

ГЕНЕТИКА, СЕЛЕКЦІЯ І БІОТЕХНОЛОГІЯ

УДК 575.11.113:854.78

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ДЖЕРЕЛ СТІЙКОСТІ СОНЯШНИКУ ДО НЕСПРАВЖНЬОЇ БОРОШНИСТОЇ РОСИ ТА ВОВЧКА ЗА ДНК-МАРКЕРАМИ

© 2016 р. А. Є. Солоденко, В. І. Файт

Селекційно-генетичний інститут –

Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення

Національної академії аграрних наук України

(Одеса, Україна)

Досліджені лінії та зразки соняшнику, джерела стійкості до несправжньої борошнистої роси та вовчка. За маркерними алелями мікросателітних локусів, зчеплених з генами *Or5* та *Pl_{ARG}*, ідентифіковані носії вказаних генів, що забезпечують стійкість до *Orobanche cumana* раси E та резистентність до всіх відомих на даний час рас *Plasmodora halstedii* відповідно. Обговорюється можливість використання ДНК-маркерів для добору сегрегантів з гібридних популяцій, в яких донорами стійкості будуть слугувати лінії RHA 420, RHA 443 та зразки приватної селекційної компанії Strube: Sample 24, Sample 25, Sample 28, Sample 29, EH-935.

Ключові слова: *Helianthus annuus*, *Plasmodora halstedii*, *Orobanche cumana*, ДНК-маркери, гени, *Pl_{ARG}*, *Or5*, стійкість

Соняшник – основна олійна культура України, що останніми роками вирощується на площі близько 5 млн. га. Хвороби, шкідники, бур'яни та рослини-паразити, серед яких найбільш небезпечними є збудники несправжньої борошнистої роси (*Plasmodora halstedii* (Farl.) Berl. & de Toni.) та вовчка (*Orobanche cumana* Wallr.), суттєво знижують урожай соняшнику через погіршення рівня живлення рослин (Боровська та ін., 2014). Висока економічна ефективність виробництва соняшнику призвела в Україні до перенасичення сівозмін цією культурою, і, як наслідок, до накопичення інфекції у ґрунті, зростання чисельності популяцій вказаних шкідників та виникнення нових вірулентних рас даних патогенів.

У популяції *P. halstedii*, що поширена на півдні України, присутня 730 раса (Солоденко та ін., 2013). Це одна з найбільш агресивних рас, стійкість до якої зумовлюють гени *Pl6*, *Pl7*, *Pl8*, *Pl13* і *Pl_{ARG}*. Відома низка ліній-донорів ефективних генів *Pl*: лінії HA 335 і HA 336 но-

сії гена *Pl6*; HA 337, HA 338, HA 339 – *Pl7*; RHA 340, 803-1, QHP 1 – *Pl8*; HA-R4 і HA-R5 – *Pl13*; ARG1575-2, 79ARGMTP, RHA 419 – *Pl_{ARG}* (Wieckhorst et al., 2010). Зазначені лінії отримані або шляхом добору з південноамериканських популяцій дикорослого соняшнику *Helianthus annuus*, або у результаті інтрогресивної гібридизації культурного соняшнику з іншими видами *Helianthus* та широко використовуються селекціонерами різних країн для створення стійких ліній і гібридів, адаптованих до умов вирощування певних регіонів. Найбільш перспективним для використання в селекції є ген *Pl_{ARG}*, що зумовлює стійкість проти всіх відомих на даний час рас *P. halstedii*.

Селекція соняшнику на стійкість до вовчка ведеться впродовж майже століття. Нині відомо вісім рас *O. cumana*, що позначені літерами A, B, C, D, E, F, G, H. Раси F, G, H – найбільш вірулентні. До останнього часу в усіх регіонах вирощування товарного соняшнику були розповсюджені п'ять перших фізіологічних рас вовчка, стійкість до яких зумовлюють окремі гени *Or* (Melero-Vara et al., 1989). Численними дослідженнями підтверджено, що стійкість до кожної з рас (A, B, C, D, E) контролюється од-

Адреса для кореспонденції: Солоденко Анжелла Євгенівна, Селекційно-генетичний інститут НААН України, вул. Овідіопольська дорога, м. Одеса, 365036, Україна;
e-mail: angelika_solo@yahoo.com

ним домінантним геном *Or1*, *Or2*, *Or3*, *Or4*, *Or5*, відповідно, та доведена кластерна організація генів *Or1–Or5* (Fernandes-Martinez et al., 2000). Наприкінці минулого сторіччя в Іспанії виникла раса F (Fernandes-Martinez, 2004), з 2004 р. відома нова надзвичайно агресивна раса G (Molinero-Ruiz et al., 2005). Є повідомлення, що раса F з'явилася у деяких популяціях вовчка у Причорномор'ї та Приазов'ї (Бурлов, 2014). Джерела стійкості до нових вірулентних рас вовчка винайдені серед дикорослих видів *Helianthus* та в окремих популяціях культурного соняшнику, отриманих за участю віддалених гібридів з топінамбуром (*H. tuberosus*).

Успіх гетерозисної селекції соняшнику значною мірою і залежить від використання генетичного різноманіття вихідного матеріалу, що сприяє створенню високоврожайних, адаптованих до певних природно-кліматичних умов гібридів з ефективними імунологічними системами (Вареник, 2014). Ідентифікація існуючого генофонду соняшнику і використання генетично різноманітного матеріалу є необхідною передумовою для добору бажаних генотипів у практичній селекції. Застосування ДНК-маркерів сприяє зменшенню обсягів опрацювання селекційного матеріалу та скороченню терміну, необхідного для створення ліній чи гібридів. Маркери, зчеплені з генами, які відповідають за прояв господарсько цінних ознак, дозволяють провести добір на рівні окремої рослини безпосередньо за генотипом, а не за фенотипом, що модифікується дією різноманітних чинників навколишнього середовища (Литвиненко та ін., 2016).

Мета даної роботи – ідентифікувати гени стійкості до несправжньої борошнистої роси та вовчка за маркерними мікросателітними локусами у ліній і зразків соняшнику, що надійшли до СГІ – НЦНС в межах програм з обміну вихідним матеріалом із закордонними партнерами.

МЕТОДИКА

Для досліджень використовували:

- лінії соняшнику, отримані з National Germplasm Resources Laboratory (Norh Central Regional PI Station, North Dakota, USA): RHA 419, RHA 420, HA 442, RHA 443, що згідно з наданим описом є стійкими до 730-ї і 770-ї рас НБР;

- лінії-диференціатори стійкості до вовчка LC-1003 (*Or5*), LC-1093 (*Or6*) та зразки приватної селекційної компанії Strube (матеріал люб'язно наданий завідувачем відділу селекції та насінництва гібридного соняшнику СГІ –

НЦНС к. с.-г. н. Б.Ф.Вареником): EH-935, Sample 24, Sample 25, Sample 27, Sample 28, Sample 29, Sample 30, Sample 31. За інформацією оригінаторів, вище наведений матеріал характеризується стійкістю до 700-ї, 730-ї, 770-ї рас НБР та вовчка раси F.

ДНК виділяли з проростків та листків цетавлоновим методом. Ампліфікацію проводили на приладі «Терцик» («ДНК-технологія», Росія). Склад реакційної суміші: буфер для Dream Taq полімерази, 1 одиниця активності Dream Taq полімерази (Fermentas, Литва), 0,2 мкМ кожного праймера, 0,2 мМ кожного dNTP, 20 нг ДНК. Умови ампліфікації: початкова денатурація – 2 хв. при 94° С; 30 циклів – 20 с при 60° С, 30 с при 72° С, 20 с при 92° С; фінальна елонгація – 5 хв. Електрофоретичний розподіл продуктів ампліфікації проводили в поліакриламідному гелі (10% акриламід, 1 х трис-боратний буфер). Фарбували гелі азотнокислим сріблом (Солоденко та ін., 2005). Молекулярний розмір фрагментів ДНК визначали за допомогою програми «GelAnalyzer 2010» відносно маркера довжини фрагментів ДНК Ladder 100.

РЕЗУЛЬТАТИ ТА ОБГОВОРЕННЯ

Для цілеспрямованого використання зразків в схрещуваннях необхідно ідентифікувати їх за наявністю певних генів стійкості.

Лінії соняшнику з National Germplasm Resources Laboratory (США) RHA 420, HA 442, RHA 443 згідно з наданим описом стійкі до 730-ї і 770-ї рас НБР. Своє походження вказані лінії ведуть від лінії RHA 419. (Miller et al., 2006). У свою чергу RHA 419 походить від ARG1575-2 (cms HA89 x *H. argophyllus*) (Miller et al., 2002) і є однією з ліній-носіїв гена *Pl_{ARG}*, що зумовлює стійкість до всіх відомих дотепер рас НБР. Тому можна припускати, що стійкість ліній RHA 420, HA 442, RHA 443 до НБР зумовлена наявністю в їх генотипах гена *Pl_{ARG}*. З метою ідентифікації гена стійкості *Pl_{ARG}* у ліній RHA 420, HA 442, RHA 443 проводили їх аналіз за визначеними у наших попередніх дослідженнях мікросателітними маркерами, що дозволяють детектувати фрагмент першої групи зчеплення, що має походження від *H. argophyllus* або лінії RHA 419 (Солоденко, 2014).

У результаті ПЛР-аналізу у ліній RHA 420 і RHA 443, а також у зразків Sample 24 та Sample 25 виявлені алелі, які є маркерними щодо гена *Pl_{ARG}* (таблиця). Так, за локусом *ORS1039* у RHA 420 і RHA 443, Sample 24 та Sample 25 так само як і у лінії RHA 419, визначено алель 190 п. н.; у лінії HA 442, зразків

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ДЖЕРЕЛА СТІЙКОСТІ СОНЯШНИКУ

Генотипи досліджених ліній за алелями (п. н.)
мікросателітних локусів *ORS509*, *ORS610*, *ORS1039*

Лінія	<i>ORS509</i>	<i>ORS610</i>	<i>ORS1039</i>
RHA419	207*	130	190
RHA420	207*	130	190
RHA442	200	147	205
RHA443	207*	130	190
Sample 24	207*	130	190
Sample 25	207*	130	190
Sample 27	200	147	_**
Sample 28	200	147	205
Sample 29	200	147	205
Sample 30	200	147	-
Sample 31	200	147	205

Примітки. *Жирним шрифтом виділені маркерні алелі; ** «->» - «нуль-алель».

Sample 28, Sample 29, Sample 31 – алель 205 п. н., у зразків Sample 27 і Sample 30 – «нуль-алель», тобто відсутність продукту ампліфікації (рис. 1, 2).

У лінії HA 442, на відміну від інших ліній з National Germplasm Resources Laboratory RHA 420 і RHA 443, не виявлено маркерних алелів (таблиця). Імовірно, відсутність в генотипі лінії HA 442 маркерних алелів може бути наслідком

або порушення умов репродуктивної ізоляції вказаної лінії в процесі її розмноження, або рекомбінаційних процесів між дослідженими мікросателітними локусами і геном *Pl_{ARG}*, або стійкість до НБР вказаної лінії зумовлена іншим геном *Pl*.

Щодо зразків компанії Strube, оригінатор не вказує їх походження та характеристику за наявністю певних генів стійкості до НБР. Стій-

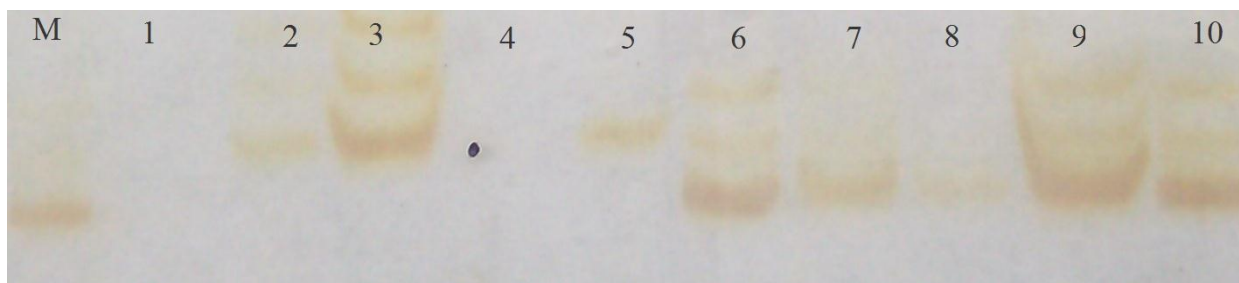


Рис. 1. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК за локусом *ORS 1039*: 1 – Sample 27; 2 – Sample 28; 3 – Sample 29; 4 – Sample 30; 5 – Sample 31; 6 – Sample 24; 7 – Sample 25; 8 – RHA 419; 9 – RHA 420; 10 – RHA 443; М – маркер молекулярної довжини фрагментів ДНК Ladder 100 (фрагмент 200 п. н.).

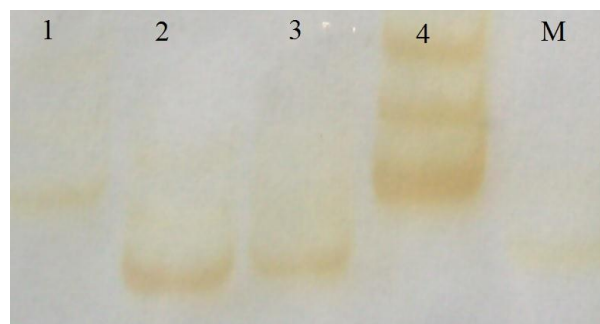


Рис. 2. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК за локусом *ORS 1039*: 1 – HA 442; 2 – RHA 419; 3 – RHA 443; 4 – Sample 29; М – маркер молекулярної довжини фрагментів ДНК Ladder 100 (фрагмент 200 п. н.).

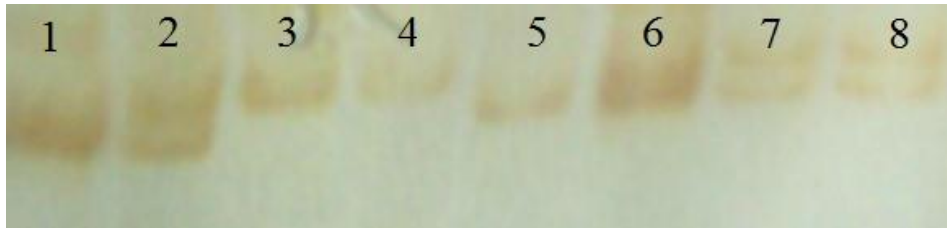


Рис. 3. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК за локусом *ORS 1036*: 1 – LC-1093; 2 – Sample 24; 3 – Sample 25; 4 – Sample 27; 5 – Sample 28; 6 – Sample 29; 7 – Sample 30; 8 – Sample 31.

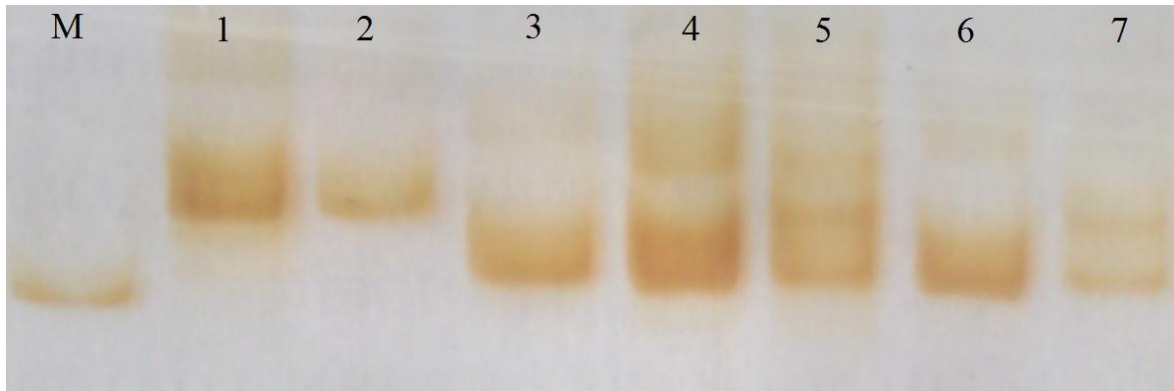


Рис. 4. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК за локусом *ORS 1036*: 1 – Sample 25; 2 – Sample 27; 3 – Sample 28; 4 – LC-1093; 5 – LC-1003; 6 – EH-935; 7 – Sample 24; М – маркер молекулярної довжини фрагментів ДНК pUC19 / MspI (фрагмент 240 п. н.).

кість до 730-ї та 770-ї рас НБР, яка за описом зразків їм притаманна, може бути зумовлена крім Pl_{ARG} генами $Pl6$, $Pl7$, $Pl8$ або $Pl13$. Разом з тим, гени $Pl6$ та $Pl7$ не контролюють стійкість до нових рас НБР, що виникли у Франції (Delmotte et al., 2008), а генотипи-носії гена $Pl13$ уражуються поширеними у Північній Америці расами 307 та 703 (Mulpurı et al., 2009). Таким чином, з точки зору використання в селекційних програмах найбільша увага повинна приділятися джерелам генів $Pl8$ та Pl_{ARG} . Можливість застосування ДНК-маркерів, які дозволяють ідентифікувати ген Pl_{ARG} і значно підвищити ефективність добору зразків з генетично детермінованою стійкістю до всіх відомих нині рас НБР, надає першочергового значення при створенні сучасних гібридів лініям-носіям саме гена Pl_{ARG} – RHA 420, RHA 443, Sample 24, Sample 25.

Зразки EH-935, Sample 24, Sample 25, Sample 27, Sample 28, Sample 29, Sample 30, Sample 31, за інформацією оригінаторів, характеризуються стійкістю до вовчка раси F. Генетичний контроль стійкості до цієї раси є складнішим ніж до рас А-Е. Залежно від походження джерела стійкості, вона може бути зумовлена дією одного домінантного гена $Or6$ (наприклад, у лінії LC-1093) або взаємодією двох частково

домінантних генів $Or6$ і $Or7$ (у лінії J1), або навіть двох рецесивних orb і $or7$ (у лінії P-96 та KI-534) (Fernandes-Martinez et al., 2008).

Для ліній-диференціаторів LC-1093, LC-1003 та зразків EH-935, Sample 24, Sample 25, Sample 27, Sample 28, Sample 29, Sample 30, Sample 31 визначили алелі за мікросателітним локусом *ORS1036*. Даний мікросателіт локалізовано на третій групі зчеплення генетичної карти соняшнику на відстані 7,5 сМ від кластера генів *Or* (Tang et al., 2003). У лінії LC-1003, LC-1093 та зразків EH-935, Sample 28, Sample 29 виявлено алель 245 п. н.; у зразків Sample 25, Sample 27 – алель 255 п. н.; у зразків Sample 24, Sample 30, Sample 31 – гетерозиготний генотип з алелями 245 та 255 п. н. (рис. 3, 4). Лінії-диференціатори LC-1003 ($Or5$) та LC-1093 ($Or6$) не розрізняються за алелями локусу *ORS 1036*. Алель 245 п. н. було визначено в інших дослідженнях у LC-1093 (Iuora et al., 2004) та у стійкої до раси Е лінії PHD (Pioneer Hi-Bred International) з генотипом $Or5Or5$ (Tang et al., 2003). За нашими даними, ідентифікувати досліджені зразки Strube за наявністю гена $Or6$ не виявилось можливим, алель 245 п. н. маркерного мікросателіта *ORS 1036* у зразків EH-935, Sample 24, Sample 28, Sample 29, Sample 30, Sample 31 свідчить про присутність в їх гено-

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ДЖЕРЕЛА СТІЙКОСТІ СОНЯШНИКУ

типах щонайменше гена *Or5*. Популяції вовчка завжди складаються з кількох рас, тому наявність в генотипах сучасних гібридів гена *Or5*, який контролює стійкість до вовчка рас А-Е, не втрачає актуальності (Гучетль и др., 2012). Безумовно, остаточний висновок про наявність гена стійкості *Or6* в певному генотипі можливо зробити тільки після оцінки його стійкості до раси F вовчка, проти якої ефективним є саме цей ген. У той же час, подальші молекулярно-генетичні дослідження мають бути спрямовані на пошук маркерів генів, що забезпечують стійкість проти раси G.

Таким чином, лінії RHA 420, RHA 443, зразки Sample 24, Sample 25, та Sample 28, Sample 29, EH-935 є носіями ефективних генів *Pl_{ARG}* та *Or5* стійкості до несправжньої борошнистої роси та вовчка відповідно. Наведені генотипи можуть бути використані в селекційних програмах як донори вказаних генів. Використання ДНК-маркерів генів *Pl_{ARG}* (алелі 207, 130, 190 п. н. локусів *ORS509*, *ORS610*, *ORS1039* відповідно) та *Or5* (алель 245 п. н. локусу *ORS1036*), характерних для генотипів RHA 420, RHA 443, Sample 24, Sample 25 та Sample 28, Sample 29, EH-935, дозволять шляхом маркерної селекції прискорити цільовий добір зразків з гібридних популяцій в процесі створення нових ліній і гібридів соняшнику.

Селекція за допомогою молекулярних маркерів (marker assisted breeding, MAB) є добром на основі генотипового аналізу із застосуванням молекулярних маркерів. Натомість впровадження у традиційні селекційні програми молекулярних маркерів потребує проведення попередніх досліджень їхньої ефективності при відборі. Розроблені різними дослідниками та запропоновані в літературних джерелах маркери повинні перевірятися на матеріалі, що використовується в конкретних селекційних програмах. У першу чергу це стосується маркерів, які не вважаються функціональними, тобто не входять до структури цільового гена. Так, наприклад, за поліморфними алелями маркерних мікросателітів *ORS 543* та *ORS 716*, які за даними (Tang et al., 2003) щільно зчеплені з геном *Pl_{ARG}* на генетичній відстані 0,1-0,3 сМ, у нашому дослідженні (Солоденко, 2014) не вдалося розрізнити RHA 419 (носій гена *Pl_{ARG}*) та нестійкі до НБР лінії одеської селекції.

Верифікація маркерів на конкретному генетичному матеріалі, ідентифікація наявного генофонду та нових колекційних зразків за певними генами стійкості, поєднання даних маркерного та імунологічного аналізів є необхід-

ними передумовами ефективного використання маркерів при селекційному доборі.

ЛІТЕРАТУРА

- Боровська І.Ю., Приходченко А.А. Вплив фітосанітарного стану посівів соняшнику на зараженість насіння // Мат-ли Міжнар. наук.-практ. конф. «Стійкість соняшнику до біо- та абіотичних чинників» (Харків, 24-25 червня 2014 р.). – X., 2014. – С. 43-46.
- Бурлов В.В. Конкуренентоспроможність гібридів соняшнику вітчизняної селекції // Агрономка соняшника. – 2014. – Т. 2. – С. 112-114.
- Вареник Б.Ф. Створення нового вихідного матеріалу соняшнику, стійкого до найбільш шкідливих хвороб та посухи в умовах Півдня України // Мат-ли Міжнар. наук.-практ. конф. «Стійкість соняшнику до біо- та абіотичних чинників» (Харків, 24-25 червня 2014 р.). – X., 2014. – С. 73-76.
- Гучетль С.З., Челюстникова Т.А., Арасланова Н.М., Антонова Т.С. SSR и SCAR генотипирование коллекции отечественных селекционных образцов подсолнечника, устойчивых и восприимчивых к расе E *Orobanche Crotalaria* Wallg. // Масличные культуры. Научно-технический бюл. Всеросс. НИИ масличных культур. – 2012. – Вып. 1 (150). – С. 21-26.
- Литвиненко М.А., Топал М.М., Шестопал О.Л., Замбріборщ І.С., Галаєв О.В. Удосконалена технологія селекційного процесу пшениці м'якої озимої з використанням біотехнологічних і молекулярно-генетичних методів: Науково-методичний посібник. – Одеса, 2015. – 42 с.
- Солоденко А.Е., Саналатий А.В., Толмачев В.В. Маркирование гена устойчивости к заразихе *Or3* у подсолнечника // Цитология и генетика. – 2005. – Т. 39, № 5. – С. 9-12.
- Солоденко А.Є., Вареник Б.Ф., Александрова О.Є., Сиволап Ю.М. Расовий склад несправжньої борошнистої роси та стійкість ліній соняшнику // Зб. наук. праць СГП-НЦНС. – 2013. – Вып. 22 (62). – С. 117-123.
- Солоденко А.Є., Бурлов В.В., Сиволап Ю.М. Маркери гена стійкості соняшника до несправжньої борошнистої роси // Вісн. Харків. нац. аграрн. ун-ту. Сер. Біологія. – 2014. – Вып. 3 (33). – С. 59-65.
- Delmotte F., Giresse X., Richard-Cervera S., M'Baya J., Vear F., Tourvieille J., Walser P., Tourvieille de Labrouhe D. Single nucleotide polymorphism reveal multiple introductions into France of *Plasmopara halstedii*, the plant pathogen causing sunflower downy mildew // Infect. Genet. Evol. – 2008. – V. 8. – P. 534-540.
- Fernandes-Martinez J., Melero-Vara J., Munoz-Ruz J., Ruso J., Domingues J. Selection of wild and cultivated sunflower for resistance to a new broomrape that overcomes resistance of the *Or5* gene // Crop Sci. – 2000. – V. 40. – P. 550-555.

- Fernandes-Martinez J., Perez-Vich B., Akhtouch B., Velasco L., Munoz-Ruz J., Melero-Vara J., Domingues J.* Registration of four sunflower germplasms resistant to race F of broomrape // *Crop Sci.* – 2004. – V. 44. – P. 1033-1034.
- Fernandes-Martinez J., Domingues J., Perez-Vich B., Velasco L.* Update on breeding for resistance to sunflower broomrape // *Helia.* – 2008. – № 48. – P. 73-84.
- Iuora M., Stanciu D., Ciuca M., Nastse D., Geronzi F.* Preliminary studies related to the use of marker assisted selection for resistance to *Orobanche Cumana* Wallr. in sunflower // *Romanian Agricult. Res.* – 2004. – № 21. – P. 33-37.
- Melero-Vara J., Domingues J., Fernandes-Martinez J.* Evaluation of different lines in a collection of sunflower parental lines for resistance to broomrape (*Orobanche cernua*) in Spain // *Plant Breed.* – 1989. – V. 102. – P. 322-326.
- Miller J., Gulya T., Seiler G.* Registration of five fertility restorer sunflower germplasms // *Crop Sci.* – 2002. – V. 42. – P. 989-991.
- Miller J., Gulya T., Vick B.* Registration of Imidazolinone herbicide-resistant maintainer (HA 442) and fertility restorer (RHA 443) oilseed sunflower germplasms // *Crop Sci.* – 2006. – V. 46. – P. 483-484.
- Molinero-Ruiz M., Melero-Vara J.* Virulence and aggressiveness of sunflower broomrape (*Orobanche cumana*) populations overcoming the *Or5* gene // *Proc. 16th Int. Sunflower Conf., Fargo, ND, (29 August – 2 September 2004).* – Paris, 2004. – P. 165-169.
- Mulpuri S., Liu Z., Feng J., Gulya T., Jan C.C.* Inheritance and molecular mapping of a downy mildew resistance gene, *Pl13* in cultivated sunflower (*Helianthus annuus* L.) // *Theor. Appl. Genet.* – 2009. – V. 119. – P. 795-803.
- Tang S., Heesacker A., Kishore V., Fernandez A., Sadik E., Cole G., Knapp S.* Genetic mapping of the *Or 5* gene for resistance to *Orobanche* race E in sunflower // *Crop Sci.* – 2003. – V. 43. – P. 1021-1028.
- Wieckhorst S., Bachlava E., Duble C.* Fine mapping of the sunflower resistance locus *Pl_{ARG}* introduced from the wild species *Helianthus argophyllus* // *Theor. Appl. Genet.* – 2010. – V. 121. – P. 1633-1644.

Надійшла до редакції
03.10.2016 р.

IDENTIFICATION OF SOURCES OF SUNFLOWER RESISTANCE TO DOWNY MILDEW AND BROOMRAPE WITH USING OF DNA MARKERS

A. E. Solodenko, V. I. Fait

*Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation
National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine
(Odesa, Ukraine)
e-mail: angelika_solo@yahoo.com*

Different origin sunflower lines and samples that are used in breeding programs aimed on creating of resistant to *Plasmopara halstedii* and *Orobanche cumana* genotypes were investigated. Microsatellite marker alleles that linkaged with *Pl_{ARG}* and *Or5* genes were used to identify some samples that are resistant to all races of downy mildew and race E of broomrape. Markers are proposed for selecting of samples from hybrid populations in that lines RHA 420, RHA 443 or some genotypes of Strube Sample 24, Sample 25, Sample 28, Sample 29, EH-935 would be used as resistance donor lines.

Key words: *Helianthus annuus*, *Plasmopara halstedii*, *Orobanche cumana*, DNA markers, *Pl_{ARG}*, *Or5* resistance

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ДЖЕРЕЛА СТІЙКОСТІ СОНЯШНИКУ

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ІСТОЧНИКОВ УСТОЙЧИВОСТІ ПОДСОЛНЕЧНИКА К ЛОЖНОЇ МУЧНИСТОЇ РОСЕ І ЗАРАЗИХЕ С ПОМОЦЬЮ ДНК-МАРКЕРОВ

А. Е. Солоденко, В. І. Файт

*Селекційно-генетический институт – Национальний центр семеноведення і сортоизучення
Национальной академии аграрных наук Украины
(Одесса, Украина)
e-mail: angelika_solo@yahoo.com*

Исследованы линии подсолнечника, которые используются в селекционных программах создания устойчивых к ложной мучнистой росе и заразихе генотипов. С помощью маркерных аллелей микросателлитных локусов, сцепленных с генами *Or5* и *Pl_{ARG}*, идентифицированы носители указанных генов, которые обеспечивают устойчивость к *Orobanche cumanana* расы E и устойчивость ко всем расам *Plasmopara halstedii* соответственно. Обсуждается возможность использования ДНК-маркеров в процессе отбора образцов из гибридных популяций, для которых донорами устойчивости будут служить линии RHA 420, RHA 443 или генотипы частной селекционной компании Strube: Sample 24, Sample 25, Sample 28, Sample 29, EH-935.

Ключевые слова: *Helianthus annuus*, *Plasmopara halstedii*, *Orobanche cumanana*, ДНК-маркеры, гени *Pl_{ARG}*, *Or5*, устойчивость