

также значительная модуляция антиоксидантной системы листьев растений сахарной свеклы, проявившаяся в изменении уровней содержания низкомолекулярных антиоксидантов – фенольных соединений – и антирадикальной активности в ткани листа.

УДК 634.11: 632.482.31

## **ВИРУЛЕНТНОСТЬ ШТАММОВ ВОЗБУДИТЕЛЯ ПАРШИ ЯБЛОНИ *VENTURIA INAEQUALIS***

**Гашенко Т. А., Козловская З. А., Кондратенко Ю. Г.**

РУП «Институт плодоводства»

аг. Самохваловичи, Республика Беларусь

Внутривидовой состав популяций возбудителя непостоянен не только в различные годы, но даже в течение вегетационного сезона и определяется сортовым составом яблони в садах. Современная интенсивная технология возделывания также оказывает влияние на процесс формирования внутривидового разнообразия возбудителя и усиление вредоносности болезни.

Изменчивость патогена, разнообразие генов вирулентности и возможность их постоянной рекомбинации при половом процессе является одной из причин потери устойчивости к парше современного сортимента яблони. В связи с этим актуально в настоящее время выявление генов вирулентности, присутствующих в популяции возбудителя, и определение в ней доли каждого гена, для того чтобы контролировать состав популяции возбудителя, фиксировать появление новых генов вирулентности и целенаправленно вести превентивную селекцию яблони на иммунитет к парше [1]. Изучение генетической структуры вирулентности в популяции парши яблони являлось одной из задач нашей работы.

Исследования проводили в 2020 г. в отделе селекции плодовых культур РУП «Институт плодоводства». Объектами являлись 18 штаммов возбудителя парши яблони: Ак-1 (Ауксис), Ш-1 (Шампион), Gg-3 (Golden Grimes), Мл-1 (Мелба), Ат-3 (Антоновка), Сл-4 (Суйслепское), С-2 (Сябрына), Бл-5, Бл-9 (Белана), Ан-4 (Антей), БР-1 (Ром Бьюти), Мч-1 (Мечта), Дж-1, Дж-3 (Джонаголд), Б-1, Б-2, Б-4 (Банановое), Д-3 (Дарунак), – выделенные нами с сортов яблони разного генетического происхождения и различной степени устойчивости к парше. Изучение генотипов вирулентности выделенных штаммов возбудителя парши

яблони проводилось методом искусственного заражения сортов-дифференциаторов яблони: Golden Grimes, Нора, Hyslop, Jay Darling, M. coronaria, M. ioensis, M. sp. Red silver, R 12-740-7A, Yellow transparent (Папировка), Аламата, Долго, Женева, Красное астраханское, Мекинтош, Прери спай, Уэлси, Харальсон. Искусственное заражение проводили согласно методике [2]. Симптомы учитывали по шкале J. R. Shay и L. F. Hough [3].

По результатам проведенного искусственного заражения сортов-дифференциаторов парши яблони нами выявлено 9 генов вирулентности из 16 известных. Согласно полученным данным, в 2020 г. в популяции парши доминировали гены вирулентности p-10+, p-11+. Среднюю распространенность имели гены p-1+, p-14+, p-15+, p-17+. Наименьшее участие в генетической структуре популяции имели гены p-6+, p-8+ и p-16+, что составляет по 33, 44 и 6 % соответственно. Установлено, что гены p-2+, p-3+, p-4+, p-5+, p-7+, p-9+, p-19+ в популяции отсутствуют. Путем искусственного заражения листьев яблони выделены наиболее вирулентные изоляты возбудителя парши и установлено наличие прямой сильной взаимосвязи между количеством пораженных сортов и количеством генов вирулентности в генотипе штамма. Коэффициент корреляции составил 0,8754 при уровне значимости  $P = 0,05$ . Наибольшую вирулентность проявили штаммы Gg-3, Сл-4, Бл-5, Б-4 и Д-3, у которых идентифицировано 7-8 генов вирулентности. Данные штаммы поразили от 5 до 7 сортов.

По составу генов вирулентности исследуемые штаммы парши отличались друг от друга и количеством, и составом генов. По 5-6 генов выявлено у штаммов Ак-1, Ш-1, Мл-1, С-2, Ан-4, РБ-1, Бл-9, Дж-1, Дж-3, Б-1, Б-2. Наименьшее количество генов вирулентности определено у штаммов Ат-3 (p-10+, p-11+, p-17+) и Мч-1 (p-1+, p-8+, p-10+, p-11+), которыми поражено по 2-3 сорта из инокулированных.

Установлено, что наиболее распространенными генами вирулентности являются p-10+ и p-14+, они выявлены у 94 % исследованных штаммов. Распространенность генов p-1+, p-14+ и p-15+ составила 72 %, p-17+ – 78 %. Реже встречаются штаммы с генами p-6+ (33 %), p-8+ (44 %) и p-16+ (6 %).

Таким образом, в популяции парши яблони выявлено 9 генов вирулентности из 16 известных. Выделены наиболее вирулентные изоляты возбудителя парши яблони и установлено наличие прямой сильной взаимосвязи между количеством пораженных сортов и количеством генов вирулентности в генотипе штамма.

#### ЛИТЕРАТУРА

1. Козловская, З. А. Селекция яблони в Беларуси / З. А. Козловская. – Минск: Беларуская навука, 2015. – 457 с.
2. Генетические основы и методика селекции плодовых культур и винограда / З. А. Козловская [и др.]; под общ. ред. З. А. Козловской; Нац. акад. наук Беларуси, Ин-т плодводства. – Минск: Беларуская навука, 2019. – 249 с.
3. Shay, J. R. Evaluation of apple seed resistance in selections of *Malus* / J. R. Shay, L. F. Hough // *Amer. J. Bot.* – 1952. – Vol. 39, № 4. – P. 288-297.

УДК 634.711:577.21

### МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПАСПОРТИЗАЦИЯ РАЙОНИРОВАННОГО СОРТИМЕНТА МАЛИНЫ В БЕЛАРУСИ

**Гашенко Т. А., Фролова Л. В., Козловская З. А.**

РУП «Институт плодводства»

аг. Самохваловичи, Республика Беларусь

В последние годы ПЦР технологии получили эффективное применение в изучении многих плодовых и ягодных культур. Основные направления их использования сводятся к установлению филогенетических отношений между культурными и дикорастущими видами – донорами ценных признаков, идентификации сортов и гибридов, маркированию локусов, контролирующих хозяйственно ценные признаки.

Ключевым направлением применения молекулярных маркеров является использование их в превентивной селекции. ДНК-маркеры успешно применяют на этапе подбора исходных источников для гибридизации, а также при анализе гибридного материала. С их помощью проводят поиск в коллекции уникальных генотипов, несущих редкие аллели по микросателлитным локусам. Такие генотипы могут оказаться перспективными в селекции. Данные маркеры позволяют оценить генетическое разнообразие коллекции в целом и даже в некоторой степени выявить различия в пулах генофондов, имеющих разное происхождение.

Для создания генетических паспортов сортов и форм проводят отбор локусов, которые показывают высокую эффективность в выявлении внутривидового полиморфизма и идентификации генотипов.

Объектами исследований являлись 9 сортов малины летней (Аленушка, Бальзам, Бригантина, Двойная, Метеор, Мядовая, Награда, Маросейка и Октавия) и 7 ремонтантной (Херитидж, Бабые лето, Брянское диво, Геракл, Рубиновое ожерелье, Зева Хербстернт, Кванза), вклю-