

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ УСТОЙЧИВОСТИ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР К БОЛЕЗНЯМ И ПУТИ ЕГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В СЕЛЕКЦИИ

Афанасенко О. С.

ФГБНУ ВИЗР г. Санкт-Петербург, e-mail: olga.s.afan@gmail.com

Разработка эффективной генетической защиты растений базируется на: (1) фундаментальных исследованиях механизмов изменчивости популяций фитопатогенных организмов – определении адаптационного потенциала патогенов, интенсивности генного потока, дрейфа генов, (2) выявлении генетического разнообразия устойчивости растений к болезням и (3) наличии эффективных биотехнологических методов селекции устойчивых сортов.

Перечисленные направления исследований являются традиционными в лаборатории иммунитета растений к болезням ФГБНУ ВИЗР. Основными объектами являются облигатные и гемибактериотрофные возбудители болезней пшеницы и ячменя: стеблевая ржавчина пшеницы и ячменя, желтая пятнистость пшеницы, сетчатая и темно-бурая пятнистости ячменя. Известно, что большинство возделываемых сортов пшеницы находятся в «родственных отношениях» и защищены небольшим количеством генов устойчивости. Например, проблему стеблевой ржавчины на всех континентах, удалось решить путем использования в селекции генов Sr24, Sr26, Sr31 и Sr38. С начала 2000 годов существует угроза распространения на территорию России расы стеблевой ржавчины Ug99, которая вирулентна к сортам пшеницы с геном Sr31, а ее производные также к сортам с генами Sr24 и Sr36. В 2016 г. появилось первое сообщение о распространении расы Ug99 на Юго-Востоке России (Сибикеев и др., 2016). 90% сортов пшеницы Российской селекции и 95% сортов ячменя, включая, защищенных геном Rpg1, восприимчивы к этой расе. В лаборатории развернуты исследования по идентификации генов устойчивости к стеблевой ржавчине с использованием молекулярных маркеров (ММ), в результате которых было выявлено, что большинство российских сортов защищены неэффективным против расы Ug99_ геном Sr31 (Баранова и др., 2015).

Основным источником пополнения новыми генами устойчивости являются аборигенные образцы из центров генетического разнообразия культуры и дикие виды культурных растений. Широкое сотрудничество с ВИР и селекционными учреждениями РФ, а также с зарубежными профильными учреждениями позволило нам создать генетические коллекции источников устойчивости пшеницы и ячменя к облигатным и гемибактериотрофным возбудителям болезней. В настоящее время проводится работа по идентификации и картированию новых генов устойчивости с использованием современных технологий картирования секвенированием.

Использование методов биотехнологии в селекции устойчивых к болезням сортов зерновых культур связано с разработкой и использованием ММ для скрининга генов устойчивости и для контроля передачи определенных генов устойчивости в элитный селекционный материал, а также применением технологии удвоенных гаплоидов для быстрой гомозиготизации селекционного материала. В последние годы появились работы по трансформации элитных линий кассетами из нескольких клонированных R-генов, что позволяет использовать комбинации генов, которые не могут быть созданы традиционной селекцией, так как находятся в нерекombинирующих участках генома (Ellis et al., 2014)

Работа поддержана грантами РФФИ № 14-04-00400 и № 15-54-12365.