

КОМПЛЕКСНАЯ РЕВИЗИЯ ИЗОГЕННЫХ SR-ЛИНИЙ, ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИХ ПОПУЛЯЦИИ СТЕБЛЕВОЙ РЖАВЧИНЫ

Сколотнева Е. С.^{1,2}, Салина Е. А.¹, Коломиец Т. М.², Ветрова М. А.²

1 - ФГБНУ Институт Цитологии и Генетики СО РАН, Новосибирск
2 - ФГБНУ ВНИИ Фитопатологии, Большие Вяземы, Московская область

Исследование и мониторинг расового состава патогенных популяций ржавчинных грибов в мире осуществляются с помощью стандартного набора линий и сортов дифференциаторов с известными генами устойчивости. Для возбудителя стеблевой ржавчины пшеницы *Puccinia graminis* f.sp. *tritici* таким дифференцирующим набором служит список Стэкмана в северо-американской модификации, включающий пять четырехчленных наборов изогенных линий, несущих следующие Sr гены: Sr5, Sr21, Sr9e, Sr7 (set1); Sr11, Sr6, Sr8a, Sr9g (set2); Sr36, Sr9b, Sr30, Sr17 (set3); Sr9a, Sr9d, Sr10, SrTmp (set4); Sr24, Sr31, Sr38, SrMcN (set5). Однако, линии-дифференциаторы с одним и тем же геном устойчивости, но разными репродукциями и разного происхождения не всегда показывают идентичную реакцию на заражение.

Цель исследования - провести ревизию генов устойчивости в рабочих наборах дифференциаторов популяции стеблевой ржавчины из коллекции ФГБНУ ВНИИФ с помощью известных молекулярных маркеров и оценить фитосанитарную обстановку Центрального региона РФ с помощью международного универсального набора линий-дифференциаторов.

При проведении работы были использована международная коллекция линий-дифференциаторов, соответствующая модифицированному списку Стэкмана, любезно предоставленная Dr. McCallum (Agriculture and Agri-food Canada). Разработанные маркеры, используемые в мире для идентификации генов Sr, были верифицированы на международной коллекции линий-дифференциаторов и затем вовлечены в ревизию изогенных Sr линий, полученных из различных источников и поддерживаемых в ФГБНУ ВНИИФ. За исключением некоторых репродукций Sr36 линий, было подтверждено присутствие заявленных Sr генов в исследованных линиях, которые составили рабочий верифицированный набор для дифференциации.

С помощью отобранного рабочего набора из коллекции ФГБНУ ВНИИФ и универсального международного набора дифференциаторов были идентифицированы гены вирулентности, присутствующие в популяции патогена Центрального региона РФ, которые комплементарны следующим генам Sr21, Sr9e, Sr6, Sr8a, Sr36, Sr9b, Sr30, Sr9d, Sr10. Так как международный набор дифференциаторов может не выявить своеобразие местных популяций, то заявлять о расовом составе популяции *P. graminis* f.sp. *tritici* можно будет только после исследования его разрешающей способности для конкретного региона России.