

УДК 631.527:633.11:632

Ковалишина Г. М., доктор с.-г. наук, професор кафедри генетики, селекції і насінництва ім. проф. М.О. Зеленського
Національний університет біоресурсів і природокористування України
e-mail: hkovalyshyna@gmail.com

ГЕНЕТИЧНІ РЕСУРСИ ПШЕНИЦІ ДЛЯ СЕЛЕКЦІЇ НА СТІЙКОСТЬ ПРОТИ ХВОРОБ

Останнім часом виникла необхідність цілеспрямованого пошуку серед світового різноманіття рослин таких форм, які б володіли найбільшою селекційною цінністю, а також створення їх експериментальним шляхом. Тому однією із найважливіших умов для включення кращих зразків до числа донорів є наявність інформації про їхню генетичну природу.

На основі багаторічних досліджень, проведених у відділі захисту рослин Миронівського інституту пшеници, нам вдалося встановити, що велику цінність для селекції становлять гени Bt9, Bt10 і Bt11, які характеризуються високою стійкістю проти місцевої популяції твердої сажки, але унаслідок пізньостигlosti сортів, що містять ці гени, використання їх у селекційній роботі обмежене. Лінії з генами Bt12, Bt13 і Bt14 деякою мірою уражуються збудником, але вони широко застосовуються до схрещувань у селекційних програмах МІП. Лінії з ефективними генами стійкості Bt15, Bt16, Bt17, Bt18, Bt19, Bt20 і Bt21 проявляють високу стійкість проти місцевої популяції збудника і використовуються в програмах схрещувань. Ген стійкості BtZ, присутній у сорту Заря, вважають

одним із кращих донорів стійкості проти твердої сажки як в Україні, так і в інших країнах світу.

Стійкість пшеници проти збудника борошнистої роси контролюється генами Pm1 – Pm30, Mld, MIGa, MIRE, Pm Tmb та 15 з тимчасовими символами. Встановлено, що найбільш ефективними серед них є самостійно діючі гени Pm 4a і Pm 4b, а також Pm2 + Pm6 та комплекс генів: Pm 1 + Pm2 + Pm 4b +Pm9; Pm1+ Pm2+ Pm4b +Pm6 +Pm9; Pm1+Pm9+ Mld +Pm3d.

На сьогодні у міжнародному каталогі генних символів пшеници зареєстровано понад 90-Lr генів стійкості проти бурої іржі. Нами встановлено, що високу ефективність проти збудника забезпечують гени Lr9, Lr19, Lr37 та поєднання генів Lr42+Lr24, Lr21+ Lr 39+Lr24, Lr9+Lr26, Lr10+Lr24. Втрачають стійкість сорти, захищені геном Lr24. Відмічено незначне ураження збудником сортів-носіїв гену Lr19.

Таким чином, нами виявлені донори з ефективними генами стійкості проти збудників твердої сажки, борошнистої роси і бурої іржі, які рекомендуємо використовувати у селекції пшеници озимої.

УДК 631.527:633.15

**Коваль В. І.,
Бойко В. Ю., магістр,
Макарчук О. С., канд. с.-г. наук, доцент кафедри генетики, селекції і насінництва ім. М. О. Зеленського
Національний університет біоресурсів і природокористування України
e-mail: mcar2010@ukr.net**

КРИТЕРІЙ ВИЗНАЧЕННЯ КОМБІНАЦІЙНОЇ ЗДАТНОСТІ

Селекція гетерозисних гібридів кукурудзи базується на використанні самозапилених ліній різних зародкових плазм. Ефективність селекційного процесу залежить від наявності самозапилених ліній, що характеризуються комплексом господарсько-цінних ознак та проявом комбінаційної здатності в конкретних екологічних умовах.

Оцінка вихідного матеріалу на комбінаційну здатність завдяки правильному підбору тестерів досить точно прогнозує цілеспрямованість його використання. Метод тестерних схрещувань є найбільш поширеним і передбачає схрещування досліджуваних форм із загальним тестером, при цьому точність оцінки підвищується із збільшенням кількості аналізаторів. При його використанні є можливість отримання одразу

всіх відомих типів гібридів. У зв'язку з тим, що КЗ є з однієї сторони - функцією складної взаємодії генотипу, що вивчається і генотипу аналізатора, а з іншої – взаємодії їх з умовами навколошнього середовища. Об'єктивність оцінки форм, що вивчаються в значній мірі визначається як вибраним для цієї цілі аналізатором, так і ґрунтово-кліматичними умовами експеримента. Точність оцінки КЗ методом топクロсу в значній мірі залежить від правильного вибора тестера. Кращим тестером є той, що дозволяє отримати з достатньою точністю і швидкістю максимальну кількість інформації. Відносно принципів добору тестерів для оцінки КЗ в системі топクロсів не існує єдиної думки: тестер повинен бути з широкою або вузькою генетичною основою, з високою або низькою ЗКЗ, впродовж