

PECULIARITIES OF RELATIONSHIP BETWEEN TRAITS IN COLLECTION ACCES- SIONS OF CALENDULA L. GENUS

Melnichuk R.V.¹, Gluschenko L.A.¹, Boguslavskiy R.L.²

¹Experimental Station of Medicinal Plants of the Institute of Agroecology and Environmental Management of NAAS, Ukraine

² Plant Production Institute named after V.Ya. Yuryev of NAAS – the National Centre for Plant Genetic Resources of Ukraine

The aim and tasks of the study. To determine the degree of correlation between morphological and economically valuable traits in genetic diversity collection accessions of *Calendula L.* genus.

Materials and methods. 145 accessions of four species from 18 countries were investigated. Relationship between quantitative traits was assessed by Pearson pair correlation coefficients; relationship between qualitative traits and others was determined by ranking traits and calculating Spearman rank correlation coefficients.

Results and discussion. Correlations between traits of *Calendula L.* collection accessions were determined. Relationship between medicinal raw material and seed yields and major quantitative and qualitative traits was assessed.

Conclusions. There was a weak and insignificant positive correlation between the yield of air-dry inflorescences and other traits. The seed yield of calendula accessions was determined by the average seed weight ($r = 0.44$) and to a lesser degree by maturity of vegetative organs affecting the amount of seeds. No correlation was observed between the flavonoid content, resistance to diseases, pests and drought or any other traits. There was a medium positive correlation between the peduncle thickness and the inflorescence and disc diameters (0.41 and 0.42, respectively), inflorescence doubleness (0.40); correlations between the peduncle thickness and coloration intensity of ray flowers, between the peduncle thickness and the vegetation period length were below the average (0.36); negative correlation (-0.39) was found between the peduncle thickness and the inflorescence number. Extension of the vegetation period increases the inflorescences productivity (through inflorescence number, their diameter and doubleness – $r = 0.36$ and $r = 0.45$, respectively) and positively affects their quality via coloration intensity of flowers (0.38).

Key words: *Calendula L., marigolds, genetic diversity, accession, trait, correlation*

УДК 633.14:632.9

ГЕНЕТИЧНА КОЛЕКЦІЯ ЯЧМЕНЮ ЯРОГО ЗА СТІЙКІСТЮ ДО ХВОРОБ

Музафарова В. А., Рябчун В. К., Петухова І. А., Падалка О. І.

Інститут рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН, Національний центр генетичних ресурсів рослин, Україна

У Національному центрі генетичних ресурсів рослин (НЦГРРУ) сформовано генетичну колекцію з 315 зразків ячменю ярого 25 країн світу з ідентифікованими генами стійкості до збудників основних хвороб, яка має практичну цінність для використання в селекції. Колекцію складають 292 зразки з відомими генами стійкості до збудника борошнистої роси, 32 зразки – збудників борошнистої роси та карликової іржі, 26 зразків – збудника летючої сажки, шість зразків – збудників борошнистої роси та ринхоспоріозу. У колекції наявні відповідні сорти-еталони 86 груп генів та 113 рівнів прояву цих ознак. Серед стійких

до хвороб зразків виявлено джерела цінних господарських ознак – Maris Concord, Harry, Medina, Delita, Quantum Plus, Regatta, Tennis, Keti, Jarek, Femina.

Ключові слова: ячмінь ярий, зразок, ген, стійкість до хвороб, генетична колекція

Вступ. Одним із основних напрямів сучасної селекції ячменю є створення стійких до патогенів сортів, так як стійкість до збудників хвороб є важливим фактором стабільності виробництва ячменю. В умовах змін клімату та напрямів виробництва розповсюдженість та шкідливість хвороб значно зростає. У роки зі значним розвитком хвороб втрати врожаю становлять до 30–50 % [1].

Стійкий сорт – це одна із основ інтегрованого захисту. На теперішній час, при створенні стійкого селекційного матеріалу важливим є всебічне вивчення вихідних зразків за наявності в них відповідних генів стійкості до хвороб. Визначення генетичної основи кожного колекційного зразка є складним завданням, тому для реалізації генетичного потенціалу нових сортів важливим є залучення до селекційної роботи більшого різноманіття окремих батьківських форм з відомим генетичним контролем [2, 3].

У колекціях Національного центру генетичних ресурсів рослин України (НЦГРРУ) Інституту рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН зосереджено широке генетичне різноманіття зразків ячменю ярого різного еколого-географічного походження. Щорічно генофонд ячменю ярого поповнюється новими інтродукованими зразками. Обсяг колекції на кінець 2015 року становив 4639 зразків.

Для ефективного використання генетичного різноманіття ячменю ярого в селекційних, наукових, освітніх та інших програмах в НЦГРРУ сформовано генетичну колекцію ячменю ярого за стійкістю до збудників хвороб (борошниста роса, летюча сажка, карликова іржа, ринхоспоріоз), яка дає можливість створити сорти з генетичним контролем стійкості до збудників поширених шкідливих хвороб.

Аналіз літературних джерел, постановка проблеми. Серед зернових колосових культур ячмінь є однією з найбільш генетично досліджуваних культур. Як об'єкт генетичних досліджень ячмінь має ряд переваг над іншими культурами, а саме – диплоїдною природою та невеликою кількістю відносно крупних хромосом ($2n=14$), майже клейстогамним типом опилення та відносною легкістю при гібридизації. Завдяки чому ячмінь став моделлю рослиною для генетичних досліджень в усьому світі [4, 5].

У ячменю ярого нараховується більше 200 хвороб та шкідників [6, 7]. Одними з найбільш поширених є борошниста роса, летюча сажка, карликова іржа, ринхоспоріоз. Успішна селекція стійких рослин до збудників цих хвороб має ґрунтуватися на фундаментальних знаннях щодо генетичної природи стійкості рослини-хазяїна та вірулентності патогенів [8, 9, 10, 11].

Борошниста роса проявляється у вигляді білого нальоту на різних частинах рослин та розвивається впродовж усього вегетаційного періоду, але найбільш інтенсивно в період куцїння-виходу в трубку. За даними японських учених у збудника борошнистої роси в природних умовах в одному локусі за добу відбувається до 10 000 мутацій. Це свідчить про високий потенціал патосистеми [12]. На початку ХХ століття було розпочато роботу з вивчення генетичної детермінації стійкості до борошнистої роси ячменю. Для позначення фактора, який контролює реакцію стійкості, американські вчені ввели символ *Ml* (mildew).

Окремі локуси та гени вказували літерою, а різні алелі одного гена – цифрами. Згодом масштабна робота проводилась ученими Японії, які позначали ідентифіковані гени символами *JMI* (Japanese mildew) [13, 14]. У Європі для позначення генів стійкості ячменю до збудника борошнистої роси використовували символ *Er* (*Erysiphe*) [14, 15]. Пізніше відомий учений J. G. Moseman запропонував змінити символ *Ml* на *Pm* (Powdery mildew), але такими символами вже користувались для визначення стійкості до збудника цієї хвороби у пшениці [16]. Уже в 1981 році у виданні «Barley genetics news letter» опубліковано новий символ для позначення стійкості до збудника борошнистої роси це *Reg* (Reaction to *Erysiphe graminis hordei*), потім вказується цифра, що визначає локус та буква, яка вказує на алель або мутацію в локусі. Останнім часом каталоги генетичних символів представлені

п'ятьма системами генів, а саме – *Reg, Ml, JmL, Pm, Er*, які є синонімами. На сучасному етапі частіше використовується символ *Reg*, а також вживається символ *Ml* [17, 18].

Таке захворювання як летюча сажка поширене повсюдно і проявляється в період колосіння. При цьому уражується колос, усі частини якого повністю руйнуються, за винятком стержня, і перетворюються на чорну порошисту масу теліоспор. Дослідження генетичної природи стійкості ячменю до збудника летючої сажки розпочаті з середини 30-х років у США і Канаді [13, 19]. Пізніше було присвоєно цим генам символи *Un (Ustilago nuda)*. У 1981 році американськими генетиками запропоновано нову символіку генів – *Run (Reaction to Ustilago nuda)* [20]. На сучасному етапі генетичного процесу зареєстровано 15 генів стійкості до збудника летючої сажки.

Щодо карликової іржі, то симптомами цієї хвороби є поява на листках у вигляді дрібних безладно розташованих світло-жовтих або світло-бурих плям. Наприкінці вегетації ячменю з нижнього боку листків у місцях ураження утворюються дрібні чорні пустули [21]. На теперішній час виявлено 16 генів стійкості до збудника карликової іржі [4]. Для позначення генів стійкості до цього збудника вченими світу було схвалено символіку індексом *Pa (Puccinia anomala)* [16]. У 1981 році були введені нові правила для позначення генів стійкості ячменю, на основі яких застосовують символи *Rph (Reaction to Puccinia hordei)* [22, 23, 24].

Ринхоспориоз зустрічається повсюдно, проявляється впродовж всього вегетаційного періоду, а максимального розвитку набуває у фазі молочної стиглості зерна. На листках з'являються сіро-зелені видовжені плями з темно-бурою облямівкою [25, 26]. Відомо 13 генів стійкості до збудника ринхоспориозу, що локалізовані в хромосомах 3, 6 і 7 (позначення гена *Rh*, новий символ *Rrs, Reaction to Rhynchosporium secalis*) [27, 28].

Для успішного розвитку селекції ячменю ярого, а також одержання достовірних результатів наукових досліджень важливе значення має формування генетичних колекцій, яке базується на вивченні широкого різноманіття зразків різного еколого-географічного походження та співставлення одержаних результатів за аналізом літературних джерел з генетичного контролю ознак. На теперішній час генетична колекція є важливою ланкою в селекційному процесі для створення стійких до патогенів конкурентоспроможних сортів, у якій зібрано інформацію про наявність ідентифікованих генів стійкості до збудників хвороб, а також ефективність прояву їх дії.

Мета і задачі дослідження. Метою досліджень було здійснення аналізу літературних джерел, оцінювання нового генофонду ячменю ярого, систематизація зразків, виділення еталонів та формування генетичної колекції за стійкістю до збудників хвороб, яка є цінним науковим надбанням для забезпечення інноваційних розробок вітчизняної селекції.

Матеріали та методи. Матеріалом для вивчення були колекційні зразки ячменю ярого. Зібрані зразки ячменю формували залежно від спектру генетичного різноманіття. Колекція представлена сортами як місцевого, так і зарубіжного походження, а також селекційними лініями.

Відбір зразків для генетичної колекції ячменю ярого за стійкістю до хвороб здійснювали на основі пошуку джерел у науковій літературі, аналізу одержаних результатів роботи з ідентифікації генів стійкості до патогенів вченими світу. Інформацію про зразок заносили до бази даних, де міститься інформація про нові зразки генофонду, що вперше залучаються до колекції з метою вивчення і подальшого вирішення питання про включення до Національного генбанку рослин України.

Посів здійснювали на полях наукової сівозміни дослідного поля інституту. Ґрунти представлено чорноземом потужним слабковилугуваним. Попередник ячменю ярого – горох. Агротехніка загальноприйнята для зони східної частини Лісостепу України. Оцінку зразків проводили за загальноприйнятими методиками [29, 30, 31, 32] та «Класификатором роду *Noordeum L.*» [33]. Сівбу проводили в ранні строки (березень-квітень). Схема сівби: рядковий посів з шириною міжрядь 15 см, без повторень на ручних і машинних посівах, площа ділянок 0,75 м² та 2,00 м². Блок стандартів розміщували через 20 номерів колекційних зразків. Еталонні зразки висівали за рівнями прояву ознак.

При вивченні зразків проводили наступні обліки та спостереження: фенологічні (встановлювали дату повного проявлення певної фази розвитку рослин на ділянці – 75 %: фіксували дату сівби, появу сходів, цвітіння, колосіння та дозрівання). Визначали також густоту сходів, інтенсивність росту, густота стеблестою, проводили визначання висоти рослин, стійкості зразків проти вилягання. Стійкість до хвороб зразків колекції оцінювали на природному фоні. Після збирання, обмолоту та очищення зразків проводили визначення врожайності за перерахунком маси зерна з ділянки, проводили аналіз структури врожаю, згідно якого обліковували кількість продуктивних стебел, кількість зерен і масу зерен з основного колосу, визначали масу 1000 зерен.

Зразкам присвоювали номер Національного каталогу, який є основним паспортним кодом зразка, що надається один раз і не змінюється. Необхідною умовою для присвоєння зразку номера Національного каталогу і внесення його до бази паспортних даних є наявність інформації про нього. Цей номер надається зразкам, які за результатами вивчення включаються до Національного генбанку і закріплюються на зберігання у колекції.

Наряду з генетичною базою даних зразків, де знаходяться дані про наявність генів у зразків, важливим етапом є формування баз родоводів, а саме інформація про родовід того чи іншого зразка, генеалогію зразка генофонду та методи його створення. Вона служить для визначення селекційної та генетичної цінності зразків, ефективних напрямів і шляхів їх використання, узагальнення інформації про методи селекції. Сформована генетична колекція включає базу родоводів з 297 зразків.

Завершальним етапом формування генетичної колекції було створення ознакової бази даних, де вказано результати польового вивчення зразків, а саме фенологічних спостережень, стійкості до хвороб, висоти рослин, густоти стеблестою, врожайності, аналізу елементів структури врожайності, а також біохімічного аналізу, вмісту білка та крохмалю та ін.

Обговорення результатів. Упродовж багатьох років залучали до НЦГРПУ зразки з різних країн світу. Більша кількість зразків в генетичній колекції походженням з Німеччини (DEU) – 77, Чехії (CZE) – 44; Великобританії (GBR) – 41, Нідерландів (NLD) – 31; Данії (DNK) – 27; Швеції (SWE) – 26, Франції (FRA) – 18; Словаччини (SVK) – 11, Австрії (AUT) – дев'ять. З решти країн надійшло менше зразків: США (USA) – сім, Канада (CAN) – сім, Росія (RUS) – три, Індія (IND) – два, Бельгія (BEL) – два та по одному зразку з Греції (GRC), Угорщини (HUN), Польщі (POL), Югославії (YUG), Уругваю (URY), Ірландії (IRL), Алжиру (DZA), Аргентини (ARG), Ефіопії (ETH), України (UKR). Колекція складається зі зразків, що відносяться до 11 різновидів як дворядного, так і багаторядного ячменю. Наявні також голозерні зразки. Найбільша кількість зразків (285) представлено різновидністю – *nutans* Schubl.; 11 зразків – *pallidum* Ser.; шість – *rikotense* Reg.; три зразки – *erectum* Rode.; по два різновиду – *deficiens* Steud., *medicum* Koern., *nudum* L.; по одному – *neogenes* Koern., *nigripallidum* Reg., *nigrinudum* Vav.

Невід'ємною складовою при формуванні генетичної колекції є виділення еталонних зразків. В основі його є диференціація за стабільним рівнем прояву господарських ознак, комплексною цінністю та адаптивністю до певних умов вирощування. Сформована генетична колекція ячменю ярого включає 114 еталонних зразків. Так, 20 зразків еталонів, в яких зібрано гени, що детермінують рівень стійкості до борошністої роси (*Ml/Reg*) різного рівня прояву від 3 балів сприйнятливості до 9 балів високої стійкості. Зразки *Sufranne*, *Femina*, *Pauline*, *Alexis*, *Flavina*, *Riso 5678*, *SalkaPajbjerg* упродовж трьох років проявляли високу стійкість (9 балів) до патогена (табл. 1).

Серед зразків з наявними блоками генів стійкості до збудника борошністої роси виділено *Nudinka*, *Ursa*, *Galina*, *Canova*, *RomiAbed*, *Multum*, що мали стабільно високий рівень стійкості (9 балів).

Зразки *Perun*, *Profit*, *Atribut*, в яких наявні гени стійкості до збудника карликової іржі (*Pa/Rph*), а також наявні блоки генів стійкості до борошністої роси, характеризувалися високою стійкістю на рівні 9 балів упродовж двох-трьох років вивчення. Всього в генетичній колекції представлено 35 зразків еталонів з генами стійкості до карликової іржі.

Ознакова характеристика джерел генетичної колекції ячменю ярого стійкістю до збудників хвороб, 2010–2014 рр.

Зразок	Країна походження	Різнovid	Ген стійкості	Висота рослин, см	Урожайність, г/м ²	Маса 1000 зерен, г	Стійкість, бал
до борошнистої роси							
Femina	DEU	<i>nutans</i>	<i>Ml-a13</i>	69	820	47,8	9
Sufranne	FRA	<i>nutans</i>	<i>Ml-g</i>	71	438	43,2	9
Pauline	NLD	<i>nutans</i>	<i>Ml-g7</i>	64	337	41,6	9
Alexis	DEU	<i>nutans</i>	<i>ml-o9</i>	65	358	42,3	9
Flavina	SWE	<i>nutans</i>	<i>Ml-s</i>	71	458	39,4	9
Riso 5678	DNK	<i>nutans</i>	<i>reg 6e</i>	64	312	41,2	9
SalkaPajbjerg	DNK	<i>nutans</i>	<i>Ml-(la)</i>	63	367	43,5	9
Nudinka	CZE	<i>neogenes</i>	<i>Ml-a12; Reg1t12</i>	71	478	38,1	9
Ursa	DEU	<i>nutans</i>	<i>Ml-a12; Ml-a7; Ml-k</i>	60	332	39,8	9
Galina	DEU	<i>nutans</i>	<i>Ml-a7; Ml-a4; Ml-k</i>	81	437	41,2	9
Canova	DEU	<i>nutans</i>	<i>Reg 1g7; Reg 4ac; Reg 2ac</i>	76	553	46,5	9
RomiAbed	DNK	<i>nutans</i>	<i>Ru 1 (Ml-a13)</i>	58	343	41,4	9
Multum	DEU	<i>nutans</i>	<i>Ml-(la); Ml-g, Ml-a; Reg 2ac</i>	78	531	43,7	9
до карликової іржі							
Perun	CZE	<i>nutans</i>	<i>Rph3; Ml-a13 (Ru)</i>	62	200	37,1	9
Profit	SVK	<i>nutans</i>	<i>Rph3; Ml-a6+Ml-(La), Ml-g</i>	55	160	33,5	9
Atribut	CSK	<i>nutans</i>	<i>Rph3, Rph12; Ml-o, Ml-a6, ml-o9</i>	55	400	44,9	9
до летючої сажки							
Суздаlec	RUS	<i>nutans</i>	<i>Run15</i>	49	213	32,5	9
Эльф	RUS	<i>nutans</i>	<i>Run8</i>	49	322	39,7	8
Emir	NLD	<i>nutans</i>	<i>Run3</i>	75	302	32,3	7
до ринхоспоріозу							
Trebi	USA	<i>pallidum</i>	<i>Rh4; Ml-g</i>	60	353	39,4	7
Koru	GBR	<i>nutans</i>	<i>Rh-1; Ml-g; Ml-(la)</i>	54	421	41,1	7
HIP ₀₅				2,56	0,39	1,15	0,18

Стійкість до збудника летючої сажки в результаті польової оцінки восьми еталонних зразків з генами стійкості (*Un* та *Run*) була в межах 5–9 балів, а зразок Суздаlec характеризувався високою стійкістю на рівні 9 балів упродовж трьох років вивчення; у зразка Эльф стійкість була на рівні 8 балів, у зразка Emir – 7 балів.

Стійкість зразків до збудника ринхоспоріозу була в межах від 6 до 9 балів. Еталонами стійкості до ринхоспоріозу на рівні 7 балів були зразки Trebi та Koru.

На основі оцінки зразків генетичної колекції за висотою рослин виявлено ряд низькорослих сортів з показниками 43–57 см, це наступні сорти: Annabell, Fink, Brenda, Camila, Steffi, Baronessa (DEU); Cooper, Fleet (GBR); Jubilant, Forum, Sladko, Ladik (SVK); Lumar (CSK); Amulet (CZE); Toskana (NLD). Висота у нового низькорослого еталона Heran становить менше 57 см. До групи високорослих відносяться чотири сорти з висотою рослин 92–98 см, це Ode (DEU); Wing, Ansgar, Tellus (SWE).

Маса 1000 зерен у зразків була на рівні 32,6–50,3 г, підвищений рівень ознаки виявлено у зразків MarisConcord (GBR) – 49,1 г, Harry (SWE) – 49,3 г, Medina (AUT) – 49,0 г, Delita (DEU) – 49,8 г, Quantum Plus (AUT) – 50,3 г (табл. 2).

**Джерела цінних господарських ознак генетичної колекції ячменю ярого,
2010-2014 рр.**

Зразок	Країна походження	Тривалість вегетативного періоду, діб	Висота рослин, см	Урожайність, г/м ²	Маса 1000 зерен, г	Стійкість, бал	
						борошниста роса	летюча сажка
MarisConcord	GBR	65	58	3,34	49,1	6	6
Harry	SWE	75	60	4,01	49,3	6	6
Medina	AUT	76	66	3,47	49,0	8	7
Delita	DEU	81	60	3,37	49,8	9	9
QuantumPlus	AUT	68	62	4,82	50,3	8	5
Regatta	GBR	72	69	7,80	47,5	8	7
Tennis	GBR	71	63	9,00	48,1	7	7
Keti	DNK	76	64	7,90	44,8	9	8
Jarek	CZE	80	67	8,15	44,3	7	7
Femina	DEU	77	69	8,20	47,8	9	9
HIP ₀₅		1,41	1,08	0,66	0,59	0,32	0,32

На основі польової оцінки зразків за урожайністю виявлено значне коливання від 84 г/м² до 900 г/м². З підвищеним рівнем урожайності були зразки: Regatta – 780 г/м², Tennis – 900 г/м² (GBR); Keti – 790 г/м² (DNK); Jarek – 815 г/м² (CZE); Femina – 820 г/м² (DEU).

На основі польового вивчення виявлено, що високу стійкість до збудника борошнистої роси впродовж багаторічних досліджень проявляли зразки, в яких наявні гени *Ml-a₃*; *Ml-g*; *Ml-a₁₃*; *Ml-a₁₂*(*RegIt₁₂*); *reg be*; *Ml-(la)*, *Ml-a₇*; *Ml-k*; *Reg 1g₇*; *Reg 4ac*; *Reg 2ac*.

У результаті вивчення зразків на стійкість до карликової іржі виявлено ефективні гени *Rph12*, *Rph3*, що детермінують стійкість на рівні 7-9 балів. До збудника летючої сажки ефективними в наших умовах виявились гени стійкості *Un2*; *Run3*; *Un-3*, *Un4*, *Un5*, *Un6*, *rh6*, *rh7*. Стійкість до ринхоспоріозу спостерігали у зразків з генами стійкості *Rh4*; *Rh-1*.

Висновки. Генетичне різноманіття сортів ячменю ярого за стійкістю можливо розширити різними способами, але найбільш ефективним на теперішній час є також вивчення вже наявної національної колекції ячменю ярого НЦГРРУ. За результатами багаторічних досліджень сформовано генетичну колекцію за стійкістю до хвороб, яка налічує 315 зразків, 86 груп генів за 113 рівнями прояву і в значній мірі може забезпечити потреби селекції зі створення сортів ячменю ярого за стійкістю до збудників борошнистої роси, карликової іржі, летючої сажки та ринхоспоріозу. Серед стійких до хвороб зразків виявлено джерела цінних господарських ознак, зокрема за масою 1000 зерен сорти: Maris Concord (GBR) – 49,1 г, Harry (SWE) – 49,3 г, Medina (AUT) – 49,0 г, Delita (DEU) – 49,8 г, Quantum Plus (AUT) – 50,3 г, за урожайністю – Regatta – 780 г/м², Tennis – 900 г/м² (GBR); Keti – 790 г/м² (DNK), Jarek – 815 г/м² (CZE), Femina – 820 г/м² (DEU). Використання зразків колекції з ідентифікованими генами дозволить підвищити та прискорити ефективність ведення селекції в умовах Лісостепу України.

Список використаних джерел

1. Євтушенко М. Д., Лісовий М. П., Пантелєєв В. К., Слісаренко О. М. Імунітет рослин. К.: Колобіг, 2004. 303 с.
2. Лісовий М. П. Стан та перспективи селекції на стійкість щодо збудників основних хвороб рослин в Україні // Вісник аграрної науки. 2000. №12. С. 70–72.

3. Гудзенко В. М. Джерела стійкості ячменю ярого до борошнистої роси // Генетичні ресурси рослин. 2010. № 8. С. 107–113.
4. Ковалева О. Н. Ячмень // Идентифицированный генофонд растений и селекция. Спб.: ВИР, 2005. 896 с.
5. Трофимовская А. Я. Ячмень. Л.: Колос, 1972. 296 с.
6. Руденко М. И., Соломатин Д. А., Макарова И. Ю., Пухальский В. А. Создание доноров с комплексной устойчивостью к грибным болезням у *Hordeum vulgare* L. // Всероссийский съезд по защите растений. Защита растений в условиях реформирования агропромышленного комплекса: экономика, эффективность, экологичность. 1995. С. 241.
7. Сабадин В. Я. Вихідний матеріал для селекції ярого ячменю на стійкість до грибних захворювань // Вісник українського товариства генетиків і селекціонерів. 2008. Т. 6, № 2. С. 287–294.
8. Кривченко В. И. Селекция растений на иммунитет // Вестник с.-х. науки. 1987. № 11. С. 20–27.
9. Flor H. N. Host-parasite interaction sin flax rust—its genetics and other implications // Phytopathology. 1947. № 45. P. 680–685.
10. Лісовий М. П. Генетика стійкості рослин до збудників хвороб: аспекти історичного розвитку та перспективи досліджень // Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть. Т. 2. К.: Логос, 2001. С. 263–279.
11. Robert L. Forster barley diseases / Idaho spring barley production guide Editors: Larry D. Robertson and Jeffrey C. Stark., University of Idaho, College of agricultural and life sciences. 2003. P. 36-43
12. Одинцова И. Г. Методы оценки общей и специфической устойчивости // Науч. Труды ВАСХНИЛ. Генетические основы устойчивости растений к болезням. Л.: Колос, 1977. С. 129-138.
13. Кривченко В. И., Одинцова И. Г. и др. Каталог мировой коллекции ВИР. Сорты зерновых культур с известными генами устойчивости к грибным болезням. 1988. Вып. 453. 78 с.
14. Wise R. P., Ellinboe A. H. Infection kinetics of *Erysiphe graminis* f. sp. hordei on barley with different alleles at the *Ml-a* locus. Phytopathology. 1983. V. 73. P. 1220–1222.
15. Bruckner F. The inheritance of resistance to powdery mildew (*Erysiphe graminis* DC. f. sp. *hordei* Marchal) in the Ethiopian barley Ab. 1128. Genet. Slechteni. 1977. V. 13. P. 9–12.
16. Mosemav J. G., Reid D. A. Linkage relationship of genes conditioning resistance to leaf rust and powdery mildew in Franger barley. Crop. Sci. 1961. V. 1. P. 425–427.
17. Wiberg A. Sources of resistance to powdery mildew in barley. Hereditas. 1974. V. 78. P. 1–40.
18. Giese H. Powdery mildew resistance genes in the *Ml-a* and *Ml-k* regions on barley chromosome 5. Hereditas. 1981. V. 95. P. 51–62.
19. Sogaard B., Wettstein-Knowles P. Barley: Genes and chromosomes. Carlsberg Res. Commun. 1987. V. 52. P. 123–196.
20. Barley A.F. Plant Breeding Institute Ann. Report. U.K., Cambridge, 1982.
21. Трибель С. О., Гетьман М. В., Стригун О. О. та ін. Методологія оцінювання стійкості сортів пшениці проти шкідників і збудників хвороб. К.: Колоб'іг, 2010. 392 с.
22. Roane G. W., Starling T. M. Inheritance of reaction to *Puccinia hordei* in barley. II. Genes symbols for loci in differential cultivars // Phytopathology. 1967. V. 57, № 1. P. 66–68.
23. Хохлова А. П. Гены устойчивости против карликовой ржавчины ячменя // Тр. По прикл. бот., ген. и сел. 1982. Т. 71, Вып. 3. С. 63–68.
24. Abbot D. C., Lagudan E. S. Identification of RFLPs flanking a scald resistance gene on barley chromosome // J. Hered. 1995. V. 86, № 2. P. 152–154.
25. Бублик Л. І., Васечко Г. І., Васильев В. П. та ін. Довідник із захисту рослин: за ред. М. П. Лісового. К.: Урожай, 1999. 744 с.
26. Прудникова О. Н. Лабораторный скрининг сортов ячменя по устойчивости к возбудителю ринхоспориоза // Защита и карантин растений. 2009. № 2. С. 49.

27. Коновалова Г. С., Соболева О. Н. Источники устойчивости ячменя из Юго-Восточной Азии к возбудителю ринхоспориоза (*Rhynchosporium secalis* (Oud.) // Микология и фитопатология. 2010. Т. 44, Вып. 3. С. 248–254.
28. Соболева О. Н. Генетическое разнообразие местных форм ячменя по устойчивости к ринхоспориозу: автореф. дис. ... канд. биолог. наук. СПб, 2011. 20 с.
29. Методы селекции и оценки устойчивости пшеницы и ячменя к болезням в странах-членах СЭВ. Прага, 1988. 321 с.
30. Методические указания по диагностике и методам полевой оценки устойчивости ячменя к возбудителям пятнистости листьев. Л.-Пушкин, 1987. 20 с.
31. Методические указания по изучению мировой коллекции ячменя и овса: под ред. В. Д. Кобылянского, А. Я. Трофимовской. Л., 1981. 31 с.
32. Доспехов Б. А. Методика полевого опыта. М.: Агропромиздат, 1985. 351 с.
33. Международный классификатор СЭВ рода *Hordeum* L. Л., 1983. 52 с.

References

1. Yevtushenko MD, Lisovyi MP, Pantelieyev VK, Slisarenko AM. Plants Immunity. Kyiv: Kolobig, 2004. 303p.
2. Lisovyi MP. Status and prospects of breeding for resistance to pathogens of main plant diseases in Ukraine. *Visnyk ahraryoi nauky*. 2000; 12: 70–72.
3. Gudzenko VM. Sources of spring barley resistance to powdery mildew. *Genetychni resursy roslyn*. 2010; 8: 107–113.
4. Kovaleva ON. Barley. Identified gene pool of plants and breeding. Sankt-Peterburg: VYR, 2005. 896 p.
5. Trofimovskaya AJ. Barley. Leningrad: Kolos, 1972. 296 p.
6. Rudenko MI, Solomatin DA, Makarova IYu, Pukhalskiy VA. The donor complex resistance to *Hordeum vulgare* L. fungal diseases creation. All-Russian Congress on Plant Protection. Plant protection under agribusiness reformation: economy, efficiency, environmental friendliness. 1995. 241 p.
7. Sabadyn VYa. Spring barley initial material for resistance to fungal diseases breeding. *Visnyk ukrayins'koho tovarystva henetykiv i seleksioneriv*. 2008; 6(2): 287–294.
8. Kryvchenkov VI. Plant breeding for immunity. *Vestnyk selskokhoziaystvennoy nauki*. 1987; 11: 20–27.
9. Flor HH. Host-parasite interactions in flax rust – its genetics and other implications. *Phytopathology*. 1947; 45: 680–685.
10. Lisovyi MP. Plant resistance genetics to pathogens: aspects of historical development and prospects of investigations. In: *Genetics and breeding in Ukraine at the turn of the millennium*. T. 2. Kyiv: Logos, 2001. P. 263–279.
11. Robert L. Forster barley diseases. Idaho spring barley production guide Editors. University of Idaho, College of agricultural and life sciences. 2003. P. 36–43.
12. Odintsova IG. Methods of common and specific resistance estimation. *Nauchye Trudy VASKhNYL. Genetic basis of plant resistance to diseases*. Leningrad: Kolos, 1977. P. 129–138.
13. Krivchenkov VI, Odintsova IG et al. Catalog of World VIR Collection. Grain crop varieties with resistance genes to known fungal diseases. 1988. Issue 453. 78 p.
14. Wise RP, Ellinboe AH. Infection kinetics of *Erysiphe graminis* f. sp. hordei on barley with different alleles at the *Ml-a* locus. *Phytopathology*. 1983; 73: 1220–1222.
15. Bruckner F. The inheritance of resistance to powdery mildew (*Erysiphe graminis* DC. f. sp. hordei Marchal) in the Ethiopian barley Ab. 1128. *Genet. Slechteni*. 1977; 13: 9–12.
16. Mosemav JG, Reid DA. Linkage relationship of genes conditioning resistance to leaf rust and powdery mildew in Franger barley. *Crop. Sci*. 1961; 1: 425–427.
17. Wiberg A. Sources of resistance to powdery mildew in barley. *Hereditas*. 1974; 78: 1–40.
18. Giese H. Powdery mildew resistance genes in the *Ml-a* and *Ml-k* regions on barley chromosome 5. *Hereditas*. 1981; 95: 51–62.

19. Sogaard B, Wettstein-Knowles P. Barley: Genes and chromosomes. Carlsberg Res. Commun. 1987; 52: 123–196.
20. Barley. Plant Breeding Institute Ann. Report., U.K., Cambridge, 1982.
21. Trybel SO, Getman MV, Strygun OO et al. Estimation methodology of wheat resistance against pests and pathogens. Kyiv, Kolobig, 2010. 392 p.
22. Roane GW, Starling TM. Inheritance of reaction to *Puccinia hordei* in barley. II. Genes symbols for loci in differential cultivars. Phytopathology. 1967; 57(1): 66–68.
23. Khokhlova AP. Gene resistance against barley dwarfness rust. Trudy po prikladnoy botanike, genetike i selektsii. 1982; 71(3): 63–68.
24. Abbot DC, Lagudan ES. Identification of RFLPs flank in gascald resistance gene on barley chromosome. J. Hered. 1995; 86(2): 152–154.
25. Bagel LI, Vasechko GI, Vasiliev VP et al. Reference plant protection. In: Lisovyi MP, editor. Kyiv: Urogay, 1999. 744 p.
26. Prudnikova AN. Laboratory screening of barley varieties by resistance to scald pathogene. Zashchita i karantin rasteniy. 2009;2: 49.
27. Soboleva ON. Barley resistance sources from South-Eastern Asia to agent of scald (*Rhynchosporium secalis* (Oud.)). Mykologiya i fitopatologiya. 2010; 44(3): 248–254.
28. Soboleva ON. Genetic diversity of local barley forms by resistance to scald. [autoabstract of dissertation]. Sankt-Peterburg, 2011 20 p.
29. Methods of breeding and evaluation of wheat and barley resistance to diseases in the CMEA member countries. Prague, 1988. 321 p.
30. Guidelines for the diagnosis and methods of field evaluation of barley resistance to leaf spot pathogens. Leningrad-Pushkin, 1987. 20 p.
31. Guidelines for the barley and oat world collection study. In: VD Kobylanskiy, AYа Trofimovskaya, editors. Leningrad, 1981. 31 p.
32. Dospekhov, VA. Method of field experience. Moscow: Agropromizdat, 1985. 351 p.
33. International CMEA Classifier of genus *Hordeum* L. Leningrad, 1983. 52 p.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ЯЧМЕНЯ ЯРОВОГО ПО УСТОЙЧИВОСТИ К БОЛЕЗНЯМ

Музафарова В. А., Петухова И. А., Рябчун В. К., Падалка Е. И.

Институт растениеводства им. В. Я. Юрьева, Национальный центр генетических ресурсов растений, Украина

В Национальном центре генетических ресурсов растений (НЦГРРУ) сформирована генетическая коллекция ячменя ярового с 315 образцов 25 стран мира с идентифицированными генами устойчивости к основным болезням, которая имеет практическую ценность для использования в селекции.

Целью исследований было проанализировать литературные источники, оценить новый генофонд ячменя ярового, систематизировать и выделить образцы, сформировать генетическую коллекцию по устойчивости к болезням.

Материал и методы. Материалом для изучения были коллекционные образцы ячменя ярового. Сформированная генетическая коллекция ячменя ярового включает 114 эталонных образцов.

Обсуждение результатов. В результате полевого изучения выявлено, что высокую устойчивость к мучнистой росе в течение многолетних исследований выявлено в образцов, в которых имеются гены *Ml-a3*; *Ml-g*; *Ml-a13*; *Ml-a12* (*Reg1t12*) *reg be*; *Ml- (la)*, *Ml-a7*; *Ml-k*; *Reg 1g7*; *Reg 4ac*; *Reg 2ac*. Устойчивость к карликовой ржавчине на уровне 7–9 баллов детерминировали гены *Rph12*, *Rph3*. К пыльной головни эффективные в наших условиях гены *Un2*; *Run3*; *Un-3*, *Un4*, *Un5*, *Un6*, *rh6*, *rh7*. Устойчивость к ринхоспориозу наблюдали у образцов с генами *Rh4*; *Rh-1*.

Выводы. По результатам многолетних исследований сформирована генетическая коллекция по устойчивости к болезням, которая насчитывает 315 образцов, 86 групп генов. за 113 уровнями проявления и в значительной мере может обеспечить потребности селекции по созданию устойчивых к мучнистой росе, карликовой ржавчине, пыльной головне и ринхоспориозу современных сортов ячменя ярового.

Среди образцов обнаружены также источники ценных признаков, в частности по массе 1000 зерен – Maris Concord (49,1 г), Harry (49,3 г), Medina (49,0 г), Delita (49,8 г), Quantum Plus (50,3 г), по урожайности – Regatta (780 г/м²), Tennis (900 г/м²), Keti (790 г/м²), Jarek (815 г/м²), Femina (820 г/м²). Использование образцов коллекции с идентифицированными генами позволит повысить и ускорить эффективность ведения селекции условиях Лесостепи Украины.

Ключевые слова: ячмень яровой, образец, ген, устойчивость к болезням, генетическая коллекция

GENETIC COLLECTION OF SPRING BARLEY BY DISEASE RESISTANCE

Muzafarova V. A., Petukhova I. A., Ryabchun V. K., Padalka Ye. I.

Plant Production Institute nd. a VYa Yuriev, National Centre for Plant Genetic Resources, Ukraine

The National Centre for Plant Genetic Resources (NCPGRU) formed a genetic collection of spring barley comprising 315 accessions from 25 countries with identified genes of resistance to major diseases, which is of practical value for breeding.

The aim and tasks of the study was to analyze literature, to estimate the new gene pool of spring barley, to systematize and select accessions, to form a genetic collection by resistance to disease.

Materials and methods. The study material was spring barley collection accessions. The genetic collection of spring barley includes 114 reference accessions.

Results and discussion. Multi-year field studies revealed highly resistance to powdery mildew in accessions carrying genes *Ml-a3*; *Ml-g*; *Ml-a13*; *Ml-a12 (Reg1t12) reg 6e*; *Ml- (la)*, *Ml-a7*; *Ml-k*; *Reg 1g7*; *Reg 4ac*; *Reg 2ac*. 7-9 point resistance to dwarf rust was determined by genes *Rph12* and *Rph3*. Genes *Un2*; *Run3*; *Un-3*, *Un4*, *Un5*, *Un6*, *rh6*, and *rh7* were effective against loose smut in our environment. Resistance to rhynchosporium leaf scald was observed in accessions with genes *Rh4*; *Rh-1*.

Conclusions. As a result of multi-year studies, the genetic collection by resistance to diseases, which comprises 315 accessions with 113 expression levels carrying 86 gene groups, was formed. It can substantially cover breeding needs for developing modern spring barley varieties that would be resistant to powdery mildew, dwarf rust, loose smut and rhynchosporium leaf scald.

Among accessions, we also found sources of valuable traits, in particular, of high 1000-grain weight (Maris Concord – 49.1 g; Harry – 49.3 g; Medina – 49.0 g; Delita – 49.8 g; and Quantum Plus - 50.3 g) and of high yield capacity (Regatta - 780 g/m²; Tennis - 900 g/m²; Keti - 790 g/m²; Jarek - 815 g/m²; and Femina - 820 g/m²). Use of collection accessions with identified genes will improve the breeding efficiency and accelerate breeding under the conditions of the Forest-Steppe of Ukraine.

Key words: spring barley, accession, gene, disease resistance, genetic collection