

әдісі арқылы амплификациялады. ПТР реакциясы үшін жоғарыда көрсетілген олигонуклеотидтік праймерлер қолданылды.

5 - суреттен расында да мөлшері шамамен 1571 ж.н. тұратын cel7A кДНК-ға және 1335 ж.н. тұратын cel6B кДНК-ға сәйкес келетін амплификация өнімдері алынғанын көруге болады.

Целлобиогидролаза ферментінің cel7A және cel6B кДНК-сының нуклеотидтік қатарын компьютерлік талдау нәтижесінде олардың трансляция өнімдері 7A және 6B гликозил-гидролазала тұқымдасына жататындығы дәлелденді. Целлобиогидролаза белоктарының аминқышқылдық ретін талдау олардың нативтік сигналдық пептидінің болуына байланысты саңырауқұлақ клеткасынан секрециялатындығын анықтады. кДНК-ны клондау үшін оптимальді вектор таңдап алынып, рекомбинантты кассеталық конструкциясы компьютерлік моделденді. *Lentinula edodes* саңырауқұлағының нуклеин қышқылы препараты бөлініп алынып, КТР және ПТР әдістері көмегімен cel7A және cel6B гендерінің кДНК-сы амплификацияланды. кДНК амплификациясының өнімдерінің электрофорездік анализі жасалынды.

Әдебиеттер

1 А.П. Синицын, А.В. Гусаков, В.М. Черноглазов. Биоконверсия лигноцеллюлозных материалов: Учеб. пособие. М.: Изд-во МГУ, 1995.

2 М.Л. Рабинович, М.С. Мельник. Прогресс в изучении целлюлолитических ферментов и биодegradация высокоупорядоченных форм целлюлозы. Успехи биологической химии, т. 40, с. 205-266

3 Johnson, E. A. 1983. Regulation of cellulase activity and synthesis in *Clostridium thermocellum*. Ph.D. thesis. Massachusetts Institute of Technology, Cambridge, Mass.

4 Charles C Lee, Dominic W.S. Wong, George H Robertson (2001) Cloning and characterization of two cellulase genes from *Lentinula edodes* FEMS Microbiology Letters 205 (2), 355–360. doi:10.1111/j.1574-6968.2001.tb10972.x

5 Bayer, E. A., E. Morag, and R. Lamed. 1994. The cellulosome – a treasure trove for biotechnology. Trends Biotechnol. 12:379–386.

6 Bayer, E. A., E. Morag, Y. Shoham, J. Tormo, and R. Lamed. 1996. The cellulosome: a cell surface organelle for the adhesion to and degradation of cellulose, p. 155–182. In M. Fletcher (ed.), Bacterial adhesion: molecular and ecological diversity. Wiley-Liss, Inc., New York, N.Y.

Резюме

В результате компьютерного анализа нуклеотидной последовательности cel7A и cel6B кДНК было доказано что продукты их трансляции относятся к 7A и 6B гликозил-гидролазному семейству ферментов. Были амплифицированы cel7A и cel6B кДНК с применением реакции обратной транскрипции и полимеразной цепной реакции из препарата нуклеиновых кислот выделенного из мицелиев гриба и *Lentinula edodes*.

Resume

By using a RT-PCR strategy two cellulase cel7A and cel6B cDNA genes from Shiitake mushroom *Lentinula edodes* were amplified. It has been shown that products of their translation belonged to glycosyl hydrolase family 7 and 6 and had sequence similarities to cbhII genes from other fungi.

УДК 577.21:633.1

Е.К. Туруспеков

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ КАРТИРОВАНИЕ ЛОКУСОВ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ ГЕНОМА ЯЧМЕНЯ, ДЕТЕРМИНИРУЮЩИХ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТЬ

(Институт биологии и биотехнологии растений НЦБ КН МОН РК)

Проведен PCR анализ родительских форм экспериментальной картирующей популяции – сорта Южно Казахстанский 43 (ЮК43) и линии дикорастущего ячменя *H.spontaneum* К. (*H.sp*) из Израиля с использованием 45 комбинаций AFLP и 57 пар SSR-праймеров с целью идентификации полиморфных маркеров для построения групп сцепления ячменя. Построена генетическая карта ячменя ЮК43 x *H.sp* с использованием 17 SSR и 50 AFLP маркеров. Осуществлен анализ структуры урожая и физиологобиохимические тесты родительских форм и 114 линий экспериментальной популяции ЮК43 x *H.sp*. Использование генетической карты генома ячменя и статистических прикладных программ ANOVA и QTL Cartographer позволило выявить 12 QTL, детерминирующих показатели, ассоциированные с засухоустойчивостью. Обнаружено 5 ДНК маркеров, тесно сцепленных с идентифицированными QTL, ассоциированными с засухоустойчивостью.

Ячмень является одной из важнейших сельскохозяйственных культур в Казахстане. Абиотические стрессы, включая засушливые сезоны, характерны для Казахстана и многих других стран с сельскохозяйственной ориентацией и наносят существенный урон продуктивности зерновых культур, включая ячмень. Наиболее эффективным способом идентификации генов, контролирующих такие сложные признаки, как засухоустойчивость, является метод картирования локусов количественных признаков (*quantitative traits loci* – QTL). С развитием детально разработанных генетических карт появилась реальная возможность картирования QTL, ассоциированных с количественными признаками, влияющими на урожайность и качество зерна. В настоящее время для построения генетических карт используют различные классы молекулярных маркеров. Для построения первичного генетического каркаса для каждой хромосомы необходимо использовать ДНК-маркеры, специфичные для каждой хромосомы генома [1,2]. В качестве такого типа маркеров в первую очередь используются известные SSR-маркеры, равномерно локализованные по всем хромосомам ячменя. Для последующего развития генетических карт чаще всего используются AFLP-маркеры. Несмотря на случайность распределения AFLP по геному, вследствие возможности обнаружения их сцепления с базовыми SSR-маркерами хромосом, появляется реальная возможность построения хорошо разработанных генетических карт для всех хромосом генома [2]. Одним из важных моментов при построении генетических карт является выбор типа картирующей популяции. Существует несколько основных типов популяций, используемых для картирования геномов растений полученных в результате скрещивания родительских форм: 1) F₂ и бэкросные популяции; 2) рекомбинантные инбредные линии (RILs); 3) дигаплоидные линии (DHL) [3, 4]. Наиболее простыми и чаще всего используемыми в генетике зерновых культур являются F₂ и бэкросные популяции [2-4]. Преимуществом и новизной данной работы является использование генетического ресурса дикорастущего ячменя, поскольку один из родителей картирующей популяции является линией *H.spontaneum* из Израиля.

Идентификация и картирование главных QTL, обнаружение высоко полиморфных ДНК-маркеров ячменя, одного из модельных объектов зерновых культур, ввиду сравнительно небольшого размера его генома (по сравнению с мягкой пшеницей *Triticum aestivum* L.) и количества хромосом (7), позволят оптимизировать процесс отбора перспективных линий [3].

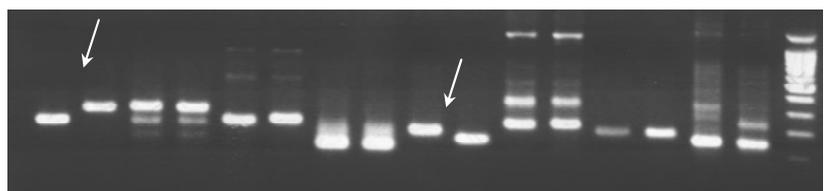
Материалы и методы

Объекты исследований – 1) родительские формы – сорт Южно-Казахстанский 43 (ЮК43) и линия дикорастущего ячменя *Hordeum spontaneum* Koch. (Hsp) из Израиля, 2) экспериментальная картирующая популяция, состоящая из 114 линий ячменя Южно-Казахстанский 43 x *Hordeum spontaneum* К. (ЮК43 x Hsp). Для полевого опыта семена линий и родительских форм высевали в 2-х повторностях в условиях богары и полива на опытных участках НПЦЗиР (Алматинская область).

Основные методы исследований – выделение тотальной ДНК (*DeLaporta*, 1983) с некоторыми модификациями; метод полимеразной цепной реакции (PCR) – SSR-PCR и AFLP-PCR. Реакционная среда для амплификации с SSR включала 0.2 мМ каждого dNTP, 250 мкМ каждого праймера, 1.5 мМ MgCl₂, 1 ед. *Taq*-полимеразы, 50–100 нг исследуемой ДНК. Полимеразную цепную реакцию (ПЦР), включающую предварительную денатурацию тотальной ДНК при 94⁰С в течение 1 мин., последующие 30-40 циклов (94⁰С – 1 мин., 50-60⁰С – 30 сек., 72⁰С – 1 мин.) и элонгацию при 72⁰С – 5 мин., проводили на термоамплификаторе. Количество циклов и температура отжига зависели от праймера. Для анализа полиморфизма ячменя с использованием AFLP маркеров геномную ДНК (50 нг) подвергали разрезанию с использованием *EcoRI* и *MseI*. После лигирования *EcoRI*- и *MseI*-адаптеров проводили преамплификацию с праймерами *EcoRI* и *MseI* без селективных нуклеотидов. Продукты преамплификации использовали для селективной амплификации, которую проводили с использованием специфических праймеров, с двумя-тремя дополнительными селективными нуклеотидами для обоих *EcoRI* и *MseI* праймеров. Продукты амплификации, полученные в результате SSR-PCR и AFLP-PCR, разделяли электрофоретически. В работе использована методика /4/ проращивания семян в условиях, имитирующих засуху для ярового ячменя. Стандартные статистические анализы проводили с использованием *Microsoft Excel 98* (Version 8.0) и ANOVA. Картирование QTL осуществляли с использованием прикладных программ *QTL Cartographer*, версия 1.16с.

Результаты и их обсуждение

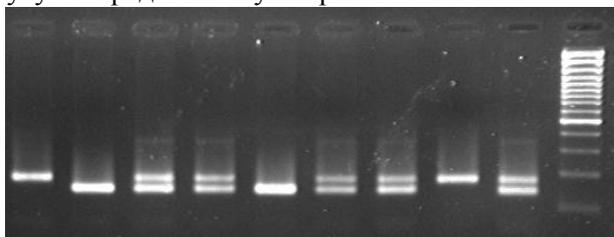
В результате ПЦР-анализа родительских форм экспериментальной популяции ЮК43 x Hsp с использованием 57 пар SSR-праймеров, обнаружен полиморфизм по 19 парам. На рисунке 1 представлены электрофоретические профили SSR-маркеров, амплифицированных при использовании 8 из 19 пар SSR-праймеров, разделенных в 1,8% агарозном геле.



v – ЮК 43, s – *Hsp.*, М – маркер молекулярных весов (100п.н.);
стрелками обозначен полиморфизм между родительскими формами

Рисунок 1 – Результаты PCR-анализа сортов Южно-Казахстанский 43 и линии дикорастущего ячменя *H. spontaneum* К. с использованием SSR праймеров

Осуществлен скрининг 114 линий картирующей популяции ЮК43 x *Hsp* с использованием полиморфных микросателлитных маркеров. На рисунке 2 в качестве примера представлены электрофоретические профили SSR-маркеров, полученных при использовании праймеров HVM40. Обнаружены варианты продуктов амплификации, характерные для родительских форм и гетерозиготе по данному локусу. Определена суммарная статистика по сегрегации выявленных



маркеров.

В А Н Н А Н Н В Н М
А – ЮК 43, В – *Hsp.*, Н – гетерозигота по HVM40, М – маркер молекулярных весов

Рисунок 2 – Результаты SSR-PCR-анализа родительских форм и картирующей популяции ЮК 43 x *H.sp* с использованием праймеров HVM40

В результате PCR-анализа родительских форм экспериментальной картирующей популяции с использованием 30 комбинаций AFLP-праймеров (*EcoRI* и *MseI*) выявлен генетический полиморфизм по 26 комбинациям AFLP праймеров: от 2 до 13 маркеров на комбинацию. Обнаруженные полиморфные AFLP-маркеры были использованы для скрининга 114 линий картирующей популяции ЮК43 x *Hsp.* В таблице 1 представлены наиболее значимые маркеры, обнаруженные в результате AFLP-анализа.

Таблица 1 – AFLP-маркеры, использованные для построения генетической карты ячменя Южно-Казахстанский 43 x *Hordeum spontaneum* Koch.

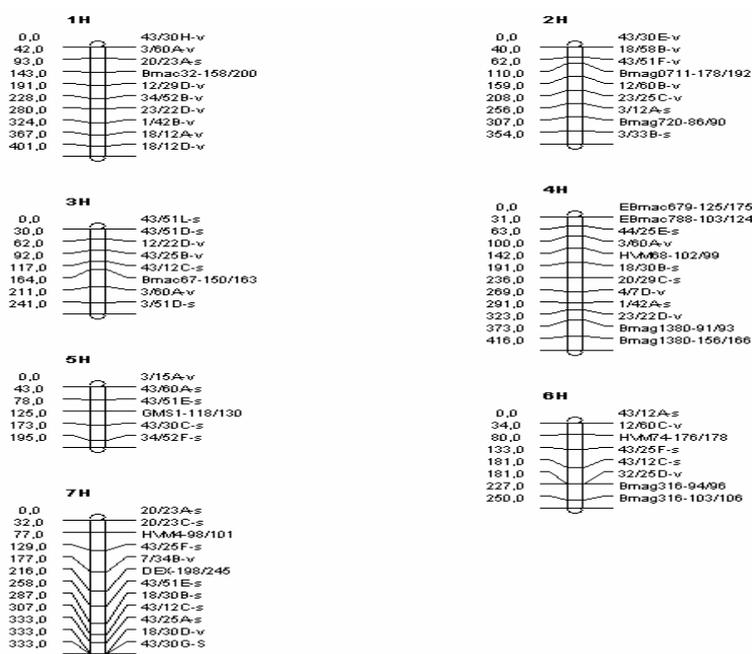
Хромосома	Маркеры
1Н	1/42b, 23/22d, 20/23a, 18/12a, 18/12d, 34/52b, 12/29d, 3/60a, 43/30h
2Н	3/12a, 3/33b, 23/25c, 12/60b, 43/30e, 43/51f, 18/58b
3Н	3/51d, 3/60a, 12/22d, 43/25b, 43/12c, 43/51d, 43/51l, 41/51d
4Н	1/42a, 4/7d, 18/30b, 23/22d, 20/29c 3/60a, 44/25e
5Н	34/52f, 43/30c, 43/51e, 43/60a
6Н	12/60c, 32/25d, 43/25f, 43/12a, 43/12c, 32/25d
7Н	18/30b, 7/34b, 43/25a, 43/51e, 18/30d, 43/30g, 20/23a, 20/23c, 43/12c, 43/25f

Информация, полученная по каждой паре SSR- и AFLP-праймеров для каждого генотипа сегрегирующей популяции, использована для построения групп сцепления ячменя и локализации маркеров на карте (табл. 2). Определены локализация ДНК-маркеров и генетические расстояния между

ними для каждой группы сцепления. На рисунке 3 представлены группы сцепления 1-7 (хромосомы 1-7) ячменя, построенные на основе результатов AFLP и SSR анализа картирующей популяции ЮК43 x *Hsp*.

Таблица 2 – Суммарная информация по распределению молекулярных маркеров на генетической карте ячменя ЮК 43 x *Hsp*

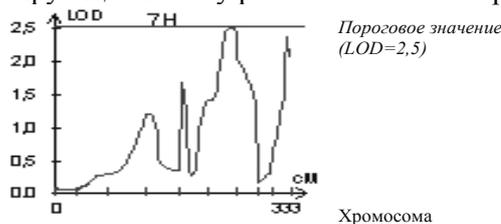
Хромосома	Маркеры		Количество маркеров на хромосому
	SSR	AFLP	
1	1	9	10
2	2	7	9
3	1	7	8
4	5	7	12
5	3	5	8
6	3	5	8
7	2	10	12
Всего	17	50	67



1H-7H – хромосомы ячменя. Справа – молекулярный маркер, слева – расстояние от начала хромосомы до местоположения маркера на карте в сантиморганах (сМ)

Рисунок 3 – Генетическая карта ячменя Южно-Казахстанский 43 x *H. spontaneum* Koch.

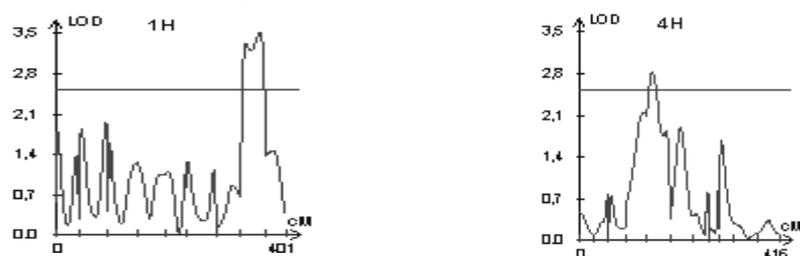
На рисунках 4 и 5 представлены графики, показывающие QTL, детерминирующие высоту растений в условиях полива и полуобеспеченной богары. Для поливных условий обнаружен QTL (LOD 2,5), картированный на хромосоме 7H (рис. 4). Было обнаружено два локуса, проявившиеся в условиях богары, картированные на хромосомах 1H и 4H, с LOD 3,47 и 2,80, соответственно (рисунок 5). Marquez-Cedillo L.A. (2001), используя генетическую карту ячменя *Morex x Harrington*, идентифицировали QTL, детерминирующие высоту растений также на хромосомах 1H, 4H и 7H [4].



по оси абсцисс – длина хромосомы в сМ, по оси ординат – LOD (значение QTL)

Рисунок 4 – Хромосомная локализация QTL признака «высота растений»

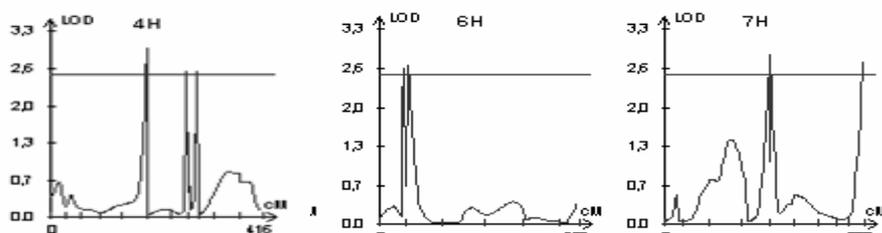
линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в поливных условиях



по оси абсцисс – длина хромосомы в cM, по оси ординат – LOD (значение QTL)

Рисунок 5 – Хромосомная локализация QTL, детерминирующих признак «высота растений» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в неполивных условиях

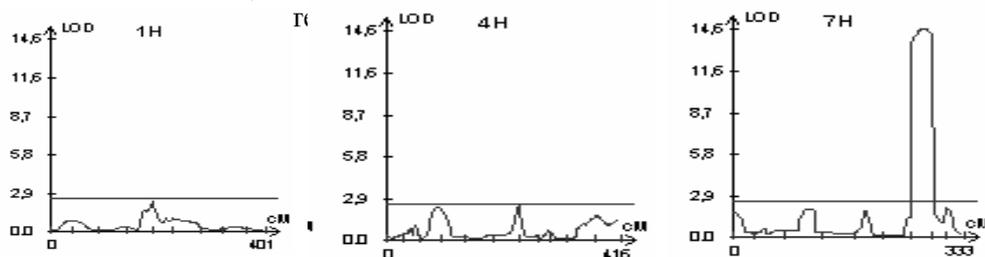
По признаку «число продуктивных колосьев» в условиях полива обнаружено 13 QTL, картированных на хромосомах 1Н (2 QTL), 2Н (4 QTL), 3Н, 4Н (3 QTL), 6Н, 7Н (2 QTL) с LOD в пределах от 2,54 до 3,30 (рисунок 6).



по оси абсцисс – длина хромосомы в cM, по оси ординат – LOD (значение QTL).

Рисунок 6 – Хромосомная локализация QTL, детерминирующих признак «количество продуктивных колосьев» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в поливных условиях

В условиях полуобеспеченной богары проявилось только 4 QTL – на хромосомах 1Н, 4Н (2 QTL) и 7Н (рисунок 7). Главный QTL, обнаруженный на хромосоме 7Н имел высокое значение LOD, равный 14,5, что свидетельствует о его высокой значимости и вкладе в проявление общей изменчивост



по оси абсцисс – длина хромосомы в cM, по оси ординат – LOD (значение QTL). LOD 2,5 – пороговое значение

Рисунок 7 – Хромосомная локализация QTL для признака «количество продуктивных колосьев» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в неполивных условиях

На рисунке 8 представлены графики QTL, детерминирующие признак «количество зерновок с 1 растения» в неполивных условиях. Локус, картированный на хромосоме 4 ячменя, расположен примерно в том же регионе хромосомы, что и QTL, контролирующей высоту растения.

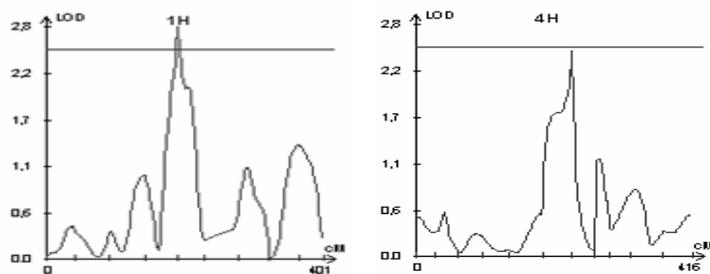


Рисунок 8 – Хромосомная локализация QTL для признака «число зерновок с 1 растения» линий ячменя ЮК 43 x *Hsp*, выращенных в неполивных условиях

Для показателя «длина колоса» идентифицирован единственный значимый QTL (LOD 3,39), проявившийся только в условиях богары (рисунок 9). Он был картирован на длинном плече хромосомы 3Н. На рисунке 10 показана локализация QTL, детерминирующих признак «число колосков» в колосе, проявившийся в неполивных условиях. Картировано 3 QTL – на хромосомах 1Н (2 QTL) и 4Н (рис. 10). На рисунке 11 показана локализация QTL, детерминирующих признак «длина остей», для поливных (а) и неполивных (б) условий. Картировано 2 QTL на длинном и коротком плечах хромосомы 4Н (рисунок 11).

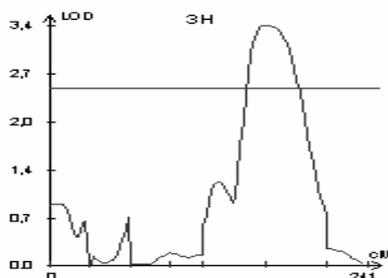


Рисунок 9 – Хромосомная локализация QTL, детерминирующих признак «длина колоса» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в неполивных условиях

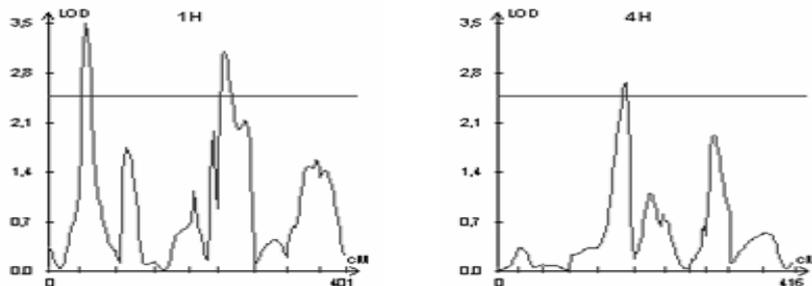


Рисунок 10 – Хромосомная локализация QTL, детерминирующих признак «число колосков в колосе» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в неполивных условиях

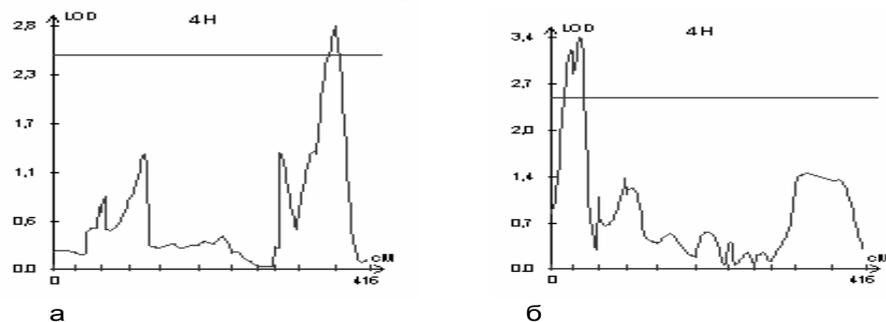
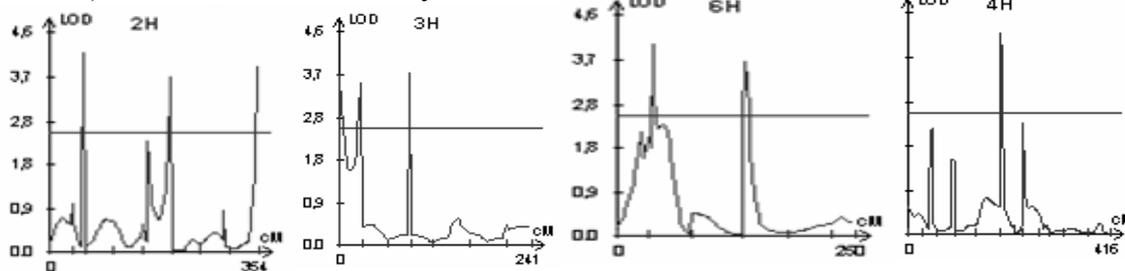


Рисунок 11 – Хромосомная локализация QTL для признака «длина остей» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в поливных (а) и неполивных (б) условиях

Таким образом, при использовании генетической карты ячменя Южно-Казахстанский 43 x *H.spontaneum* К. нами обнаружены и картированы локусы количественных признаков, детерминирующие морфологические показатели, проявляющиеся в условиях полива и богары.

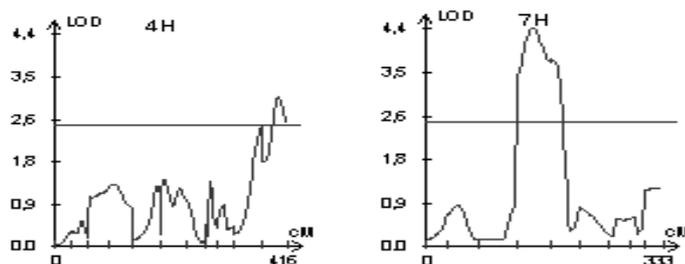
По показателю «относительное содержание воды» во флаговых листьях у растений, выращенных на поливе, было обнаружено 15 QTL, распределенных по хромосомам ячменя следующим образом: по 3 QTL на хромосомах 1Н, 2Н, 3Н, 5Н, один – на 4Н и два – на 6Н хромосоме (рисунок 12). Однако, в неполивных условиях идентифицировано только 2 QTL ассоциированные на хро:



по оси абсцисс – длина хромосомы в cM, по оси ординат – LOD (значение QTL).

Рисунок 12 – Хромосомная локализация QTL, детерминирующих «относительное содержание воды» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в поливных условиях

Diab et al (2004), используя метод сложно-интервального картирования, также идентифицировали QTL, ассоциированные с толерантностью к засухе (RWC, осмотический потенциал и др.). Количество идентифицированных ими QTL варьировало от 1 до 12 [7].



по оси абсцисс – длина хромосомы в cM, по оси ординат – LOD (значение QTL)

Рисунок 13 – Хромосомная локализация QTL признака «относительное содержание воды» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в неполивных условиях

Teulat B et al (2003) также изучали генетический контроль RWC у ячменя, выращиваемого в полевых условиях. Ими идентифицировано 9 хромосомных регионов, вовлеченных в проявление признака [8]. По показателю «процент прорастания семян в растворе сахарозы» обнаружено 30 QTL для поливных условий на всех хромосомах ячменя (от 2 до 6 QTL на хромосому). Для неполивных условий QTL идентифицированы на хромосомах 3 и 4 ячменя (рисунок 14).

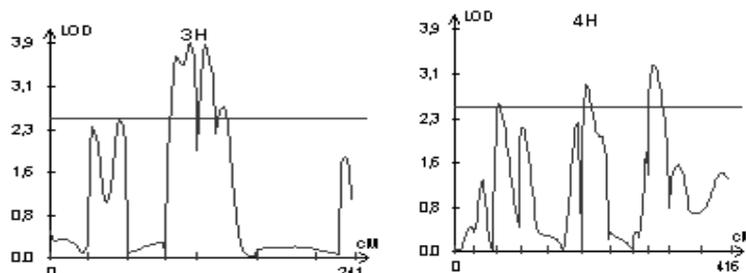


Рисунок 14 – Хромосомная локализация QTL признака «процент прорастания семян в растворе сахарозы» линий ячменя ЮК43 x *Hsp*, выращенных в неполивных условиях

По признаку ВС листьев у растений, выращенных как на поливе, так и на полуобеспеченной богаре, обнаружено по 22 QTL, картированные на всех хромосомах ячменя, с одной лишь разницей в количестве QTL на хромосому и расположением некоторых из них на хромосоме. Так, для условий полива распределение локусов выглядело следующим образом: 1 (6 QTL), 2, 3 (4 QTL), 4 (5 QTL), 5 (2 QTL), 6, 7 (3 QTL), в то время как на богаре несколько иначе – 1 (3 QTL), 2 (5 QTL), 3 (3 QTL), 4 (3 QTL), 5 (3 QTL), 6 (2 QTL) и 7 (4 QTL). Обнаружено, что независимо от условий выращивания линий (полив/богара) 14 локусов полностью совпали, что свидетельствует о вкладе генотипа в проявление этого признака. При этом значения LOD при анализе этого признака, проведенном на растениях с поливного участка были выше у всех QTL (на 1,0-3,5), за исключением QTL на хромосоме 7Н. На хромосомах 2Н, 6Н и 7Н были обнаружены QTL, характерные только для неполивных условий выращивания. В таблице 4 дана суммарная информация по локусам количественных признаков, выявленных при использовании генетической карты ячменя ЮК43 x *Hsp*, в том числе по QTL, характерным для обоих условий и по отдельности.

Таблица 4 – Суммарная информация по локусам количественных признаков, выявленных при использовании генетической карты ячменя ЮК43 x *Hsp*

Признак	Количество QTL		Число общих QTL	Сумма QTL
	Полив	Богара		
Высота растений, см	1	2	-	3
Число продуктивных колосьев	13	4	2	15
Количество зерновок с 1 растения	7	2	-	9
Длина колоса, см	-	1	-	1
Число колосков в колосе	7	3	-	10
Длина остей, см	1	1	-	2
Относительное содержание воды	15	2	-	17
Процент прорастания семян в растворе осмотика	30	6	4	32
Водопоглотительная способность	22	23	14	31
Всего QTL:	96	44	20	120

Таким образом, результаты наших исследований подтверждают сложный генетический контроль признаков, ассоциированных с засухоустойчивостью. Результаты исследований будут использованы для обнаружения молекулярных маркеров QTL для применения в молекулярной селекции ячменя.

Выявлены корреляции между конкретным признаком и генотипом по каждому молекулярному маркеру карты. В таблице 5 приведены QTL, ассоциированные с засухоустойчивостью ячменя и сцепленные с ними ДНК-маркеры, выявленные в результате QTL-анализа картирующей популяции ЮК43 x *Hsp*. Полученные результаты способствуют расширению фундаментальных знаний по генетическому контролю изученных признаков, участвующих в формировании качества мягкой пшеницы и будут использованы в программах, направленных на генетическое улучшение качества посредством молекулярной селекции (MAS) и дальнейшего усовершенствования методологии современной селекции.

Таблица 5 – Локусы количественных признаков, ассоциированные с засухоустойчивостью ячменя и сцепленные с ними ДНК-маркеры, выявленные в результате QTL-анализа картирующей популяции ЮК43 x *Hsp*

Маркер	Хромосома		Признак	Значимость
34/52B	1Н	богара	RWC ППС	** *
		полив	Вес главного колоса, Кол-во прод. колосьев	* *
12/29D	1Н	богара	RWC, Высота растения	** *
Вмас67	3Н	богара	Длина колоса, Форма колоса	*** **
		полив	Форма колоса, Ширина колоса	**** ****

ЕВmac788	4Н	богара	Длина остей	**
3/60А	4Н	богара	RWC	**
43/25F	7Н	богара	RWC, ППС	** *
7/34В	7Н	богара	RWC	***

Идентификация главных QTL позволила: 1) отобрать перспективные линии - доноры для селекции на повышение толерантности к засухе; 2) выявить ДНК-маркеры, сцепленные с обнаруженными QTL, и гаплотипы (комбинации аллелей локусов), статистически связанные с засухоустойчивостью, рекомендованные для использования в молекулярной селекции, ДНК-генотипирования и паспортизации генетических ресурсов пшеницы Казахстана.

Заключение

114 линий картирующей популяции озимого ячменя Южно-Казахстанский 43 x *H.spontaneum* К. анализированы по комплексу показателей, ассоциируемых с засухоустойчивостью: способности прорастания семян в растворе осмотика (ППС), водопоглотительной способности (ВС) и относительному содержанию воды (ОСВ) в листьях. Выявлено 15 линий с показателями ППС, ОСВ, ВС в условиях богары, позволяющими отнести их к засухоустойчивым генотипам. Все линии картирующей популяции ячменя охарактеризованы по комплексу показателей, ассоциируемых с засухоустойчивостью. На основе использования 17 микросателлитных и 50 AFLP маркеров построена генетическая карта ячменя Южно-Казахстанский 43 x *Hordeum spontaneum* Koch. Полученные результаты использованы для генетического картирования локусов количественных признаков (QTL). Выявлены QTL для 9 показателей ячменя для условий полива и богары. При этом обнаружено 20 локусов, характерных для обоих условий. Для богарных условий выявлено вдвое меньше локусов, ассоциированных с толерантностью к засухе по сравнению с поливом. Выявление ассоциаций молекулярных маркеров с локусами количественных признаков, наряду с применением классических методов, является необходимым этапом на пути эффективного изучения генетических основ комплексной устойчивости и продуктивности зерновых, выявления ценных генотипов, с дальнейшим использованием полученных данных для целенаправленного генетического улучшения возделываемых культур.

Литература

- 1 Hori K., Kobayashi T., Shimizu A., Sato K., Takeda K. Kawasaki S. Efficient construction of high-density linkage map and its application to QTL analysis in barley // *Theor Appl Genet.* – 2003. – V. 107. – P. 806-813.
- 2 Туруспеков Е.К.. Картирование генома ячменя // *Биотехнология. Теория и практика.* – 2005. – №4. – С.8-21.
- 3 Li JZ, Huang XQ, Heinrichs F, Ganai MW, Röder MS. Analysis of QTLs for yield components, agronomic traits, and disease resistance in an advanced backcross population of spring barley. *Genome.* – 2006. – V. 49(5). – P. 454-66.
- 4 Marquez-Cedillo L.A. QTL analysis of agronomic traits in barley based on the doubled haploid progeny of two elite North American varieties representing different germplasm groups // *Theoretical and Applied Genetics.* – 2001. – V. 103. – P. 625-637.
- 5 Abugaliev S.I., Abugaliev A.I., Ledovskoy Yu., Zhumakhanova A., Shigenova E.T., Turuspekov Ye.K. Wild barley as a source for drought tolerant genotypes in breeding program of Kazakhstan. 14th Meeting of the European Cereals Genetics Co-operative, Istanbul, Turkey, May 6 - 10 2007, P. 27.
- 6 Diab A.A., Teulat-Merah B., This D., Ozturk N.Z., Benscher D., Sorrells M.E. Identification of drought-inducible genes and differentially expressed sequence tags in barley // *Theoretical and Applied Genetics.* – 2004. – V. 109. – P. 1417-1425.
- 7 Teulat B., Zoumarou-Wallis N., Rotter B., Ben Salem M., Bahri H., This D. QTL for relative water content in field-grown barley and their stability across Mediterranean an environments. *Theor Appl Genet.* – 2003. – V. 108. – N.1. – P.181-188.

Тұжырым

Арпаның тіркескен топтарына құруға арналған полиморфты маркерлерді идентификациялау мақсатында карталанатын Южно-Казахстанский 43 сұрыбы мен Израилдік жабайы арпаның *H.spontaneum* К топтарының тәжірибелік популяцияларына 30 AFLP және 50 SSR-праймерлерін пайдалана отырып PCR талдауы жасалды. Ата-ана жұбының ДНҚ-на SSR және AFLP талдау жүргізу

нәтижесінде SSR-праймерлінің 17 жұбы және AFLP-праймерлінің 22 комбинациясы бойынша генетикалық полиморфизм анықталды. Анықталған полиморфты микросателиттік және AFLP-маркерлерін пайдалана отырып карталанатын ЮК43×*Hsp* папуляциясының 114 тобына скрининг жүргізілді. AFLP-праймерінің 22 комбинацияна 116 полиморфты жолақ анықталды – 1 комбинацияға 2-ден 13-ке дейін маркер сәйкес келді. Анықталған полиморфты AFLP- және SSR-маркерлері жайлы ақпараттар жиынтығы арпаның тіркесу тобын құруға пайдаланылды. Әр бір тіркесу топтары үшін ДНҚ маркерінің локализациясы және олардың бір-бірінен арақашықтығы анықталды. Арпаның алғашқы генетикалық картасы құрылды. Ата-аналық жұптары мен тәжірибелік ЮК43×*Hsp* папуляциясының 114 тобының өнімдеріне құрылымы талдау және физиологиялық-биохимиялық тест жасалды. Алынған нәтижелер арпаның сандық белгілері локустарының генетикалық картасын жасауға қолданады.

Summary

In order to develop genetic map of Yuzhnokazhstanskaya 43 x *Hsp* line from Israel we have selected polymorphic markers based on PCR (polymerase chain reaction) of 45 AFLP combinations and 57 SSR-oligonucleotide primer pairs. The genetic map was consisted from 17 SSR and 50 AFLP markers. The mapping population that consisted from 114 F₂ lines of Yuzhnokazhstanskaya 43 x *Hsp* was analyzed for phenological and agronomic traits. The analysis of mapping population and quantitative data based on ANOVA and QTLCartografer statistical programs were allowed to identify 12 QTLs that associated with drought resistance. Five DNA markers that tightly linked with identified QTLs were suggested to use for programs, which will be associated with breeding of new cultivars for better resistance to drought.