

ИНСТИТУТ БИОЛОГИИ И БИОТЕХНОЛОГИИ РАСТЕНИЙ КН МОН РК (ИББР)

Отчет Генерального директора за 2019 год



ОСНОВНЫЕ НАПРАВЛЕНИЯ ДЕЯТЕЛЬНОСТИ ИББР

Биотехнологии для:

- *Сохранения и изучения генетических ресурсов*
- *Повышения эффективности селекции, семеноводства и питомниководства*

ОРГАНИЗАЦИОННАЯ СТРУКТУРА И НАУЧНЫЙ ПОТЕНЦИАЛ

- **Общая численность сотрудников - 141, в т.ч. научных сотрудников - 113 (7 лабораторий)**
- *Докторов наук* **7**
- *Докторов философии (PhD)* **7**
- *Кандидатов наук* **9**
- **Доля молодых кадров в возрасте до 35 лет** **51%**
- **12 сотрудников** обучаются в PhD докторантуре,
8 – в магистратуре КазНУ им. аль-Фараби и КазНАУ.
- **Защищены 3 PhD и 2 магистерских диссертаций**
- **25 сотрудников** прошли стажировку и курсы повышения квалификации, в т.ч. **19** - на международном уровне в ведущих научных центрах мира (*Великобритания, Бельгия, Италия, Венгрия, Польша, Япония, Южная Корея, КНР, Индия, Россия*), в т.ч. 1 стипендиат Программы «Болашак»

ФИНАНСИРОВАНИЕ ИББР в 2019г.

Источники	К-во проектов	Сумма, тыс. тенге
Программно-целевое финансирование	1	178 607,3
Грантовое финансирование	15	126 765,0
Софинансирование по грантам	2	1 500,0
АО Казагроинновация	3	38 000,0
Грант Академии наук КНР	1	3 559,0
Внебюджет		23 600,0
Базовое финансирование		44 653,0
ИТОГО	22	416 684,5

**НАУЧНО-ТЕХНИЧЕСКАЯ ПРОГРАММА
«ИСПОЛЬЗОВАНИЕ АДАПТИВНЫХ МЕХАНИЗМОВ РАСТЕНИЙ
В РАЗРАБОТКЕ СОВРЕМЕННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ПОЛУЧЕНИЯ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР
УСТОЙЧИВЫХ К СТРЕССОВЫМ ФАКТОРАМ»**

Исполнитель: Институт биологии и биотехнологии растений КН МОН РК

Соисполнители: Евразийский университет им. Л. Н. Гумилёва МОН РК,
Национальный центр биотехнологии КН МОН РК

Руководитель: Жамбакин К. Ж., доктор биол. наук, профессор, академик НАН РК

Цель: Разработка инновационных технологий получения сельскохозяйственных культур устойчивых к стрессовым факторам на основе новейших достижений биохимии, молекулярной, клеточной биологии и геномных технологий.

Состав исследователей: 35 научных сотрудников, в их числе 1 доктор наук, 3 доктора философии, 7 кандидатов наук и 12 магистров. Процент молодых учёных в команде составляет 71,4% (25 человек) в их числе 4 докторанта и 3 магистранта.

Задачи:

1. Исследовать активные мобильные элементы в геноме злаков, связанные с гетерозисом и стрессоустойчивостью
2. Исследовать влияния температурного стресса на уровень оксидативного стресса у ячменя в условиях засухи.
3. Исследовать защитные антивирусные механизмы растений при воздействии солевого стресса у *N.benthamiana* и ячменя.
4. Разработать биотехнологию получения граната устойчивого к холоду
5. Разработать биотехнологию получения генетически модифицированных холодоустойчивых растений сладкого картофеля
6. Биотехнология получения форм картофеля с улучшенными признаками устойчивости к фитофторозу на основе цисгенной биобаллистической трансформации

Ожидаемые результаты:

Авторами программы будут разработаны совершенно новые универсальные методы и технологии повышающие эффективность возделывания с/х культур и создания новых сортов :

1. Методы детекции активных мобильных элементов, связанных с гетерозисом и стрессоустойчивостью.
2. Температурно-опосредованный способ повышения стрессоустойчивости ячменя.
3. Способ предпосевной обработки семян, стимулирующий защитные антивирусные механизмы растений ячменя.
4. Биотехнология получения граната устойчивого к холоду. Мутантные растения граната устойчивые к холоду.
5. Биотехнология получения холодоустойчивого сладкого картофеля. Трансгенные растения сладкого картофеля устойчивые к холоду.
6. Биотехнология получения форм картофеля устойчивых к фитофторозу. Трансгенные растения картофеля с признаками устойчивости к фитофторозу

ИССЛЕДОВАНИЕ АКТИВНОСТИ МОБИЛЬНЫХ ЭЛЕМЕНТОВ В ГЕНОМЕ ЗЛАКОВ, СВЯЗАННЫХ С ГЕТЕРОЗИСОМ И СТРЕССОУСТОЙЧИВОСТЬЮ

Руководитель проекта	Календарь Р.Н., канд. биол. наук, доцент
Цель проекта:	Изучение активности мобильных элементов на стрессовые биотические и абиотические условия.
Задачи на 2019 г:	<ol style="list-style-type: none">1. Формирование коллекции генетического материала злаковых культур, полученных при межвидовой гибридизации.2. Анализ ретротранспозонов генома <i>Lolium perenne</i> L.3. Изучение экспрессии LTR-ретротранспозонов для межвидовых гибридов злаков.4. Изучение экспрессии LTR-ретротранспозонов на абиотический стресс для межвидовых гибридов злаков.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>В результате исследования сформирована коллекция генетического материала злаковых культур, полученных при межвидовой гибридизации.</p> <p>Сформирована ДНК- и РНК-коллекция злаковых культур, полученных при межвидовой гибридизации.</p> <p>Проведён биоинформационный анализ нуклеотидных последовательностей высококопийных LTR-ретротранспозонов для генома <i>Lolium perenne</i> L.</p> <p>Разработаны ПЦР праймеры для детекции мобильных элементов из генома <i>Lolium perenne</i>.</p> <p>Проведен IRAP анализ ДНК образцов злаковых культур <i>Lolium perenne</i> L., <i>Festuca pratensis</i> и <i>Festulolium loliaceum</i>.</p> <p>Проведён количественный анализ экспрессии мобильных элементов в стрессовых условиях по сравнению со стандартными условия культивирования в исследованиях ОТ-кПЦР для образцов (<i>Lolium perenne</i>, <i>Festuca pratensis</i> и <i>Festulolium</i>).</p>

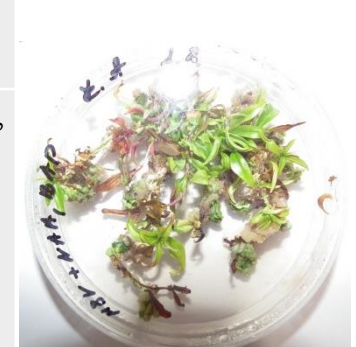
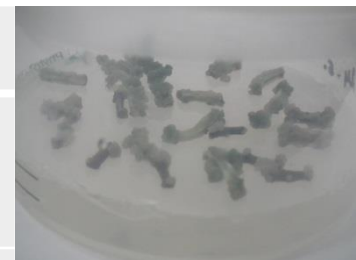
ИССЛЕДОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ ТЕМПЕРАТУРНОГО СТРЕССА НА УРОВЕНЬ ОКСИДАТИВНОГО СТРЕССА У ЯЧМЕНЯ В УСЛОВИЯХ ЗАСУХИ

Руководитель проекта	Масалимов Ж.К., канд. биол. наук, доцент
Цель проекта:	Исследование влияния холодого и теплового стресса на уровень биологических макромолекул (липидов и ДНК) оксидативного стресса в растениях в условиях водного дефицита.
Задачи на 2019 г:	<ol style="list-style-type: none">1. Определение уровня перекисного окисления липидов (ПОЛ), по содержанию – малонового диальдегида (МДА)2. Определение биологических макромолекул – водо- и жирорастворимых витаминов, как неферментных антиоксидантов перекисного окисления липидов и ДНК3. Определение показателей стресса – RWC (relative water content - относительное содержание воды) и хлорофилла4. Влияние температурного стресса и засухи на содержание ДНК5. Определение уровня окислительных повреждений в ДНК по содержанию 8-оксогуанина
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<ol style="list-style-type: none">1. Показано повышение уровня перекисного окисления липидов (ПОЛ) как в условиях водного дефицита, так и при холодом и теплом стрессах.2. Было исследовано содержание неферментных антиоксидантов. Обнаружено, что тепловой стресс (40°C) приводит к увеличению концентрации водорастворимого витамина С в ~4-5 раз и жирорастворимого витамина Е в 1,66 раз. Показано влияние засухи при холодом и теплом стрессах на уровень витамина Е, содержание которого в ~ 2,3 и ~2,8 раз выше по сравнению его содержанием в растениях выращенных при соответствующих температурах, но в условиях достаточной увлажненности почвы.3. Определен уровень RWC (relative water content - относительное содержание воды) и хлорофилла. RWC не показал значительных изменений при температурном стрессе, тогда как при сочетании засухи и гипертермии снижался уровень содержания влаги. При гипертермии4. Было обнаружено, что в растениях выращенных с достаточным уровнем влаги и в условиях водного дефицита уровень содержания ДНК как при холодом (10°C), так и при теплом стрессе (40°C) значительно выше, по сравнению с растениями выращенных при 25°C, что указывает на процессы эндоредупликаций. Также было показано влияние засухи на содержание ДНК в растениях выращенных при 10°C и 25°C, где количественное содержание ДНК уменьшилось на 10 и 20% соответственно. При 40°C влияние засухи не наблюдалось.5. Определен уровень окислительных повреждений в ДНК по содержанию 8-оксогуанина. Было выявлено, что как температурный фактор, так и засуха не повлияли на уровень окислительных повреждений ДНК, в частности на содержание 8-оксогуанинов.

ИССЛЕДОВАНИЯ ЗАЩИТНЫХ АНТИВИРУСНЫХ МЕХАНИЗМОВ РАСТЕНИЙ ПРИ ВОЗДЕЙСТВИИ СОЛЕВОГО СТРЕССА *N. benthamiana* И ЯЧМЕНЯ

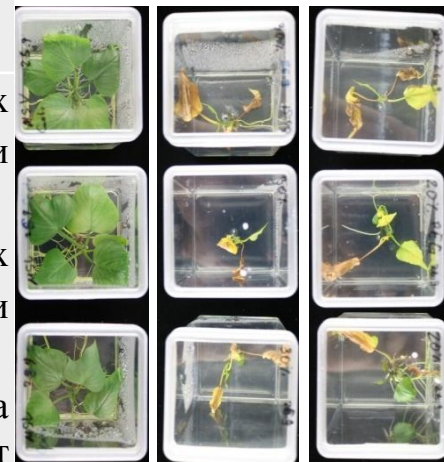
Руководитель проекта	Омаров Р. Т., канд. биол. наук
Цель проекта:	Исследовать влияние солевого стресса на развитие вирусной инфекции в растениях <i>N.benthamiana</i> (табак) и <i>Hordeum vulgare</i> (ячменя).
Задачи на 2019 г:	<p>Продолжить работы по исследованию защитных антивирусных механизмов растений при воздействии солевого стресса у <i>N.benthamiana</i> и ячменя. Провести солевой прайминг семян для повышения устойчивости проростков к атаке патогена.</p> <p>Для выполнения основной задачи НИР были поставлены следующие подзадачи:</p> <ol style="list-style-type: none">1. Исследовать влияние солевого прайминга на морфометрические показатели <i>N. benthamiana</i> и <i>Hordeum vulgare</i>;2. Исследовать влияние солевого прайминга на развитие вирусной инфекции в <i>N. benthamiana</i> и <i>Hordeum vulgare</i>;3. Изучить совместное влияние солевого прайминга и вирусной инфекции на активность альдегидоксидазы;4. Изучить совместное влияние солевого прайминга и вирусной инфекции на активность каталазы.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<ol style="list-style-type: none">1. Было установлено, что 100 мМ NaCl прайминг семян ячменя негативно влияет на рост корней и стебля, а 50 мМ NaCl прайминг улучшает всхожесть семян и морфометрические показатели ячменя. Установлен нейтральный эффект солевого прайминга семян <i>N. benthamiana</i> на ростовые показатели растений.2. Определено, что солевой прайминг семян <i>N. benthamiana</i> ингибирует вирусную инфекцию. Было определено, что при 50 мМ NaCl прайминге <i>N. benthamiana</i> аккумуляция вирусных белков, соответственно, вирусной инфекции ингибируется.3. Установлено что, чем больше концентрация NaCl для прайминга при вирусной инфекции <i>N. Benthamiana</i>, тем выше активность альдегидоксидазы по сравнению с контрольным образцом.4. Установлено что, с повышением обрабатываемой концентрации NaCl без вирусной инфекции активность каталазы понижается по сравнению с контрольным образцом, а с повышением концентрации при вирусной инфекции активность каталазы в геле повышается по сравнению с контрольными образцами, обработанными NaCl.

Руководитель проекта	Волков Д.В., Ph.D. докторант
Цель проекта:	Разработать биотехнологические приемы по получению линий граната устойчивых к холоду
Задачи на 2019 г:	Проведение исследований на устойчивость к холоду мутантных растений граната <i>in vitro</i>
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Проведено клонирование растений граната <i>in vitro</i>, полученных из каллусов, обработанных мутагеном ЭМС и контрольных растений линии Pg1; 2. Проведено клонирование растений <i>in vitro</i>, полученных из каллусов, обработанных мутагеном ЭМС и контрольных растений сортов Нардан, Шахризабс ранний, Акдона для проведения эксперимента на устойчивость к холоду; 3. Получены каллусы, обработанные мутагеном ЭМС и выжившие при длительной экспозиции на низких положительных температурах 2°C, 4°C, 6°C для дальнейшего получения из них растений. При этом установлено, что наиболее эффективной концентрацией для обработки каллусов граната мутагеном ЭМС является 9мМ. Процент выживших каллусов при данной концентрации достигает у некоторых генотипов до 82 %. 4. Определена холодоустойчивость регенерантов граната сорт Акдона к положительным низкой температуре 4°C 30 дней. Максимальная выживаемость регенерантов при концентрации EMS 9 мМ – из 94 регенерантов выжило 55 (58%). Минимальная выживаемость регенерантов линии Pg1 – из 282 регенерантов выжило 8 (3%)



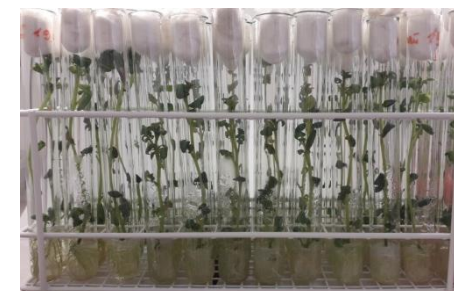
РАЗРАБОТКА БИОТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИ МОДИФИЦИРОВАННЫХ ХОЛОДОУСТОЙЧИВЫХ РАСТЕНИЙ СЛАДКОГО КАРТОФЕЛЯ

Руководитель проекта	Шамекова М.Х., Ph.D., ассоц. профессор
Цель проекта:	Разработка биотехнологии получения генетически модифицированных холодоустойчивых растений сладкого картофеля. В итоге проекта будет получена биотехнология получения генетически модифицированных холодоустойчивых безвирусных растений сладкого картофеля.
Задачи на 2019 г:	Проведение исследований устойчивости к холоду и засухе трансгенных растений батата в условиях <i>in vitro</i> .
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>Проведены исследования устойчивости к холоду <i>in vitro</i> трансгенных линий сладкого картофеля с целевой вставкой SWPA2:IbCBF3 и SWPA2:IbWRKY31.</p> <p>Проведены исследования устойчивости к засухе <i>in vitro</i> трансгенных линий сладкого картофеля с целевой вставкой SWPA2:IbCBF3 и SWPA2:IbWRKY31.</p> <p>По полученным результатам можно предположить что целевая вставка SWPA2:IbCBF3 усиливает экспрессию гена тем самым повышает устойчивость растения к холоду и засухе. В тоже время предполагается, что ген IbWRKY31 не отвечает за устойчивость сладкого картофеля к холоду и засухе. Для подтверждения предположения, необходимо провести дополнительные тесты на вышеуказанные абиотические стрессы трансгенных растений.</p>

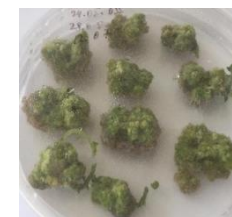


РАЗРАБОТКА БИОТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ ФОРМ КАРТОФЕЛЯ С УЛУЧШЕННЫМИ ПРИЗНАКАМИ УСТОЙЧИВОСТИ К ФИТОФТОРОЗУ НА ОСНОВЕ ЦИСГЕННОЙ БИОБАЛЛИСТИЧЕСКОЙ ТРАНСФОРМАЦИИ

Руководитель проекта	Скиба Ю.А., канд. биол. наук
Цель проекта:	Разработка биотехнологии получения форм картофеля с улучшенными признаками устойчивости к фитофторозу на основе цисгенной биобаллистической трансформации.
Задачи на 2019г:	Проведение генетической трансформации, получение и клонирование растений <i>in vitro</i> ; - провести генетическую трансформацию растений картофеля исследуемых сортов; - получение трансформированных растений-регенерантов картофеля; - клонирование трансформированных растений-регенерантов картофеля в условиях <i>in vitro</i> .
Основные результаты по проекту за 2019г.	<ol style="list-style-type: none">1. Проведено тиражирование исходного материала для серии трансформаций растений картофеля сортов Аксор, Невский, Санте, Айвори Рассет, Инноватор.2. Проведено 3 серии биобаллистических трансформаций генетическими конструкциями с генами Rpi_sto1, Rpi_vnt1.1 и REMORIN1.3 под контролем конститутивных промоторов картофеля на 3645 эксплантах междоузлий пробирочных растений картофеля исследуемых сортов, получено 625 каллусов картофеля сорта Аксор и 556 каллусов сорта Невский.3. Из каллусов картофеля сортов Аксор и Невский получено 90 растений-регенерантов, предположительно несущих целевые вставки генов конструкций с отобранными генами Rpi_sto1, Rpi_vnt1.1 и REMORIN1.3 под контролем конститутивных промоторов картофеля.4. Проведено культивирование пробирочных растений картофеля сортов Аксор, Невский, Инноватор, Санте и Айвори в полевых условиях для поддержания коллекции донорного материала.



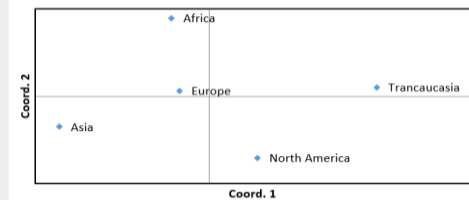
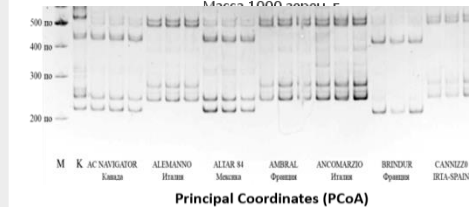
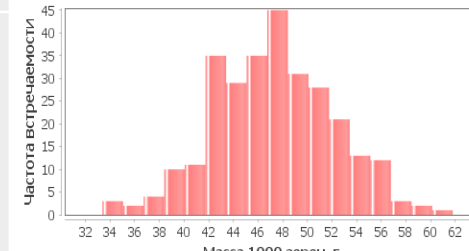
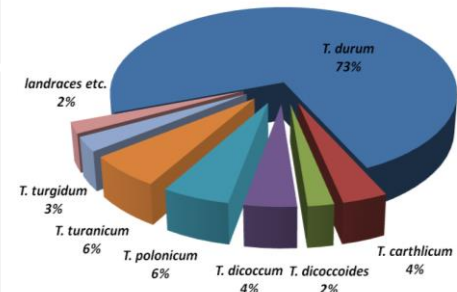
Микроклональное размножение пробирочных растений картофеля



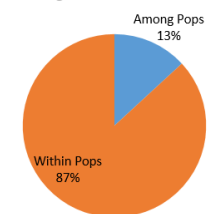
Регенерация растений картофеля на каллусных культурах после биобаллистической трансформации

AP05131328 «КАРТИРОВАНИЕ QTL ХОЗЯЙСТВЕННО-ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЫ *Triticum durum* Desf. НА ОСНОВЕ ПОЛНОГЕНОМНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ АССОЦИАЦИЙ

Руководитель проекта	Турсупеков Е.К., канд. биол. наук, профессор
Цель проекта:	Идентификация локусов количественных признаков (ЛКП или QTL, <i>quantitative trait loci</i>), связанных с адаптивностью, компонентами урожайности и качеством зерна твердой пшеницы <i>Triticum durum</i> Desf., на основе использования фенотипических данных, полногеномного генотипирования изучаемой коллекции и метода ассоциативного картирования генов
Задачи на 2019 г:	<ol style="list-style-type: none"> 1. Фенотипическое изучение коллекции твердой пшеницы, состоящей из более 300 отечественных и зарубежных образцов, в двух регионах Казахстана. – Фенологическая оценка коллекции 300 образцов твердой пшеницы в двух регионах Казахстана. Анализ компонентов урожайности коллекции, выращенной в двух регионах Казахстана. 2. Генотипирование сортов и линий твердой пшеницы Казахстана с использованием SNP-маркеров по технологии KASP. 3. Оценка генетического разнообразия коллекции твердой пшеницы на основе использования микросателлитных ДНК-маркеров. – <i>Микросателлитный анализ сортов и линий твердой пшеницы Казахстана. Выделение и генетическая паспортизация перспективных линий твердой пшеницы. SSR-анализ генетического разнообразия центральной коллекции твердой пшеницы.</i> 4. Биохимический анализ качества зерна коллекции твердой пшеницы Казахстана. 5. Идентификация QTL хозяйственно-ценных признаков твердой пшеницы на основе использования метода ассоциативного картирования генов. 6. Анализ эффективности KASP-маркеров для выявления ценных генотипов и их использования в селекционных программах. – <i>Конвертация идентифицированных SNP-маркеров хозяйственно-ценных признаков твердой пшеницы в ДНК-маркеры класса KASP.</i>

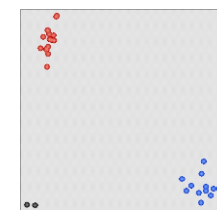


Percentages of Molecular Variance

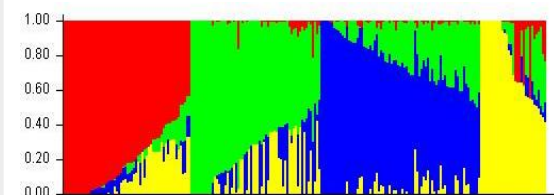


Основные
результаты
по проекту за
2019 г.

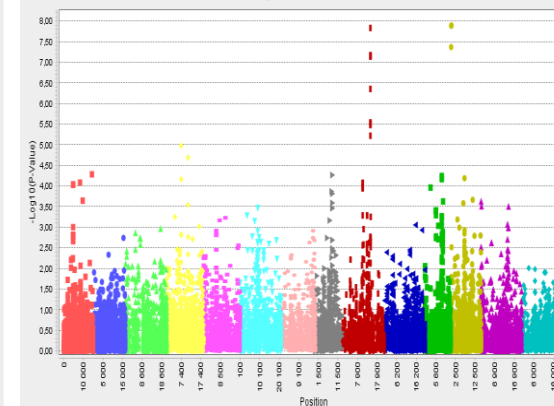
1. Осуществлен фенотипический анализ коллекции твердой пшеницы, состоящей из 350 отечественных и зарубежных образцов, в двух регионах Казахстана – Алматинская и Северо-Казахстанская области с использованием 13 признаков, связанных с продуктивностью растений
2. Проведен биохимический анализ 300 сортов и линий коллекции твердой пшеницы на основе 8 признаков, определяющих качество зерна.
3. Осуществлено генотипирование 29 сортов Казахстана и России с использованием 32 KASP-маркеров. Расширен генетический паспорт сортов Казахстана и России.
4. Проведен анализ по эффективности 32 KASP-маркеров в коллекции, состоящей из 29 сортов Казахстана и России. Определено, что 8 из 14 полиморфных KASP-маркеров являются высокоэффективными с селекционным процессом.
5. По результатам полевых данных 2018 года осуществлен полногеномный анализ ассоциации коллекции твердой пшеницы, состоящей из 227 отечественных и зарубежных образцов, генотипированных с использованием 16,247 SNP-маркеров. Идентифицировано 234 маркер-признака ассоциаций для 13 изученных признаков, определяющих продуктивность растений.
6. 20 SNP-маркеров, тесно сцепленных с хозяйственно-ценными признаками твердой пшеницы были использованы для отбора рабочей группы KASP-маркеров для Алматинской и Северо-Казахстанской областей. Осуществлена трансформация 20 SNP-маркеров в KASP-маркеры твердой пшеницы.



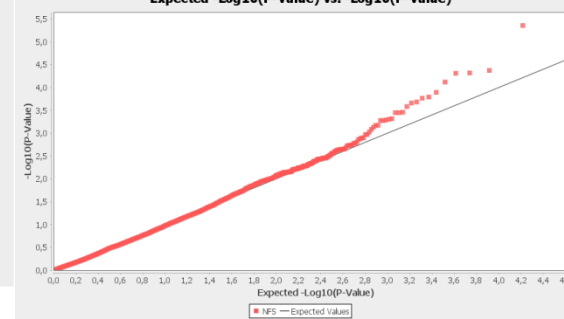
A) GENE-2352_964



P-Values by Chromosome for FT



Expected -Log10(P-Value) vs. -Log10(P-Value)



AP05131592 «ПОЛНОГЕНОМНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ АССОЦИАЦИЙ УСТОЙЧИВОСТИ К ГРИБКОВЫМ БОЛЕЗНЯМ СОИ В КАЗАХСТАНЕ»

Руководитель проекта	Абугалиева С.И., доктор биол. наук, профессор
Цель проекта:	Идентификация и картирование локусов количественных признаков, связанных с устойчивостью к наиболее опасным грибным болезням сои на основе использования фенотипических данных, полногеномного генотипирования изучаемой коллекции и метода ассоциативного картирования генов
Задачи на 2019 г:	<ol style="list-style-type: none"> 1. Изучение устойчивости коллекции сои к грибным болезням. 2. Изучение хозяйственно-ценных признаков коллекции сои, состоящей из 288 отечественных и зарубежных образцов. 3. Оценка генетического разнообразия центральной коллекции сои на основе использования микросателлитных ДНК-маркеров, связанных с устойчивостью к болезням. – Анализ генетического разнообразия центральной коллекции сои по SSR-маркерам, связанным с устойчивостью к болезням. 4. Идентификация и картирование QTL устойчивости сои к грибным болезням в Казахстане. 5. Конвертация идентифицированных SNP-маркеров сои, связанных с устойчивостью к наиболее опасным грибным болезням, в удобные KASP маркеры. - Дизайн праймеров и ПЦР для KASP-маркеров.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<ol style="list-style-type: none"> 1. Изучена устойчивость коллекции сои к 4 грибным болезням – септориозу, фузариозу, церкоспорозу и пурпурному церкоспорозу. <i>В 2019 г. выделено 19 сортообразцов сои, высокоустойчивых к трем распространенным болезням (септориозу, церкоспорозу и пурпурному церкоспорозу).</i> 2. Мировая коллекция (288 отечественных и зарубежных образцов) изучена по хозяйственно-ценным признакам. <i>Выделены наиболее продуктивные образцы.</i>



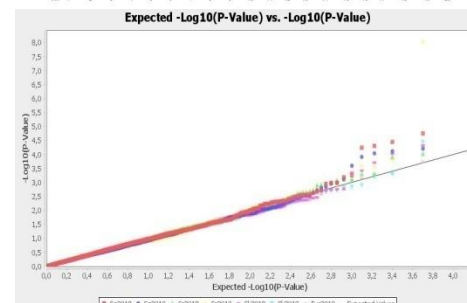
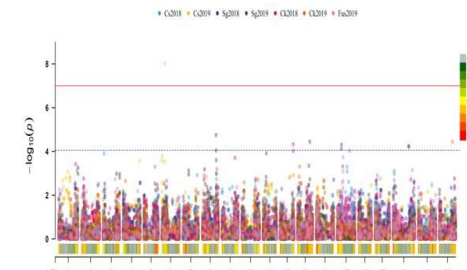
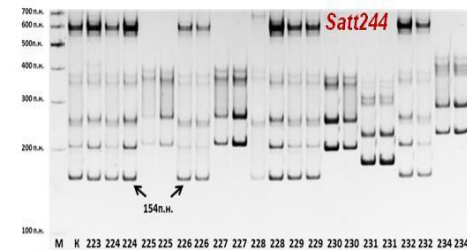
Фузариоз (*Fusarium* spp.)



Септориоз (*Septoria glycines*)



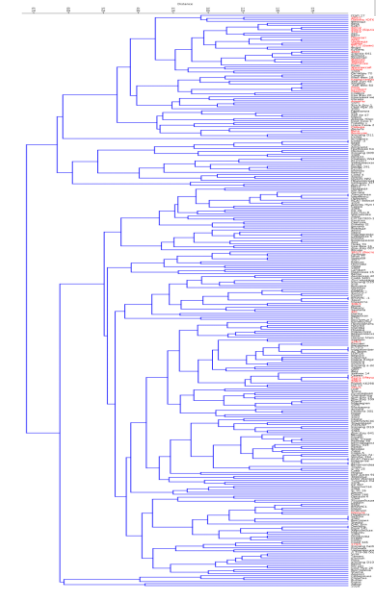
Пурпурный церкоспороз (*Cercospora kikuchii*)



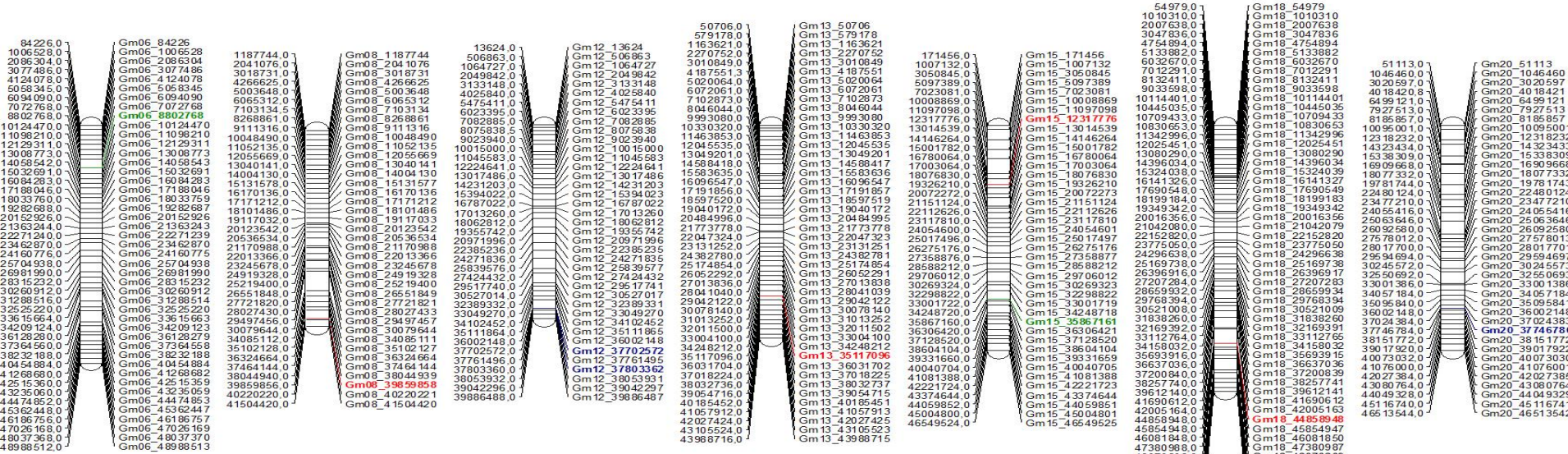
AP05131592 «ПОЛНОГЕНОМНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ АССОЦИАЦИЙ УСТОЙЧИВОСТИ К ГРИБКОВЫМ БОЛЕЗНЯМ СОИ В КАЗАХСТАНЕ»

Основные результаты по проекту за 2019 г.

1. Определен уровень генетического разнообразия центральной коллекции сои по 7 SSR-маркерам, связанным с устойчивостью к болезням. Выявлены носители аллелей устойчивости к церкоспорозу (по SSR-локусам *Satt244*, *Satt565*, *Satt529*) и фузариозу (*Satt038*, *Satt570*, *Satt309*, *Satt371*)
2. Идентификация и картирование QTL устойчивости сои к грибным болезням в Казахстане. Идентифицировано 9 SNP маркеров, ассоциированных с 12 QTL по признакам устойчивости к септориозу, церкоспорозу и пурпурному церкоспорозу.
3. Конвертация идентифицированных SNP-маркеров сои, связанных с устойчивостью к наиболее опасным грибным болезням, в удобные KASP маркеры. - Дизайн праймеров и ПЦР для KASP-маркеров.



Chromosome6 Chromosome8 Chromosome12 Chromosome13 Chromosome15 Chromosome18 Chromosome20



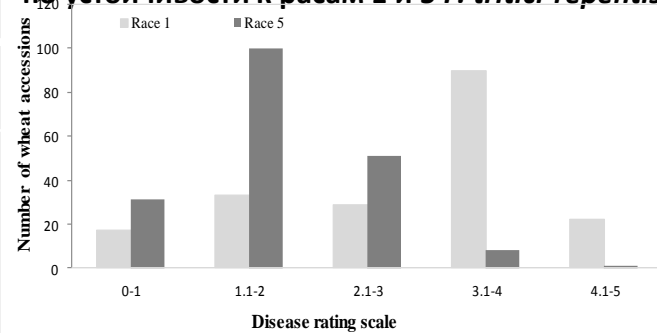
QTL по устойчивости к церкоспорозу (*Cercospora sojina*)
 QTL по устойчивости к септориозу (*Septoria glycines*)
 QTL по устойчивости к пурпурному церкоспорозу (*Cercospora kikuchii*)

**AP05132540 «АССОЦИАТИВНОЕ КАРТИРОВАНИЕ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К ПИРЕНОФОРОЗУ
PYRENOPHORA TRITICI-REPENTIS В КОЛЛЕКЦИИ СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ,
ВОЗДЕЛЫВАЕМЫХ В КАЗАХСТАНЕ»**

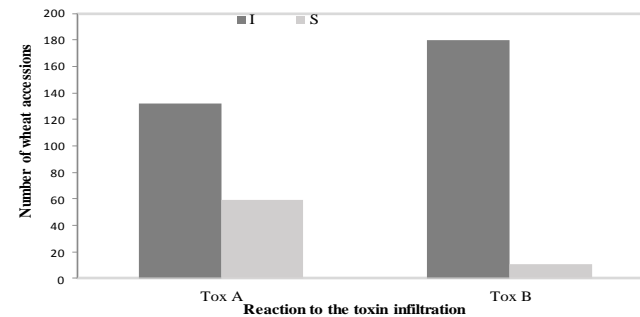


Руководитель проекта	Кохметова А.М., доктор биол. наук, профессор, член-корр. НАН РК
Цель проекта:	Полногеномный анализ ассоциаций по устойчивости к <i>Pyrenophora tritici-repentis</i> сортов мягкой пшеницы, возделываемых в Казахстане
Задачи на 2019 г.:	<p>Этап 2019 г.: Анализ генетической структуры и генетического родства сортов пшеницы по данным полногеномного генотипирования.</p> <ol style="list-style-type: none"> Структурный анализ элементов продуктивности у коллекции образцов пшеницы. Фенологические наблюдения, оценка индекса биомассы NDVI у коллекции образцов пшеницы. Фитопатологический скрининг коллекции сортов мягкой пшеницы, возделываемых в Казахстане на устойчивость к <i>Ptr</i> в полевых условиях 2019г. Определение генетической структуры популяции коллекции сортов
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>Получены данные по генотипированию и фенотипированию 194 образцов озимой и яровой пшеницы, выращенных в условиях Алматинской области, изученных в условиях теплицы на устойчивость к расам 1 и 5, а также на чувствительность к токсинам ToxA and ToxB <i>Pyrenophora tritici-repentis</i>.</p> <p>Генотипирование осуществлено с использованием технологии секвенирования нового поколения DArTseq™ на основе процедуры Illumina HiSeq2500. Результаты GBS использованы для анализа структуры популяции коллекции образцов пшеницы.</p> <p>Для изучения генетического разнообразия субгеномов А, В и D оценены индекс разнообразия DI и содержание полиморфной информации, PIC. Средний DI для 8154 SNP в 194 образцах составил 0,42, варьируя в диапазоне от 0,40 до 0,43.</p> <p>Более высокий DI (0,47) отмечен для хромосом 2В и 1В (0,46). Разнообразие генов в гермоплазме озимой пшеницы (0,38) было несколько ниже, чем у образцов яровой пшеницы (0,41).</p>

Частота встречаемости генотипов пшеницы по устойчивости к расам 1 и 5 *P. tritici-repentis*



Частота встречаемости генотипов по реакции к токсинам *Ptr ToxA* и *Ptr ToxB*



Генетическое разнообразие и полиморфное информационное содержание (PIC) по хромосомам на основе 8154 SNP маркеров

Суб-геномы	DI	PIC
A	0,42	0,36
B	0,43	0,37
D	0,40	0,34
По всему геному	0,42	0,36

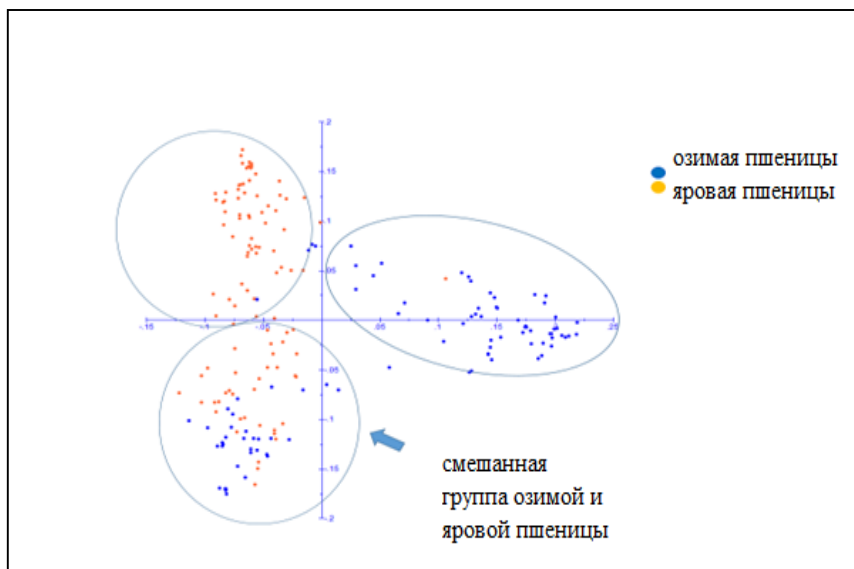
Изучение структуры популяции на основе анализа главных компонент (PCA)

Анализ главных компонент (PCA)

проведен на основе генотипирования 194 образцов пшеницы с использованием 8154 полиморфных SNP маркеров.

Результаты PCA подтвердили генетически значимое распределение коллекции гермоплазмы пшеницы на 3 четкие субпопуляции. Первый, второй и третий главные компоненты (PC1, PC2 и PC3) объясняли 11,8, 9,9 и 5,5% вариации соответственно. В целом, 27,3% вариации были объяснены первыми тремя компонентами.

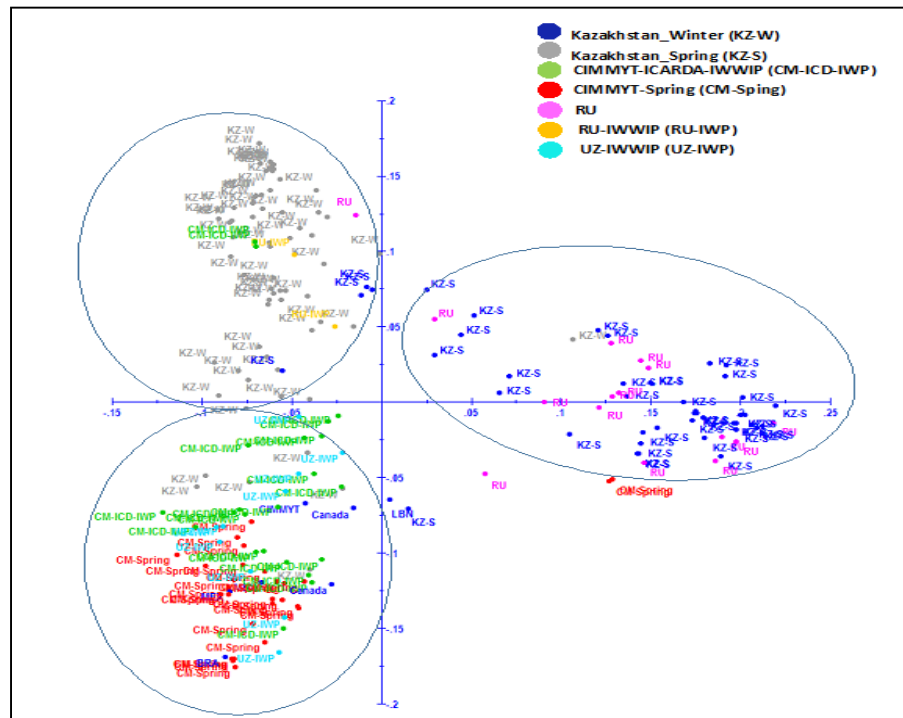
Анализ главных компонент показал наличие 3-х групп, объединяющихся по типу развития (яровая, озимая пшеница и смешанная группа).



Распределение сортов по субкластерам с помощью набора SNP маркеров на основе критерия «происхождение»

Использование критерия – «Происхождение» показало, что группа 1 содержала KZ озимые сорта, группа 2 состояла из KZ и российских сортов. Третья смешанная группа 3, состояла в основном из линий CIMMYT; созданная программами CIMMYT-ICARDA-IWWIP по озимой и CIMMYT по яровой пшенице.

Результаты PCA анализа обнаружили генетическое родство между образцами яровой пшеницы из Казахстана и России.



Заключение: Полученные результаты по анализу генетической структуры и генетического родства сортов пшеницы являются 1 этапом для последующего полногеномного поиска ассоциаций (GWAS) по устойчивости к пириенофорозу (устойчивость к расам 1 и 5, токсинам, устойчивость в полевых условиях, и другие компоненты устойчивости к болезни).

AP0513109 ИДЕНТИФИКАЦИЯ НОСИТЕЛЕЙ ВТ-ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ТВЕРДОЙ ГОЛОВНЕ (*Tilletia caries* (DC) Tul.) В КАЗАХСТАНСКОЙ И ЗАРУБЕЖНОЙ ГЕРМОПЛАЗМЕ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДНК-ТЕХНОЛОГИЙ И СОЗДАНИЕ ПЕРСПЕКТИВНЫХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ ДЛЯ ВНЕДРЕНИЯ В ОРГАНИЧЕСКОЕ ЗЕМЛЕДЕЛИЕ

Руководитель проекта	Маденова А. К., Ph.D.
Цель проекта:	Идентификация носителей <i>Vt</i> -генов устойчивости к твердой головне (<i>Tilletia caries</i> (DC) Tul.) в казахстанской и зарубежной гермоплазме с использованием ДНК-технологий и создание перспективных линий пшеницы для внедрения в органическое земледелие.
Задачи на 2019 г:	Молекулярный скрининг у сортов и гибридов пшеницы казахстанской и зарубежной селекции (Румыния, Венгрия, Болгария, СИММУТ) на наличие <i>Vt</i> -генов устойчивости к твердой головне пшеницы.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>На основе анализа международных баз, данных Grain Genes, MAS Wheat, KOMUGI осуществлен подбор молекулярных маркеров, сцепленных с генами устойчивости к твердой головне. Оработаны протоколы ПЦР анализов для идентификации носителей генов устойчивости твердой головне.</p> <p>Проведена молекулярная идентификация носителей <i>Vt</i>-генов у сортов пшеницы казахстанской и зарубежной селекции (Румыния, Венгрия). Отобранные носители эффективных <i>Vt</i>-генов устойчивости к твердой головне вовлечены в программы гибридизации по повышению устойчивости к болезни. Полученные данные представляют интерес для создания сортов, устойчивых к твердой головне и их внедрения в органическое земледелие.</p>



I – учет 02.07.2019 г.

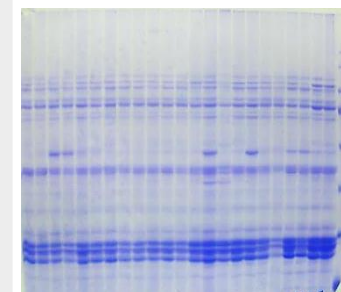


II-учет 10.07.2019 г.

Рисунок 1- Реакция озимой пшеницы на поражение твердой головней на инфекционном фоне

АР 05132714 «ФИЗИОЛОГО-БИОХИМИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СОЗДАНИЯ ОТЕЧЕСТВЕННОГО СОРТА РИСА С ОКРАШЕННЫМ ПЕРИКАРПОМ»

Руководитель проекта	Усенбеков Б.Н., канд. биол. наук, ассоц. профессор
Цель проекта:	Создание первого отечественного сорта риса с окрашенным перикарпом на основе перспективных форм и дигаплоидных линий.
Задачи на 2019 г:	Отбор перспективных линии риса с окрашенным перикарпом с помощью белковых и молекулярных маркеров. Закладка и отбор в конкурсном испытании 2 года (КСИ 2)
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>Основные результаты: Биохимический анализ содержания амилозы F₆-F₇ гибридов с окрашенным перикарпом показал, что содержание амилозы у исследуемых образцов риса (18-гибридов и 8 родительские формы) колеблется от 0% до 24,5%. Отмечено отсутствие высокоамилозных генотипов и образцы риса классифицированы на 4 группы: 5 глютинозных (содержание амилозы от 0% до 0,9%); 2 восковидных (1,1-1,4 %); 13 низкоамилозных (10,2-19,9%); 6 среднеамилозных (20,5-24,5%) образцов.</p> <p>Проведена паспортизация по белковым формулам исходных сортов и гибридных линий риса поздних поколений с окрашенным перикарпом. Подобраны оптимальные условия выделения и фракционирования оризенинов риса, проведен анализ белковых спектров 29 сортообразцов и составлены их белковые формулы. В результате комплексной оценки по биохимическим параметрам и хозяйственно-ценным признакам были выделены и охарактеризованы перспективные гибриды разных поколений риса с окрашенным перикарпом.</p>



AP05132714 ФИЗИОЛОГО-БИОХИМИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСНОВЫ СОЗДАНИЯ ОТЕЧЕСТВЕННОГО СОРТА РИСА С ОКРАШЕННЫМ ПЕРИКАРПОМ

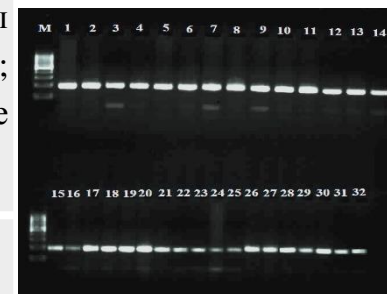
Основные результаты по проекту за 2019 г.

В результате лабораторного скрининга на устойчивость к холоду перспективных гибридов с окрашенным перикарпом и их родительских форм исследуемые генотипы разделены на 3 группы: холодостойкие (всхожесть 66-100%) – 14 генотипов; среднехолодостойкие (всхожесть 34-65%) – 6 генотипов и холодочувствительные (всхожесть 0-33%) – 7 генотипов.

Молекулярно-генетический анализ гибридов F₆-F₇ поколений с окрашенным перикарпом проводили с использованием микросателлитных маркеров RM 231, RM569, RM24545, RM1377, тесно сцепленных с локусами холодостойкости риса (*qPSST-3*, *qPSST-7*, *qPSST-9*). В результате ПЦР анализа из исследуемых образцов отобраны восемь холодоустойчивых генотипов: 1 гибрид с антоциановой окраской перикарпа – F₆ Черный рис/ Янтарь *var.Desvauxii Koern*, 1 дигамплоид – ДГ F₂ Черный рис/Баканасский и 6 сортов – Мавр, Баканасский, Виола, Маржан, УзРОС 7/13 и Кубань 3.

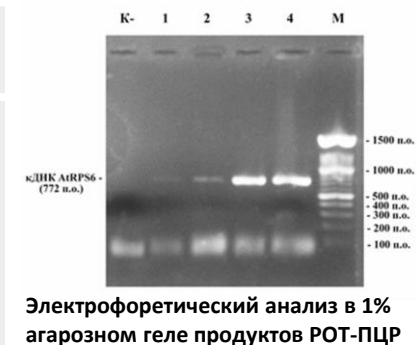
Анализ элементов структуры урожая F₇-F₈ гибридов риса с окрашенным перикарпом позволил отобрать перспективные линии по ряду хозяйственно-ценных признаков. Так, по признаку «масса зерна с главной метелки» наибольшую урожайность показали следующие линии: F₈ Черный рис/ Баканасский *var.para-Gastrol Port*, F₈ Черный рис/ Баканасский *var.para-Gastrol Port*, F₈ Черный рис/ Баканасский *var.Desvauxii Koern*, 2,8±0,1 г, 2,9±0,1 г и 3.3±0,0 г, соответственно. Признак «масса 1000 зерен» сильно варьировал у изученных образцов. Самый высокий показатель по данному признаку наблюдается у гибрида F₇ Yir 5815/ Баканасский *var.sundensis Koern* – 28,0 г, а наименьший показатель – у гибридов F₇ Черный рис/Виола *var.Desvauxii Koern* и F₇ Yir 5815/Пак-Ли *var.subpyrocarpa Gust* – 22,3 г и 22,7 г, соответственно.

Отобранный в результате ПЦР анализа 1 холодоустойчивый гибрид с антоциановой окраской перикарпа, F₇ Черный рис/ Янтарь *var.Desvauxii Koern* (25,7±2,1 г) и 1 дигамплоид – ДГ F₂ Черный рис/Баканасский (25,5±0,6 г) обладают средней урожайностью согласно данным анализа элементов по признаку «масса 1000 зерен г»

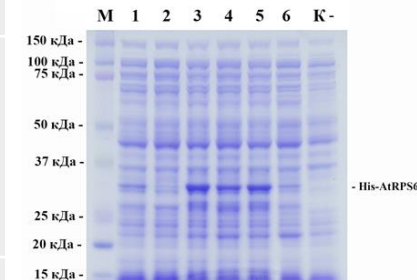


AP05132532 «НОВЫЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ К УЛУЧШЕНИЮ ПРОДУКТИВНОСТИ РАСТЕНИЙ»

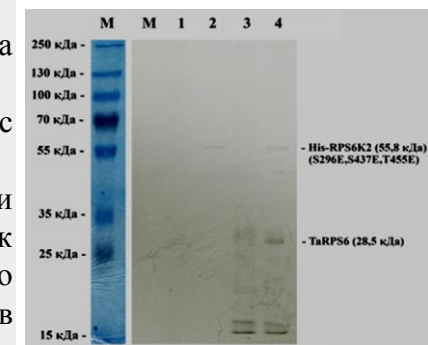
Руководитель проекта	Искаков Б.К., доктор биол. наук, профессор
Цель проекта:	Изучить молекулярные механизмы регуляции трансляции репортерных мРНК с различными вариантами 5'-нетранслируемых последовательностей (5'НТП) от вирусных (TMV, PVY) и клеточных (5'TOP) мРНК в бесклеточной системе из зародышей пшеницы (<i>Triticum aestivum</i>), в которой рибосомный белок TaRPS6 в составе 40S-рибосомных субчастиц (40S-RSU) искусственно фосфорилирован фосфомиметически мутированной и конститутивно активированной протеин киназой AtRPS6K2 из <i>Arabidopsis thaliana</i> .
Задачи на 2019 г:	Клонировать в <i>E. coli</i> и экспрессировать ген <i>AtRPS6</i> из <i>A. thaliana</i> с 10His-tag на N-конце. Выделить рекомбинантный белок AtRPS6 хроматографией ИМАС. В <i>in-vitro</i> -системе исследовать способность киназ AtRPS6K2 и AtRPS6K2(S296E,-S437E,-T455E) фосфорилировать белок AtRPS6, а также TaRPS6 в составе 40S-RSU пшеницы (<i>T. aestivum</i>).
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<ol style="list-style-type: none"> С помощью сопряженных реакций ПОТ-ПЦР амплифицирован кДНК-ген <i>AtRPS6</i>, кодирующий белок S6 малой рибосомной субчастицы (40S-RSU) из <i>A. thaliana</i>. Этот ген затем клонирован в экспрессионном векторе pET19b с добавлением метки «10His-tag» на 5'-фланге открытой рамки считывания. Клонированный кДНК-ген <i>AtRPS6</i> трансформирован в клетки бактерий <i>E. coli</i> штамма BL21(DE3), в которых экспрессирован с высокой эффективностью. Синтезированный рекомбинантный белок AtRPS6 с N-концевой меткой «10His-tag» выделен с помощью аффинной ИМАС-хроматографии и очищен диализом. В системе <i>in-vitro</i> исследована способность интактной (AtRPS6K2) и фосфомиметически мутированной (AtRPS6K2[S296E,S437E,T455E]) киназ фосфорилировать рекомбинантный белок AtRPS6, а также белок TaRPS6 в составе 40S-RSU пшеницы (<i>T. aestivum</i>). Показано, что рекомбинантный AtRPS6 не фосфорилируется ни одной из этих киназ, тогда как белок TaRPS6 в составе 40S-RSU пшеницы фосфорилируется обеими формами киназы. При этом фосфомиметическая форма киназы AtRPS6K2[S296E,S437E,T455E] значительно эффективнее фосфорилирует белок TaRPS6 в составе 40S-RSU пшеницы.



Электрофоретический анализ в 1% агарозном геле продуктов ПОТ-ПЦР



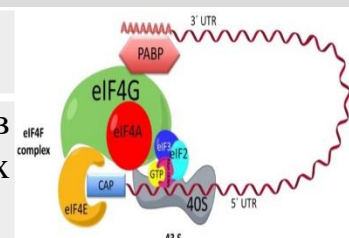
Оптимизация условий экспрессии кДНК *AtRPS6A1* в клетках бактерий



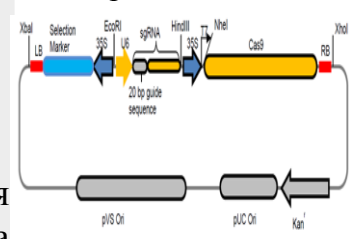
Радиоавтографический анализ активности рекомбинантных киназ

AP05132774-OT-19 РАЗРАБОТКА И ВНЕДРЕНИЕ НОВЫХ БИОТЕХНОЛОГИЙ РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНОВ CRISPR/CAS9 И GERM-LINE ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ТРАНСФОРМАЦИИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ ЭЛИТНЫХ УСТОЙЧИВЫХ К БОЛЕЗНЯМ СОРТОВ ЯЧМЕНЯ В КАЗАХСТАНЕ

Руководитель проекта	Кершанская О. И., доктор биол. наук, С.Н.С.
Цель проекта:	Разработать и внедрить новые биотехнологии редактирования генов CRISPR/Cas9 и germ-line генетической трансформации для создания элитных сортов ячменя, устойчивых к вирусам и микропатогенам в Казахстане.
Задачи на 2019 г:	Создание генетической конструкции редактирования генома CRISPR/Cas9 для нокаута эукариотического фактора инициации трансляции вирусов (<i>eIF4E</i>). Генетическая трансформация и CRISPR/Cas9 редактирование генома ячменя. Скрининг предположительно трансгенных семян на антибиотики.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>Создана генетическая конструкция редактирования генома ячменя CRISPR/Cas9 и использована для модификации эукариотического фактора инициации трансляции вирусов (<i>eIF4E</i>), необходимого многим вирусам для трансляции вирусных белков.</p> <p>Впервые проведено редактирование генома ячменя разработанным методом germ-line генетической трансформации ячменя и получено 4893 предположительно трансгенных семени T0 5 районированных в Казахстане сортов ячменя.</p> <p>Проведен скрининг семян на устойчивость к антибиотикам и молекулярно подтверждены события трансформации и модификации гена <i>eIF4E</i> ячменя методами ПЦР и секвенирования.</p>



Комплекс инициации трансляции вирусов *eIF4E*, необходимый многим вирусам для трансляции



(Monocot) U6-gRNA; CMV-Cas9-Hyg

(Agrobacterium plasmid 13600 bp)

Конструкция CRISPR/Cas9 для агробактериальной трансформации

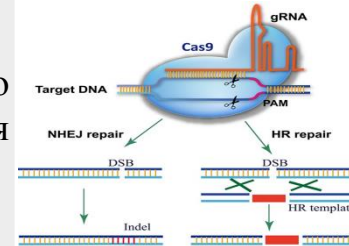


Схема нРНК/Cas9 редактирования и восстановления генома

**AP05131734 «ФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ
ОСОБЕННОСТИ ФУНКЦИОНИРОВАНИЯ ФОТОСИНТЕТИЧЕСКОГО АППАРАТА
АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ, ПОЛУЧЕННЫХ В РЕЗУЛЬТАТЕ
МЕЖВИДОВЫХ СКРЕЩИВАНИЙ В СВЯЗИ С ИХ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТЬЮ»**

Руководитель проекта

Терleckая Н.В., канд. биол. наук, ассоц. профессор

Цель проекта:

выявление особенностей функционирования фотосинтетического аппарата аллоплазматических линий (сочетающих чужеродные по отношению друг к другу ядерные и цитоплазматические геномы) пшеницы в зависимости от структуры генома и в связи с их засухоустойчивостью.

Задачи на 2019 г:

- Анализ морфофизиологических, фотосинтетических параметров и ядерного генома аллоплазматических линий, полученных в результате межвидовых скрещиваний пшеницы.
- Генотипирование ядерного генома исходных родительских форм и аллоплазматических линий, полученных в результате межвидовых скрещиваний пшеницы;
- Анализ морфофизиологических параметров роста и развития в оптимальных и засушливых условиях исходных родительских форм и аллоплазматических линий, полученных в результате межвидовых скрещиваний пшеницы;
- Анализ состояния в оптимальных и засушливых условиях пигментного комплекса (хлорофиллы и каротиноиды) флаг-листа родительских форм и аллоплазматических линий, полученных в результате межвидовых скрещиваний пшеницы;
- Анализ функционирования в оптимальных и засушливых условиях фотосинтетического аппарата исходных родительских форм и аллоплазматических линий, полученных в результате межвидовых скрещиваний пшеницы.

AP05131734 «ФИЗИОЛОГИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ФУНКЦИОНИРОВАНИЯ ФОТОСИНТЕТИЧЕСКОГО АППАРАТА АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ, ПОЛУЧЕННЫХ В РЕЗУЛЬТАТЕ МЕЖВИДОВЫХ СКРЕЩИВАНИЙ В СВЯЗИ С ИХ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТЬЮ»



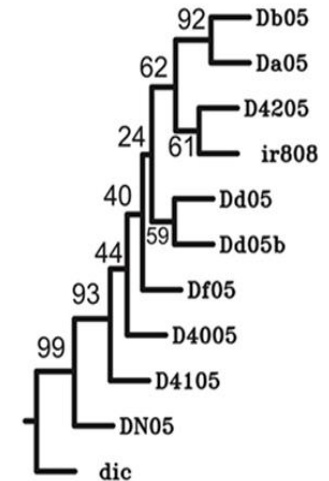
Основные результаты по проекту за 2019 г.

- Проведен анализ влияния ядерного генома на устойчивость растений пшеницы при засухе. Показана общность происхождения аллоплазматических линий, и высокое сходство ядерных геномов для 7 из 9 изученных аллоплазматических линий. Выявлено, что D-f-05 – единственная аллолиния, в которой обнаружено присутствие в ядерном геноме фрагментов от *T. dicoccum* Shuebl. У линий D-d-05b и D-d-05 обнаружен доминантный ген *PPD-D1* в гетерозиготном состоянии, влияющий на более раннее выколашивание этих линий и, следовательно, на их лучшую адаптацию к июньской засухе.

- Показано, что на интенсивность фотосинтеза влияют этап вегетации и стадия развития листа. Выявлены достоверные корреляции между показателями фотосинтеза Fv/Fm, Y(II) и ETR в стадиях кущения и выхода в трубку с количеством колосков и зерен в колосе ($r = 0,6^* - 0,8^{**}$), а также корреляции этих параметров у развитого флагового листа и процентом завязываемости зерен и озерненностью колоса ($r = 0,5^* - 0,8^{**}$). Отмечено, что содержание хлорофилла при засухе отрицательно коррелирует с содержанием воды во флаговом листе, а интенсивность фотосинтеза (Fv/Fm, qP, qL и Y(II)) ограничивает именно снижение водного потенциала.

- Проведена сравнительная характеристика площади листьев верхних ярусов и соотношения флаг/подфлаговый лист у видов и аллоплазматических линий пшеницы в полевых условиях 2019 года. связи между этими параметрами и массой 1000 зерен ($r = 0,5^* - 0,8^{**}$), что свидетельствует о важности этих показателей.

- На основании проведенных экспериментов выделены наиболее засухоустойчивые и фотосинтетически активные аллолинии D-d-05, D-d-05b и D-41-05.



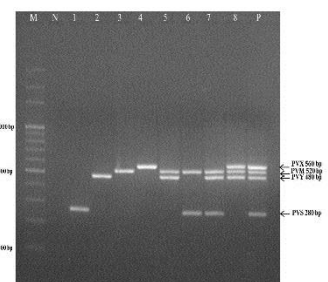
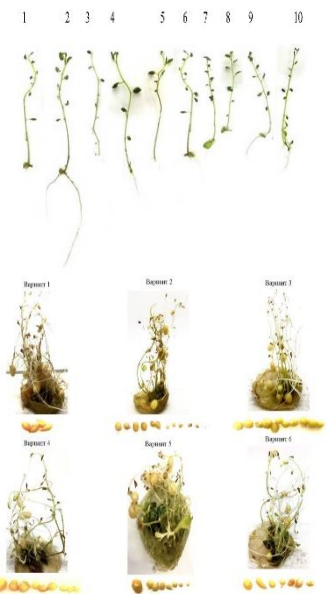
Дендрограмма генетического сходства аллоплазматических линий пшениц по данным SSR-анализа

Изучаемые параметры фотосинтеза	Масса зерна с колоса	Кол-во зерен в колосе	Кол-во колосков в колосе	% завязываемости зерен
Fv/Fm				0,5
Y(NO)		-0,5	-0,6	-0,5
Y(NPQ)	0,6	0,6		0,5
Y(II)			0,5	
ETR			0,6	0,5
qP			0,5	
qL		0,5	0,6	
NPQ	0,7	0,7		0,5

Корреляционные связи между фотосинтетическими параметрами при засухе и показателями продуктивности пшеницы

AP05131947 «ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БИОРЕАКТОРА ДЛЯ ВЫСОКОЭФФЕКТИВНОГО ПОЛУЧЕНИЯ БЕЗВИРУСНОГО ПОСАДОЧНОГО МАТЕРИАЛА КАРТОФЕЛЯ»

Руководитель проекта	Шамекова М.Х., Ph.D., ассоц. профессор
Цель проекта:	Усовершенствовать технологию массового получения безвирусных микроклубней картофеля с использованием биореактора временного погружения.
Задачи на 2019 г:	Оптимизация питательной среды для культивирования эксплантов в биореакторе; Оптимизация условий получения микроклубней в биореакторе; Мониторинг вирусных болезней после получения микроклубней и через 6 месяцев хранения.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>Была проведена оптимизация питательной среды для культивирования эксплантов в биореакторе. Проведена оптимизация в 10 вариантах питательной среды MS с различными концентрациями сахарозы и фитогормонов. Максимальный показатель измеряемых параметров составил вариант №2. Концентрация сахарозы 3% с добавлением фитогормона кинетин и ГК в концентрации 2 и 0,5 мг/л соответственно значительно увеличили длину побега и корня, а также количество междоузлий. Тогда как у варианта №8 с тем же составом сахарозы, но другими фитогормонами БАП и ГК в концентрации 4 и 1 мг/л соответственно напротив снизили их до минимума. Было установлено что, оптимальным вариантом для получения количественного и качественного материала картофеля, является вариант №3. При добавлении сахарозы 9% и фитогормона кинетин в концентрации 2 мг/л наблюдалось значительное увеличение в весе, размере а также количестве микроклубней. Минимальным показателем при оптимизации получения микроклубней показал вариант №1.</p> <p>Был проведен мониторинг вирусных болезней на четыре основных вируса: PVM, PVS, PVX и PVY перед помещением в биореактор. Были отобраны сорта свободные от вирусов и введены в биореактор временного погружения RITA (Франция) и SETIS (Бельгия) для массового получения безвирусных микроклубней.</p> <p>Получен оптимизированный протокол культивирования эксплантов в биореакторе и протокол условий получения микроклубней в биореакторе, который позволит стабильно получать безвирусные микроклубни для промышленного семеноводства картофеля.</p>



АР05131850 «ИЗУЧЕНИЕ И СОХРАНЕНИЕ БИОРАЗНООБРАЗИЯ ОРЕХА ГРЕЦКОГО И ОРЕХА ЛЕСНОГО И РАЦИОНАЛЬНОЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ИХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ДЛЯ РАЗВИТИЯ ОРЕХОВОДСТВА В КАЗАХСТАНЕ»

Руководитель проекта	Кушнаренко С.В. канд. биол. наук, ассоц. профессор
Цель проекта:	Создание генбанка для сохранения биоразнообразия ореха грецкого и ореха лесного, <i>in vitro</i> размножение перспективных сортов и форм, а также получение первичного посадочного материала для организации питомников по производству элитных клоновых саженцев орехоплодных культур.
Задачи на 2019 г:	<ol style="list-style-type: none">1. Оценка биоразнообразия ореха грецкого и ореха лесного в дикорастущих популяциях.2. Разработка биотехнологических регламентов микроклонального размножения и создание <i>in vitro</i> клоновой коллекции отобранных перспективных форм и сортов ореха грецкого и ореха лесного.<ol style="list-style-type: none">2.1. Оптимизация состава питательных сред для микроклонального размножения3. Создание генбанка гермоплазмы для сохранения биоразнообразия ореха грецкого и ореха лесного.<ol style="list-style-type: none">3.1. Оптимизация регламентов криоконсервации ореха грецкого и ореха лесного.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>1 Обследование современных ареалов и изучение биоразнообразия ореха грецкого и ореха лесного в дикорастущих популяциях</p> <p>В результате научной экспедиции в сентябре 2019 г. проведено обследование популяции грецкого ореха на территории Сайрам-Угамского государственного национального природного парка (СГНПП) (Тюлькубасский филиал). В соответствии с дескрипторами описано 65 образцов.</p> <p>У 37 образцов собраны орехи для изучения морфологических характеристик плодов. Плоды различались по размеру, форме и окраске. Собраны листья для последующего выделения ДНК и проведения молекулярно-генетического анализа.</p>



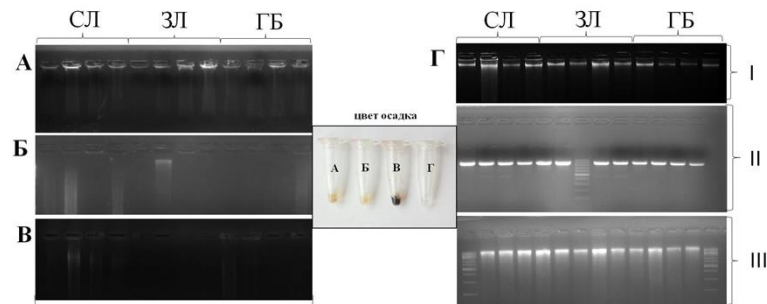
Основные результаты по проекту за 2019 г.

Для грецкого ореха использование упрощенного протокола Doyle и Doyle (1990) и модифицированного метода Dellaporta et al. (1983) привело к получению геномной ДНК высокого качества. Для лесного ореха эффективен модифицированный протокол Doyle и Doyle с тризолом в качестве экстрагирующего агента. В результате работы выделена ДНК из листьев 60 образцов лесного ореха и 61 – грецкого ореха.

Проведена оценка генетического разнообразия популяций ореха грецкого и ореха лесного с использованием **10** полиморфных **SSR-** и **9** хлоропластных маркеров.

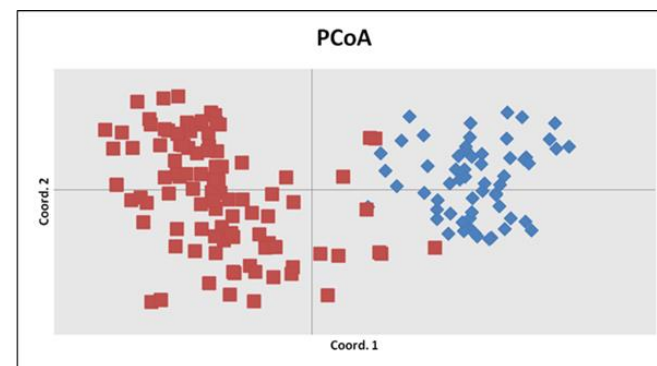
Десять маркеров использованные в генетическом анализе популяции ореха лесного (*Corylus avellana* L.) показали **100%** уровень полиморфизма. Количество аллелей для всех локусов варьировало от 16 для CAT28 до минимального числа 9 для CAT22, при этом среднее количество аллелей составило 12. Всего аллелей 120. Данные показатели схожи с результатами по оценке генетического разнообразия культурных сортов лесного ореха. Уровень полиморфизма изученных локусов определяли по показателю PIC (Polymorphic Information Content), значения которого достаточно высоки: от 0,806 для локуса CAT21 до наименьшего 0,606 для локуса B028, в среднем значение составило 0,701. Уровень гетерозиготности (Ho) для всех 10 локусов в среднем составил 0,7, что говорит о достаточно высоком уровне внутривидового полиморфизма. Максимальное значение индекса разнообразия Шеннона (I) было отмечено для локуса CAT21, где он составлял $I = 1.839$. Наименьшее значение I было для локуса 1.287, но при этом средний уровень полиморфизма по всем локусам составил 1.526 ± 0.055 , что является достаточно высоким показателем генетического разнообразия. Для сравнения генетического разнообразия дикой популяцией лесного ореха были взяты 105 образцов культурных сортов фундука из базы данных аграрного факультета Туринского университета. Выявлены 4 уникальных аллеля в дикорастущих образцах для двух локусов B020, CAT28, что говорит о некоторой генетической отдаленности от культурных сортов.

Анализ 9 SSR хлоропластных маркеров не выявил уникальных гаплотипов, отличающихся от культурных сортов, исследованных ранее.



А, Б, В, Г – протоколы выделения ДНК; СЛ – свежие листья, ЗЛ засушенные листья, ГБ – гербарный материал; I – электрофорез геномной ДНК в 1 % агарозном геле, II – результаты амплификации гена 18S рибосомальной ДНК, III – результаты рестриционного анализа ферментом EcoRI, М – молекулярный маркер GeneRuler 1kb DNA Ladder Plus.

Результаты электрофоретического анализа экстрагированной геномной ДНК из листьев лесного ореха (*Corylus avellana* L.).



PCoA (метод координат) построен на основе матрицы генетического расстояния

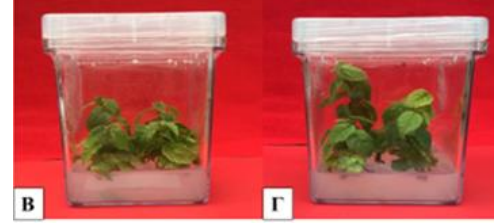
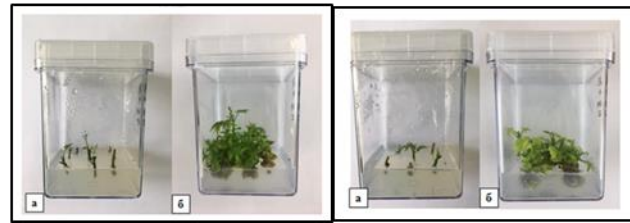
- - Культурные сорта лесного ореха
- - Образцы, собранные в Западном Казахстане

3 Разработка биотехнологических регламентов микроклонального размножения

3.1 Оптимизация состава питательных сред и создание *in vitro* клоновой коллекции

Разработаны биотехнологические регламенты микроклонального размножения. Оптимизирован состав питательных сред (Драйвера-Куньюки (DKW) для микроклонального размножения грецкого и лесного орехов.

Среда DKW с 1 мг/л БАП, 0,01 мг/л ИМК, 30 г/л сахарозы, 4 г/л агара, 1,75 г/л джелрайта



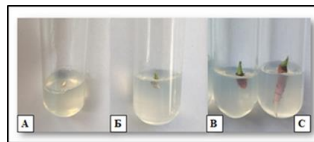
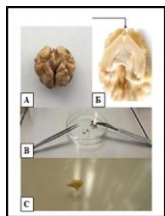
Модифицированная среда DKW с 1 мг/л БАП, 20 г/л глюкозы, 4 г/л агара, 1,75 г/л джелрайта

Впервые в Казахстане созданы коллекция грецкого ореха *in vitro*: **34** образца из дикорастущей популяции, **9** отобранных форм местной селекции и **1** сорт (Милотай 10) и лесного ореха: **13** образцов из дикорастущей популяции и **2** сорта (Тонда Романа и Тонда ди Джиффони).

4 Создание генбанка гермоплазмы для сохранения биоразнообразия

4.1 Оптимизация регламентов криоконсервации гермоплазмы ореха грецкого и ореха лесного

Оптимизированы регламенты криоконсервации гермоплазмы ореха грецкого и ореха лесного.



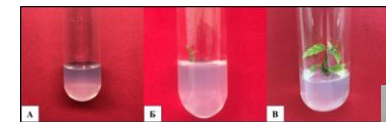
Выделенные зародышевые оси поместить в стерильные чашки Петри и оставить в потоке стерильного воздуха в ламинар-боксе на 1 час для частичной дегидратации

Зародышевые оси поместить в криопробирки с крышками объемом 1,2 мл по 10 шт в каждую и погрузить в сосуд Дьюара с жидким азотом



Штативы с криопробирками вынимают из Дьюара и оставляют в ламинар-боксе при комнатной температуре на 1 час.

Зародышевые оси поместить на среду DKW с добавлением регуляторов роста БАП 0,1 мг/л и ИМК 0,01 мг/л. Через неделю начинается развитие побегов.



AP05131764 «ВНЕДРЕНИЕ ТЕХНОЛОГИИ КЛОНАЛЬНОГО МИКРОРАЗМНОЖЕНИЯ В ПРАКТИКУ ПИТОМНИКОВОДСТВА И ПРОИЗВОДСТВО ЭЛИТНОГО ПОСАДОЧНОГО МАТЕРИАЛА КОММЕРЧЕСКИ ЦЕННЫХ СОРТОВ И ГИБРИДОВ МАЛИНЫ»

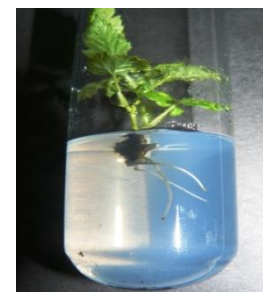
Руководитель проекта:	Турдиев Т. Т., канд. биол. наук
Цель проекта:	Организация производства оздоровленного элитного посадочного материала коммерчески ценных отечественных и зарубежных сортов и гибридов малины
Задачи на 2019 г:	– Разработка биотехнологического регламента ускоренного микроразмножения – Создание <i>in vitro</i> клоновой коллекции коммерчески важных сортов и гибридов
Основные результаты по проекту за 2019 г.	На основе проведенных экспериментов и полученных результатов в 2018-2019 гг был разработан биотехнологический регламент ускоренного микроразмножения коммерчески ценных сортов и гибридных форм малины и создан <i>in vitro</i> клоновая коллекция коммерчески важных сортов и гибридов.

Приемлемой питательной средой для клонального микроразмножения малины является среда МС с удвоенным содержанием NaFeEDTA, содержащая фитогормоны – 0,5 мг/л БАП и 0,1 мг/л ИМК. Оптимальной является среда с увеличенным содержанием хелата железа 3 раза и внесением аскорбиновой кислоты (АК) – 1,0 мг/л в питательную среду, при таком сочетании коэффициент размножения повышается у сорта Брянское Диво до 6, а у сортов Kweil, Солоха и формы 5 выше 5.

Оптимальная среда для стимуляции образования корневой системы является среда ½ макро- и микросолей по МС, содержащая 0,25 мг/л-ИМК, 0,5 мг/л-АК, 0,3 мг/л-ГК, 1,5 г/л-джелрайт, 3,0 г/л-агара, pH-5,8.

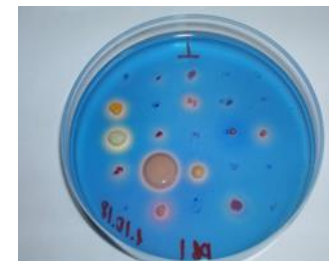
Для перевода укоренившихся побегов малины *in vivo* оптимален почвенный субстрат 10% песка, 50% торфа и 40% чернозема простерилизованный путем автоклавирования в течение 1 часа при 0,8-1,0 атм.

Для увеличения продолжительности сохранения растений *in vitro* необходимо создать условия замедляющие метаболические процессы, что достигается снижением температуры содержания до +4-5°C, освещенности до 10 μmol m⁻²s⁻¹ с 10-часовым фотопериодом. Существенное влияние на продолжительность сохранения растений *in vitro* оказывают сахара и регуляторы роста. Оптимально содержание на среде МС 3% сахарозы и регуляторы роста – 0,5 мг/л БАП и 0,1 мг/л ИМК.

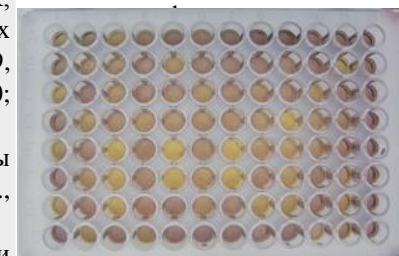


AP05131473 «РАЗРАБОТКА ПРИЕМОВ ФИТОРЕМЕДИАЦИИ ПОЧВ, ЗАГРЯЗНЕННЫХ ТЯЖЕЛЫМИ МЕТАЛЛАМИ НА ОСНОВЕ КОНСТРУИРОВАНИЯ РАСТИТЕЛЬНО-МИКРОБНЫХ АССОЦИАЦИЙ»

Руководитель проекта:	Нуржанова А.А., доктор биол. наук, профессор
Цель проекта:	Разработка принципов совместного использования растений и стимулирующих их рост, устойчивых к металлам микроорганизмов для очистки почвы, загрязненной тяжелыми металлами
Этап 2019:	Исследовать ассоциативную микрофлору корневой зоны <i>Miscanthus x giganteus</i> , провести выделение и отбор, стимулирующие рост растения и проявляющие устойчивость к тяжелым металлам ризобактерии.
Задачи на 2019 г:	Изучить ассоциативную микрофлору в ризосфере <i>Miscanthus x giganteus</i> и оценить изоляты на устойчивость к металлам и стимулирующую способность роста растений и провести идентификацию перспективных изолятов. Разработать растительно-ризобактериальные ассоциации на основе <i>Miscanthus x giganteus</i> для фиторемедиации почв, загрязненных тяжелыми металлами
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>Установлено, что <i>M x giganteus</i> обладает способностью восстанавливать загрязненные тяжелыми металлами почву, за счет фитостабилизации (As, Pb, Co, Ni, Cr, Cu, V, U) и фитоэкстракции (Mn, Ba, Sr, Zn).</p> <p>Исследована ассоциативная микрофлора в ризосфере <i>M. Giganteus</i>, произрастающие на искусственно-загрязненной тяжелыми металлами и техногенно-загрязненной почве. Выделено 320 изолятов из ризосферы <i>M. giganteus</i>. Установлено, что ассоциативная микрофлора в ризосфере представлена бактериями, мицелиальными грибами, дрожжами и актиномицетами.</p> <p>Изучен рост стимулирующие свойства 320 изолятов. Выделено 2 штамма (Pb210, Zn 1-18), обладающие способностью к фиксации атмосферного азота, синтезу фитогормона ИУК, продукции сидерофоров и фосфатмобилизующей активностью. При скрининге ризосферных микроорганизмов на устойчивость к металлам выделены 10 штаммов (Pb 12, Pb15, Pb113, Pb119, Pb21, Pb 22, Pb23, Pb24, Pb28, Pb216) устойчивые к Pb^{2+} и 7 штаммов (Zn16, Zn21, Zn29, Zn210; Zn1-1, Zn1-18 и CA1), устойчивые к действию Zn^{2+}</p> <p>Создана коллекция ризосферных микроорганизмов. Перспективные изоляты идентифицированы, как <i>Stenotrophomonas</i> sp., <i>Microbacterium</i> sp., <i>Mesorhizobium</i> sp., <i>Mycolicibacterium</i> sp., <i>Agrobacterium</i> sp. <i>Pseudomonas</i> sp. <i>Rhizobium</i> sp. <i>Shinella</i> sp. <i>Trichosporon</i> sp.</p> <p>При выборе штаммов для разработки растительно-ризобактериальных ассоциаций использовали штаммы, обладающие рост стимулирующим потенциалом и устойчивостью к высоким концентрациям тяжелых металлов в среде.</p> <p>В 2020 году для оптимизации фиторемедиации почв, загрязненных тяжелыми металлами будут использованы два штамма <i>Mesorhizobium</i> sp. (Pb 210), <i>Agrobacterium</i> sp. (Zn1-18) и дрожжи <i>Trichosporon</i> sp (CA1).</p> <p>Штаммы, как ризосферные микроорганизмы, депонированы в Институте биохимии и физиологии растений и микроорганизмов Российской академии наук (г. Саратов) и РГП на ПХБ «Республиканской коллекции микроорганизмов» КН МОН РК.</p> <p>Опубликована 1 статья (база данных Web of Science), 2 статьи (база данных РИНЦ).</p>



Синтез

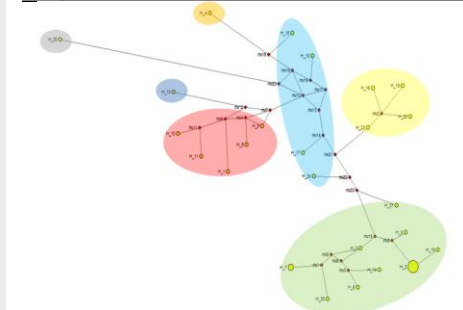
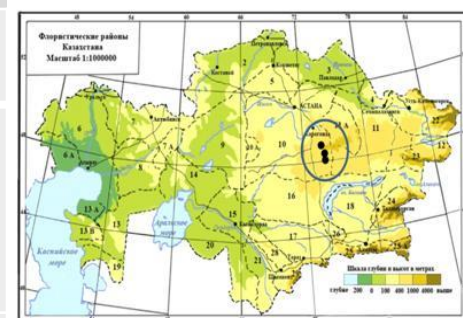


Синтез



AP05131621 «ИНФОРМАЦИОННАЯ СИСТЕМА ПО МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ И БОТАНИЧЕСКОЙ ДОКУМЕНТАЦИИ ДИКОРАСТУЩЕЙ ФЛОРЫ КАЗАХСТАНА»

Руководитель проекта	Абугалиева С.И., доктор биол. наук, профессор
Цель проекта:	Создание информационной системы, состоящей из интегрированных баз данных по молекулярно-генетическому и ботаническому описанию эндемичных, редких, исчезающих и хозяйственно-полезных видов флоры Казахстана, для каталогизации информации, сохранения и рационального использования генетических ресурсов растений Казахстана
Задачи на 2019 г:	<ol style="list-style-type: none"> 1. Будет продолжено создание базы данных по ботаническому описанию эндемичных, редких, исчезающих и хозяйственно-полезных видов флоры Казахстана. – Подготовить и внести в БД ботанические паспорта собранных видов флоры Казахстана. Оформить и оцифровать гербарии коллекции дикорастущей флоры Казахстана. 2. Будет продолжено создание БД по распространению в Казахстане эндемичных, редких, исчезающих и хозяйственно-полезных видов флоры. 3. Будет продолжено создание БД по генетическому разнообразию эндемичных, редких, исчезающих и хозяйственно-полезных видов флоры РК. Документирование генетических паспортов видов на основе использования ДНК-баркодирования. 4. Будет продолжено депонирование уникальных нуклеотидных последовательностей эндемичных, редких, исчезающих и хозяйственно-полезных видов растений Казахстана в международные базы данных.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	Создана <i>первичная база данных по ботаническому описанию</i> эндемичных, редких, исчезающих и хозяйственно-полезных видов флоры Восточного, Центрального и Западного Казахстана (База данных – Модуль-1. Ботаника). Внесены в базу данных ботанические паспорта 151 (ВКО), 75 (ЦК) и 70 (ЗК) видов, принадлежащих к 56, 28 и 33 семействам, соответственно. Оформлены и оцифрованы гербарии коллекции дикорастущей флоры Восточного, Центрального и Западного Казахстана для БД Модуль-1. Ботаника.



AP05131621 «ИНФОРМАЦИОННАЯ СИСТЕМА ПО МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ И БОТАНИЧЕСКОЙ ДОКУМЕНТАЦИИ ДИКОРАСТУЩЕЙ ФЛОРЫ КАЗАХСТАНА»

Основные результаты по проекту за 2019 г.

- Создана *первичная БД по распространению* видов растений дикорастущей флоры Казахстана (Модуль-2. Распространение), где отображается информация по распространению собранных эндемичных, редких, исчезающих и хозяйственно-полезных видов флоры Казахстана.
- Создана *первичная База данных по генетическому разнообразию* эндемичных, редких, и полезных видов флоры Казахстана (Модуль 3. Генетика). Документированы генетические паспорта видов на основе использования ДНК-баркодирования по маркерам ITS и *matK*. Депонированы в международные базы данных 90 нуклеотидных последовательностей эндемичных, редких, исчезающих и хозяйственно-полезных видов растений Казахстана.

БОТАНИЧЕСКИЙ ПАСПОРТ ВИДА
Stipa media Ledeb.
 Коллекция собрана в Сибирском заповеднике
 Соевико: *Stipa media* Juss.

**Модуль 1
 Ботаника**

Генетический паспорт вида (INTERNAL TRANSCRIBED SPACER)
 Культурный алтайский
Trollius altaicus С.А.

**Модуль 3
 Генетика**

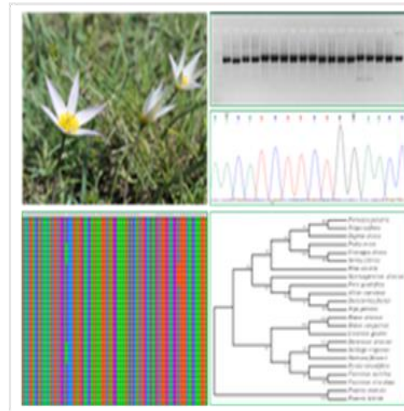


**Модуль 2
 Распространение**

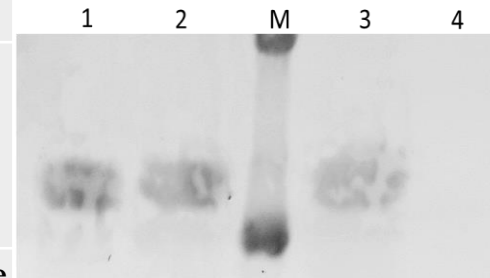
Низкий мастилюс
 Исход крупноцветный
 тригудил сабикоз
Lamasee Lindl.

Модуль 1. Ботаника

Модуль 2. Распространение

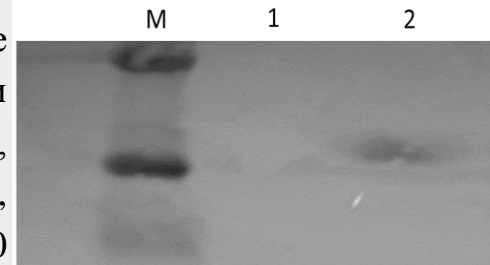


Руководитель проекта	Галиакбаров Н. Н., PhD
Цель проекта:	Разработка технологии получения вакцин в растениях с использованием ранее разработанного вирусного вектора
Задачи на 2019 г:	Осуществление экспрессии генов HA, NA и M птичьего гриппа. Выделение и очистка белков HA, NA и M птичьего гриппа. 1 публикация в рецензируемом зарубежном научном издании с ненулевым импакт-фактором.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>Проведено поэтапное субклонирование полученных на первом этапе генов гемагглютинина (HA), матрикса (M) и нейраминидазы (NA) птичьего гриппа в разработанный нами ранее вирусный вектор на основе вируса А винограда (ВАВ). Получены конструкции pSAMV1aHA, pSAMV1aNA и pSAMV1aM1 содержащие гены HA, M и NA между ORC4 и ORC5 вирусного генома ВАВ в бинарном векторе pCambia2300. Данные конструкции использованы для трансформации штамма EHA105 <i>Agrobacterium tumefaciens</i>. Суспензия агробактерий, несущих pSAMV1aHA, pSAMV1aNA или pSAMV1aM1, инъецировалась в листья молодых растений <i>N. benthamiana</i>. Через 7-10 дней листья гомогенизировались и экспрессированные белки, имеющие на С-конце шесть аминокислот гистидина, выделялись и очищались на Ni-NTA колонке. Иммуноблотинг подтвердил соответствие полученных белков. Таким образом выделены белки HA, M и NA птичьего гриппа и продолжают работы по их наработке, которые будут использованы на следующем этапе проекта с целью изучения иммуногенности полученных в растениях белков.</p>



1 – 3 – экспрессия белка HA1; M- маркер; 4- отрицательный контроль.

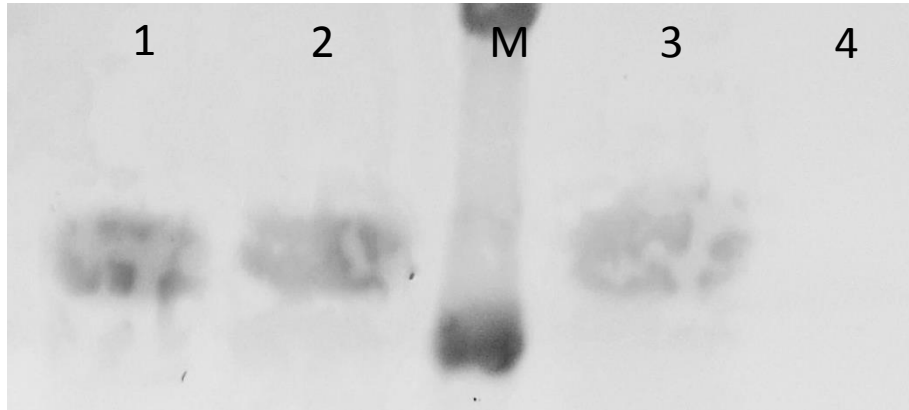
Рисунок 1 - Экспрессия HA1 белка в вирусном векторе



M- маркер; 1 – отрицательный контроль; 2 – экспрессия белка M.

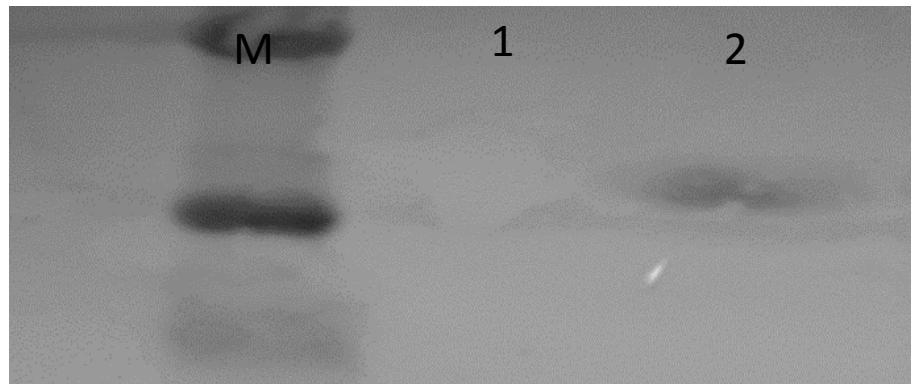
Рисунок 2 - Экспрессия M белка в вирусном векторе

Экспрессия HA1 белка в вирусном векторе



1 – 3 – экспрессия белка HA1; M- маркер; 4- отрицательный контроль.

Рисунок 1 - Экспрессия HA1 белка в вирусном векторе



M- маркер; 1 – отрицательный контроль; 2 – экспрессия белка M.

Рисунок 2 - Экспрессия M белка в вирусном векторе

0116-17-ГК «ПРОИЗВОДСТВО СУПЕРЭЛИТНЫХ САЖЕНЦЕВ ПЛОДОВЫХ И ОРЕХОПЛОДНЫХ КУЛЬТУР МЕТОДАМИ БИОТЕХНОЛОГИИ»

Руководитель проекта	Ромаданова Н.В., канд. биол. наук
Цель проекта:	Разработка биотехнологических методов ускоренного размножения и оздоровления перспективных сортов и клоновых подвоев яблони и создание криогенного банка гермоплазмы как исходного материала для закладки маточников
Задачи на 2019 г:	<ol style="list-style-type: none">1. Диагностика и оздоровление растений <i>in vitro</i> от бактериальной, грибной и вирусной инфекций с помощью криотерапии.2. Массовое микроклональное размножение и укоренение яблони, лесного и грецкого ореха в культуре <i>in vitro</i>. Перевод оздоровленного материала в условия <i>in vivo</i>. Адаптация саженцев к почвенному субстрату.3. Агротехнические приемы доращивания саженцев в условиях теплицы. Окулировка и высадка саженцев в полевые условия.
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>В 2019 г. собран растительный материал коммерчески-ценных сортов и дикорастущих форм яблони и грецкого ореха. Растительный материал стерилизован и введен в культуру <i>in vitro</i>. Побеги в культуре <i>in vitro</i> без признаков заражения проверены на наличие эндофитной инфекции. Ведется массовое микроклональное размножение асептического материала. На данный момент <i>in vitro</i> коллекция насчитывает: 19 сортов, 8 клоновых подвоев и 15 дикорастущих форм яблони, 5 дикорастущих форм, 9 отобранных форм и 2 сорта грецкого ореха, 5 дикорастущих форм и 3 сорта лесного ореха, всего – 66 образцов.</p> <p>Ведется работа по молекулярной диагностике вирусов яблони. Для оздоровления инфицированного материала проводятся эксперименты по крио- и хемотерапии. Оздоровленные растения, размноженные в культуре <i>in vitro</i> переводятся на питательные среды для укоренения. Укорененные побеги <i>in vitro</i> высаживаются в почвенный субстрат, отмечено, что в среднем 85% саженцев приживаются в грунте. На данный момент получены адаптированные к тепличным условиям саженцы яблони, грецкого и лесного орехов. Для некоторых адаптированных саженцев проведена окулировка, клоновые подвои яблони и грецкого ореха высажены в полевые условия. Ведется работа по поиску крестьянских хозяйств, готовых приобрести саженцы.</p>



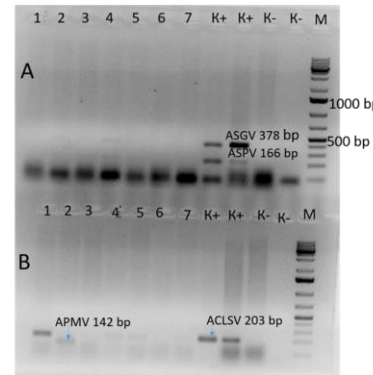
0170-17-ГК «ОРГАНИЗАЦИЯ ПРОИЗВОДСТВА И ПРОДАЖА ЭЛИТНОГО ПОСАДОЧНОГО МАТЕРИАЛА ТУРАНГОВОГО ТОПОЛЯ И ГИБРИДНЫХ ТОПОЛЕЙ КАЗАХСТАНСКОЙ СЕЛЕКЦИИ НА ОСНОВЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ МЕТОДОВ КЛОНАЛЬНОГО МИКРОРАЗМНОЖЕНИЯ И АГРОТЕХНИЧЕСКИХ ПРИЕМОМ ВЫРАЩИВАНИЯ С ИНТЕГРИРОВАННОЙ СИСТЕМОЙ ЗАЩИТЫ ОТ ВРЕДИТЕЛЕЙ И БОЛЕЗНЕЙ»

Руководитель проекта:	Сагитов А. О., доктор биол. наук, профессор, академик НАН РК
Ответственный исполнитель по биотехнологии:	Турдиев Т. Т., канд. биол. наук
Цель проекта:	Производство и продажа элитных саженцев турангового тополя и гибридов тополя казахстанской селекции озеленительным организациям, фермерским и садоводческим хозяйствам, лесопитомникам, широкому кругу населения и компаниям, закладывающим промышленные плантации
Задачи на 2019 г:	<ul style="list-style-type: none"> • Клональное микроразмножение гибридных тополей • Клональное микроразмножение туранги
Основные результаты по проекту за 2019 г.	<p>Запланированный объем работ на 2019 г полностью выполнен.</p> <p>В культуре <i>in vitro</i> размножено гибрида «Превосходный» 302 манжет и культуральных банок, гибрида 39/64 – 186, гибрида 1967 – 120, гибрида 1/86 – 239. В каждую манжету и культуральную банку было посажено от 12 до 16 растений. Через 3-4 недели культивирования коэффициент размножения составила 3-4. Укоренены в культуре <i>in vitro</i> и переведены в контейнеры с почвенным субстратом гибрида «Превосходный» 303 растений, гибрида 39/64 – 66, 1/86 – 93, 1967 – 261.</p> <p>Растений туранги размножено 242 манжет и культуральных банок. В каждую манжету и культуральную банку было посажено 8-12 растений. Через 6-8 недели культивирования коэффициент размножения составила 1,5-2,6. Укоренены в культуре <i>in vitro</i> и переведены в контейнеры с почвенным субстратом 1 316 растений туранги.</p>



0287-18-ГК – УСЛУГИ И ТОВАРЫ ПО ДИАГНОСТИКЕ ВИРУСОВ РАСТЕНИЙ, ГМО, А ТАКЖЕ ПРОИЗВОДСТВО И ПРОДАЖА САЖЕНЦЕВ ЯБЛОНЬ И ВИНОГРАДА

Руководитель проекта	Галиакпаров Н. Н., Ph.D.
Цель проекта:	Внедрение в производство услуг и товаров по диагностике патогенов яблонь и винограда, выявления генетически модифицированных сельскохозяйственных культур, и производство свободного от фитопатогенов посадочного материала плодово-ягодных культур
Задачи на 2019 г:	Отбор и проверка перспективных сортов яблони и винограда на наличие фитопатогенов. Введение в <i>in vitro</i> культуру свободных от фитопатогенов отобранных сортов яблони и винограда. Микроклональное размножение введенных в культуру <i>in vitro</i> эксплантов
Основные результаты по проекту за 2019 г.	Получение свободных от фитопатогенов посадочного материала методом микроклонального размножения возможно путем оздоровления (например, термотерапией) растительной ткани или поиска здорового растения и введения его в <i>in vitro</i> культуру. Первый метод не гарантирует полного освобождения от вирусов. Для второго требуется скрининг растений на наличие вирусов. Нами в соответствии с планом реализации проекта проведены работы по второму методу. В садах Алматинской и Туркестанской областей и виноградниках Алматинской области собран растительный материал (молодые побеги) яблонь и винограда. Листья использованы для диагностики бактериального ожога и вирусов разработанным нами методами (патент №33633 и №33634). В процессе скрининга растений на патогены успешно опробован прототип услуги диагностики вирусов и бактериального ожога, путем оказания услуг трем компаниям: ПК «Гульден» (ТОО «Сан Мир Астана»), ТОО «Кен-Тау» и ТОО «Biovitamin» на общую сумму 355 000 тенге. Отобранные, свободные от патогенов, растения яблони (подвои М9, М9 Т337, ММ 106, сорта Гала, Айнур, Голден Делишес и <i>Malus sieversii</i>) и винограда (сорта Пино Нуар, Кульджинский, Каберне Фран, Киш миш белый) введены в <i>in vitro</i> культуру. В настоящий момент получено более 1000 растений винограда и 200 растений яблони. Микроклональное размножение продолжается в соответствии с календарным планом. Создан прототип тест-системы диагностики вирусов яблони.



ПУБЛИКАЦИИ, ПАТЕНТЫ, УЧАСТИЕ В РАБОТЕ НАУЧНЫХ КОНФЕРЕНЦИЙ 2019 г.

Всего – **74** публикации, в т.ч.

- Монографии - **2**
- *Статьи в периодических изданиях* – **37** статей, в т.ч.
в журналах, входящих в базу данных Web of Science, Scopus – **13**
статей: в зарубежных - **9**, в казахстанских – **4**
- в журналах, рекомендованных ККСОН МОН РК – **22** статьи
- *Тезисы докладов на международных конференциях* – **33**
в т.ч. в зарубежные – **22**
- *Патенты РК* – **6**, заявления на выдачу патента РК - **3**
- В 2019 году сотрудники участвовали в работе **13** Международных научных форумов, проведенных в ближнем и дальнем зарубежье