локусқа 4,5 аллельден келіп және оның ішінде тиімді аллельдер саны 2,6 тең болды. Аллельдер саны бір локусқа 2-ден (AM25) 8-ге дейін (AM3) өзгеріп отырды. Барлық коллекция үшін және жекелеген аймақтар үшін Шеннон және Нейдің генетикалық алуантүрлілігінің индексі есептелді. Талдау, Қазақстан мен Солтүстік және Оңтүстік Американың, Солтүстік, Шығыс және Батыс Еуропаның сұлысының популяцияларын нақты дифференциациялауға мүмкіндік берді. Алынған нәтижелер Қазақстанның әртүрлі аймақтарында сұлының төзімділігі мен өнімділігін арттыруға бағытталған бағдарламаларда селекционерлермен бірге қолданылады.

Түйін сөздер: сұлы, әлемдік коллекция, генетикалық алуантүрлілік, ДНК-маркерлер.

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ МИРОВОЙ КОЛЛЕКЦИИ ОВСА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ

Введение

Овес посевной (*Avena sativa* L.) является важной пищевой и кормовой культурой. Овес занимает важное место среди зернофуражных культур с высокими показателями питательной ценности, содержанием белков и жиров, витаминов и сбалансированным аминокислотным составом [1; 2]. По сумме посевных площадей овес занимает пятое место в мире после пшеницы, риса, кукурузы и ячменя [1]. В настоящее время посевные площади под овсом занимают в мире менее 10 млн га. Казахстан является одной из основных стран, выращивающих овес, с посевной площадью около 200 тыс. га и производством в 226 тысяч тон. Широкий ареал возделывания данной культуры связан с богатством экотипов овса и их хорошей приспособленностью к условиям среды. Преимущества его среди других зерновых культур заключается в меньшей требовательности к почве, способности интенсивно использовать труднорастворимые соединения и поздно выпадающие осадки, а также повышенной устойчивости к поражению корневой гнилью и повреждениям скрытостебельными вредителями [3]. Несмотря на это, за последние годы площади под овсом в мировом земледелии сократились в два раза, а валовой сбор зерна уменьшился на 27% [4].

Для успешного развития селекционных программ, нацеленных на повышение адаптивности, продуктивности и качества овса, целесообразно использовать широкий пул генетических ресурсов из других регионов мира, оценить уровень разнообразия отечественных сортов и перспективных линий в сравнении с генетически разнообразной мировой коллекцией овса [2; 5]. Успехи в создании сортов, обладающих комплексом ценных признаков, высокой урожайностью и высоким качеством продукции в разнообразных условиях среды в большой степени зависят от многообразия и изученности исходного генетического материала [6; 7; 8]. В связи с этим значение мировых коллекций растений Всероссийского НИИ растениеводства им. Н.И. Вавилова для селекции и сельскохозяйственного производства увеличивается постоянно, а вклад новых сортов в повышение урожая уже достиг 75-85% [2]. В настоящее время

мировая коллекция овса ВНИИР им. Н.И. Вавилова насчитывает свыше 14000 образцов разного географического происхождения со всех континентов мира [2; 9]. Выделение источников по основным хозяйственно ценным признакам – одна из основных задач изучения мирового разнообразия овса [6]. В Государственный Реестр селекционных достижений, допущенных к использованию на территории Республики Казахстан, включено 15 сортов, в том числе сорта селекции КазНИИЗиР [10; 11] и НПЦЗХ им. А.И. Бараева [10; 12; 13], а также 6 сортов российской селекции и 1 сорт из Украины [10].

Изучение генетического разнообразия сортов важных сельскохозяйственных культур и их диких сородичей является обязательным условием успешного сохранения и рационального использования генетических ресурсов растений, в т.ч. различных видов дикорастущего и культивируемого овса, и проводятся во многих научных центрах мира [14; 15; 16]. Так, ряд работ опубликован по генетическому разнообразию *Avena sterilis* L. [14] и *Avena sativa* L. с использованием разных классов молекулярных маркеров [14; 17; 18]. Вместе с этим, несмотря на высокую актуальность, аналогичные работы не проводились в Казахстане, либо носили редкий или узкий характер [19]. В связи с этим, целью данной работы было изучение генетического разнообразия в мировой и отечественной кол-

лекции овса. В работе использована коллекция овса, изученная нами ранее в полевых условиях 2011-2014 годов в 3 регионах Казахстана [20; 21; 22]. Для изучения генетического разнообразия сортов овса отечественной и зарубежной селекции нами выбраны высоко полиморфные микросателлитные маркеры или SSR-маркеры (*simple sequence repeats*). Данный класс ДНК-маркеров отличается высокой информативностью, надежностью, наличием информации по хромосомной локализации.

Исследования по изучению генетического разнообразия и идентификации генетических ресурсов овса с использованием современных подходов и методов, по поиску и идентификации новых маркеров признаков продуктивности поможет перевести генетико-селекционные программы, направленные на повышение урожайности и качества на новый качественный уровень.

Материалы и методы

В работе использована коллекция овса, состоящая из 163 сортов и линий, относящиеся к видам *Avena sativa* L. и *Avena byzantina* c. Koch. (Рисунки 1а и 1б). Большинство анализируемых образцов коллекции *Avena sativa* L. принадлежало разновидностям *mutica* и *aurea* (рисунок 1б).

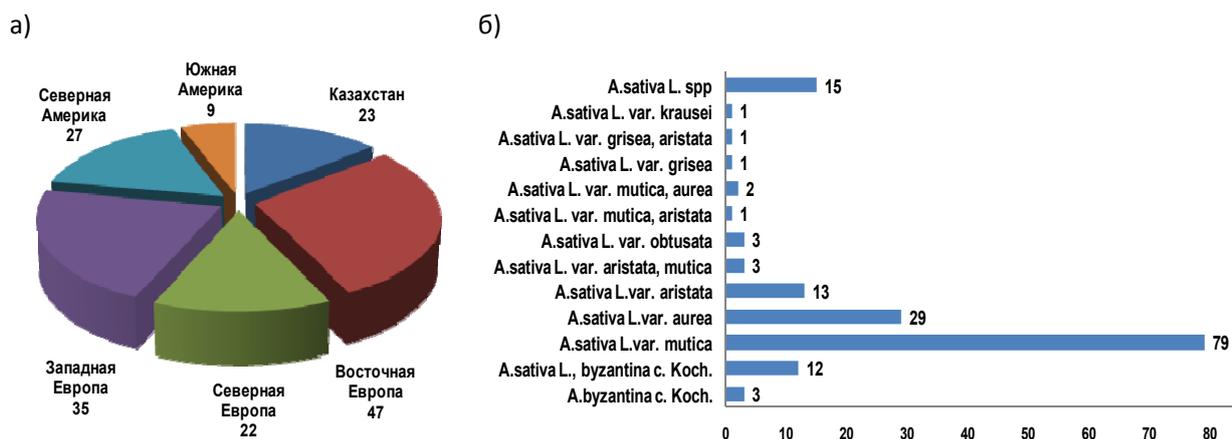


Рисунок 1 – Распределение сортов и линий коллекции овса по регионам (а) и разновидностям (б)

Основная часть коллекции (140 образцов), являющаяся небольшой частью мировой коллекции овса ВИР, предоставлена проф. И.Г. Лоскутовым (ВИР им. Н.И. Вавилова, РФ), и

представлена сортами из различных стран – России (24), Украины и Беларуси (4), Канады (10), США (17), стран Южной Америки (9), Европы (75) (рисунок 1а). Остальная часть изучаемой

нами коллекции овса включала 23 образца казахстанской селекции, среди которых – 1) 4 сорта, созданные в НПЦЗХ им. А.И. Бараева: Oat-001 (13494, Ишимский 14), Oat-020 (Арман), Oat-022 (Битик), Oat-025 (Никола); 2) 5 сортов селекции КазНИИЗиР: (Oat-017 (Тулпар), Oat-019 (Аламан), Oat-021 (Байге), Oat-023 (ЖорҒа), Oat-024 (Кулагер) 3) 14 перспективных линий ярового овса селекции КазНИИЗиР, предоставленные проф. Б.С. Сариевым: (Oat-002 (8-84), Oat-003 (10-6), Oat-004 (14-46), Oat-005 (16-19), Oat-006 (24-48), Oat-007 (28-129), Oat-008 (28-86), Oat-009 (45-13), Oat-010 (80-94), Oat-011 (1035-2161),

Oat-012 (1620-86), Oat-013 (2102-70к), Oat-014 (2141-78), Oat-015 (2141-7611). Все перечисленные сорта казахстанской селекции, за исключением сорта Тулпар, включены в Государственный реестр селекционных достижений РК [10].

Выделение ДНК проводили по *DeLaporta*, 1983 [23]. Концентрацию ДНК определяли спектрофотометрически на спектрофотометре BioRad (США). Для микросателлитного анализа применяли метод ПЦР с использованием 29 пар SSR-праймеров [24]. Для выявления уровня генетического разнообразия нами было использовано 19 полиморфных маркеров (таблица 1).

Таблица 1 – Информация по праймерам, использованным для SSR-анализа коллекции овса

Праймер	Последовательности прямого и обратного праймеров	Мотив
AM1	5'GGATCCTCCACGCTGTTGA 5'CTCATCCGTATGGGCTTTA	(AG) ²¹ (CAGAG) ⁶
AM3	5'CTGGTCATCCTCGCCGTTCA 5'CATTAGCCAGGTTGCCAGGTC	(AG) ³⁵
AM14	5'GTGGTGGGCACGGTATCA 5'TGGGTGGCGAAGPCGAATC	(AC) ²¹
AM22	5'ATTGTATTTGTAGCCCCAGTTC 5'AAGAGCGACCCAGTTGTATG	(AC) ²²
AM25	5'AGCCTGGACATGTAATCTGGT 5'AGCCCTGGTCTTCTCAACA	(AC) ⁸ ..(AC) ⁴ (CT) ⁴
AM31	5'GCAAAGGCCATATGGTGAGAA 5'CATAGGTTTGCCATTCGTGGT	(GAA) ²³
AM56	5'CGCGACGGCTTTGTGTT 5'CCGCGCCTCTTTGGTATT	(AG) ⁸
AM87	5'GAGCAAGCTCTGGATGGAAA 5'CCCGTTTATGTGGTTGTTAGC	(AC) ¹³
AM102	5'TGGTCAGCAAGCATCACAAT 5'TGTGCATGCATCTGTGCTTA	(AC) ⁹
AM112	5'AGCGGTGTAGGGGAAAGAGT 5'TTCTTGGTTTAGATGGGAGGA	(AG) ³ (AC) ⁹ (AT) ⁸
MAMA1	5'GTGCGCCTCTAACGAAAAAT 5'CATGCTGGCGAAATCTATCA	GATA(n)
MAMA2	5'TTCCCACTCCGTGTTCTCTC 5'GATGGACGCACAAGAATCG	TCTA(n)
MAMA3	5'ATGTTCTCCAATGGGACTGC 5'ATCGGATGACTGTGTGA	TCTA(n)
MAMA4	5'GGAGTGGGCGTTTGACATTA 5'CAGCTACCGGTTTTCAATCC	TCTA(n)
MAMA5	5'GGATTGGGACTTCGCATCTA 5'AACCCTAATTAAGTCTCCGTTTC	TCTA(n)
MAMA6	5'GACTAAATCACACAACCCAACC 5'GCAGAATCGCGGAAAGA	TC(n)TCTA(n)TC(n)
MAMA11	5'TGTATGCACCGATGCAATTT 5'GACTACCGCCAGATGAGAC	TCTA(n)
MAMA12	5'TCGAAACCTATTTCAATGGAAAA 5'GGTTGGAGCTTACAGGTGGA	TCTA(n)
HVM67	5'GTCGGGCTCCATTGCTCT 5'CCGTTACCCAGTGACGAC	(GA) ¹¹

Реакционная среда для SSR-амплификации включала 0.2 мМ каждого dNTP, 250 нМ каждого праймера, 0,5-1.5 мМ MgCl₂, 1 ед. *Taq*-полимеразы, 30-50 ng исследуемой ДНК. По-лимеразную цепную реакцию (ПЦР), включающую предварительную денатурацию тотальной ДНК при 94°C в течение 1 мин., последующие 30 циклов (94°C – 30 сек., 60°C – 1 мин., 72°C – 1 мин.) и элонгацию при 72°C – 7 мин., проводили, используя термоамплификатор Veriti (*Applied Biosystems*). Продукты ПЦР разделяли электрофоретически в 6% по-лиакриламидном геле в трис-ЭДТА-боратном буфере pH 8,0.

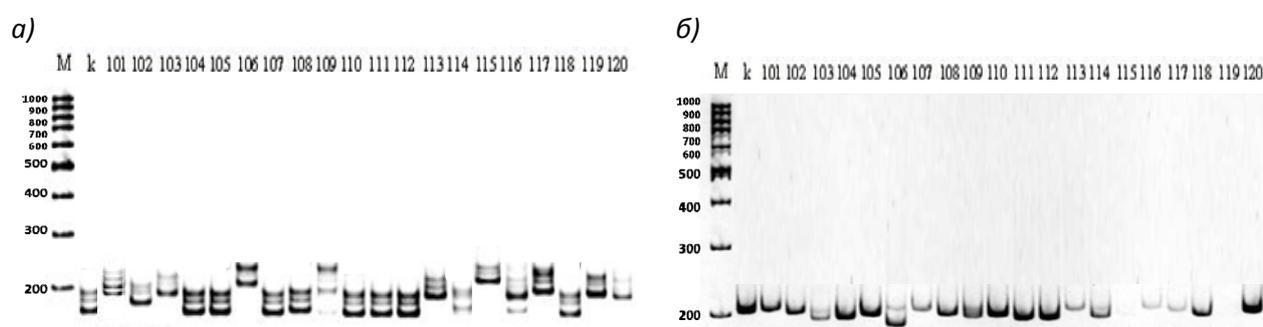
В работе использованы статистические программы для определения генетических

расстояний и генетического разнообразия: PopGene32 [25] и GenAlEx 6.5 [26].

Результаты и их обсуждение

В работе использовано 29 микросателлитных маркеров, 19 из которых оказались поли-морфными для изучаемой коллекции. Мономорфными для данной коллекции сортов овса оказались маркеры AM21, AM41, AM28, AM42, AM57, AM61, AM115, AM59, AM104 и МАМА7.

На рисунке 2 в качестве примера представлены электрофореграммы образцов изучаемой мировой коллекции овса по SSR-маркерам МАМА1 (а) и МАМА6 (б), соответственно.



М – молекулярный маркер (Fermentas, 100 bp), 81-120 образцы овса

Рисунок 2 – Электрофореграммы образцов овса по SSR-маркерам МАМА1 (а) и МАМА6 (б)

Для 19 полиморфных микросателлитных локусов всего было обнаружено 86 аллелей, со средним количеством аллелей на локус, равным 4,5 (таблица 2). При этом количество эффективных аллелей для всей коллекции варьировало от 2 (AM25 и AM31) до 7 (AM3 и МАМА6) со средним значением 2,6.

Генотипическое разнообразие проанализировано с использованием анализа молекулярной изменчивости (AMOVA) с применением программы GenAlEx 6.5. Рассчитаны индексы генетического разнообразия Шеннона, Нея и PIC как для всей коллекции, так и для регионов отдельно (таблицы 2 и 3). Так, значения данных показателей для всей коллекции овса оказались равными 1,002; 0,532 и 0,4796, соответственно. При этом индекс генетического разнообразия Нея варьировал по регионам от 0,475 (Южная Америка) до 0,525 (Казахстан) (таблица 3). Результаты анализа позволили определить высокий уровень генетического разнообразия в

отечественных образцах овса по сравнению с изученными образцами из других регионов мира. Наиболее высокие значения генетического разнообразия по Нею среди анализированных групп образцов овса были выявлены для коллекции сортов и перспективных линий овса Казахстана и Восточной Европы (0,525 и 0,521, соответственно) [20. 22].

Индекс разнообразия Нея для образцов из Казахстана (0,525) был практически идентичен для значения данного индекса при анализе всей мировой коллекции овса (0,526), что свидетельствует о широком использовании зарубежных генетических ресурсов овса в отечественных селекционных программах и соотносится с данными по происхождению сортов казахстанской селекции [11, 12]. Информационный индекс Шеннона варьировал в среднем по регионам в пределах 0.830-0.990, среднее значение показателя для всей коллекции (без разделения на регионы) равня-

лось 1,0019 (таблица 3). Аналогичная картина наблюдалась при анализе коллекций с использованием индекса информативности маркеров, PIC, среднее значение которого варьировало по регионам от 0,3841 (Южная Америка) до

0,4873 (Казахстан) (таблица 2), при этом среднее значение показателя для всей коллекции составило 0,4796. Наиболее информативным (PIC выше, чем 0,740) в наших исследованиях оказался маркер МАМА6 (таблица 2).

Таблица 2 – Оценка уровня генетического разнообразия SSR-локусов коллекции овса

Локус	na	ne	I	h	PIC
AM-1	6	3,5	1,4150	0,7140	0,6655
AM-102	4	1,3	0,4881	0,2250	0,2149
AM-112	4	1,4	0,6154	0,2942	0,2783
AM-14	6	3,1	1,2749	0,6753	0,6141
AM-22	5	3,0	1,2385	0,6616	0,5990
AM-25	2	1,1	0,2136	0,1043	0,0989
AM-3	7	3,4	1,4155	0,7049	0,6623
AM-31	2	1,8	0,6474	0,4550	0,3515
AM-56	4	2,1	0,9625	0,5211	0,4740
AM-87	4	1,1	0,3191	0,1288	0,1260
HVM-67	2	1,7	0,6061	0,4155	0,3292
МАМА-1	6	3,4	1,3993	0,7035	0,6567
МАМА-2	4	2,8	1,1712	0,6382	0,5825
МАМА-3	5	2,8	1,2139	0,6421	0,5867
МАМА-4	3	2,1	0,7725	0,5150	0,4013
МАМА-5	6	2,9	1,3018	0,6578	0,6015
МАМА-6	7	5,2	1,7582	0,8083	0,7819
МАМА-11	6	3,8	1,4711	0,7390	0,6975
МАМА-12	3	2,0	0,7526	0,4984	0,3913
Среднее	4,5	2,6	1,0019	0,5317	0,4796
Стандартное отклонение	1,6	1,1	0,4400	0,2115	0,2069

Примечание: na – количество аллелей на локус; ne – эффективное количество аллелей; I – информационный индекс Шеннона; h – индекс разнообразия Нея; PIC – индекс информативности маркеров

Таблица 3 – Оценка уровня генетического разнообразия коллекции овса в разрезе регионов на основе микросателлитного анализа с использованием 19 SSR маркеров

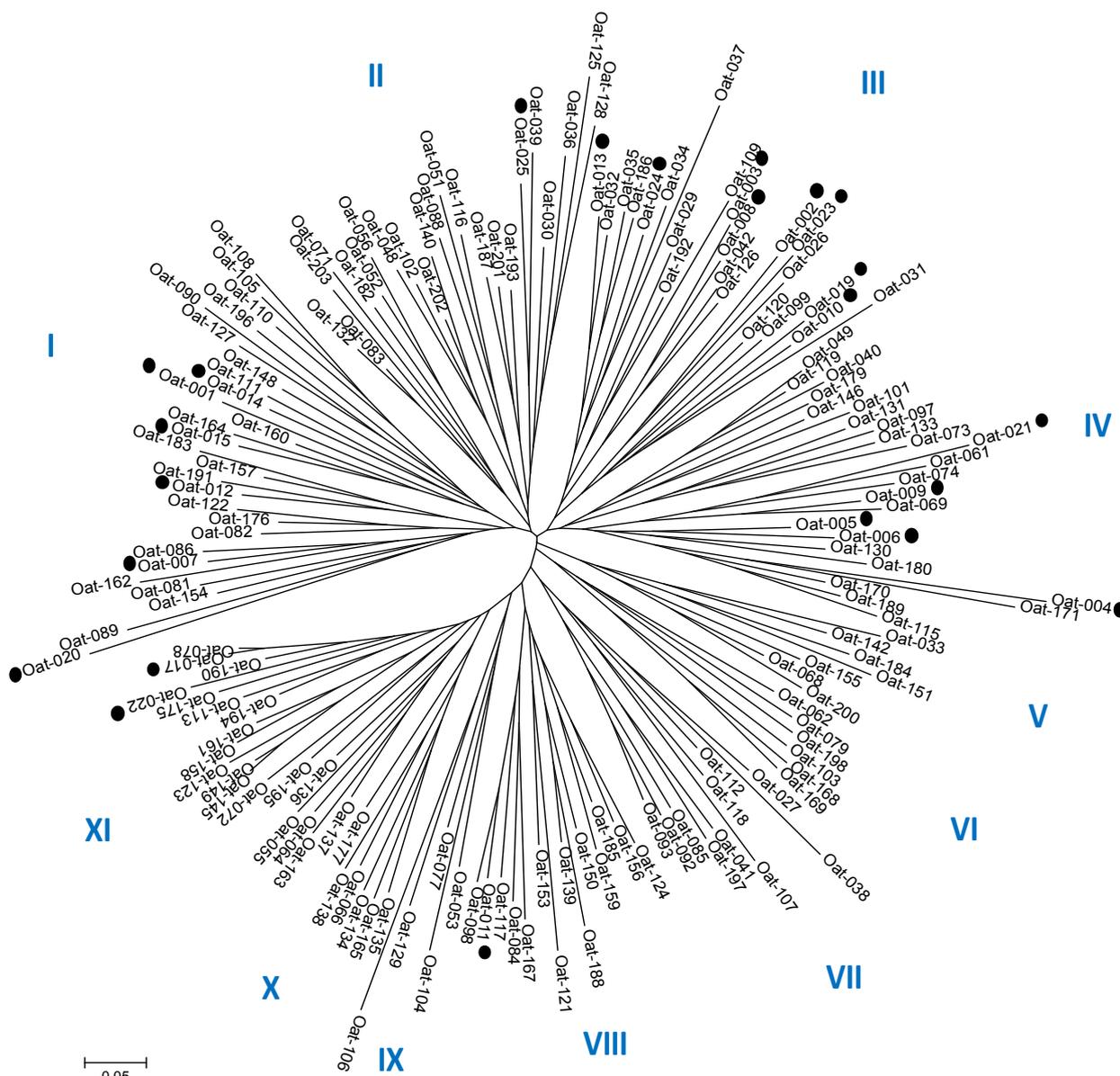
Популяция	Кол-во	na	ne	I	h	PIC
Казахстан	23	3,6±0,30	2,5±0,26	0,966±0,099	0,525±0,047	0,4783±0,036
Восточная Европа	47	4,0±0,37	2,5±0,25	0,965±0,106	0,521±0,052	0,4702±0,043
Северная Европа	22	3,5±0,27	2,3±0,18	0,874±0,093	0,483±0,049	0,4311±0,037
Западная Европа	35	3,7±0,38	2,3±0,24	0,880±0,106	0,482±0,052	0,4294±0,043
Северная Америка	27	3,8±0,35	2,3±0,24	0,913±0,105	0,492±0,051	0,4437±0,043
Южная Америка	9	2,9±0,27	2,2±0,19	0,830±0,100	0,475±0,053	0,3841±0,044

Примечание: na – количество аллелей на локус; ne – эффективное количество аллелей; I – информационный индекс Шеннона; h – индекс разнообразия Нея; PIC – индекс информативности маркеров

На рисунке 3 представлена дендрограмма сходства-различий анализированных образцов коллекции овса.

Как видно из рисунка 3, образцы коллекции распределились в 11 кластеров. При этом

казахстанские образцы сгруппировались, в основном, в I, III и IV кластерах. Среди 22 образцов III-го кластера большинство составили казахстанские (8) и российские (7) образцы овса. V и X кластеры сформировали сорта только из европейских стран.



I-XI – кластеры, точкой отмечены казахстанские образцы овса

Рисунок 3 – Дендрограмма сходства и различий анализированных 163 образцов мировой коллекции овса на основе использования 19 микросателлитных маркеров

Полиморфизм, выявленный в данном исследовании, соответствует работам других авторов, наблюдавших невысокий уровень полиморфизма европейских сортов [5], низкий уровень

разнообразия между канадскими и китайскими сортами овса [27].

Вместе с этим, анализ главных координатных компонент (PCoA), свидетельствует об определении

ленной генетической обособленности образцов овса из Казахстана (Рисунок 4).

Из графика, представленного на рисунке 4, видно, что европейские и североамериканские образцы оказались более близкими в системе двух главных координат, тогда как образцы из Казахстана и Южной Америки значительно обособлены от основных изученных групп овса (Ри-

сунок 4). Общая сумма первых двух главных компонент составила 71,33%, где первая компонента (51,45%) эффективно обособила южноамериканские образцы от всех остальных регионов мира.

Также определенные закономерности были выявлены при анализе распределения образцов овса в зависимости от их разновидностей (рисунок 5).

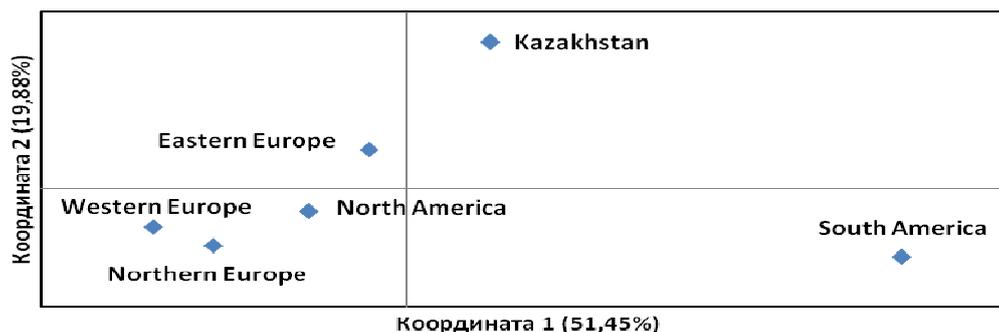


Рисунок 4 – Генетическая обособленность образцов овса из различных регионов мира на основе использования SSR-маркеров и метода главных координатных компонент

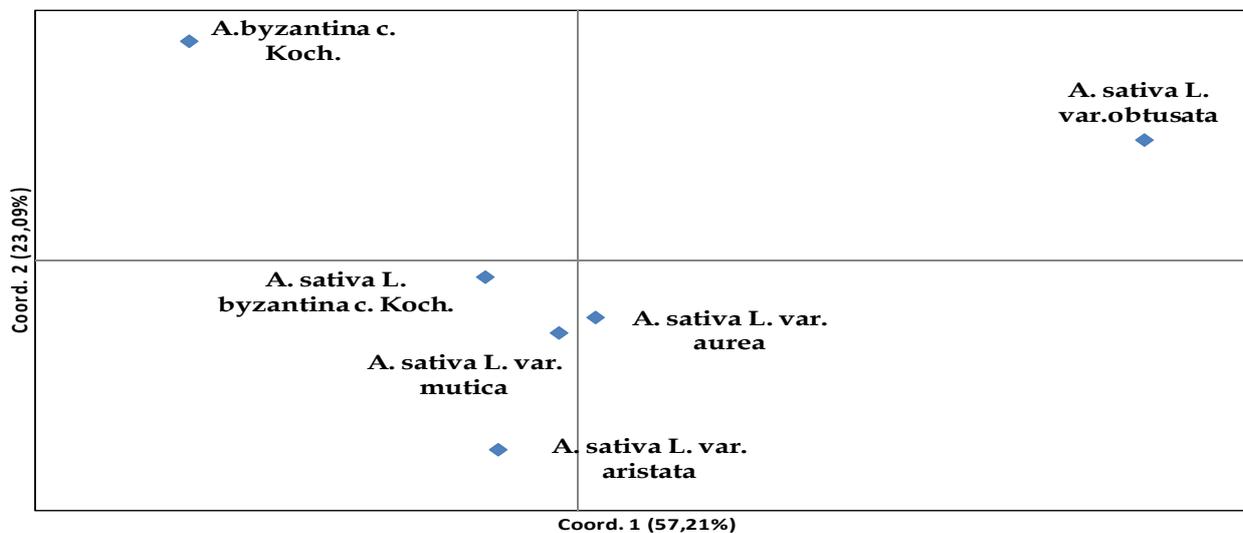


Рисунок 5 – Генетическая обособленность разновидностей овса на основе использования полиморфизма SSR-маркеров и метода главных координатных компонент

Так, большинство разновидностей овса сгруппировались в нижнем левом блоке графика, тогда как разновидности *A. byzantine* var. Koch и *A. sativa* L. var. *obtusata* оказались значительно обособлены от основных изученных групп. Полученные результаты позволяют косвенно оценить генетическое родство изученных разновид-

ностей, что может быть успешно использовано в селекционных исследованиях при подборе родительских пар для скрещивания перспективных образцов.

Таким образом, полученные результаты свидетельствуют о высоком уровне генетического разнообразия овса из Казахстана в сравнении

с образцами их других регионов мира. Результаты позволили идентифицировать наиболее информативные микросателлитные ДНК-маркеры генома овса, которые могут быть с успехом использованы при генетической паспортизации коммерческих сотов овса, и при защите интеллектуальных прав селекционеров.

*Работа выполнена в рамках проекта 0050/ГФ «Генетическое разнообразие и вариабильность хозяйственно-ценных признаков сортов и линий отечественной и мировой коллекции овса *Avena sativa* L.» по бюджетной программе МОН РК «Грантовое финансирование научных исследований» на 2013-2015 гг.*

Литература

- 1 Stevens EJ, Armstrong KW, Bezar HJ, Griffin WB, Hampton JB (2004) «Fodder oats: an overview» in Fodder Oats: A World Overview, JM Suttie and SG Reynolds, Eds., Plant Production and Protection Series, FAO, Rome, Italy. 33:11-18.
- 2 Loskutov IG, Blinov EV (2013) Genetic resources for oats promising areas of selection. Works of applied botany, genetics and breeding [Geneticheskie resursy ovsa dlya perspektivnyh napravlenii selekcii. Trudy po prikladnoi botanike, genetike i selekcii] 177:42-45. (In Russian)
- 3 Batalova GA (2000) Oats, technology of cultivation and breeding [Oves, tehnologiya vozdelovaniya i selekciya]. Kirov. P.206. (In Russian)
- 4 Sartakova SV (2004) The global gene pool of oats role in addressing the priorities of selection problems in Western Siberia. The genetic resources of cultivated plants [Geneticheskie resursy kulturnyh rastenii]. St. Petersburg, Russia. P.110. (In Russian)
- 5 He X, Bjornstad A (2012) Diversity of North European oat analyzed by SSR, AFLP and DArT markers, Theoretical and Applied Genetics, 125(1):57-70. DOI: 10.1007/s00122-012-1816-8
- 6 Loskutov I.G (2009) Genetic resources oats and barley – a source of productive breeding in Russia [Geneticheskie resursy ovsa i yachmenya – istochnik rezul'tativnoi selekcii v Rosii]. Reports International Vavilov Conference, Russia. P.200-205. (In Russian)
- 7 Turuspekov Y, Sariev B, Chudinov V, Sereda G, Tokhetova L, Ortaev A, Tsygankov V, Doszhanov M, Volis S, Abugalieva S (2013) Genotype X environment interaction patterns for grain yield of spring barley in different regions of Kazakhstan, Genetics, 49(2):196-205. DOI: 10.1134/S1022795413020129
- 8 Zeng XQ (2015) Genetic variability in agronomic traits of a germplasm collection of hulless barley, Genet Mol Res., 28;14(4):18356-69. DOI: 10.4238/2015
- 9 Loskutov IG, Kovaleva ON, Blinova EV (2011) Guidelines for the study and conservation of the world collection of barley and oats [Metodicheskie ukazaniya po izucheniyu i sohraneniyu mirovoi kollekcii yachmenya i ovsa]. Russia. P.46. (In Russian)
- 10 State Register of Breeding Achievements Approved for use in the Republic of Kazakhstan [Gosudarstvennyi reestr selekcionnyh dostizhenii, dopushennyh k ispol'zovaniyu v Respublike Kazakhstan]. Astana, Kazakhstan, 2014. P.238. (In Russian)
- 11 Sariev BS, Tohetova LA, Abugaliyeva AI, Zhundibaev KK, Baimuratov AZ (2013) Adapted and prospective varieties of forage crops established in KazNIIZiR [Raionirovannye i perspektivnye sorta zernofurozhainykh kultur, sozdannykh v KazNIIR]. Astana, Kazakhstan. P.36. (In Russian)
- 12 Varieties of grain crops breeding NPC Grain Farming by Barayev AI [Sorta zernovykh kultur selekcii NPC zernovogo hozyaistva im. AI Barayeva] (2011), Catalogue. Astana, Kazakhstan. P.65. (In Russian)
- 13 Kaskarbaev JA (2001) Formation of the duration of the growing season of crops of oats depending on the variety, sowing date and fertilizer. Grain economy [Formirovanie prodolzhitel'nosti vegetatsionnogo perioda posevov ovsa v zavisimosti ot sroka poseva i udobrenii. Zernovoe hozyaistvo] 1:33-34. (In Russian)
- 14 Fu YB, Chong J, Fetch T, Wang ML (2007) Microsatellite variation in *Avena sterilis* oat germplasm, Theoretical and Applied Genetics, 114(6):1029-38. DOI 10.1007/s00122-006-0496-7
- 15 Montilla-Bascon G, Sanchez-Martín J, Rispail N, Rubiales D, Mur L, Langdon T, Griffiths I, Howarth C, Prats E (2013) Genetic Diversity and Population Structure Among Oat Cultivars and Landraces, Plant Molecular Biology, 31:1305–1314. DOI 10.1007/s11105-013-0598-8
- 16 Sood VK, Rana I, Hussain W, Chaudhary HK (2016) Genetic Diversity of Genus *Avena* from North Western-Himalayas Using Molecular Markers Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences, 86(1):151-158.
- 17 Wu B, Zhang Z, Chen L, He M (2012) Isolation and characterization of novel microsatellite markers for *Avena sativa* (Poaceae oat), American Journal of Botany, 99(2):e69-71. DOI: 10.3732/ajb.1100404
- 18 Sheikhepour S, Bahraminejad S, Cheghamirza K (2014) Morphological and molecular genetic variations of oat genotypes grown in Kermanshah, Iran, Molecular Biology Reports, 41(6):4023-30. DOI: 10.1007/s11033-014-3271-x
- 19 Nurpeissov M, Abugaliyeva AI, Langdon T (2015) Genetic Identification of Kazakhstan Oat. Varieties Biosciences Biotechnology Research Asia, 12(3):2227-2233.
- 20 Abugalieva S, Ermekbaev K, Sariev B, Chudinov V, Sereda G, Turuspekov Y (2013) Genotyping and phenotyping of oat collection, 2nd Conference of Cereal Biotechnology and Breeding, Budapest. P.51
- 21 Abugaliyeva SI, Sereda GA, Chudinov VA, Sariev BS, Turuspekov YK (2013) Analysis of agronomic characters of world collection of oats grown in three different regions of Kazakhstan. Works of applied botany, genetics and breeding [Analiz hozyaist-

venno-cennyh priznakov mirovoi kollekcii ovca, vyrashennoi v treh razlichnyh regionah Kazakhstana. Trudy po prikladnoi botanike, genetike i selekcii] 171:168-174. (In Russian)

22 Abugaliyeva SI, Chudinov VA, Sereda GA, Sariyev BS, Turuspekov YK (2014) Genetic and phenotypic diversity of the collection of oats (*Avena sativa* L.), Proceedings of the 2nd International Conference «Problems of evolution and systematics of cultivated plants» [Geneticheskoe i fenotipicheskoe raznoobrazie kollekcii ovsa (*Avena sativa* L.), Materialy 2-oi mezhdunarodnoi konferencii «Problemy evolyucii i sistematiki kulturnyh rastenii»] St. Petersburg, Russia. P.36. (In Russian)

23 Delaporta SL, Wood J, Hicks JB (1983) A plant DNA miniprep. Version II, Plant Mol. Biol. Rep, P.19-21.

24 Wight CP, Yan, W, Mitchell Fetch JW, Deyl JK and Tinker NA (2010) A Set of New Simple Sequence Repeat and Avenin DNA Markers Suitable for Mapping and Fingerprinting Studies in Oat (*Avena* spp.), Crop Science, 50(4):1207-1218. DOI: 10.2135/cropsci2009.09.0474

25 Yeh F, Yang R, Boyle T, Ye Z (2000) Microsoft Windows-Based Freeware for Population Genetic Analysis Version 1.32 ed. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, Edmonton.

26 Smouse PE, Whitehead MR, Peakall R. (2015) An informational diversity framework, illustrated with sexually deceptive orchids in early stages of speciation, Molecular Ecology Resources, 15:1375-1384. DOI 10.1111/1755-0998.12422

27 Baohong G, Zhou X, Murphy JP (2003) Genetic variation within Chinese and western cultivated oat accessions. Cereal Research Communication. 31(3-4):339–346