Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университетінің ХАБАРШЫСЫ.
BULLETIN of L.N. Gumilyov Eurasian National University.
ВЕСТНИК Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева.
ISSN: 2616-7034. eISSN: 2663-130X

ХҒТАР 06.81.23
https://doi.org/10.32523/2616-7034-2026-156-3-114-130
Ғылыми мақала

Plasmopara halstedii изолятының молекулалық идентификациясы және Қазақстанда күнбағыс будандарының 330-расасына төзімділігін бағалау

Т.С. Хоснутдинова[1], Ж.Р. Кали[2], Г.С. Ташкентбаева[3], Ш.А. Манабаева[4], В.С. Киян[5], А.М. Смагулова[6], Е.А. Сулейменов[7], М.Ю. Сутула*[8]

[1,4,8] Өсімдіктердің генетикалық инженериясы зертханасы, Ұлттық биотехнология орталығы, Астана, Қазақстан
[2,3] Л.Н. Гумилев атындағы Евразиялық Ұлттық университеті, Астана, Қазақстан
[5,6] Биоәртүрлілік және генетикалық ресурстар зертханасы, Биотехнология Ұлттық орталығы, Астана, Қазақстан
[7] Майлы дақылдардың тәжірибелік шаруашылығы, Өскемен, Қазақстан

*(E-mail: : [1]khosnutdinova@biocenter.kz, [2]zhyzhlik133@gmail.com, [3]gulzamalsanzar@gmail.com, [4]manabayeva@biocenter.kz, [5]vskiyan@gmail.com, [6]smagulova0114@gmail.com, [7]sleymenov1@mail.ru, *[8]m.sutula@biocenter.kz)*

Аңдатпа. *Plasmopara halstedii* оомицеті күнбағыстың жалған ақ ұнтақ инфекциясының қоздырғышы, ол расалық идентификациялау, қазақстандық күнбағыс будандарының қоздырғышқа төзімділігін бағалауда үлкен рөл атқарады. Зерттеудің өзектілігі аурудың жоғары зияндылығына және қоздырғыш популяциясының расалық құрамының өзгергіштігіне байланысты. Картоп-глюкозалы агарға күнбағыс көшеттерін қосып, *in vitro* жағдайында өсіру арқылы, қоздырғышты бөліп алу жүзеге асырылды. Молекулалық идентификация ПТР және одан кейінгі секвенирлеуді қолдана отырып, 28S рДНҚ учаскесін талдау негізінде жүргізілді. Расалық идентификация бақыланатын жағдайларда дифференциалды күнбағыс линияларын жасанды түрде жұқтыру әдісімен анықталды. Морфологиялық және молекулалық-генетикалық талдаудың нәтижелері изоляттың *Pl. halstedii* түріне жататындығын растады. Дифференциалдық линиялардың реакциясы негізінде зерттелінген изолят 330-расасына жататыны анықталды. Скрининг нәтижесінде қазақстандық селекцияның 70 күнбағыс буданының ішінде сезімтал генотиптердің басым болуы және төзімді формалардың санының шектеулі екені анықталды. Алынған нәтижелер *Pl. halstedii*-дің 330-расасының Шығыс Қазақстан облысында таралғанын және тұрақты фитопатологиялық мониторинг жүргізу қажеттілігін көрсетті. Анықталған төзімді генотиптер күнбағыстың ЖАҰ ауруына

Түсті: 8.06.2026. Қабылданды: 15.09.2026. Онлайн қол жетімді: 30.09.2026.

* Хат-хабар авторы

төзімділігін арттыруға бағытталған селекциялық бағдарламалар үшін практикалық қызығушылық тудырады.

Түйін сөздер *Plasmopara halstedii*, күнбағыс, Жалған ақ ұнтақ, 330-расасы, молекулалық идентификация, төзімділік, күнбағыс будандары.

Кіріспе

Күнбағыс *(Helianthus annuus* L.*)* – әлемдегі жетекші майлы дақылдардың бірі, ол жоғары өнімділігімен және майлылығы 60%-ға дейін жететін құрамымен ерекшеленеді [1-3]. Қазақстанда күнбағыс өсіруді кеңейту жергілікті агроэкологиялық жағдайларға бейімделген жоғары өнімді будандарды енгізуді талап етеді [4]. Дегенмен, жиі кездесетін фитопатогендік аурулар өсімдіктің генетикалық әлеуетін айтарлықтай тежейді, атап айтқанда күнбағыстың ең жойқын аурулардың бірі – Жалған ақ ұнтақ ауруын тудыратын *Plasmopara halstedii* (Farl.) Berl. and de Toni облигатты биотрофты оомицеті [5].

Патоген жер бетінде кең таралып, расалардың түрішілік өзгергіштігінің жоғары деңгейін көрсетеді. Соңғы деректерге сүйенсек, олардың саны тез өсіп келеді және бұл қоздырғыш популяциясының эволюциялық серпінді дамуын көрсетеді [6]. Жиі өзгергіштік инфекциямен күресуді қиындатып, өсімдіктің ауруға төзімділігін анағұрлым төмендетеді [7]. Осының салдарынан соңғы жылдары Еуропа елдерінде аса қауіпті пототип расаларының саны айтарлықтай артты [8, 9]. Ұқсас жағдайлардың біздің елде де байқалуына себебі – импорттық будандарды өсіру елдегі патоген популяциясының құрамын өзгертіп, бұрынғы үстем болған расалардың ығысуына ықпал етуі [10]. Ауылшаруашылығында ауыспалы егістің жеткіліксіздігі салдарынан, патоген эволюциясы үшін қолайлы жағдай туындауы жаңа вирулентті патотиптердің тез пайда болуына алып келеді [11, 12]. Бұл тұрғыда, аурулармен күресудің ең тиімді әдісі ретінде күнбағыс будандарын тұрақты түрде әзірлеуді айтуға болады.

Бүгінгі таңда күнбағыстың ЖАҰ ауруына төзімді гендерін (Pl) анықтап, оларды өсімдік денесіне енгізу молекулалық биологиядағы ең тиімді жетістік ретінде селекциялық бағдарламаларға жаңа мүмкіндіктер ашады [13-16]. Алайда *Pl. halstedii* облигатты биотрофты болғандықтан, оның изоляттарының молекулалық сипаттамалары мен қоздырғыштығы жеткіліксіз деңгейде зерттелген, бұл диагностикалауды және резистенттілікті скринингтеуді қиындатады [1]. Сол себепті изоляттарды молекулалық идентификациялау және өсімдіктің төзімділігін қарастыру күрделі зерттеулерді қажет етеді.

Pl. halstedii-дің аса вирулентті 330-расасы Қазақстанның Шығыс аумақтарында өсірілетін күнбағыс будандарының басым бөлігін зақымдауға қабілетті деген болжам бар. Бұл зерттеудің мақсаты *Plasmopara halstedii* изолятын молекулалық идентификациялау және күнбағыс будандарының 330-расасына төзімділігін бағалау.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Зерттеу нысандары

Зерттеу нысаны ретінде Шығыс Қазақстан облысында өсірілген, зардап шеккен өсімдіктерден бөлініп алынған күнбағыстың жалған ақ ұнтақ ауруының қоздырғышы – *Plasmopara halstedii*-дің изоляты алынды. Өсімдік материалы ретінде ауру белгілері бар күнбағыс пайдаланылды. Ауруға төзімділікті бағалау үшін Шығыс Қазақстан және Жетісу

облыстарының ауыл шаруашылығы ұйымдары ұсынған қазақстандық селекцияның 70 күнбағыс будандары зерттелді.

Расалық идентификациялау В.С. Пустовойт атындағы Бүкілресейлік майлы дақылдар ғылыми-зерттеу институтынан (ВНИИМК) алынған күнбағыстың 9 дифференциалды линияларынан тұратын халықаралық стандартты жиынтығын пайдалана отырып жүргізілді [17]. Зерттеулер барысында стандартты қоректік орталар мен реактивтер қолданылды: картоп-глюкозалы агар (КГА), күнбағыс өскіндерінің шырыны, тұзды ерітінді (0,9 % NaCl), 50 % глицерин ерітіндісі, сондай-ақ ДНҚ оқшаулау реагенттерінің жиынтығы (TES-буфер, CTAB, NaCl, изопропанол, этанол, хлороформ қоспасы:изоамил спирті 24:1) және ПТР жүргізу.

Эксперименттік зерттеулер термостат, центрифуга, ПТР-амплификатор, электрофорез жүйесі, гель-құжаттау жүйесі мен спектрофотометрді қоса алғанда, стандартты зертханалық жабдықты пайдалана отырып, "Ұлттық биотехнология орталығы" ЖШС (Астана қ.) өсімдіктердің генетикалық инженериясы зертханасында орындалды

Патогенді бөліп алу және өсіру шарттары

Pl. halstedii изолятын бөліп алу күнбағыс дақылдарына вегетациялық кезеңде жүргізілген фитопатологиялық зерттеулер негізінде ЖАҰ ауруына тән белгілер бойынша жүргізілді. Бастапқы кезеңдерде өсімдіктердің ергежейлілігі, вегетативті мүшелердің дамымауы, әлсіреген сабақ және хлороз аймақтары бар кішкентай жапырақтардың пайда болуы ескерілді. Маңызды диагностикалық белгіге жапырақ тақтасының төменгі жағында тығыз ақ жабынның (спора) болуы жатады.

Өсімдіктер дамуы барысында өсудің баяулауы, жоғарғы жапырақтардың айқын хлорозы, буынаралықтарының қысқаруы, сондай-ақ жетілмеген тұқымдары бар ұсақ себеттердің пайда болуы атап өтілді. Кейінгі кезеңдерде генеративті органдардың деформациясы және гелиотропизмнің төмендеуі тіркелді. Белсенді споруляция белгілері бар жапырақтар таңдалып, өсімдіктің іріктеу күні, орны және генотипі көрсетілген қағаз пакеттерге салынды. Зертханалық жағдайда өсімдік материалы стерильді Петри табақшаларында 0,9 % NaCl ерітіндісімен суланған фильтр қағазына орналастырылып, үлгілер сұйықтықпен тікелей жанаспайтындай етіп инкубацияланды. Инкубация бөлме температурасында қоздырғыштың спораланyы белсенгенге дейін жүргізілді. Бастапқы материал ретінде "Майлы дақылдардың тәжірибелік шаруашылығы" ЖШС егістіктерінде іріктелген споралы күнбағыс жапырақтары қолданылды. Алдын-ала жасалған микроскопиялық әдістер арқылы споралардың болуы расталды. Инфекциялық материалды сақтау үшін шайындылар (№1-5 смывы) алынып, -20°С температурада 50% глицерин ерітіндісінде сақталып, инокулюм ретінде пайдаланылды.

КГА қоректік ортасы өндірушінің нұсқауларына сәйкес дайындалды (40 г/л), содан кейін зарарсыздандырылды және Петри табақтарына құйылды. Патогеннің өсуін ынталандыру үшін ортаға күнбағыс өскіндерінің шырыны қосылды. Шырын стерильді жағдайда өнген көшеттерді $KMnO_4$ ерітіндісімен өңдеп, дистилденген сумен жуу және гомогенизациялау (көшеттердің ұзындығы 10 см-ден асады) арқылы алынды. Алынған шырыннан 100 мл қоректік ортаға 2 мл мөлшерінде қосылды. Инокуляция 25 мкл *Pl. halstedii* шайынды суспензиясын қоректік ортаның беткі қабатына енгізу арқылы жүргізілді. Дақылдар бөлме температурасында 3 күн бойы инкубацияланды.

Pl. halstedii-дің молекулалық идентификациясы

Pl. halstedii изолятының белгілі бір түрге жататындығын растау үшін. 28S рДНҚ аймағын секвенирлеу арқылы молекулалық-генетикалық идентификациялау

жүргізілді. Бастапқы материал ретінде күнбағыс көшеттерінің шырынын қосылған КГА-да өскен таза патогендік культура қолданылды. Геномдық ДНҚ модификацияланған CTAB (гексадецилтриметиламмоний бромиді) әдісімен оқшауланып алынды. Жасуша материалы 65°C протеиназа қосылған TES буферінде лизиске ұшырап, содан кейін CTAB/NaCl ерітіндісімен өңделді. Экстракция хлороформ қоспасымен жүргізілді: изоамил спирті (24:1), содан кейін ДНҚ изопропанолмен тұндырылды, 75% этанолмен жуылды және TE-буферінде ерітілді.

ДНҚ концентрациясы мен тазалығы спектрофотометриялық әдіспен (NanoDrop) анықталды; A260/A280 қатынасы 1,8-2,2 диапазонында болды және үлгілер -20°C сақталды. 28S рДНҚ аймағын амплификациялау спецификалық праймерлерді қолдана отырып, ПТР әдісімен жүргізілді. Реакция қоспасына (жалпы көлемі 23 мкл) буфер, dNTP, праймерлер, ДНҚ полимераза және мДНҚ кірді. ПТР термоциклерде стандартты бағдарлама бойынша жүзеге асырылды (94°C – 3 мин; 35 цикл: 94°C – 40 сек, 63°C – 40 сек, 72°C – 1 мин; соңғы элонгация – 72°C, 5 мин).

Расалық идентификациялауды анықтау және өсімдіктерді залалдандыру

Күнбағыс өсімдіктерін жасанды залалдандыру *Pl. halstedii*-дің облигатты дамуына байланысты фитотронның бақыланатын жағдайында жүргізілді. Инокулюм ретінде патогеннің таза культурасынан алынған зооспора суспензиясы қолданылды. Күнбағыс тұқымдары алдын ала жуылып, жасанды жарық астында ылғалданған фильтр қағазында Петри табақшаларында өнді. Тамыры 1,5-2 см, гипокотилдер мен тұқымжарнақтары қалыпты дамыған көшеттер іріктеп алынды. Көшеттер стерильді субстраты (құм мен топырақ қоспасы) бар науаларға отырғызылды.

Әр өсімдіктің астына зооспора суспензиясын құю арқылы залалдау жүргізілді (бір үлгіге 150 мл). Инокуляциядан кейін өсімдіктер күндіз 23-25°C температурада және түнде шамамен 18°C температурада 7-8 күн бойы жоғары ылғалдылықта өсірілді. Споруляцияны индукциялау үшін өсімдіктер қосымша ылғалдандырылып, 16-18 сағат бойы төмен температурада (16-18°C) жоғары ылғалдылық жағдайында сақталды. Кейіннен залалдану деңгейі бағаланды. *Pl. halstedii* изолятын идентификациялау халықаралық стандартты дифференциалды күнбағыс линиялары жиынтығын қолдана отырып, жасанды инфекциялау әдісімен жүргізілді. Зерттеу барысында 9 линия қолданылды: Suscept, RHA-265, RHA-274, PM-17, 803-1, DM-2, HA-R4, HA-R5, және HA-335, олар В.С. Пустовойт атындағы ВНИИМК-тен алынды [17].

Дифференциалды линияларды залалдау бұрын сипатталған әдіс бойынша зооспора суспензиясын қолдану арқылы жүзеге асырылды. Инокуляциядан соң тұқымжарнақтар мен нағыз жапырақтарда споралар байқалғанға дейін өсірілді, және соған байланысты фенотиптік реакцияға бағалау жүргізілді. Инфекциялық белгілер байқалған өсімдіктер сезімтал (С), ал споруляция белгілері жоқ өсімдіктер төзімді (Т) ретінде жіктелінді [17]. Изоляттың расалық идентификациясы аталған дифференциалды линиялардың реакцияларына сүйене отырып анықталды.

Күнбағыс будандарының скринингі

Инфекцияға төзімділікті бағалау үшін Шығыс Қазақстан және Жетісу облыстары ауыл шаруашылығы ұйымдарынан алынған қазақстандық селекцияның 70 күнбағыс будандары алынды. Барлық үлгілер 1-ден 70-ке дейінгі жекелеген нөмірлермен кодталды, бұл конфиденциалдылықты сақтау мақсатында зерттеудің барлық кезеңдерінде генотиптердің анонимділігін қамтамасыз етті. Бастапқыда сипатталған әдісті қолдана отырып, патогенді зооспора суспензиясы арқылы бақыланатын жағдайларда өсімдіктерді инфекциялау

жүргізілді. Инокуляциядан соң өсімдіктер белгілі бір температура мен ылғалдылық жағдайында симптомдар пайда болғанға дейін өсірілді. Бақылау нәтижелері бойынша барлық үлгілер сезімтал (С) және төзімді (Т) деп екі топқа бөлінді.

Нәтижелер

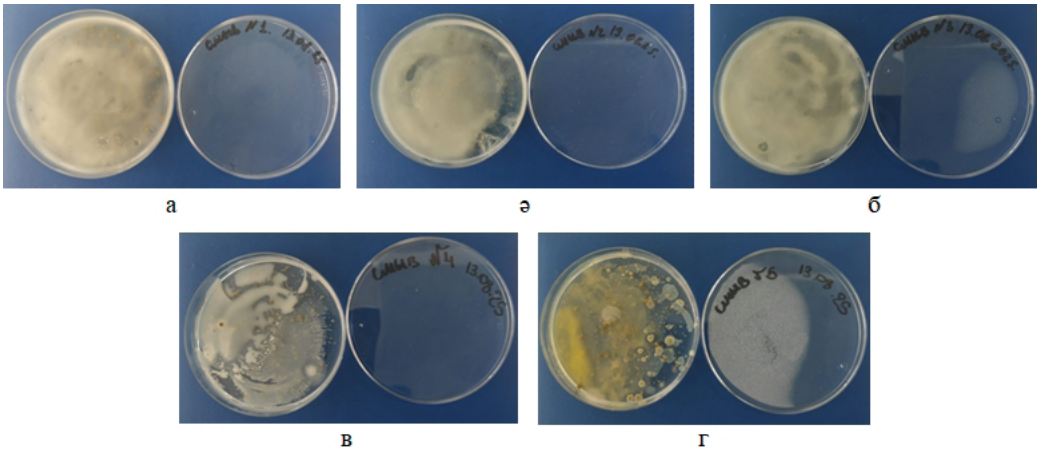
Патогенді бөліп алу және молекулалық идентификациялау

Күнбағыс дақылдарының гүлдену сатысында *Pl. halstedii* инфекциясының симптомдары бар өсімдіктер таңдалып алынды. Іріктеу өсімдіктің вегетативті мүшелерінде байқалған маңызды диагностикалық симптомдарға сүйене отырып, далалық жағдайда патогеннің бастапқы анықтамасын қамтамасыз етті.

Инфекцияға шалдыққан өсімдіктер сау өсімдіктерге қарағанда, баяу өсуімен және дамуының тежелуімен, биомассасының азаюымен және морфогенезінің бұзылуымен сипатталды. Өсімдіктің жоғарғы бөлігіндегі жапырақтарда хлороз және түссіздену байқалды. Сонымен қатар, жапырақ тақтасының төменгі бөлігінде тығыз ақ жабын пайда болуы, вегетативті мүшелердің өзгергіштігі, сабақтың жоғарғы бөлігіндегі буынаралықтардың қысқаруы және генеративті құрылымдардың қалыптасуында ақаулар байқалады. Тіпті жетілмеген тұқымдардан тұратын кішкентай себеттер пайда болды. Гелиотропизмнің әлсіреуі немесе жоғалуы салдарынан инфекцияның жүйелік түрде таралғаны байқалады (сурет 1).

Сурет 1. ЖАҰ ауру белгілері бар күнбағыс өсімдігі

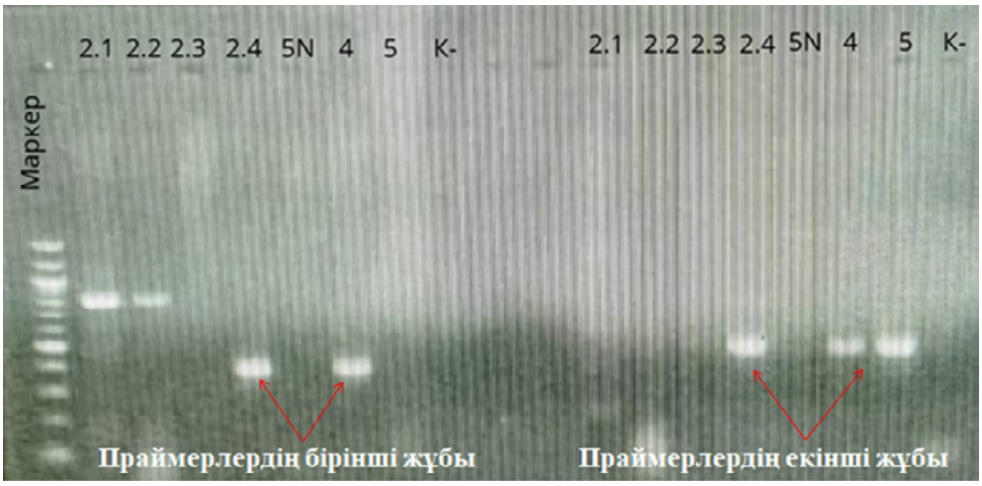
Осы белгілер негізінде зақымдалған өсімдік материалдары іріктеліп, одан әрі культивирлеу және молекулалық идентификациялау мақсатында *Pl. halstedii*-дің бір изоляты бөлініп алынды. Патоген культурасын алу барысында КГА-ға күнбағыс өскіндерінің шырынын қосып, сонда инкубацияланған патогендік споралардың шайындылары қолданылды. Бөлме температурасында үш тәулік ішінде инкубацияда қоректік ортаның бетінде микробиологиялық материалдың дамуы байқалды (сурет 2).



Сурет 2. 3 күннен кейінгі қоректік ортада *Pl. halstedii* шайындыларының инкубациясы (**а-г** – №1-5)

Микроскопиялық зерттеу нәтижесі патогенге тән мицелий және споралық құрылымдардың болуын көрсетті. Алынған деректерге сүйенсе, күнбағыс көшеттерінің өскіндері қосылған КГА-ны инфекциялық материалды сақтау және жинақтау үшін қолдануға болады. Оқшауланып алынған дақылдың идентификациясы ПТР және 28S рДНҚ аймағын секвенирлеу секілді әдістермен расталды. Культивирлеу барысында *Pl. halstedii*-ге морфологиялық сәйкес келетін құрылымдар алынды. Изоляттың идентификациясын растау үшін 28S рДНҚ аймағын амплификациялап, ПТР-талдау жүргізілді.

Электрофореграммада (Сурет 3) күтілетін өлшемдегі ДНҚ фрагменттері көрінеді, бұл нысаналы аймақтың сәтті түрде амплификацияланғанын сипаттайды.



Сурет 3. Спецификалық 28S рДНҚ праймерлері негізінде ПТР талдауы арқылы *Pl. halstedii*-ді молекулалық идентификациялау. Сол жақта нуклеотид жұптарының саны (bp), жоғарғы жағында үлгі нөмірлері.

Зерттелген үлгілер *Pl. halstedii*-дің 28S рДНҚ фрагментінің ұзындығына сәйкес келетін спецификалық ампликондардың бар екенін көрсетті. Басқа бейспецификалық жолақтардың немесе әлсіз сигналдардың болмауы праймерлердің жоғары спецификалығын және бөгде ДНҚ-мен елеулі ластанудың жоқтығын сипаттайды. Секвенирлеу алынған

ампликондардың нуклеотидтік тізбегін анықтау мақсатында жүргізілді. Нәтижесінде зерттелген үлгінің нуклеотидтік реттілігі күнбағыстың ЖАҰ ауруының қоздырғышы, яғни *Pl. halstedii*-ге сәйкес келетіні анықталды.

Pl. halstedii-дің 330 расасын идентификациялау

Зерттеу барысында күнбағыстың дифференциалды линияларын жасанды түрде инфекциялау және өсімдіктердің фенотиптік жауабын қадағалау нәтижесінде қарастырылып отырған изолят қай расаға жататынын анықтауға болатын деректер алынды. Бағалау өсімдіктердің тұқымжарнақтары мен нағыз жапырақтарында спора түзілуіне байланысты жүргізілді. Зерттеу нәтижелерін талдау генотиптердің С және Т топтарға нақты бөлінетінін көрсетті, бұл өз кезегінде алынған нәтижелерді қолданыстағы расалық кодтау жүйесіне сәйкес түсіндіруге мүмкіндік берді (кесте 1).

Кесте 1

***Pl. halstedii* расаларымен залалдандырылған күнбағыс дифференциатор-линияларының фенотиптік реакциясы**

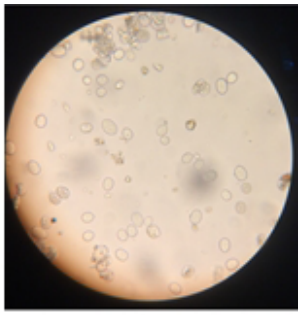
Триплет нөмірі	№	Линия	Ген	Расалар
				330
1	D1	Suscept	-	C
	D2	RHA-265	Pl_1	C
	D3	RHA-274	Pl_2 Pl_9 Pl_{21}	T
2	D4	DM-2	Pl_5	C
	D5	PM-17	?	C
	D6	803-1	Pl_{36}	T
3	D7	HA-R4	Pl_{16}	T
	D8	HA-R5	Pl_{13}	T
	D9	HA-335	Pl_6	T
Ескерту: Т – Төзімді; С – Сезімтал				

Дифференциалды линиялардың фенотиптік реакцияларының жиынтығы негізінде зерттелген изоляттың *Pl. halstedii*-дің 330-расасына жататыны анықталды. Алынған нәтиже Қазақстан аумағында аталған расаның таралғанын көрсетеді. Үлгінің шығу тегін ескере отырып, оның Шығыс Қазақстан облысында таралуы мүмкін екенін болжауға болады.

Күнбағыс будандарының Pl. halstedii-ге төзімділік деңгейін скринингтеу

Қазақстандық селекцияға жататын 70 күнбағыс буданының *Pl. halstedii*-ге төзімділігін скринингтеу барысында үлгілердің патогенге сезімталдығы бойынша айқын дифференциациясы анықталды (сурет 4).

а



ә

Сурет 4. *Pl. halstedii* патогенімен күнбағыс өскіндерін инокуляциялау:
а) іріктелген өскіндер; ә) микроскоп астындағы инокулюм.

Жасанды залалдандырудан және инфекцияның дамуына қолайлы жағдайлар жасалғаннан кейін өсімдіктерде әртүрлі дәрежеде ауру симптомдары байқалды. Фенотиптік реакциясына байланысты барлық будандар екі категорияға бөлінді: сезімтал (С) және төзімді (Т). Сезімтал үлгілер жапырақ хлорозы, өсуінің тежелуі және жапырақ тақтасының астыңғы бетінде споруляцияның болуы сияқты зақымданудың типтік белгілерімен сипатталды. Ал төзімді будандарға ауру симптомдары мүлде байқалмады немесе споруляциясыз әлсіз белгілер ғана тіркелді (кесте 2).

Кесте 2

Қазақстандық 70 күнбағыс буданын 330-расасына төзімділігі бойынша топтастыру нәтижелері

Үлгі нөмірі	Төзімділік нәтижелері	Үлгі нөмірі	Төзімділік нәтижелері	Үлгі нөмірі	Төзімділік нәтижелері
1	Т	25	С	49	С
2	Т	26	С	50	С
3	Т	27	С	51	С
4	Т	28	С	52	С
5	Т	29	С	53	С
6	Т	30	С	54	С
7	Т	31	С	55	С
8	С	32	С	56	С
9	С	33	С	57	С
10	С	34	С	58	С
11	С	35	С	59	С
12	С	36	С	60	С
13	С	37	С	61	С
14	С	38	С	62	С
15	С	39	С	63	С
16	С	40	С	64	С

Үлгі нөмірі	Төзімділік нәтижелері	Үлгі нөмірі	Төзімділік нәтижелері	Үлгі нөмірі	Төзімділік нәтижелері
17	С	41	С	65	С
18	С	42	С	66	С
19	С	43	С	67	С
20	С	44	С	68	С
21	С	45	С	69	С
22	С	46	С	70	С
23	С	47	С		
24	С	48	С		
Ескерту: Т – Төзімді; С – Сезімтал					

Зерттеу нәтижелерін талдау барысында будандардың көп бөлігі сезімтал екенін, ал төзімді үлгілердің үлесі шектеулі болғанын көрсетті. Анықталған төзімді генотиптер күнбағыстың ЖАҰ ауруына төзімділігін арттыруға бағытталған селекциялық бағдарламалар үшін практикалық маңызға ие.

Талқылау

Молекулалық-генетикалық сараптамалар нәтижесінде бөлініп алынған изоляттың күнбағыстың Жалған ақ ұнтағының қоздырғышы, яғни *Plasmopara halstedii* түріне жататыны расталды. 28S рДНҚ бөлігін амплификациялау және одан кейінгі секвенирлеу морфологиялық талдау нәтижелерін дәлелдеп, қоздырғыш диагностикасының растығын көрсетті. Дәл осы молекулалық тәсілдер жоғары спецификалығы мен дәлдігіне байланысты *Pl. halstedii*-ді идентификациялау үшін кеңінен қолданылады [1, 5]. Бұған дейін де ПТР-тестілеудің өсімдік сынамаларында осы патогенді анықтау мен таралуын бақылауда тиімділігі көрсетілген [5, 18, 19]. Сондай-ақ, 28S рДНҚ аймағы *Plasmopara* туысы өкілдерінің филогенетикалық салыстыруларында тиімді қолданыс тауып, *Pl. halstedii* кешені ішіндегі туыстық байланыстарды талдау мен молекулалық идентификация жасауда жоғары ақпараттылық мәнге ие [20].

330-расаны анықтаудың практикалық маңызы зор, өйткені патоген популяциясының расалық құрамы селекциялық қысым әсерінен үнемі өзгеріп отырады. Бұрын тиімді болған будандардың төзімділігінің бұзылуына *Pl. halstedii*-дің қарқынды түрішілік өзгергіштігінің кесірінен пайда болған жаңа вирулентті расалар ықпал етеді [8]. Мұндай расалық құрам өзгерістері Еуропаның бірқатар елдерінде [8, 9, 21-23] және Ресей Федерациясы аумағында байқалды [10, 11, 24].

Жүргізілген зерттеулерден алынған нәтижелер ШҚО-да 330 расаның бар екенін растап, қоздырғышқа фитопатологиялық бақылауды жалғастыру маңыздылығын көрсетеді. Қазақстандық 70 күнбағыс буданын тексеру барысында үлгілердің көп бөлігі 330-расасына сезімтал екенін анықталды, ал төзімділік генотиптердің тек біраз бөлігінде анықталды. Бұл нәтижелер зерттелген селекциялық материалда төзімділік гендерінің жеткіліксіз деңгейде таралғанын көрсетті. Қазіргі уақытта күнбағысты ЖАҰ-тан қорғаудың ең тиімді тәсілдерінің бірі – Pl-гендері мен олардың әртүрлі комбинацияларын пайдалану [13-16]. *Pl. halstedii*-ге төзімді көптеген гендер анықталып, карталанған, сонымен қатар оларды селекцияда қолдануға мүмкіндік беретін молекулалық маркерлер әзірленген [14, 15, 25].

Бұдан бөлек, 330-расаға төзімділік гені күрделі генетикалық құрылымға ие бірнеше геннің бір-бірімен әрекеттесуінің нәтижесі болуы мүмкін екені көрсетілген [26, 27]. Инфекцияға төзімділік патогеннің консервативті эффекторлы белоктарын тану арқылы қамтамасыз етілуі мүмкін екені анықталған, бұл ұзақ мерзімді, әрі тұрақты иммунитетке ие будандарды жасауға мүмкіндік береді [16]. Осы зерттеуде анықталған төзімді генотиптер болашақта селекция үшін практикалық қызығушылық тудырады.

Алынған мәліметтер *Pl. halstedii*-дің Қазақстандағы расалық құрамына тұрақты түрде бақылау жұмыстарын жүргізу қажет екенін көрсетеді, себебі вирулентті расалардың кездейсоқ таралуы төзімді күнбағыс будандарының тиімділігін айтарлықтай әлсіретеді [28, 29]. ЖАҰ ауруы дақылға зиян келтіретін ең қауіпті ауруларының қатарына жатады, ол өсімдіктерді жүйелі зақымдап, өсуінің тежелуіне, деформацияланған себеттердің қалыптасуына және өнімділіктің төмендеуіне әкелуі мүмкін [1, 4, 30]. Күнбағыс егістіктерінің ұлғаюы және белсенді өндірілетін жаңа будандардың кеңінен таралған расаларға төзімділігін уақтылы бағалау аса маңызды. Осыған байланысты, алдағы зерттеулер *Pl. halstedii* расалық әртүрлілігін зерттеуге, сондай-ақ селекциялық бағдарламаларға жаңа төзімділік көздерін ізденуге бағытталуы тиіс.

Қорытынды

Зерттеу жұмыстары барысында күнбағыста Жалған ақ ұнтақ ауруының қоздырғышы – *Plasmopara halstedii* изоляты оқшауланып алынып, молекулалық деңгейде идентификацияланды. ПТР-тестілеу және 28S рДНҚ аймағын секвенирлеу нәтижелері бұл изоляттың дәл осы түрге жататынын растады. Халықаралық дифференциалды линиялар жиынтығынан тұратын күнбағыс үлгілерінің фенотиптік белгілерін бағалау арқылы зерттелініп отырған изоляттың 330-расасына жататыны анықталды. Алынған деректер бұл расаның Қазақстанның Шығыс облысындағы егіс алқаптарында кездесетінін нақты дәлелдейді.

Отандық 70 күнбағыс буданын скринингтеу барысында сезімтал, әрі төзімді генотиптер анықталды, дегенмен зерттелген үлгілердің көпшілігі 330 расасына сезімтал болып шықты. Алдағы уақытта анықталған төзімді будандар күнбағыстың ЖАҰ ауруына төзімділігін күшейтуге бағытталған селекциялық бағдарламаларда одан әрі қолдану үшін практикалық қызығушылық тудырады.

Алынған қорытындылар *Pl. halstedii* қоздырғышының расалық құрамына үнемі бақылау жүргізу және тиімді төзімділік көздерін іздеуге бағытталған зерттеулер санын арттыру керектігін көрсетеді.

Авторлардың үлесі

М.Ю.С. – зерттеу тұжырымдамасын әзірледі және оны басқарды; **Т.С.Х., Ж.Р.К., А.М.С.,** және **Г.С.Т** – зертханалық жұмысты жүргізді; **В.С.К., М.Ю.С.** және **Ш.А.М.** – зерттеу нәтижелерін талқылады; **Т.С.Х., Ж.Р.К.** және **Г.С.Т** – мақаланың негізгі мәтінін жазды; **Е.А.С.** – үлгілерді іріктеп, зерттеу материалдарын ұсынды; **М.Ю.С.** және **Ш.А.М.** – мақала мәтінін редакциялады. Авторлар мақаланың түпнұсқасымен танысып, оны жариялауға келісім берді және ұсынылған ғылыми нәтижелер үшін тең дәрежеде жауапты болып табылады.

Қаржыландыру

Бұл зерттеу Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігінің гранттық қаржыландыру жобасы аясында жүзеге асырылды: ИРН AP26198457 «GBS және

GWAS әдістерін қолдану арқылы күнбағыстың жалған ақұнтақ ауруына (*Plasmopara halstedii*) төзімділік маркерлерін іздеу және молекулалық-генетикалық зерттеу». Жобаның ғылыми жетекшісі – қауымдастырылған профессор, PhD Сутула М.Ю.

Мүдделер қақтығысы

Авторлар осы зерттеуге қатысты қаржылық, коммерциялық немесе басқа да мүдделер қақтығысының жоқ екенін растайды.

Этикалық нормаларды сақтау

Авторлар орындаған бұл мақалада адамдарды немесе жануарларды зерттеу объектілері ретінде пайдаланған зерттеулер жүргізілмеген.

Әдебиеттер тізімі

1. Gascuel Q, Martinez Y, Boniface MC, et al. The sunflower downy mildew pathogen Plasmopara halstedii. Mol Plant Pathol. 2015;16(2):109-22. https://doi:10.1111/mpp.12164
2. Radanović A, Cvejić S, Jocković M, et al. Conventional and molecular breeding for sunflower nutrition quality improvement. In: Raina A, Wani MR, Laskar RA, et al., editors. Advanced crop improvement. Volume 2: Case studies of economically important crops. Cham: Springer International Publishing; 2023. p. 351-91. https://doi.org/10.1007/978-3-031-26669-0_13
3. Park CS, Marx GD, Moon YS, et al. Alternative uses of sunflower. In: Sunflower technology and production. 1997. p. 765-807. doi:10.2134/agronmonogr35.c17
4. Spring O. Transition of secondary to systemic infection of sunflower with Plasmopara halstedii – an underestimated factor in the epidemiology of the pathogen. Fungal Ecol. 2009;2(2):75-80. doi:10.1016/j.funeco.2008.12.003
5. Martinez A, Quiroz F, Carrera A. Detection of Plasmopara halstedii in sunflower seeds: a case study using molecular testing. J Saudi Soc Agric Sci. 2021;20(6):395-400. doi:10.1016/j.jssas.2021.04.007
6. Gunacti H. Sunflower diseases and downy mildew (Plasmopara halstedii) in Adana. J Plant Sci Phytopathol. 2023;7(2):66-68. https://doi.org/10.29328/journal.jpsp.1001107
7. Spring O. Spreading and global pathogenic diversity of sunflower downy mildew: review. Plant Prot Sci. 2019;55(3). https://doi.org/10.17221/32/2019-PPS
8. Viranyi F, Gulya TJ. Inter-isolate variation for virulence in Plasmopara halstedii (sunflower downy mildew) from Hungary. Plant Pathol. 1995;44(4):619-24. doi:10.1111/j.1365-3059.1995.tb01685.x
9. Shindrova P. New nomenclature of downy mildew races in sunflower (Plasmopara halstedii Farl. Berlese et de Toni) in Bulgaria (race composition during 2000-2003). Helia. 2005;28(42):57-64. https://doi.org/10.2298/hel0542057s
10. Iwebor M, Antonova T, Saukova S. Changes in the racial structure of Plasmopara halstedii (Farl.) Berl. et de Toni population in the South of the Russian Federation. Helia. 2016;39(64):113-21. doi:10.1515/helia-2016-0008
11. Старина А, Дмитренко Н, Москалева Н. Расовый состав Plasmopara halstedii в условиях Центральной экспериментальной базы ВНИИМК. Кронос. 2022;7(11):78-82. doi:10.5281/zenodo.7106907
12. Рамазанова СА, Бадьянов ЕВ, Савиченко ВГ, и др. Оценка сцепления гена PlArg, контролирующего устойчивость к ложной мучнистой росе у подсолнечника, и микросателлитных локусов ДНК. Масличные культуры. 2022;(3):14-23.

13. Franchel J, Bouzidi MF, Bronner G, et al. Positional cloning of a candidate gene for resistance to the sunflower downy mildew, Plasmopara halstedii race 300. Theor Appl Genet. 2013;126(2):359-67. https://doi.org/10.1007/s00122-012-1984-6

14. Qi LL, Foley ME, Cai XW,et al. Genetics and mapping of a novel downy mildew resistance gene, Pl18, introgressed from wild Helianthus argophyllus into cultivated sunflower (Helianthus annuus L.). Theor Appl Genet. 2016;129(4):741-52. DOI 10.1007/s00122-015-2662-2

15. Qi LL, Talukder ZI, et al. Development and dissection of diagnostic SNP markers for the downy mildew resistance genes PlArg and Pl8 and marker-assisted gene pyramiding in sunflower (Helianthus annuus L.). Mol Genet Genomics. 2017;292(3):551-63. https://doi.org/10.1007/s00438-017-1290-8

16. Pecrix Y, Buendia L, Penouilh-Suzette C, et al. Sunflower resistance to multiple downy mildew pathotypes revealed by recognition of conserved effectors of the oomycete Plasmopara halstedii. Plant J. 2019;97(4):730-48. https://doi.org/10.1111/tpj.14157

17. Ивебор МВ, Антонова ТС, Саукова СЛ. Ложная мучнистая роса подсолнечника на юге России. Защита и карантин растений. 2019;(10):29-33.

18. Ioos R, Laugustin L, Rose S, Tourvieille J, et al. . Development of a PCR test to detect the downy mildew causal agent Plasmopara halstedii in sunflower seeds. Plant Pathol. 2007;56(2):209-18. doi:10.1111/j.1365-3059.2006.01500.x

19. Bouzidi MF, Badaoui S, Cambon F, et al. Molecular analysis of a major locus for resistance to downy mildew in sunflower with specific PCR-based markers. Theor Appl Genet. 2002;104(4):592-600. doi:10.1007/s00122-001-0790-3

20. Molinero-Ruiz ML, Melero-Vara JM, Domínguez J. Inheritance of resistance to two races of sunflower downy mildew (Plasmopara halstedii) in two Helianthus annuus L. lines. Euphytica. 2003;131(1):47-51. https://doi.org/10.1023/A:1023063726185

21. Drábková Trojanová Z, Sedlářová M, et al. Pathogenic variability of Plasmopara halstedii infecting sunflower in the Czech Republic. Plant Pathol. 2018;67(1):136-44. doi:10.1111/ppa.12722

22. Bán R, Kovács A, Nisha N, et al. New and high virulent pathotypes of sunflower downy mildew (Plasmopara halstedii) in seven countries in Europe. J Fungi. 2021;7(7):549.

23. Spring O, Miltner F, Gulya TJ. New races of sunflower downy mildew (Plasmopara halstedii) in Germany. J Phytopathol. 1994;142(4):241-44. https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1994.tb00018.x

24. Iwebor M, Antonova T, Saukova S. Occurrence and distribution of races 713, 733 and 734 of sunflower downy mildew pathogen in the Russian Federation. Helia. 2018;41(69):141-51. https://doi.org/10.1515/helia-2018-0015

25. Ramazanova SA, Badyanov EV, Guchetl SZ. Molecular markers of genes Pl6, Pl13 and PlArg for sunflower breeding on resistance to downy mildew. Oil Crops. 2020;(3):20-27.

26. Choi YJ, Beakes G, Glockling S, et al. Towards a universal barcode of oomycetes – a comparison of the cox1 and cox2 loci. Mol Ecol Resour. 2015;15(6):1275-88. doi:10.1111/1755-0998.12398

27. Molinero-Ruiz ML, Melero-Vara JM, Domínguez J. Inheritance of resistance to race 330 of Plasmopara halstedii in three sunflower lines. Plant Breed. 2002;121(1):61-65. doi:10.1046/j.1439-0523.2002.00654.x

28. Gilley MA, Gulya TJ, Seiler GJ, et al. Determination of virulence phenotypes of Plasmopara halstedii in the United States. Plant Dis. 2020;104(11):2823-31. doi:10.1094/PDIS-10-19-2063-RE

29. Pecrix Y, Dvorak E, Labbé F, et al. Phylogenomics of Plasmopara halstedii reveals genomic regions associated with the breakdown of sunflower downy mildew resistance genes. Mol Ecol. 2026;35(4). doi:10.1111/mec.70270

30. Humann RM, Johnson KD, Wunsch MJ, et al. Evaluation of oxathiapiprolin for the management of sunflower downy mildew. Plant Dis. 2019;103(10):2498-504. doi:10.1094/PDIS-11-18-2045-RE

Молекулярная идентификация изолята *Plasmopara halstedii* и оценка устойчивости гибридов полсолнечника к расе 330 в Казахстане

Т.С. Хоснутдинова[1], Ж.Р. Кали[2], Г.С. Ташкентбаева[3], Ш.А. Манабаева[4], В.С. Киян[5], А.М. Смагулова[6], Е.А. Сулейменов[7], М.Ю. Сутула*[8]

[1,4,8] Лаборатория генетической инженерии растений, Национальный центр биотехнологии, г. Астана, Казахстан
[2,3] Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, г. Астана, Казахстан
[5,6] Лаборатория биоразнообразия и генетических ресурсов, Национальный центр биотехнологии, г. Астана, Казахстан
[7]Опытное хозяйство масличных культур, г. Усть-Каменогорск, Восточный Казахстан

Аннотация. Оомицет *Plasmopara halstedii* является возбудителем ложной мучнистой росы подсолнечника, а также играет важную роль в идентификации рас, оценке устойчивости казахстанских гибридов подсолнечника к данному патогену. Актуальность исследования обусловлена высокой патогенностью заболевания и изменчивостью расового состава популяции возбудителя. Патоген был выделен путем культивирования *in vitro* на картофельно-глюкозном агаре с добавлением сока проростков подсолнечника. Молекулярная идентификация проводилась на основе анализа участка 28S рДНК с использованием ПЦР и последующего секвенирования. Расовая принадлежность определялась методом искусственного заражения дифференциальных линий подсолнечника в контролируемых условиях. Результаты морфологического и молекулярно-генетического анализа подтвердили принадлежность изолята к виду *Pl. halstedii*. На основании реакции дифференциальных линий установлено, что исследуемый изолят относится к расе 330. Скрининг 70 гибридов подсолнечника казахстанской селекции выявил преобладание восприимчивых генотипов и ограниченное число устойчивых форм. Полученные данные свидетельствуют о распространении расы 330 *Pl. halstedii* в Восточно-Казахстанской области и необходимости регулярного фитопатологического мониторинга. Выявленные устойчивые генотипы представляют практический интерес для селекционных программ, направленных на повышение устойчивости подсолнечника к ЛМР.

Ключевые слова: *Plasmopara halstedii*, подсолнечник, Ложная мучнистая роса, раса 330, молекулярная идентификация, устойчивость, гибриды подсолнечника.

Molecular Identification of a Plasmopara halstedii Isolate and Assessment of Sunflower Hybrid Resistance to Race 330 in Kazakhstan

T.S. Khosnutdinova[1], Zh.R. Kali[2], G.S. Tashkentbayeva[3], Sh.A. Manabayeva[4], V.S. Kiyan5, A.M. Smagulova[6], Y.A. Suleimenov[7], and M.Y. Sutula*[8]

[1,4,8] Laboratory of Plants Genetic Engineering, National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan
[2,3] L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

[5,6] *Laboratory of Biodiversity and Genetic Resources, National Center for Biotechnology, Astana, Kazakhstan*
[7]*Experimental Farm of Oilseed Crops, Ust-Kamenogorsk, East Kazakhstan*

Abstract. The oomycete *Plasmopara halstedii* is the causal agent of sunflower Downy mildew and plays a key role in identifying races and assessing the resistance of Kazakhstan's sunflower hybrids to this pathogen. The relevance of the research is due to the high pathogenicity of the disease and the variability of the pathogen's racial composition. The pathogen was isolated by *in vitro* cultivation on potato-glucose agar supplemented with sunflower sprout juice. Molecular identification was performed based on the analysis of the 28S rDNA region using PCR followed by sequencing. Race identification was carried out by artificial inoculation of differential sunflower lines under controlled conditions. The results of morphological and molecular-genetic analyses confirmed that the isolate belonged to the species Pl. halstedii. Based on the reaction of differential lines, the studied isolate was identified as race 330. Screening of 70 sunflower hybrids of Kazakhstani breeding revealed a predominance of susceptible genotypes and a limited number of resistant forms. The obtained data indicate the distribution of Pl. halstedii race 330 in the East Kazakhstan region and highlight the necessity of regular phytopathological monitoring. The identified resistant genotypes are of practical interest for breeding programs aimed at improving sunflower resistance to downy mildew.

Keywords: *Plasmopara halstedii*, sunflower, Downy mildew, race 330, molecular identification, resistance, sunflower hybrids.

References

1. Gascuel Q, Martinez Y, Boniface MC, et al. The sunflower downy mildew pathogen Plasmopara halstedii. Mol Plant Pathol. 2015;16(2):109-22. doi:10.1111/mpp.12164
2. Radanović A, Cvejić S, Jocković M, et al. Conventional and molecular breeding for sunflower nutrition quality improvement. In: Raina A, Wani MR, Laskar RA, et al., editors. Advanced crop improvement. Volume 2: Case studies of economically important crops. Cham: Springer International Publishing; 2023. p. 351-91. https://doi.org/10.1007/978-3-031-26669-0_13
3. Park CS, Marx GD, Moon YS, et al. Alternative uses of sunflower. In: Sunflower technology and production. 1997. p. 765-807. doi:10.2134/agronmonogr35.c17
4. Spring O. Transition of secondary to systemic infection of sunflower with Plasmopara halstedii – an underestimated factor in the epidemiology of the pathogen. Fungal Ecol. 2009;2(2):75-80. doi:10.1016/j.funeco.2008.12.003
5. Martinez A, Quiroz F, Carrera A. Detection of Plasmopara halstedii in sunflower seeds: a case study using molecular testing. J Saudi Soc Agric Sci. 2021;20(6):395-400. doi:10.1016/j.jssas.2021.04.007
6. Gunacti H. Sunflower diseases and downy mildew (Plasmopara halstedii) in Adana. J Plant Sci Phytopathol. 2023;7(2):66-68. https://doi.org/10.29328/journal.jpsp.1001107
7. Spring O. Spreading and global pathogenic diversity of sunflower downy mildew: review. Plant Prot Sci. 2019;55(3). https://doi.org/10.17221/32/2019-PPS
8. Viranyi F, Gulya TJ. Inter-isolate variation for virulence in Plasmopara halstedii (sunflower downy mildew) from Hungary. Plant Pathol. 1995;44(4):619-24. doi:10.1111/j.1365-3059.1995.tb01685.x
9. Shindrova P. New nomenclature of downy mildew races in sunflower (Plasmopara halstedii Farl. Berlese et de Toni) in Bulgaria (race composition during 2000-2003). Helia. 2005;28(42):57-64. https://doi.org/10.2298/hel0542057s

10. Iwebor M, Antonova T, Saukova S. Changes in the racial structure of Plasmopara halstedii (Farl.) Berl. et de Toni population in the South of the Russian Federation. Helia. 2016;39(64):113-21. doi:10.1515/helia-2016-0008

11. Starina A, Dmitrenko N, Moskaleva N. Rasovyj sostav Plasmopara halstedii v uslovijah Central'noj jeksperimental'noj bazy VNIIMK [Race composition of Plasmopara halstedii under conditions of the Central Experimental Base of VNIIMK]. Kronos. 2022;7(11):78-82. doi:10.5281/zenodo.7106907. [in Russian]

12. Ramazanova SA, Badyanov EV, Savichenko VG, et al. Ocenka sceplenija gena PlArg, kontrolirujushhego ustojchivost' k lozhnoj muchnistoj rose u podsolnechnika, i mikrosatellitnyh lokusov DNK [Assessment of linkage between the PlArg gene controlling resistance to downy mildew in sunflower and microsatellite DNA loci]. Maslichnye kul'tury. 2022;(3):14-23. [in Russian]

13. Franchel J, Bouzidi MF, Bronner G, et al. Positional cloning of a candidate gene for resistance to the sunflower downy mildew, Plasmopara halstedii race 300. Theor Appl Genet. 2013;126(2):359-67. https://doi.org/10.1007/s00122-012-1984-6

14. Qi LL, Foley ME, Cai XW, et al. Genetics and mapping of a novel downy mildew resistance gene, Pl18, introgressed from wild Helianthus argophyllus into cultivated sunflower (Helianthus annuus L.). Theor Appl Genet. 2016;129(4):741-52. DOI 10.1007/s00122-015-2662-2

15. Qi LL, Talukder ZI, Hulke BS, et al. Development and dissection of diagnostic SNP markers for the downy mildew resistance genes PlArg and Pl8 and marker-assisted gene pyramiding in sunflower (Helianthus annuus L.). Mol Genet Genomics. 2017;292(3):551-63. https://doi.org/10.1007/s00438-017-1290-8

16. Pecrix Y, Buendia L, Penouilh-Suzette C, et al. Sunflower resistance to multiple downy mildew pathotypes revealed by recognition of conserved effectors of the oomycete Plasmopara halstedii. Plant J. 2019;97(4):730-48. https://doi.org/10.1111/tpj.14157

17. Iwebor MV, Antonova TS, Saukova SL, et al. Lozhnaja muchnistaja rosa podsolnechnika na juge Rossii [Downy mildew of sunflower in the south of Russia]. Zashchita i karantin rastenij. 2019;(10):29-33. [in Russian]

18. Ioos R, Laugustin L, Rose S, Tet al. Development of a PCR test to detect the downy mildew causal agent Plasmopara halstedii in sunflower seeds. Plant Pathol. 2007;56(2):209-18. doi:10.1111/j.1365-3059.2006.01500.x

19. Bouzidi MF, Badaoui S, Cambon F, et al. Molecular analysis of a major locus for resistance to downy mildew in sunflower with specific PCR-based markers. Theor Appl Genet. 2002;104(4):592-600. doi:10.1007/s00122-001-0790-3

20. Molinero-Ruiz ML, Melero-Vara JM, Domínguez J. Inheritance of resistance to two races of sunflower downy mildew (Plasmopara halstedii) in two Helianthus annuus L. lines. Euphytica. 2003;131(1):47-51. https://doi.org/10.1023/A:1023063726185

21. Drábková Trojanová Z, Sedlářová M, Pospíchalová R, Lebeda A. Pathogenic variability of Plasmopara halstedii infecting sunflower in the Czech Republic. Plant Pathol. 2018;67(1):136-44. doi:10.1111/ppa.12722

22. Bán R, Kovács A, Nisha N, et al. New and high virulent pathotypes of sunflower downy mildew (Plasmopara halstedii) in seven countries in Europe. J Fungi. 2021;7(7):549.

23. Spring O, Miltner F, Gulya TJ. New races of sunflower downy mildew (Plasmopara halstedii) in Germany. J Phytopathol. 1994;142(4):241-44. https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.1994.tb00018.x

24. Iwebor M, Antonova T, Saukova S. Occurrence and distribution of races 713, 733 and 734 of sunflower downy mildew pathogen in the Russian Federation. Helia. 2018;41(69):141-51. https://doi.org/10.1515/helia-2018-0015

25. Ramazanova SA, Badyanov EV, Guchetl SZ. Molecular markers of genes Pl6, Pl13 and PlArg for sunflower breeding on resistance to downy mildew. Oil Crops. 2020;(3):20-27.

26. Choi YJ, Beakes G, Glockling S, et al. Towards a universal barcode of oomycetes – a comparison of the cox1 and cox2 loci. Mol Ecol Resour. 2015;15(6):1275-88. doi:10.1111/1755-0998.12398

27. Molinero-Ruiz ML, Melero-Vara JM, Domínguez J. Inheritance of resistance to race 330 of Plasmopara halstedii in three sunflower lines. Plant Breed. 2002;121(1):61-65. doi:10.1046/j.1439-0523.2002.00654.x

28. Gilley MA, Gulya TJ, Seiler GJ, et al. Determination of virulence phenotypes of Plasmopara halstedii in the United States. Plant Dis. 2020;104(11):2823-31. doi:10.1094/PDIS-10-19-2063-RE

29. Pecrix Y, Dvorak E, Labbé F, et al. Phylogenomics of Plasmopara halstedii reveals genomic regions associated with the breakdown of sunflower downy mildew resistance genes. Mol Ecol. 2026;35(4). doi:10.1111/mec.70270

30. Humann RM, Johnson KD, Wunsch MJ, et al. Evaluation of oxathiapiprolin for the management of sunflower downy mildew. Plant Dis. 2019;103(10):2498-504. doi:10.1094/PDIS-11-18-2045-RE

Авторлар туралы мәліметтер:

Татьяна Сергеевна Хоснутдинова – жаратылыстану ғылымдарының магистрі, Ұлттық биотехнология орталығының Өсімдіктердің генетикалық инженериясы зертханасының ғылыми қызметкері, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана қ., Қазақстан.

Жанна Русланкызы Кали – Л.Н. Гумилев атындағы Евразия ұлттық университетінің бакалавриат студенті, Қ. Сәтпаев көшесі, 2, 010008, Астана, Қазақстан.

Гулжамал Санжаровна Ташкентбаева – Л.Н. Гумилев атындағы Евразия ұлттық университетінің магистратура студенті, Қ. Сәтпаев көшесі, 2, 010008, Астана, Қазақстан.

Шуга Аскаровна Манабаева – биология ғылымдарының кандидаты, профессор, Ұлттық биотехнология орталығының Өсімдіктердің генетикалық инженериясы зертханасының меңгерушісі, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана қ., Қазақстан.

Владимир Сергеевич Киян – PhD, профессор, Ұлттық биотехнология орталығының Биоәртүрлілік және генетикалық ресурстар зертханасының меңгерушісі, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана қ., Қазақстан.

Айнура Муратовна Смагулова – биология ғылымдарының кандидаты, Ұлттық биотехнология орталығының Биоәртүрлілік және генетикалық ресурстар зертханасының аға ғылыми қызметкері, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана қ., Қазақстан.

Ермек Аскербекулы Сулейменов – Майлы дақылдардың тәжірибелік шаруашылығының селекция және тұқым шаруашылығы бөлімінің жетекшісі, Солнечное ауылы, Мира көшесі, 2а, 070518, Өскемен қ., Шығыс Қазақстан обл., Қазақстан.

Максим Юрьевич Сутула – хат-хабар авторы, PhD, қауымдастырылған профессор, Ұлттық биотехнология орталығының Өсімдіктердің генетикалық инженериясы зертханасының жетекші ғылыми қызметкері, Қорғалжын тас жолы, 13/5, 010000, Астана қ., Қазақстан.

Сведения об авторах:

Татьяна Сергеевна Хоснутдинова – Магистр естественных наук, научный сотрудник лаборатории генетической инженерии растений, Национальный центр биотехнологии,

Коргалжинское шоссе, 13/5, 010000, г. Астана, Казахстан.

Жанна Русланкызы Кали – студент бакалавриата, Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, ул. К. Сатпаева, 2, 010008, г. Астана, Казахстан.

Гулжамал Санжаровна Ташкентбаева – студент магистратуры, Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, ул. К. Сатпаева, 2, 010008, г. Астана, Казахстан.

Шуга Аскаровна Манабаева – кандидат биологических наук, профессор, заведующий лабораторией генетической инженерии растений, Национальный центр биотехнологии, Коргалжинское шоссе, 13/5, 010000, г. Астана, Казахстан.

Владимир Сергеевич Киян – PhD, профессор, заведующий лабораторией биоразнообразия и генетических ресурсов, Национальный центр биотехнологии, Коргалжинское шоссе, 13/5, 010000, г. Астана, Казахстан.

Айнура Муратовна Смагулова – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории биоразнообразия и генетических ресурсов, Национальный центр биотехнологии, Коргалжинское шоссе, 13/5, 010000, г. Астана, Казахстан.

Ермек Аскербекулы Сулейменов – руководитель отдела селекции и семеноводства, Опытное хозяйство масличных культур, село Солнечное, ул. Мира, 2а, 070518, г. Усть-Каменогорск, Восточно-Казахстанская обл., Казахстан.

Максим Юрьевич Сутула – автор-корреспондент, PhD, ассоциированный профессор, ведущий научный сотрудник лаборатории генетической инженерии растений, Национальный центр биотехнологии, Коргалжинское шоссе, 13/5, 010000, г. Астана, Казахстан.

Authors' information:

Tatyana Sergeevna Khosnutdinova – Master of Science, Research Scientist, Laboratory of Plants Genetic Engineering, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan.

Zhanna Ruslankyzy Kali – Bachelor's student, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 2 Satbayev St., 010008, Astana, Kazakhstan.

Guljamal Sanjarovna Tashkentbayeva – Master's student, L.N. Gumilyov Eurasian National University, 2 Satbayev St., 010008, Astana, Kazakhstan.

Shuga Askarovna Manabayeva – Candidate of Biological Sciences, Professor, Head of the Laboratory of Plants Genetic Engineering, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan.

Vladimir Sergeevich Kiyan – PhD, Professor, Head of the Laboratory of Biodiversity and Genetic Resources, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan.

Ainura Muratovna Smagulova – Candidate of Biological Sciences, Senior Research Scientist, Laboratory of Biodiversity and Genetic Resources, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan.

Yermek Askarbekuly Suleimenov – Head of the Breeding and Seed Production Department, Pilot Farm of Oil Plants, 2A Mira Street, Solnechnoye Village, 070518, Ust-Kamenogorsk, East Kazakhstan Region, Kazakhstan.

Maxim Yurevich Sutula – Corresponding author, PhD, Associate Professor, Leading Research Scientist, Laboratory of Plants Genetic Engineering, National Center for Biotechnology, 13/5 Korgalzhyn Highway, 010000, Astana, Kazakhstan.