

СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИЙ *PUSCINIA TRITICINA* В РОССИИ В 2015 ГОДУ

Шайдаюк Е.Л., Игнатьева А.И.

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений»,
Санкт-Петербург, eshaydayuk@bk.ru

Проведен ежегодный анализ структуры популяций возбудителя бурой ржавчины пшеницы, собранных на территории России в 2015 году, по признакам вирулентности. В большинстве регионов заболевание не имело экономической значимости и его развитие варьировало от слабого (1%) до умеренного (30%).

Инфекционный материал, представленный листьями пшеницы с урединиопустулами, был получен из 5 регионов РФ: Северо-Западного (Ленинградская, Калининградская области), Уральского (Челябинская, Курганская области), Западно-Сибирского (Омская, Алтайская, Новосибирская области), Средневолжского (Татарстан) и Нижневолжского (Саратовская область). Популяции были реанимированы на восприимчивом сорте мягкой пшеницы Инна и клонированы. Все монопустульные изоляты охарактеризованы по признаку вирулентности на 20 почти изогенных линиях Thatcher (Tc). Для обозначения фенотипов использована североамериканская буквенная номенклатура, основанная на определении вирулентности к 5 группам из 4 Lr-линий: 1 – Lr1, Lr2a, Lr2c, Lr3a; 2 – Lr9, Lr16, Lr24, Lr26; 3 – Lr3ka, Lr11, Lr17, Lr30; 4 – Lr2b, Lr3bg, Lr14a, Lr14b; 5 – Lr15, Lr18, Lr19, Lr20.

Всего изучено 509 фенотипов. Показана высокая эффективность гена Lr24. Изоляты вирулентные к гену Lr9 встречались в уральских и западносибирских образцах популяций, собранных с сортов пшеницы, несущих ген Lr9. Вирулентность к гену Lr19 была отмечена в Средневолжском регионе. Частоты изолятов, вирулентных к линиям TcLr1, TcLr3a, TcLr3bg, TcLr3ka, TcLr11, TcLr14b, TcLr16, TcLr17, TcLr18, TcLr30, были высокими во всех популяциях и достигали 80–100%. Вирулентность к генам Lr2a, Lr2b, Lr2c, Lr15, Lr20, Lr26 колебалась по регионам. Северо-западная популяция характеризовалась меньшей вирулентностью на линиях TcLr2a (2%) и TcLr2b, TcLr2c (60%) по сравнению с западносибирскими и уральскими (90-100%). Северо-западные, средневолжские и нижневолжские популяции имели сходные частоты вирулентности к гену Lr26 (20%); а в западносибирских они были выше (30%), чем в уральских (10%).

С использованием набора линий-дифференциаторов идентифицировано 28 фенотипов. Раса TGTTR (авирулентность на линиях TcLr9, TcLr19, TcLr24, TcLr26) была выявлена во всех региональных популяциях (Западно-Сибирский регион – 46%, Средневолжский и Нижневолжский регионы-15%, Уральский - 7%, Северо-Западный – 3%). Фенотипы PGTTH, PHTTH, TGTTH, TQTTR, TQTTT, TRTTR встречались в двух и более регионах, а остальные были оригинальными для определенного региона.

Согласно индексам Нея (N), Шеннона (Sh), Космана (KWm), северо-западные и волжские популяции имели более высокое внутрипопуляционное разнообразие, по сравнению с уральскими и западносибирскими.

Согласно индексам межпопуляционных различий: Нея (N), Роджерса (R) и Космана (KWm), выявлено высокое сходство между образцами уральских, западносибирских и волжских популяций и отличие от них северо-западных.

В целом, не выявлено существенных различий в структуре по сравнению с предыдущими годами. По-прежнему наблюдается высокое сходство между образцами азиатских популяций (западносибирских и уральских) и отличие от них европейских.