

Скрининг сортов и гибридов картофеля отечественной селекции с использованием молекулярных маркеров генов *RB/Rpi-blb1/Rpi-sto1*

Н.С. Клименко¹, О.Ю. Антонова¹, З.З. Евдокимова², Л.И. Костина¹, Т.А. Гавриленко^{1*}

¹ ФИЦ Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

² Ленинградский НИИСХ «Белогорка», Гатчинский район, Ленинградская область, Россия

* e-mail: tajana9972@yandex.ru

Оомицет *Phytophthora infestans* продолжает оставаться одним из наиболее вредоносных патогенов картофеля, несмотря на то что селекция на устойчивость к фитофторозу ведется уже около 100 лет. Наиболее часто в селекционный процесс в качестве источников генов устойчивости к фитофторозу вовлекались дикие виды картофеля, произрастающие в Мексике – центре генетического разнообразия *P. infestans*. Так, с использованием традиционных методов межвидовой гибридизации в сорта картофеля были перенесены *R* гены расоспецифичной (вертикальной) устойчивости к фитофторозу от дикого мексиканского вида *Solanum demissum*, однако данный тип устойчивости быстро преодолевался патогеном. В последнее десятилетие в зарубежных селекционных программах с использованием методов «bridging species», клеточной инженерии и цис-генетики в генофонд культурного картофеля были интродуцированы гены устойчивости к возбудителю фитофтороза (*Rpi*), контролирующие устойчивость к широкому спектру рас патогена, от диких мексиканских видов *S. bulbocastanum* и *S. stoloniferum*.

В данной работе проведен молекулярный скрининг (MAS) 183 сортов и селекционных клонов отечественной селекции с использованием внутригенных маркеров гена *RB/Rpi-blb1/Rpi-sto1*, контролирующего устойчивость к широкому спектру рас *P. infestans*. Диагностические фрагменты маркеров были детектированы у трех сортов и трех селекционных клонов селекции Ленинградского НИИСХ «Белогорка», имеющих общее происхождение, созданных на основе межвидовых гибридов, полученных с участием *S. stoloniferum*. Последовательности ПЦР-продуктов, полученных при амплификации с ген-специфичными праймерами *Rpi-sto1* и *BLB1 F/R*, у всех отобранных в MAS генотипов были идентичны и имели соответственно 99 и 100 % гомологии с соответствующими фрагментами референсных последовательностей генов *Rpi-sto1* и *Rpi-blb1* из GenBank.

Помимо маркеров гена *RB/Rpi-blb1/Rpi-sto1*, у ряда образцов выявлены и другие маркеры, детектирующие генетический материал *S. stoloniferum*, – маркеры генов *Ry_{sto}*, *Ry_{f_{sto}}*, а также стерильный тип мтДНК *gamma*.

Благодарности: Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФ № 16-16-04125.