





Е.А. Салина¹ , Н.В. Терлецкая^{2,3} ,
М.А. Нестеров¹ , У. Ережетова^{4*} 

¹РГА СБ Цитология және генетика институты, Ресей, Новосибирск қ.

²Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Қазақстан, Алматы қ.

³Қазақ ұлттық қыздар педагогикалық университеті, Қазақстан, Алматы қ.

*e-mail:erezhetkyzy@mail.ru

МАСАҚТАНУ МЕРЗІМІН АНЫҚТАЙТЫН МАРКЕРЛЕРДІ ҚОЛДАНА ОТЫРЫП, БИДАЙДЫҢ АЛЛОПЛАЗМАЛЫҚ ТІЗБЕКТЕРІНЕ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ТАЛДАУ ЖАСАУ

Масақтану уақытын анықтайтын гендерге маркерлерді қолдана отырып, құрғақшылыққа және вегетациялық кезеңдерге төзімділігімен ерекшеленетін бидайдың аллоплазмалық сызықтарының генетикалық әртүрлілігіне зерттеу жүргізілді. Зерттеу нысандары ретінде Мироновская 808 сортының бір түрдің цитоплазмасын басқа түрдің ядролық геномымен біріктіру және одан кейінгі көпжылдық сұрыптау нәтижесінде будандастыру арқылы алған *T. dicoccum* var *Araratum* (Host.) және *T. Aestivum* 9 аллолиниясы алынған болатын. ПТР көмегімен *Vrn* және *Ppd* гендеріне талдау жүргізілді, соның нәтижесінде олар масақтану уақытын анықтайтындығы белгілі болды. Рецессивті яровизация гендері мен фотопериод бойынша аллолиниялардың көпшілігі Мироновская-808 сортының генотипін жалғастыратыны анықталды. Ерекшелік тек қана *VRN-b1c* тізбегіндегі *D-n-05* аллелінде анықталды. *Ppd-D1* гендеріне аллельге тән праймерлерді пайдалана отырып талдау нәтижесінде *Ppd-D1a*, ал гетерозиготалы күйде *D-d-05b* және *D-d-05* доминантты аллелдерінің болатынын көрсетті. Нәтижесінде *D-n-05*, *D-d-05* және *D-d-05b* аллоплазмалық тізбектері бөлініп алынды, олар зерттелетін гендер бойынша генетикалық талдауға сәйкес бидайдың басқа күздік аллоплазмалық тізбектерімен салыстырғанда ертерек масақтануы мүмкін. Алынған нәтижелер зерттелген бидай аллоплазмалық сызықтарының агрономиялық тұрақтылығына *Vrn* және *Ppd* гендерінің әсерін көрсетеді.

Түйін сөздер: бидай, аллоплазмалық сызықтар, құрғақшылыққа төзімділік.

E.A. Salina¹, N.V. Terletskaia^{2,3}, M.A. Nesterov¹, U. Erezhetova⁴

¹Institute of cytology and genetics SB RSA, Russia, Novosibirsk

²Al-Farabi Kazakh National University, Kazakhstan, Almaty

³Kazakh National Women's Teacher Training University, Kazakhstan, Almaty

*e-mail:erezhetkyzy@mail.ru

Genetic analysis of wheat alloplasmic lines using markers determining the time of heading

There was carried out research on genetic diversity of alloplasmic wheat lines that differ in resistance to drought and in terms of vegetation using markers for genes that determining the time of heading. The objects of research were nine allolines of wheat obtained by crossing *T. dicoccum* var *Araratum* (Host.) and *T. aestivum* sort of Mironovskaya 808, as a result was combination the cytoplasm of one species with the nuclear genome of another species and subsequent long-term selection. Using PCR analyze of *Vrn* and *Ppd* genes were conducted that determine the timing of heading. It has been found out that the majority of allolines for recessive vernalization and photoperiod genes inherit the genotype of the sort Mironovskaya-808. An exception is the *D-n-05* line, in which the dominant allele *Vrn-B1c* has been identified. Analysis of the *Ppd-D1* genes using allele-specific primers showed the presence of the dominant allele *Ppd-D1a* in the heterozygous state in *D-d-05b* and *D-d-05*. As a result, alloplasmic lines *D-n-05*, *D-d-05* and *D-d-05b* were identified, which, according to genetic analysis for the studied genes, may have earlier heading relative to other winter alloplasmic wheat lines. The obtained results indicate about the influence of the *Vrn* and *Ppd* genes on the agronomic resistance of the studied alloplasmic wheat lines.

Key words: wheat, alloplasmic lines, drought resistance.

Е.А. Салина¹, Н.В. Терлецкая^{2,3}, М.А. Нестеров¹, У. Ережетова^{4,*}

¹Институт цитологии и генетики СО РАН, Россия, г. Новосибирск

²Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Казахстан, г. Алматы

³Казахский Национальный Женский Педагогический Университет, Казахстан, г. Алматы

*e-mail: erezhetkyzy@mail.ru

Генетический анализ аллоплазматических линий пшеницы с использованием маркеров, определяющих сроки колошения

Проведено изучение генетического разнообразия аллоплазматических линий пшениц, различающихся у стойчивости к засухе и по срокам вегетации с использованием маркеров к генам, определяющих сроки колошения. Объектами исследований служили девять аллолиний пшеницы, полученных от скрещивания *T. dicoccum* var *Araratum* (Host.) и *T. aestivum* сорта Мироновская 808, в результате объединения цитоплазмы одного вида с ядерным геномом другого вида с последующим многолетним отбором. С использованием ПЦР проводили анализ генов *Vrn* и *Ppd*, определяющих сроки колошения. Установлено, что большинство аллолиний по рецессивным генам яровизации и фотопериода наследуют генотип сорта Мироновская-808. Исключением является линия D-n-05, у которой выявлен доминантный аллель *Vrn-B1c*. Анализ генов *Ppd-D1* с использованием аллель-специфичных праймеров показал наличие доминантного аллеля *Ppd-D1a* в гетерозиготном состоянии у D-d-05b и D-d-05. В результате выделены аллоплазматические линии D-n-05, D-d-05 и D-d-05b, которые согласно генетическому анализу по изучаемым генам могут иметь более раннее выколашивание относительно других озимых аллоплазматических линий пшеницы. Полученные результаты свидетельствуют о влиянии генов *Vrn* и *Ppd* на агрономическую устойчивость изучаемых аллоплазматических линий пшеницы.

Ключевые слова: пшеница, аллоплазматические линии, засухоустойчивость.

Кіріспе

Бидай (*Triticum aestivum* L.) – ауыл шаруашылығы үшін маңызды дақыл және адам үшін негізгі тамақ көздерінің бірі болып табылады. Құрғақшылық барлық дерлік климаттық аймақтарда кездесетін негізгі стрессердің бірі және жыл сайын астықтың азаюына немесе тіпті жоқ болуына себеп бола отырып, әлемнің көптеген, әсіресе дамушы елдерінде ауылшаруашылық өндірісі үшін үлкен мәселе туғызады [1, 2]. Құрғақшылыққа төзімділік өте күрделі мәселе. "Физиологиялық тұрақтылық" ұғымы өсімдіктің өмір сүруін және өміршеңдігін сақтауды білдірсе, ал "агрономиялық тұрақтылық" экономикалық маңызды егінді сақтауды талап етеді [3]. Абиотикалық стрессерге ұшыраған өсімдіктердің физиологиясы мен генетикасы туралы көптеген деректерді талдай келе, стресске төзімділік көрсететін өсімдіктердің геномдық құрамы, атап айтқанда вегетациялық кезеңге жауап беретін гендермен байланысты болатыны айқындалды.

Бидайдағы вегетациялық кезеңнің генетикасы бойынша жұмыстардың негізгі саны "көктеу–масақтану" кезеңінің ұзақтығын зерттеуге бағытталған, бұл, ең алдымен, пісетін уақытты емес, егу мерзімін дәлірек анықтауға мүмкіндік береді. Репродуктивті фазаға өтуге әсер ететін

факторлардың ішінде фотопериод пен температура негізгі болып саналады [4]. Жалпы гексаплоидты бидайдың масақтану уақыты негізінен үш генетикалық жүйеге байланысты есептеу қалыптасқан: өсімдіктің яровизация қажеттілігін анықтайтын *Vrn-1* гендері; фотопериодтық сезімталдықты анықтайтын *Ppd-1* гендері; және вернализация мен фотопериодтың қанағаттандырылған қажеттіліктеріндегі масақтану уақытының айырмашылықтарын түсіндіретін *eps* (*earliness per se*) локустары [5].

Бұл жолдардан басқа, масақтану уақытына байланысты, сипатталған жүйелердің кез келгенімен байланысуы қиын гендер және фитогормондардың (гиббереллиндер) [6], микроРНК [7] рөлі анықталды. Мысалы, жарық рецепторларын кодтайтын және осылайша қалған гендерді реттейтін *PhyC* [8] және *PhyB* [9] гендері болып табылады. *TaFT-1* (*Vrn-B3*) гендері яровизацияның сигналдық жолдарының, фотопериодтың және өсімдіктердің циркадиялық ырғақтарының интеграторлары болып табылады [10]. *Vrn-1* гендерінің функциялары яровизация қажеттілігін анықтаумен шектелмейді, ол: апикальды меристемаларда көрсетілген бұл гендер *TaFT-1* (*Vrn-B3*) сигналын қабылдайды және флоралық меристемалардың сәйкестік гендеріне бастама береді [11].

Қазіргі уақытта *VRN-1*, *TaFT-1* (*Vrn-B3*),

PPD-1 гендеріне арналған бірқатар маркерлер әзірленді, олардың қолданылуы рецессивті немесе доминантты күйді, сондай-ақ зерттелетін гендердің аллельдерінің әртүрлілігін анықтауға мүмкіндік береді, олардың комбинациясы жұмсақ бидайдың масақтану уақытын анықтайды [12].

Сонымен қатар өсімдіктің өнімділігі және оның қоршаған орта факторларына бейімделуі көбінесе ядро мен цитоплазма геномдарының үйлесімділігіне байланысты болады [13].

Аллоплазмалық сызықтарды бір түрдің цитоплазмасын басқа түрдің ядролық геномымен біріктіру арқылы алады. Мұндай біріктіру бөгде ядролық және цитоплазмалық геномдар арасындағы жаңа өзара әрекеттесулерге әкеледі, соның нәтижесінде генотиптік және фенотиптік өзгергіштік деңгейінің жоғарылауы бірге жүреді. Мәдени өсімдіктерде, соның ішінде жұмсақ бидайда *T. aestivum* (BAD, 2n=42), құнарлылығы қалпына келтірілген мұндай сызықтар бастапқы ата – аналардың шаруашылық маңызды белгілерін біріктіретін жаңа формалардың құнды көзі болып табылады. Биотикалық және абиотикалық факторларға төзімділігі жоғары, өнімділігі мен астық сапасы жоғары бидайдың аллоплазмалық сызықтары ерекше қызығушылық тудырады. Сонымен, *Ae. Crassa* цитоплазмасынан тұздануға төзімді жұмсақ бидайдың жоғары өнімді сызықтары алынады [14], *Triticum timopheevii* және *Secale cereale* цитоплазмасы бар сызықтарынан құрғақшылыққа төзімді [15], *H. Vulgare* арпа цитоплазмасынан қоңыр және сабақ тат ауруына төзімді, сондай ақ дәнінің сапасы жоғары [16] және тағы басқа да ерекшеліктері бар сызықтар алынады.

Бұған дейін доктор Н.А. Хайленко Өсімдіктер биологиясы және биотехнологиясы институтында (Алматы қ., Қазақстан) *T. dicoccum* (BA, 2n=28) тетраплоидты түрінің цитоплазмасын алып жүретін Мироновская-808 сортындағы бидайдың аллоплазмалық сызықтарын алған болатын. Бұл сызықтар құрғақшылыққа төзімділік, фотосинтетикалық белсенділік, өнімділік және масақтану мерзімдері бойынша айтарлықтай айырмашылықтарға ие болды. Біз бидайдың әртүрлі түрлерінің стресске төзімділігі мен

фотосинтетикалық белсенділігін салыстыруда *T. dicoccum Shuebl* түрінің құрғақшылық пен тұзды күйзеліске жоғары бейімделу қабілетін анықтауға мүмкіндік беретін анатомиялық және морфофизиологиялық деректерін алдық [17]. РАМ-флуориметрін қолдана отырып, далалық жағдайдағы бидайдың аллоплазмалық сызықтарының фотосинтетикалық белсенділігін салыстыруға мүмкіндік беретін жаңа мәліметтер алынды [18].

Біз, тұраралық будандастыру арқылы алынған *T. aestivum L.* аллоплазмалық сызықтарын бұған дейін зерттеген құрғақшылыққа төзімді тетраплоидты *T. dicoccum Shuebl* түрімен салыстыра отырып зерттеу құрғақшылыққа төзімді және жоғары өнімді формаларды іздеуде өте маңызды деп санаймыз.

Сондықтан бұл жұмыстың мақсаты құрғақшылыққа төзімділігімен де, вегетациялық кезеңімен де ерекшеленетін бидай тұқымдарының генетикалық әртүрлілігін талдау болып табылады.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Зерттеу нысандары ретінде *T. dicoccum var Araratum* (Host.) профессор Н.А. Хайленконың (Da-05, Db-05, Dd-05, Dd-05b, Df-05, Dn-05, D-40-05, D-41-05, D-42-05) *Aestivum* будандарының кейінгі көпжылдық іріктеуімен (F12) алынған бидайдың тоғыз аллоплазмалық сызығы алынды. Өсімдіктер зертханалық жағдайда ӨББИ-да және Қазақ ауыл шаруашылығы және Өсімдік шаруашылығы ҒЗИ-ның далалық агроценозында табиғи ортада өсірілді, ол жерде стресс жағдайлары арнайы жасалмады.

Масақ уақытын анықтайтын VRN-1 және PPD-D1 гендерін талдау ПТР құрамында 20 мкл жалпы көлемде жүргізілді: ДНҚ (50-100 нг), Тақ ДНҚ полимеразасына арналған 10 × буфер (650 мМ Трис-НСl (РН 8,9); 160 мМ (Н4) 2O4; 25 мМ MgCl2; 0,01% Teen 20), 0,25 мМ әр dT, 1 нг әрқайсысы праймер, 1 мкл тақ ДНҚ полимеразасы (белсенділік бірлігі / мкл), H2O-соңғы көлемге дейін 20 мкл [19].

Көрсетілген праймерлер 1-кестеде келтірілген.

1-кесте – Масақтану уақытын анықтайтын гендердің идентификациясына арналған ПТР маркерлер

ПТР арқылы анықталатын аллель	ПТР-да қолданылатын аллельге тән праймерлер	ДНК фрагментінің мөлшері (п.ж.)	Әдеби дереккөз
<i>Vrn-A1a</i>	VRN1AF GGGTTCTGCTCG	965	Yan <i>et al.</i> , 2004
<i>vrn-A1</i>	VRN1-INT1R GCGGTCGTCGG	734	
<i>Vrn-B1a</i> <i>Vrn-B1c</i>	Ex1/C/F: GTTCTCCACCGAGTCATGGT Intr1/B/R3 CTCTGCCTTGCTG	1124 737	Shcherban <i>et al.</i> , 2012a Fu <i>et al.</i> , 2005
<i>Ppd-D1a</i> <i>Ppd-D1b</i>	Ppd1_F CGCCTCCCCTCCTG Ppd1_R1 GTTGGTTCCGGGC Ppd1_R2 CCTGGTGGTGCTGGTT	288 414	Beales <i>et al.</i> , 2007
<i>Ppd-B1b</i>	For4-PpdB-prom TCCTCCCGGTCGGC Rev1-Ppd-exon2 GTGCTTCTGTGCGGGG	2003	Киселева және т.б. (Жарияланбаған.)
<i>Vrn-D1a</i>	Intr1/D/F: GTTGTCTGCCTCATCAAATCC	1671	Fu <i>et al.</i> 2005
<i>vrn-D1</i>	Intr1/D/R3: GGTCAGTGGTGGTCTGTGC Intr1/D/R4: AAATGAAAAGGAACGAGAGCG	997	
<i>VrnB3</i>	FT-B-INS-F CATAATGCCAAGCCGGTGAGTAC FT-B-INS-R ATGTCTGCCAATTAGCTAGC	1200	Yan <i>et al.</i> , 2006

Зерттеу нәтижелері мен талқылау

Құрғақшылыққа төзімділігі және вегетациялық кезеңдері бойынша ерекшеленетін бидай сызықтарының әртүрлілігін зерттеу масақтану уақытын анықтайтын гендерге маркерлерді қолдану арқылы жүргізілді.

Vrn-1 және *Ppd-1* гендерінің жұмсақ бидай сорттарының пісетін уақытына әсерін зерттеу кезінде негізгі назар *Vrn-B1*, *Vrn-D1*, *Ppd-D1* және *Ppd-B1* гендерінің басым аллельдерін сәйкестендіруге аударылды, ол гендердің қатысуын Қазақстан Республикасының жағдайында қыстың алдында егілетін жеке-леген сорттардан күтуге болады. Зерттеудің толыққанды жүруі үшін қыстың алдында себілген жұмсақ бидай сорттарына тән емес *Vrn-A1* және *Vrn-B3* гендерінің аллельдерін бағалау да қажет, өйткені масақтану-гүлдеу-пісу уақыты маңызды агрономиялық белгілер болып табылады, бұл бидайдың түрлері мен тұраралық будандарының жергілікті климат пен қоршаған орта жағдайларына бейімделуіне, сондай-ақ егін жинауға үлкен әсер етеді [20]. Зерттелетін бидайдың аллоплазмалық сызықтары масақтану

уақытымен ерекшеленетіндіктен, бұл процеске әсер етуі мүмкін *Vrn* және *Ppd* гендік аллельдерін анықтау керек болды.

Зерттеу нәтижелері 2-кестеде келтірілген.

Vrn-1 генінің аллельдері *VRN1-AF* және *VRN1-INT1R* праймерлерінің көмегімен зерттелді (кесте.1). *Vrn-A1* рецессивті аллельіне тән күшейтілген 734 п.ж. фрагментінің күтілетін мөлшері бидайдың барлық күздік аллоплазмалық сызықтары үшін анықталды, Саратовская 29, Тулун 15 (1/2) сорттарының жаздық бақылау үлгілерінде басым аллель (ПТР фрагменті 965 п.ж.) анықталды.

Доминантты *VRN-D1* (Intr1/D/F және Intr1/D/R3) және рецессивті *Vrn-D1* (Intr1/D/F және Intr1/D/R4) үшін праймер жұбын қолдана отырып, *VRN-D1* гендерінің аллельдік құрамын талдау барлық зерттелген үлгілерде тек рецессивті аллельдің болуын анықтады (фрагменттің ұзындығы 997).

Зерттелетін сорттарда *Vrn-B3* доминантты аллельінің болуын талдау теріс нәтиже берді. Тек бақылау үлгісінде, атап айтқанда Тулун 15 сортында *Vrn-B3* доминантты гені анықталды.

Өсімдіктің яровизациясының реакциясын бақылайтын *Vrn-1* гендерінен басқа, өсімдіктің тәулік бойына сезімталдығын анықтайтын, 2a (*Ppd-A1*), 2B (*Ppd-B1*) және 2D хромосомаларында (*Ppd-D1*) локализацияланған *PPD-1* гендері вегетациялық кезеңнің ұзақтығына айтарлықтай әсер етуі мүмкін [21]. *Ppd-1* басым болатын бидай формалары күннің ұзақтығына сезімтал емес, бұл олардың ертерек масақтануына әкеледі. Фотопериодқа сезімтал аллельдердің болуы, әсіресе қысқа күн жағдайында, масақтануды айтарлықтай кешіктіреді [22].

Әдетте, фотопериодқа сезімтал емес аллельдер оңтүстік аймақтардың сорттарына тән [23].

Аллельге тән праймерлерді қолдана отырып, *Ppd-D1* гендерін талдау (кесте.1, 2) D-d-05b және D-d-05 гетерозиготалы күйде *PPD-D1a* доминантты аллельінің, сондай-ақ Тулун 15-2 бақылау үлгісінің болуын көрсетті (кесте.3). *Ppd-B1* гендерін талдау, геннің реттеуші аймақтарында – промотор және бірінші интрон аймағында (2003 ж.) зерттелген барлық сорттардың мономорфтылығын анықтады, бұл геннің рецессивті аллельіне тән.

2-кесте – Бидай үлгілеріндегі *VRN* және *PPD* гендерінің доминантты (сұр түспен белгіленген) және рецессивті аллельдерінің таралуын талдау

№ p/c	Сорт, тізбек	<i>Vrn-B1a</i> , <i>Vrn-B1c</i> Ex1/C/F: Intr1/B/R3	<i>Ppd-D1a</i> Ppd-1_F Ppd-1_R1 Ppd-1_R2	<i>Ppd-Bb</i> For4-PpdB- prom; Rev1- PpdB-exon2	<i>Vrn-1AF</i> <i>Vrn-1</i> - INT1R	<i>Vrn-D1</i> Intr1/D/F Intr1/D/R4	<i>Vrn-D1</i> Intr1/D/F Intr1/D/R3	<i>Vrn-B3</i> FTB-ins
1	Мироновская-808	0	414	2003	734	997	0	0
2	<i>T. dicoccum</i>	0	0	2003	734	997	0	0
3	D-40-05	0	414	2003	734	997	0	0
4	D-41-05	0	414	2003	734	997	0	0
5	D-42-05	0	414	2003	734	997	0	0
6	D-a-05	0	414	2003	734	997	0	0
7	D-b-05	0	414	2003	734	997	0	0
8	D-d-05	0	288 , 414	2003	734	997	0	0
9	D-d-05-b	0	288 , 414	2003	734	997	0	0
10	D-f-05	0	414	2003	734	997	0	0
11	D-n-05	737	414	2003	734	997	0	0
K1	Саратовская 29	737	414	2003	965	997	0	0
K2	Тулун 15 (1)	1124	414	2003	965	997	0	1500
K3	Тулун 15 (2)	737	288	2003	965	997	0	1500

Зерттелетін аллоплазмалық сызықтар алынған Мироновская-808 сорты яровизацияға сезімтал қысқы сорт болып табылады, ол үш рецессивті *Vrn-A1*, *Vrn-B1* және *Vrn-D1* гендерінің және рецессивті *VRN-3* генінің болуымен сипатталады.

Берілген гендер үшін диагностикалық маркерлер жүйесін пайдалану, ол аллоплазмалық сызықтардың көпшілігінде бұл гендердің бар екендігін анықтауға мүмкіндік берді, яғни яровизация гендері бойынша көрсетілген сызықтар Мироновская-808 сортының генотипін жалғастырады. Ерекшелік-*Vrn-B1c* доминантты аллелі анықталған D-n-05 сызығы болып та-

былады. Бұл аллель *T. dicoccum* үлгісінде анықталмағандығына қарамастан, берілген аллельдің тұқым қуалаушылығын тікелей будандастыруға қатысатын *T. dicoccum* үлгісінен алып тастауға болмайды, өйткені *VRN-B1c* аллелі осы түрдің үлгілері арасында жиі кездеседі [24]. Ұқсас жағдай фотопериодқа сезімталдық гендерінде де байқалды, себебі Мироновская-808 сортында фотопериодқа сезімталдықты анықтайтын *ppd-D1* және *ppd-B1* гендерінің рецессивті аллельдері бар және сол аллельдер барлық аллоплазмалық сызықтарда анықталған (кесте. 2). Бұл жерде айта кететін жағдай, екі жолда: D-d-05b және D-d-05 доми-

нантты аллелге сәйкес келетін 288 пж аймағында айқын байқалатын қосымша ПТР өнімі бар.

Сонымен, *Vrn* және *Ppd* гендерінің генетикалық талдауына сәйкес, бидайдың басқа күздік аллоплазмалық сызықтарымен салыстырғанда ертерек егілуі мүмкін деген D-n-05, D-d-05 және D-d-05b үш сызығын ажыратуға болады.

D-D-05 және D-d-05b желілері бұрын Қазақ егіншілік және Өсімдік шаруашылығы ҒЗИ далалық агроценозында өсіру кезінде құрғақшылыққа жоғары төзімділік пен өнімділікті көрсеткен [25], сол себепті зерттелген бидай аллоплазмалық сызықтарының агрономиялық тұрақтылығына *Vrn* және *Ppd* гендерінің әсер бергенін айтуға болады.

Қорытынды

Осылайша, жүргізілген зерттеулердің нәтижесі бойынша рецессивті яровизация және фотопериод гендеріндегі аллолиниялардың көпшілігі Мироновская-808 сортының генотипін жалғастыратыны анықталды. Ерекшелік-VRN-B1c доминантты аллелі бар D-n-05 сызығында.

Аллельге тән праймерлерді пайдалана отырып, *PPD-D1* гендерін талдауда D-d-05b және D-d-05 гетерозиготалы күйде доминантты *PPD-D1a* аллелінің болатынын көрсетті. Нәтижесінде D-n-05, D-d-05 және D-d-05b аллоплазмалық сызықтары оқшауланды, олар зерттелетін гендер бойынша генетикалық талдауға сәйкес бидайдың басқа күздік аллоплазмалық сызықтарымен салыстырғанда ертерек егілуі мүмкін. Алынған нәтижелер зерттелген бидай аллоплазмалық сызықтарының агрономиялық тұрақтылығына *Vrn* және *Ppd* гендерінің әсері болатынын көрсетті.

Қаржыландыру көзі

Жұмыс АР05131734 «Құрғақшылыққа төзімділігіне байланысты тұраралық будандастыру нәтижесінде алынған, бидайдың аллоплазмалық сызықтарының фотосинтетикалық аппаратының жұмыс істеуінің физиологиялық және молекулалық-генетикалық ерекшеліктері» атты гранттық қаржыландыру жобасы шеңберінде орындалды (2018-2021 жж.).

Әдебиеттер

1. Lobell D.B., Schlenker W., Costa-Roberts J. Climate Trends and Global Crop Production Since 1980. 2011. Science, Vol. 333, Issue 6042, pp. 616-620. DOI: 10.1126/science.1204531.;
2. Kulkarni M., Soolanayakanahally R., Ogawa S., Uga Y., Selvaraj M.G., Kagale S. Drought Response in Wheat: Key Genes and Regulatory Mechanisms Controlling Root System Architecture and Transpiration Efficiency. Front Chem. 2017; 5: 106. doi:10.3389/fchem. 2017.00106;
3. Schafleitner R., Gutierrez Rosales R O., Gaudin A., Alvarado Aliaga C.A., Martinez G.N., Tincopa Marca L.R. Capturing candidate drought tolerance traits in two native Andean potato clones by transcription profiling of field grown plants under water stress. Plant Physiol. Biochem. 2007; Vol.45: 673-690. doi.org/10.1016/J.PLAPHY.2007.06.003
4. Kiseleva, A. A., Salina, E. A. (2018). Genetic regulation of common wheat heading time. Russ J. Genet. 54, 375–388. doi: 10.1134/S1022795418030067; Shi, C., Zhao, L., Zhang, X., Lv, G., Pan, Y., Chen, F. (2019). Gene regulatory network and abundant genetic variation play critical roles in heading stage of polyploidy wheat. BMC Plant Biol. 19, 6. doi: 10.1186/s12870-018-1591-z
5. Worland A.J. The influence of flowering time genes on environmental adaptability in European wheats
6. vernalization sensitivity // Euphytica. – 1996. – Vol. 89. – P. 49– 57; Berezhnaya, A.; Kiseleva, A.; Leonova, I.; Salina, E. Allelic Variation Analysis at the Vernalization Response and Photoperiod Genes in Russian Wheat Varieties Identified Two Novel Alleles of *Vrn-B3*. *Biomolecules* **2021**, *11*, 1897. <https://doi.org/10.3390/biom11121897>
7. Pearce S., Vanzetti L.S., Dubcovsky J. Exogenous gibberellins induce wheat spike development under short days only in the presence of VERNALIZATION1 // Plant Physiol. – 2013. – Vol. 163. – P. 1433-1445. <https://doi.org/10.1104/pp.113.225854>
8. Pearce S., Kippes N., Chen A. et al. RNA-seq studies using wheat PHYTOCHROME B and Phytochrome C mutants reveal shared and specific functions in the regulation of flowering and shade-avoidance pathways // BMC Plant Biol. – 2016. – Vol. 16. – P. 141. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0831-3>
9. Chen A., Li C., Hu W., Lau M.Y., Lin H., Rockwell N.C., Martin S.S., Jernstedt J.A., Lagarias J.C., Dubcovsky J. Phytochrome C plays a major role in the acceleration of wheat flowering under long-day photoperiod // Proceedings of the National Academy of Science. – 2014. – Vol. 111. – P.10037-10044
10. Pearce S., Kippes N., Chen A. et al. RNA-seq studies using wheat PHYTOCHROME B and Phytochrome

18. C mutants reveal shared and specific functions in the regulation of flower-ing and shade-avoidance pathways // BMC Plant Biol. – 2016. – Vol. 16. – P. 141. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0831-3>
19. Yan L., Fu D., Li C., Blechl A. The Wheat and Barley Vernalization Gene VRN3 Is an Orthologue of FT //
20. Proceedings of the National Academy of Sciences – 2006. – Vol. 103(51). – P.19581-6. <https://doi.org/10.1073/pnas.0607142103>
21. Chen A, Dubcovsky J. Wheat TILLING mutants show that the vernalization gene VRN1 down-regulates
22. the flowering repressor VRN2 in leaves but is not essential for flowering // PLoS Genet. – 2012. – Vol. 8: e 1003134. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003134>
23. Shcherban A.B., Strygina K.V., Salina E.A. VRN-1 gene- associated prerequisites of spring growth habit in
24. wild tetraploid wheat *T. dicoccoides* and the diploid A genome species // BMC Plant Biology volume – 2015. – Vol. 15, Article number: 94.
25. Орлов П.А. Взаимодействие ядерных и цитоплазматических генов в детерминации развития
26. растений. – Минск, 2001. – С. 170.; Жученко А.А. Роль генетической инженерии в адаптивной системе селекции растений // С.-х. биология. – 2003. – № 1. – С. 3-33.
27. Liu Y., Fiskum G., Schubert D. Generation of reactive oxygen species by the mito-chondrial electron
28. transport chain // J. Neurochem. – 2002. – Vol. 80. – P. 780-787.
29. Семенов О.Г., Мухаммед Тауфик Ахмед Каид. Морфобиологическая характеристика генотипов
30. яровых форм аллоцитоплазматической пшеницы по уровню их стресс-толерантности к засухе // Вестн. РУДН. – 2014. – Т. 2, – С. 5-14.
31. Першина Л.А., Белова Л.И., Трубачева Н.В., Осадчая Т.С., Шумный В.К., Белан И.А., Россеева
32. Л.П. Аллоплазматические рекомбинантные линии (*H. vulgare*)-*T. aestivum* с транслокацией 1RS.1BL: исходные ге- нотипы для создания сортов мягкой пшеницы // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2018. – Т. 22 (5). – С.544-552. <https://doi.org/10.18699/VJ18.393>
33. Terletsкая N.V., Kurmanbayeva M.S. Change of leaf anatomical parameters of different species of wheat
34. seedlings under conditions of drought and salt stress // Pac. J. Bot. – 2017 – Vol. 49 (3) – P. 857-865. <https://doi.org/10.5897/AJB2013.12161>.
35. Terletsкая N.V., Stupko V.Yu., Altayeva N.A., Kudrna N.O., Blavachinskaya I.V., Kurmanbayeva,
36. M.S., Erezhetova, U. Photosynthetic activity of *Triticum dicoccum* × *Triticum aestivum* alloplasmic lines during vegeta- tion in connection with productivity traits under varying moister conditions //Photosynthetica, 2021, 59(1), стр. 74–83. <https://doi.org/10.32615/ps.2021.003>
37. Likhenko I.E., Stasyuk A.I., Shcherban' A.B., Zyryanova A.F., Likhenko N.I., Salina E.A. Anal-ysis of the
38. allelic variation of the *vrn-1* and *ppd-1* genes in siberian early and medium early va-rieties of spring wheat // Vavilov. J. Gen. Sel. – 2014. – V. 18. – № 4. – P. 691-703.
39. Konopatskaia, I., Vavilova, V., Kondratenko, E. Y., Blinov, A., Goncharov, N. P. (2016). VRN1 genes
40. variability in tetraploid wheat species with a spring growth habit. BMC Plant Biol. 16, 244. doi: 10.1186/s12870-016-0924-z
41. Scarth, R.; Law, C.N. The control of the day-length response in wheat by the group 2 chromosomes. Z.
42. *Pflanzenzücht.* **1984**, 92, 140–150
43. Kumar S, Sharma V, Chaudhary S, Tyagi A, Mishra P, Priyadarshini A, Singh A. Genetics of flowering
44. time in bread wheat *Triticum aestivum*: complementary interaction between vernalization-insensitive and photoperiod- insensitive mutations imparts very early flowering habit to spring wheat. J Genet. 2012;91(1):33-47. doi: 10.1007/s12041-012- 0149-3
45. Worland, A.J.; Börner, A.; Korzun, V.; Li, W.M.; Petrović, S.; Sayers, E.J. The influence of photoperiod
46. genes on the adaptability of European winter wheats. *Euphytica* **1998**, 100, 385–394 ; Hunt, L.A. Photoperiodic responses of winter wheats from different climatic regions. *J. Plant Breed* **1979**, 82, 70–80.
47. Muterko A., Kalendar R., Salina E. Novel alleles of the Vernalization1 genes in wheat are associated with
48. modulation of DNA cur-vature and exibility in the promoter region // BMC Plant Biol. – 2016. – Vol. 16 (1). – P. 9. <https://doi.org/10.1186/s12870-015-0691-2>
49. Terletsкая N.V., Stupko V.Yu., Altayeva N.A., Kudrna N.O., Blavachinskaya I.V., Kurmanbayeva,
50. M.S., Erezhetova, U. Photosynthetic activity of *Triticum dicoccum* × *Triticum aestivum* alloplasmic lines during vegeta- tion in connection with productivity traits under varying moister conditions //Photosynthetica, 2021, 59(1), стр. 74–83. <https://doi.org/10.32615/ps.2021.003>

References

1. Orlov P.A. Vzaimodejstvie yadernyh i citoplazmaticheskikh genov v determinacii razvitiya rastenij. –
2. Minsk, 2001. – S. 170.; ZHuchenko A.A. Rol' geneticheskoy inzhenerii v adaptivnoj sisteme selekcii rastenij // S.-h. biologiya. – 2003. – № 1. – S. 3-33.
3. Pershina L.A., Belova L.I., Trubacheeva N.V., Osadchaya T.S., SHumnyj V.K., Belan I.A., Rosseeva L.P.
4. Alloplazmaticheskie rekombinantnye linii (H. vulgare)-T. aestivum s translokaciej 1RS.1BL: iskhodnye genotypy dlya sozdaniya sortov myagkoj pshenicy // Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii. – 2018. – T. 22 (5). – С.544-552. <https://doi.org/10.18699/VJ18.393>
5. Semenov O.G., Muhammed Taufik Ahmed Kaid. Morfobiologicheskaya harakteristika genotipov yarovyh
6. form allocitoplazmaticheskoy pshenicy po urovnyu ih stress-tolerantnosti k zasuhe // Vestn. RUDN. – 2014. – T. 2, – С. 5-14.
7. Chen A, Dubcovsky J. Wheat TILLING mutants show that the vernalization gene VRN1 down-regulates
8. the flowering repressor VRN2 in leaves but is not essential for flowering // PLoS Genet. – 2012. – Vol. 8: e 1003134. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003134>
9. Chen A., Li C., Hu W., Lau M.Y., Lin H., Rockwell N.C., Martin S.S., Jernstedt J.A., Lagarias J.C.,
10. Dubcovsky J. Phytochrome C plays a major role in the acceleration of wheat flowering under long-day photoperiod // Proceedings of the National Academy of Science. – 2014. –Vol. 111. – P.10037-10044
11. Kiseleva, A. A., Salina, E. A. (2018). Genetic regulation of common wheat heading time. Russ J. Genet.
12. 54, 375–388. doi: 10.1134/S1022795418030067; Shi, C., Zhao, L., Zhang, X., Lv, G., Pan, Y., Chen, F. (2019). Gene regulatory network and abundant genetic variation play critical roles in heading stage of polyploidy wheat. BMC Plant Biol. 19, 6. doi: 10.1186/s12870-018-1591-z
13. Konopatskaia, I., Vavilova, V., Kondratenko, E. Y., Blinov, A., Goncharov, N. P. (2016). VRN1 genes
14. variability in tetraploid wheat species with a spring growth habit. BMC Plant Biol. 16, 244. doi: 10.1186/s12870-016-0924-z
15. Kulkarni M., Soolanayakanahally R., Ogawa S., Uga Y., Selvaraj M.G., Kagale S. Drought Response in
16. Wheat: Key Genes and Regulatory Mechanisms Controlling Root System Architecture and Transpiration Efficiency. Front Chem. 2017; 5: 106. doi:10.3389/fchem. 2017.00106;
17. Kumar S, Sharma V, Chaudhary S, Tyagi A, Mishra P, Priyadarshini A, Singh A. Genetics of flowering
18. time in bread wheat Triticum aestivum: complementary interaction between vernalization-insensitive and photoperiod-insensitive mutations imparts very early flowering habit to spring wheat. J Genet. 2012;91(1):33-47. doi: 10.1007/s12041-012-0149-3
19. Likhenko I.E., Stasyuk A.I., Shcherban' A.B., Zyryanova A.F., Likhenko N.I., Salina E.A. Analysis of the
20. allelic variation of the vrn-1 and ppd-1 genes in siberian early and medium early varieties of spring wheat // Vavilov. J. Gen. Sel. – 2014. – V. 18. – № 4. – P. 691-703.
21. Liu Y., Fiskum G., Schubert D. Generation of reactive oxygen species by the mitochondrial electron
22. transport chain // J. Neurochem. – 2002. – Vol. 80. – P. 780-787.
23. Lobell D.B., Schlenker W., Costa-Roberts J. Climate Trends and Global Crop Production Since 1980.
24. 2011. Science, Vol. 333, Issue 6042, pp. 616-620. DOI: 10.1126/science.1204531.;
25. Muterko A., Kalendar R., Salina E. Novel alleles of the Vernalization1 genes in wheat are associated with
26. modulation of DNA curvature and exibility in the promoter region // BMC Plant Biol. – 2016. – Vol. 16 (1). – P. 9. <https://doi.org/10.1186/s12870-015-0691-2>
27. Pearce S., Kippes N., Chen A. et al. RNA-seq studies using wheat PHYTOCHROME B and Phytochrome
28. C mutants reveal shared and specific functions in the regulation of flowering and shade-avoidance pathways // BMC Plant Biol. – 2016. – Vol. 16. – P. 141. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0831-3>
29. Pearce S., Kippes N., Chen A. et al. RNA-seq studies using wheat PHYTOCHROME B and Phytochrome
30. C mutants reveal shared and specific functions in the regulation of flowering and shade-avoidance pathways // BMC Plant Biol. – 2016. – Vol. 16. – P. 141. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0831-3>
31. Pearce S., Vanzetti L.S., Dubcovsky J. Exogenous gibberellins induce wheat spike development under
32. short days only in the presence of VERNALIZATION1 // Plant Physiol. – 2013. – Vol. 163. – P. 1433-1445. <https://doi.org/10.1104/pp.113.225854>
33. Scarth, R.; Law, C.N. The control of the day-length response in wheat by the group 2 chromosomes. Z.
34. Pflanzenzücht. **1984**, 92, 140–150
35. Schafleitner R., Gutierrez Rosales R O., Gaudin A., Alvarado Aliaga C.A., Martinez G.N., Tincopa Marca
36. L.R. Capturing candidate drought tolerance traits in two native Andean potato clones by transcription profiling of field grown plants under water stress. Plant Physiol. Biochem. 2007; Vol.45: 673-690. doi.org/10.1016/J.PLAPHY.2007.06.003
37. Shcherban A.B., Strygina K.V., Salina E.A. VRN-1 gene-associated prerequisites of spring growth habit in
38. wild tetraploid wheat T. dicoccoides and the diploid A genome species // BMC Plant Biology volume – 2015. – Vol. 15, Article number: 94.

39. Terletskaya N.V., Kurmanbayeva M.S. Change of leaf anatomical parameters of different species of wheat seedlings under conditions of drought and salt stress // *Pac. J. Bot.* – 2017 – Vol. 49 (3) – P. 857-865. <https://doi.org/10.5897/AJB2013.12161>.
41. Terletskaya N.V., Stupko V.Yu., Altayeva N.A., Kudrna N.O., Blavachinskaya I.V., Kurmanbayeva, M.S., Erezhetova, U. Photosynthetic activity of *Triticum dicoccum* × *Triticum aestivum* alloplasmic lines during vegetation in connection with productivity traits under varying moisture conditions // *Photosynthetica*, 2021, 59(1), стр. 74–83. <https://doi.org/10.32615/ps.2021.003>
43. Terletskaya N.V., Stupko V.Yu., Altayeva N.A., Kudrna N.O., Blavachinskaya I.V., Kurmanbayeva, M.S., Erezhetova, U. Photosynthetic activity of *Triticum dicoccum* × *Triticum aestivum* alloplasmic lines during vegetation in connection with productivity traits under varying moisture conditions // *Photosynthetica*, 2021, 59(1), стр. 74–83. <https://doi.org/10.32615/ps.2021.003>
45. Worland A.J. The influence of flowering time genes on environmental adaptability in European wheats vernalization sensitivity // *Euphytica*. – 1996. – Vol. 89. – P. 49– 57; Berezhnaya, A.; Kiseleva, A.; Leonova, I.; Salina, E. Allelic Variation Analysis at the Vernalization Response and Photoperiod Genes in Russian Wheat Varieties Identified Two Novel Alleles of *Vrn-B3*. *Biomolecules* **2021**, *11*, 1897. <https://doi.org/10.3390/biom11121897>
47. Worland, A.J.; Börner, A.; Korzun, V.; Li, W.M.; Petrović, S.; Sayers, E.J. The influence of photoperiod genes on the adaptability of European winter wheats. *Euphytica* **1998**, *100*, 385–394 ; Hunt, L.A. Photoperiodic responses of winter wheats from different climatic regions. *J. Plant Breed* **1979**, *82*, 70–80.
49. Yan L., Fu D., Li C., Blechl A. The Wheat and Barley Vernalization Gene VRN3 Is an Orthologue of FT //
50. Proceedings of the National Academy of Sciences – 2006. – Vol. 103(51). – P.19581-6. <https://doi.org/10.1073/pnas.0607142103>