

УДК 575.11.113:854.78

А. Є. Солоденко, к.б.н., пров.н.сп.,

Ю. М. Сиволап, д.б.н., академік НААН

Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства

та сортовивчення НААН України, відділ геноміки і біотехнології

Овідіопольська дорога, 3, Одеса, 65036, Україна,

e-mail: angelika_solo@yahoo.com

МІКРОСАТЕЛІТНІ МАРКЕРИ ГЕНІВ СТІЙКОСТІ СОНЯШНИКА ДО НЕСПРАВЖНЬОЇ БОРОШНИСТОЇ РОСИ

Проведено генотипування 13 ліній-диференціаторів стійкості соняшника до несправжньої борошнистої роси за 34 мікросателітними локусами, локалізованими на 1, 8 та 13 групах зчеплення генетичної карти соняшника в межах 10 сМ від кластерів генів *Pl*. Проаналізована ефективність низки маркерів, запропонованих іншими дослідниками для ідентифікації генів *Pl6*, *Pl8*, *Pl13*, *Pl_{ARG}*. За локусами *ORS509*, *ORS610*, *ORS1182*, *ORS1039* визначені маркерні алелі гена *Pl_{ARG}*. Виявлені алелі, які можуть бути корисними в якості маркерів генетичного матеріалу певних ліній, які залучаються в селекційні схеми зі створення стійких форм соняшника.

Ключові слова: соняшник, стійкість, *Plasmopara helianthi*, гени *Pl*, мікросателітні маркери

Маркування генів є важливою задачею молекулярної генетики, вирішення якої дозволить подальший розвиток маркерної селекції (marker assisted selection, MAS) в процесі створення нових високопродуктивних, з певними ознаками якості генотипів соняшника. Однією з господарсько цінних ознак, наявність якої є необхідною умовою отримання високих урожаїв, є стійкість до патогенного гриба – несправжньої борошнистої роси соняшника (*Plasmopara helianthi* Novot.). Селекція соняшника на стійкість до захворювання (що має назву, яка аналогічна назві збудника) – несправжньої борошнистої роси (НБР) – є складною задачею у зв'язку з великою кількістю рас патогена та їх значною мінливістю. Стійкість до найагресивніших доміантних рас НБР контролюється низкою генів *Pl*, які згруповані в декілька кластерів: тісно зчеплені гени *Pl1*, *Pl2*, *Pl6*, *Pl7*, що картовані на 8 групі зчеплення генетичної карти соняшника [4]; кластер генів 13-ї групи зчеплення *Pl5/Pl8* [7]; гени *Pl13* та *Pl_{ARG}* локалізовані на 1 групі зчеплення [6, 8]. Ідентифіковано локуси кількісної стійкості, що пояснюють 42 % мінливості за даною ознакою. Сучасний підхід у створенні гібридів соняшника з надійною тривалою стійкістю – «пірамідування» в певному генотипі окремих *Pl* генів у поєднанні з кількісною не-расоспецифічною стійкістю [11]. Найефективніші гени *Pl* ідентифіковані та інтродуковані в культурний соняшник з дикорослих видів *Helianthus*: ген *Pl6* – з *Helianthus annuus*,

ген *Pl5* – з *H. tuberosus*, ген *Pl7* – з *H. praecox*, гени *Pl8* та *Pl_{ARG}* – з *H. argophyllus*. Необхідність пошуку та використання ДНК-маркерів генів *Pl* обумовлюється можливістю встановити наявність генетичних детермінант стійкості до різних рас патогена на будь-якій стадії розвитку рослини. На даний час ведуться інтенсивні дослідження з маркування локусів *Pl* [13]. Джерелом зручних, ефективних, поліалельних, стабільних і кодомінантних маркерів є мікросателітні послідовності ДНК. Наявність насиченої мікросателітними маркерами генетичної карти [12] дозволяє вести пошук поліморфних локусів, зчеплених з кластерами генів стійкості, для диференціації генотипів соняшника з різним сполученням алелів за генами *Pl*.

З метою створення системи ДНК-маркерів для добору генотипів соняшника з певним алельним складом генів *Pl* в роботі досліджували молекулярно-генетичний поліморфізм ліній-носіїв генів *Pl* та ліній, які не мають генів стійкості, за алелями мікросателітних локусів, локалізованих на 1, 8, 13 групах зчеплення генетичної карти соняшника.

Матеріали та методи досліджень

Як матеріал для досліджень використано 13 ліній-диференціаторів: НА-288, RHA-265, RHA-274, DM-2, PM-13, PM-17, 803-I, QHP-1, FT-226 (аналог QHP-1), НА-R4, НА-R5, НА-335, RHA-419, які входять до міжнародного стандарту для ідентифікації патотипів збудника НБР та оцінки стійкості соняшника до різних рас НБР (табл.); лінії селекції відділу олійних культур Селекційно-генетичного інституту – Національного центру насіннезнавства та сортовивчення (СГІ-НЦНС): нестійка лінія 108 А і лінія ОС 1029 В, яка демонструє стійкість до всіх розповсюджених в Україні рас НБР [1]. Матеріал для дослідження надано д.б.н. Бурловим В. В. (СГІ-НЦНС).

Таблиця

Характеристика ліній-диференціаторів згідно [9, 13]

Назва	Раси НБР, до яких забезпечена стійкість	Гени, які забезпечують стійкість
НА-288	нестійка	-
RHA-265	100	<i>Pl₁</i>
RHA-274	100, 300, 304, 310, 330, 334	<i>Pl₁, Pl₂</i>
DM-2	100, 300, 304, 700, 703	<i>Pl₂, Pl₃</i>
PM-13	100, 300, 700, 703	<i>Pl₂, Pl₃</i>
PM-17	100, 300, 304, 310, 700, 710, 703, 714	<i>Pl₃</i>
803-I	100, 300, 304, 330, 334, 700, 710, 714, 730, 733, 734	<i>Pl₈</i>
НА-R4	100, 300, 304, 330, 334, 700, 710, 714, 730, 734, 770	<i>Pl₂, Pl₁₃</i>
НА-R5	100, 300, 304, 330, 334, 700, 710, 714, 730, 734, 770	<i>Pl₂, Pl₁₃</i>
QHP-1	100, 300, 304, 330, 334, 700, 710, 714, 730, 734, 770	<i>Pl₈, Pl₁₃</i>
FT-226 (аналог QHP-1)	100, 300, 304, 330, 334, 700, 710, 714, 730, 734, 770	<i>Pl₈, Pl₁₃</i>
НА-335	100, 300, 330, 700, 710, 730, 733, 770	<i>Pl₁, Pl₂, Pl₆</i>
RHA-419	універсально стійка	<i>Pl_{ARG}</i>

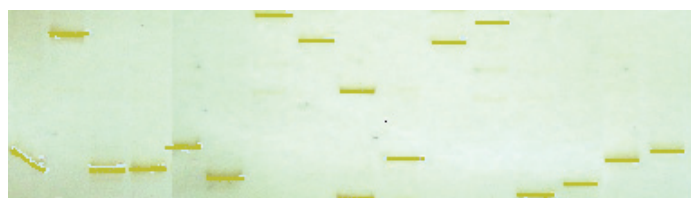
Виділення рослинної ДНК, полімеразну ланцюгову реакцію (ПЛР) із використанням праймерів, фланкуючих мікросателітні послідовності, електрофоретичне розподілення продуктів ампліфікації, документування результатів проводили згідно [2].

Результати досліджень та їх обговорення

Проведено генотипування 13 ліній-диференціаторів, наведених у таблиці, а також селекційних ліній 108 А та ОС 1029 В за 34 мікросателітними локусами, локалізованими на 1, 8 та 13 групах зчеплення генетичної карти соняшника на відстані не більш ніж 10 сМ від кластерів генів *Pl*. Локуси *ORS1043*, *ORS830*, *ORS37*, *ORS299*, *ORS328*, *ORS1152*, *ORS772*, *ORS166*, так саме як і кластер генів *P11/P12/P16/P17*, розташовані на 8 групі зчеплення мікросателітної карти генома соняшнику. Для дослідженої вибірки диференціаторів спостерігали відсутність поліморфізму за локусами *ORS1043*, *ORS166*, *ORS830*. Генетична відстань між вказаними мікросателітами та кластером генів знаходиться в межах 3,6 сМ [5], що дозволяло сподіватися на знаходження надійного генетичного маркера. Так, в роботі [3] маркерні алелі локусу *ORS166* сприяли ідентифікації та картуванню нового гена стійкості *P115* в межах кластеру *P11/P12/P16/P17*. Цей ген інтродуковано в селекційну лінію RNID із зразка, який було винайдено в популяції дикорослого соняшника в Аргентині. Для картування нового гена стійкості автори досліджували 180 мікросателітних локусів у рослин популяції F_2 , батьківськими формами для якої слугували нестійка до НБР лінія R720 та лінія RNID. Лише за мікросателітом *ORS166* у R720, RNID та зразків F_2 виявлено поліморфізм, який асоційовано із стійким фенотипом. Мікросателітні локуси *ORS1043*, *ORS166*, *ORS37* виявилися ефективними маркерами при аналізі успадковування в селекційних популяціях F_3 гена *Pl6*, джерелом якого слугувала інтрогресивна лінія HA-336 [5]. Ген *Pl6* винайдено у представників популяції дикорослого соняшника *Helianthus annuus* та в результаті кропіткої селекційної роботи інтродуковано в генотип низки ліній, серед яких HA-336 та HA-335 [8]. В нашому дослідженні лінія HA-335 за алелями *ORS1043* та *ORS166* не відрізнялась від інших. За локусом *ORS37* у лінії HA-288 (носії рецесивних алелів генів стійкості до НБР) виявлено алель розміром 190 п.н., у всіх інших диференціаторів та у нестійкої селекційної лінії 108 А – алель розміром 188 п.н. За такими даними неможливо робити припущення навіть щодо асоціації між відсутністю алеля 188 п.н. за локусом *ORS37* та відсутністю стійкості до НБР.

Незначна насиченість мікросателітними маркерами генетичної карти 8-ї групи зчеплення генома соняшника обумовила залучення в роботу з пошуку маркерів генів *P11*, *P12*, *P16* локусів *ORS299*, *ORS328*, *ORS1152*, *ORS772*, не зважаючи на досить значне їх віддалення від кластера генів стійкості (8,9–10 сМ). В результаті ПЛР-аналіза виявлено поліморфізм, який не пов'язано з присут-

ністю в генотипі ліній генів *Pl1*, *Pl2*, *Pl6*. Проте, деякі визначені алелі можуть бути корисними як маркери генетичного матеріалу лінії-носія гену стійкості, яка залучається в селекційні схеми отримання нових стійких до НБР ліній і гібридів соняшника. Так, наприклад, лінії НА-335, 803-І, НА-Р4, НА-Р5, QHP-1, RHA-419 виявилися поліморфними за локусом *ORS328* (рис. 1). Наші дослідження расового складу популяції НБР на півдні України свідчать про актуальність залучання в селекційний процес саме цих ліній як донорів генів, які забезпечують надійну стійкість [1]. Детекція певних алелів мікросателіта *ORS328* у зразків з популяцій, які отримані із використанням в якості батьківської форми лінії НА-335, дозволить ідентифікацію тих, що несуть генетичний матеріал, характерний саме для цієї лінії-носія гена *Pl6*.



1 2 3 4 5 6 7 8 M 9 10 11 12 13 14 15

Рис. 1. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК ліній-диференціаторів за мікросателітним локусом *ORS328*: 1-RHA-265, 2-RHA-274, 3-DM-2, 4-PM-13, 5-PM-17, 6-803-І, 7-НА-Р4, 8-НА-Р5, 9-QHP-1, 10-НА-335, 11-RHA-419, 12-FT-226, 13-НА-228, 14-108 А, 15-OC 1029 В. М – маркер молекулярної маси ДНК *pUC19/MspI* (фрагменти 190 п.н., 242 п.н.).

Для ідентифікації маркерів генів стійкості *Pl5* та *Pl8*, досліджували мікросателітні локуси *ORS316*, *ORS446*, *ORS503*, *ORS630*, *ORS781*, *ORS995*, *ORS464*, *ORS1030*, *ORS581*, *ORS511*, *ORS536*, *ORS849*, *ORS1056*, *ORS1179*.

Тридцять п'ять мікросателітних локусів були залучені до пошуку маркерів гена *Pl8* у нащадків лінії RHA-340 [10], з них тільки *ORS316* виявився поліморфним і корисним. В нашому дослідженні лінії-носії *Pl8* 803-І та QHP-1 не відрізнялись за алелями цього локусу від інших генотипів. ПЛР-аналіз локуса *ORS464* дозволив визначити два алеля, один з яких – у лінії RHA-274 (носії генів *Pl1* та *Pl2*), другий алель – у всіх інших зразків. За локусом *ORS503* у ліній-носіїв генів стійкості *Pl5* та *Pl8* PM-17, DM-2, PM-13 та 803-І виявлено алель, що відрізняє їх від всіх інших досліджених ліній за виключенням НА-288 і 108 А. Враховуючи, що НА-288 і 108 А є нестійкими до НБР лініями, в генотипах яких відсутні будь-які гени *Pl*, поліморфні алелі локуса *ORS503* не можливо використовувати як маркери. Молекулярно-генетичний поліморфізм, виявлений у досліджених ліній за локусами *ORS995* та *ORS630*, не можливо пов'язати з наявністю генів *Pl5* та *Pl8*. Характерний для лінії QHP-1 алель розміром 410 п.н. локуса *ORS781* (позначено стрілкою на рис. 2) може бути корисним при

маркерному доборі рекомбінантів, враховуючи активне використання цієї лінії як донора гена *Pl8*.

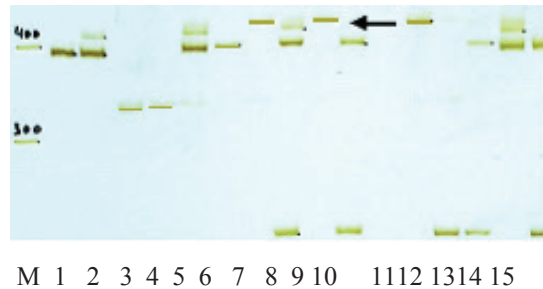


Рис. 2. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК ліній-диференціаторів за мікросателітним локусом *ORS781*: 1-*RHA-265*, 2-*RHA-274*, 3-*DM-2*, 4-*PM-13*, 5-*PM-17*, 6-*803-I*, 7-*HA-R4*, 8-*HA-R5*, 9-*QHP-1*, 10-*HA-335*, 11-*RHA-419*, 12-*FT-226*, 13-*HA-228*, 14-*108 A*, 15-*OC 1029 B*. *M* – маркер молекулярної маси *Ladder 100* (фрагменти 300 п.н. та 400 п.н. позначені зліва від електрофореграми).

Локуси *ORS446*, *ORS1030*, *ORS581* – виявилися неполіморфними, а ПЛР-аналіз мікросателітів *ORS511*, *ORS536*, *ORS849*, *ORS1056*, *ORS1179* не дозволив отримати якісні та відтворювані спектри ампліфікації.

12 мікросателітів 1-ї групи зчеплення генетичної карти соняшника досліджені нами з метою ідентифікації маркерів генів *Pl_{ARG}* і *Pl13*. Ген *Pl_{ARG}* надає універсальної стійкості проти всіх відомих на даний час рас НБР. Даний ген інтродуковано в геном культурного соняшника з дикорослого виду *Helianthus argophyllus*. *RHA-419* є однією з ліній-носіїв гену стійкості *Pl_{ARG}*. Дослідження ліній-диференціаторів дозволило визначити маркерні алелі за локусами *ORS509*, *ORS610*, *ORS1182*, *ORS605*, *ORS675*, *ORS1039*, які дозволяють відрізнити лінію *RHA-419* від усіх інших генотипів. Так, за мікросателітом *ORS509*, розташованим на генетичній відстані 0,1 сМ від *Pl_{ARG}* [6], на дослідженому матеріалі визначено чотири алелі, з яких алель розміром 215 п.н. є характерним лише для *RHA-419*.

Маркерний алель розміром 131 п.н. мікросателітного локуса *ORS610* чітко ідентифікує *RHA-419* серед інших досліджених ліній (рис. 3).

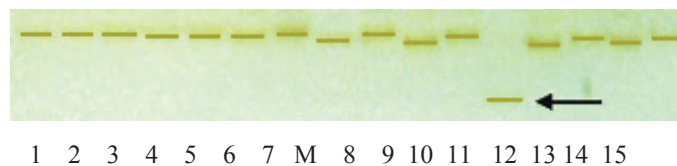


Рис. 3. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК ліній-диференціаторів за мікросателітним локусом *ORS610*: 1-*RHA-265*, 2-*RHA-274*, 3-*DM-2*, 4-*PM-13*, 5-*PM-17*, 6-*803-I*, 7-*HA-R4*, 8-*HA-R5*, 9-*QHP-1*, 10-*HA-335*, 11-*RHA-419*, 12-*FT-226*, 13-*HA-228*, 14-*108 A*, 15-*OC 1029 B*. *M* – маркер молекулярної маси ДНК *pUC19/MspI* (фрагмент 147 п.н.).

Потенційні маркери гену Pl_{ARG} : алель 160 п.н. локуса $ORS1182$ (рис. 4), алель 195 п.н. локуса $ORS605$, алель 323 п.н. локуса $ORS675$, алель 187 п.н. локуса $ORS1039$. При дослідженні мікросателітів $ORS605$ і $ORS675$ отримали багатосмугові спектри ампліфікації, тому вважаємо ці локуси не досить зручними для використання в роботах з диференціації генотипів.

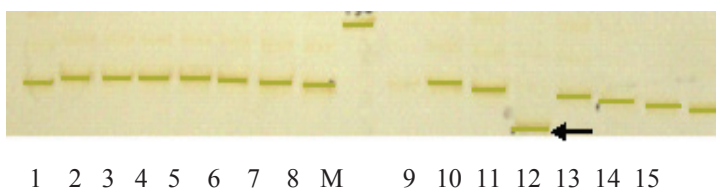


Рис. 4. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК ліній-диференціаторів за мікросателітним локусом $ORS1182$: 1- $RHA-265$, 2- $RHA-274$, 3- $DM-2$, 4- $PM-13$, 5- $PM-17$, 6- $803-I$, 7- $HA-R4$, 8- $HA-R5$, 9- $QHP-1$, 10- $HA-335$, 11- $RHA-419$, 12- $FT-226$, 13- $HA-228$, 14- $108 A$, 15- $OC 1029 B$. М – маркер молекулярної маси ДНК $pUC19/MspI$ (фрагмент 190 п.н.).

При картуванні гену Pl_{ARG} показано його щільне зчеплення з мікросателітами $ORS662$, $ORS716$, $ORS509$, $ORS1128$, $ORS543$ [6]. Картування проводили з використанням популяцій, що розщеплюються, в яких батьківською формою-носієм гена стійкості була інтрогресивна лінія ARG1575-2. Досліджена в роботі лінія RHA-419 має походження від ARG1575-2. Низка маркерів Pl_{ARG} характерних для генотипа ARG1575-2, втратили свою ефективність для RHA-419. За алелями $ORS662$, $ORS716$, $ORS1128$, $ORS543$ лінія RHA-419 не відрізняється від інших.

На генетичній відстані 15,6 сМ від гену Pl_{ARG} картован ген стійкості $PI13$, який фланковано мікросателітами $ORS1008$ та $ORS965-1$ [8]. Носіями гену $PI13$ є лінії HA-R4, HA-R5, які походять з аргентинських сортів, та створена у Франції лінія QHP-1. В нашому дослідженні в локусі $ORS1008$ визначені три алеля: 330 п.н., 297 п.н. та 295 п.н. Для ліній PM-17 та QHP-1 характерні два алеля: 330 п.н. і 297 п.н. У лінії HA-R4 виявлено лише алель 297 п.н. (позначено стрілкою на рис. 5).

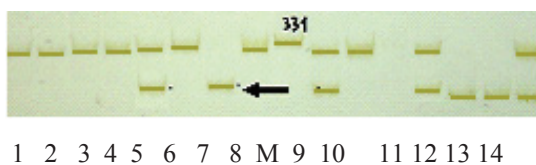


Рис. 5. Електрофореграма продуктів ампліфікації ДНК ліній-диференціаторів за мікросателітним локусом $ORS1008$: 1- $RHA-265$, 2- $RHA-274$, 3- $DM-2$, 4- $PM-13$, 5- $PM-17$, 6- $803-I$, 7- $HA-R4$, 8- $HA-R5$, 9- $QHP-1$, 10- $HA-335$, 11- $RHA-419$, 12- $HA-228$, 13- $108 A$, 14- $OC 1029 B$. М – маркер молекулярної маси ДНК $pUC19/MspI$ (фрагмент 331 п.н.).

Лінія HA-R5 відрізняється від HA-R4 та QHP-1 відсутністю алеля 297 п.н. Алель 295 п.н. представлено лише у нестійких до НБР ліній HA-228 та 108-A. В локусі *ORS965-1* визначено два алеля. Алель 300 п.н. виявлено у HA-R4 і QHP-1, алель 310 п.н. – у всіх інших досліджених ліній. При залучанні ліній HA-R4 і QHP-1 в селекційні схеми створення стійких форм соняшника, характерні для них алелі локусів *ORS1008* та *ORS965-1* можуть слугувати маркерами при ідентифікації зразків, для яких є характерним генетичний матеріал ліній-донорів гена стійкості *Pl13*.

На теперешній час в популяції *Plasmopara helianthi*, яка розповсюджена на півдні України, присутня 730 раса. Це одна з найбільш агресивних рас, стійкість до якої надають гени *Pl6*, *Pl7*, *Pl8*, *Pl13* і *Pl_{ARG}*. Відома низка ліній-донорів ефективних генів *Pl*: HA-335 і HA-336 (*Pl6*); HA-337, HA-338, HA-339 (*Pl7*); RHA-340, 803-1, QHP-1 (*Pl8*); HA-R4 і HA-R5 (*Pl13*); ARG1575-2, RHA-419, RHA-420, RHA-443, 79ARGMTP (*Pl_{ARG}*). Вказані лінії отримані шляхом добору з південноамериканських популяцій дикорослого звичайного соняшника *H. annuus* або у результаті інтрогресивної гібридизації культурного соняшника з іншими видами *Helianthus* і на даний час використовуються селекціонерами різних країн для створення стійких ліній і гібридів, адаптованих для вирощування в певних регіонах. Ідентифіковані маркери певних генів *Pl*, а також алелі, характерні для генотипів конкретних ліній-донорів стійкості, дозволять шляхом маркерної селекції прискорити цільовий добір зразків в процесі створення нових ліній і гібридів соняшника.

Висновки

Досліджено мікросателітні локуси, картовані на групах зчеплення, що містять кластери генів стійкості до несправжньої борошнистої роси, у ліній, які використовуються в СГІ-НЦНС для створення нових стійких форм соняшника. Показано можливість ідентифікації лінії RHA-419 – носія гена універсальної стійкості *Pl_{ARG}* за маркерними алелями локусів *ORS509*, *ORS610*, *ORS1182*, *ORS1039*. Виявлені алелі, характерні для генотипів ліній-донорів певних генів *Pl*: HA-335 (*Pl6*), QHP-1 (*Pl8*), HA-R4 і QHP-1 (*Pl13*) за локусами *ORS328*, *ORS781*, *ORS1008* і *ORS965-1*, відповідно. Запропоновано використання маркерних алелів для ідентифікації зразків, які несуть донорний генетичний матеріал, з гібридних популяцій та беккросів.

Список використаної літератури

1. *Визначення расового складу несправжньої борошнистої роси та стійкості ліній соняшнику* / А. Є. Солоденко, Б. Ф. Вареник, О. Є. Александрова [та ін.] // Збірник наукових праць СГІ-НЦНС. – 2013. – Вип. 22 (62). – С. 57–65.
2. *Маркирование гена устойчивости к заразихе Or 3 у подсолнечника* / А. Е. Солоденко, А. В. Саналатий, В. В. Толмачев [и др.] // Цитология и генетика. – 2005. – Т. 39. – № 5. – С. 9–12.

3. *A new gene for resistance to downy mildew in sunflower* / A. de Romano, C. Romano, M. Bulos [et al.] // Sunflower Breeding on Resistance to Diseases: International Symposium, 10–14 oct. 2010. – Krasnodar, 2010. – P. 142–147.
4. *Candidate disease resistance genes in sunflower cloned using conserved NBS motifs: Genetic mapping and linkage to the downy mildew resistance gene Pl1* / M. Gegil, M. Slabaugh, S. Berry [et al.] // Genome. – 2001. – 44 (2). – P. 205–212.
5. *Development of co-dominant amplified polymorphic sequence markers for resistance of sunflower to downy mildew race 730* / D. Pancovic, N. Radovanovic, S. Jovic [et al.] // Plant Breeding. – 2007. – 126. – P. 440–444.
6. *Fine mapping of the sunflower resistance locus Pl_{ARG} introduced from the wild species *Helianthus argophyllus** / S. Wieckhorst, E. Bachlava, C. Duble [et al.] // Theor. Appl. Genet. – 2010. – V. 121. – P. 1633–1644.
7. *Identification of non-TIR-NBS-LRR markers linked to Pl5/Pl8 locus for resistance to the downy mildew in sunflower* / O. Radwan, M. Bouzidi, F. Vear [et al.] // Theor. Appl. Genet. – 2003. – V. 106. – P. 1438–1446.
8. *Inheritance and molecular mapping of a downy mildew resistance gene, Pl13 in cultivated sunflower (*Helianthus annuus* L.)* / S. Mulpuri, Z. Liu, J. Feng [et al.] // Theor. Appl. Genet. – 2009. – V. 119. – P. 795–803.
9. *Labrouhe D. Les methods d'analyse du mildiou* / D. Labrouhe, E. Pilorge, P. Nicolas, F. Vear // Le mildiou du tournesol, CETIOM-INRA, Versailles, France, 2000. – P. 53–66.
10. *Mapping a rust resistance gene and the downy mildew Pl8 gene in sunflower* / G. Abratti, M. Bazzalo, M. Grondona [et al.] // Proc. 16th International Sunflower Conference, 11–12 jan. 2004, Fargo, North Dakota, USA. – P. 615–622.
11. *The genetics of resistance to five races of downy mildew (*Plasmopara halstedii*) in sunflower (*Helianthus annuus* L.)* / F. Vear, L. Gentzbittel, J. Philippon [et al.] // Theor. Appl. Genet. – 2008. – V. 95. – P. 584–589.
12. *Towards a Saturated Molecular Genetic Linkage Map for Cultivated Sunflower [Journal]* / J.-K. Yu., S. Tang., M. Slabaugh [et al.] // Crop Science. – 2003. – V. 43. – P. 367–387.
13. *Towards sustainable downy mildew resistance in sunflower* / S. Jovic, D. Miladinovic, I. Imerovski [et al.] // Helia. – 2012. – 35, N 56. – P. 61–72.

Стаття надійшла до редакції 04.04.2014

А. Е. Солоденко, Ю. М. Сиволап

Селекционно-генетический институт – Национальный центр семеноведения и сортоизучения НААН Украины
Овидиопольская дор., 3, Одесса, 65036, Украина

МИКРОСАТЕЛЛИТНЫЕ МАРКЕРЫ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ ПОДСОЛНЕЧНИКА К ЛОЖНОЙ МУЧНИСТОЙ РОСЕ

Резюме

Проведено генотипирование 13 линий-дифференциаторов устойчивости подсолнечника к ложной мучнистой росе по 34 микросателлитным локусам, локализованным на 1, 8 та 13 группах сцепления генетической карты подсолнечника в границах 10 сМ от кластеров генов *Pl*. Проанализирована эффективность ряда маркеров, предложенных ранее для идентификации генов *Pl6*, *Pl8*, *Pl13*, *Pl_{ARG}*. В локусах *ORS509*, *ORS610*, *ORS1182*, *ORS1039* выявлены маркерные аллели гена *Pl_{ARG}*, а также аллели, которые могут быть полезными в качестве маркеров генетического материала определенных линий, привлекаемых в селекционные схемы создания устойчивых форм подсолнечника.

Ключевые слова: подсолнечник, устойчивость, *Plasmopara helianthi*, гены *Pl*, микросателлитные маркеры.

A. Solodenko, Yu. Sivolap

Plant Breeding and Genetic Institute NAAS of Ukraine
3, Ovidiopolskaya str., Odesa, 65036, Ukraine

SSR-MARKERS OF GENES FOR RESISTANCE TO DOWNY MILDEW IN SUNFLOWER

Summary

13 sunflower tester lines for resistance to downy mildew were genotyped with 34 SSR markers corresponding to linkage groups 1, 8 and 13 and covering a genetic distance of 10 cM to the clusters of *Pl* genes. Validity of some markers proposed to identification of *Pl6*, *Pl8*, *Pl13*, *Pl_{ARG}* were investigated. Alleles of *ORS509*, *ORS610*, *ORS1182*, *ORS1039* were discovered as markers to *Pl_{ARG}*. Alleles identified as specific to definite lines may be useful for facilitating of marker-assisted selection program aimed at creation of downy mildew resistant sunflower varieties.

Key words: sunflower, resistance, *Plasmopara helianthi*, *Pl* genes, microsatellite markers