

OECD+WoS: 1.06+RQ

[http://doi.org/10.31993/2308-6459-2019-2\(100\)-28-33](http://doi.org/10.31993/2308-6459-2019-2(100)-28-33)*Полнотекстовая статья*

## МОНИТОРИНГ ВИРУЛЕНТНОСТИ И ФЕНОТИПИЧЕСКОГО СОСТАВА ПОПУЛЯЦИИ *PUSCINIA TRITICINA* НА ЮЖНОМ УРАЛЕ В 2018 ГОДУ

**Е.И. Гультаева<sup>1\*</sup>, Е.Р. Шрейдер<sup>2</sup>, Е.Л. Шайдаюк<sup>1</sup>, Н.П. Бондаренко<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург

<sup>2</sup>Челябинский научно-исследовательский институт сельского хозяйства,  
Челябинская обл., Чебаркульский район, п. Тимирязевский

\*ответственный за переписку, e-mail: eigulyaeva@gmail.com

В 2018 г. продолжен многолетний мониторинг вирулентности *Puccinia triticina* на мягкой пшенице в условиях Южного Урала, проводимый нами с 2014 г. Впервые популяционные исследования дополнены использованием инфекционного материала, собранного на твердой пшенице. Всего изучено по 60 изолятов с каждого вида-хозяина. Все изоляты с твердой и мягкой пшеницы были авирулентными к линиям с генами *Lr19*, *Lr16*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr44* и вирулентными к *Lr1*, *Lr3a*, *Lr3bg*, *Lr3ka*, *Lr14a*, *Lr14b*, *Lr17*, *Lr18*. Основные изменения челябинской популяции на мягкой пшенице, как и в предыдущие годы, затрагивали частоты вирулентности к *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr20* и *Lr26*. Среднее число аллелей вирулентности по отношению к 20 линиям-дифференциаторам в 2018 г. составило 13.5 и было самым низким за период 2014–2018 гг. Изученные изоляты с мягкой пшеницы были представлены семью фенотипами вирулентности. Согласно индексам генетических различий Нея (Nei D), Роджерса (R) и Fst челябинская популяция в 2018 г. характеризовалась умеренными различиями с 2017–2016 гг., и более высокими с 2014–2015 гг. Анализ инфекционного материала, собранного на твердой пшенице, выявил существенные различия в вирулентности патогена, по сравнению с мягкой пшеницей. Все изоляты с твердой пшеницы характеризовались меньшим числом аллелей вирулентности (10.5) и были авирулентны к линиям с генами *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr15*. Субпопуляция *P. triticina* с твердой пшеницы имела более низкий полиморфизм

по вирулентности (TcLr20, TcLr26) и фенотипическому составу (три фенотипа), по сравнению с субпопуляцией на мягкой пшенице. В полевых условиях на фоне умеренного развития бурой ржавчины высокой степенью устойчивости характеризовались линии TcLr24, TcLr25, TcLr28, TcLr29, TcLr32, TcLr37 (пораженность 0%).

**Ключевые слова:** бурая ржавчина, *Triticum aestivum*, *Triticum durum*, структура популяций, Lr-гены

Поступила в редакцию: 31.01.2019

Принята к печати: 30.05.2019

Яровая мягкая пшеница (*Triticum aestivum*) на Южном Урале является ведущей зерновой культурой, занимающей до 840 тыс. га (45 % в структуре посевных площадей области). Наряду с мягкой пшеницей в регионе выращивается яровая твердая пшеница. В 2018 г. площади, занятые под твердой пшеницей, составляли 120.5 тыс. га. Производство зерна на Южном Урале является неустойчивым, что обусловлено абиотическими и биотическими стрессами. Из абиотических стрессов в регионе преобладает засуха, а из биотических – сильное ежегодное поражение пшеницы бурой ржавчиной (возбудитель *Puccinia triticina* Erikss.), вредоносность которой может достигать 37% (Тюнин, Шрейдер, 2010).

Возбудитель бурой ржавчины пшеницы характеризуется высоким эволюционным потенциалом и достаточно быстро преодолевает генетическую устойчивость растений. Ежегодный анализ популяций патогена позволяет

оценить динамику их изменчивости, охарактеризовать эффективность генов устойчивости и выявить патотипы с новым спектром вирулентности.

Мониторинг вирулентности *P. triticina* на Южном Урале проводится нами с 2014 г. (Тюнин и др., 2017, 2018). В этих исследованиях оценивается динамика вирулентности и расового состава патогена на районированных и перспективных сортах пшеницы. Полученные сведения об изменчивости популяций патогена по вирулентности учитываются в региональных селекционных программах. Вирулентность патогена на твердой пшенице в условиях Южного Урала до настоящего времени не изучали.

Цель данных исследований – мониторинг вирулентности популяции возбудителя бурой ржавчины пшенице на Южном Урале в 2018 г. и характеристика ее многолетней динамики.

#### Материалы и методы

Листья с урединиопустулами были собраны на селекционном участке Челябинского НИИ сельского хозяйства (ЧНИИСХ) с районированных и перспективных сортов мягкой пшеницы Дуэт, Челябинская ранняя, Эритроспермум 59, Челябинка 2, Челябинка юбилейная, Россиянка, Уральская кукушка, Изумрудная, Нива 2, Искра, Челябинская степная и Саратовская 29. Многие из этих сортов пшеницы с 2014 г. ежегодно используются нами в анализе вирулентности в качестве инфекционного материала, что позволяет оценить динамику фенотипического состава патогена с минимизацией фактора селективного влияния растения-хозяина.

Инфекционный материал *P. triticina* на твердой пшенице был собран на поле экологического сортоиспытания сельскохозяйственных культур ФГУП «Троицкое» Челябинской области с сортов Безенчукская степная, Duganegro, Дамсинская юбилейная, Лавина, Харьковская 46 и Памяти Янченко.

Погодные условия в Уральском регионе в 2018 г. были недостаточно благоприятными для развития бурой ржавчины. Количество осадков во все месяцы вегетационного периода превосходило среднемноголетние значения. Сумма их равнялась 286 мм. Особенно влагообеспеченным традиционно был июль (170 % от нормы). При этом развитие пшеницы в мае – первой половине июня проходило при пониженной на 1.5–3 °С температуре воздуха, а в дальнейшем, вплоть до созревания, при повышенных на 3–5 °С градусов по сравнению со среднемноголетними показателями. Изученные образцы мягкой пшеницы имели степень поражения бурой ржавчиной от слабой (1–10 %) до высокой (50 %), а твердой от 1 до 3 %.

Образцы популяций с сухих листьев мягкой пшеницы были реанимированы на универсально восприимчивом сорте Thatcher. Для размножения инфекционного материала с твердой пшеницы использовали восприимчивый сорт твердой пшеницы Памяти Чеховича.

Для изучения внутривидовой структуры урединиообразцы со всех сортов-источников инфекционного материала были клонированы, и с каждого из них получено по пять монопустульных изолятов *P. triticina*. Получение монопустульных изолятов и размножение инфекционного материала проводили с использованием метода лабораторного культивирования гриба на отрезках листьев пшеницы (Михайлова и др., 1998).

Анализ вирулентности проводили на проростках пшеницы (фаза первого листа). Для этого по 2–3 зерна каждой TcLr-линии сеяли в почву. 10–14 дневные проростки инокулировали суспензией возбудителя и помещали в камеру искусственного климата (Versatile Environmental Test Chamber MLR-352H («SANYO Electric Co., Ltd.», Япония) при температуре 22 °С и влажности 75 %. Учет проводили на 10–12 день после заражения по шкале E.V. Mains и H.S. Jackson (McIntosh et al., 1995), где 0 – отсутствие симптомов; 0; – некрозы без пустул; 1 – очень мелкие пустулы, окруженные некрозом; 2 – пустулы среднего размера, окруженные некрозом или хлорозом; 3 – пустулы среднего размера без некроза; 4 – крупные пустулы без некроза; X – пустулы на одном и том же листе разных типов, присутствуют хлорозы и некрозы. Растения с типом реакции X относили к восприимчивым.

Для изучения структуры популяции по фенотипическому составу использовали 20 TcLr-линий. Определение фенотипов вирулентности проводили по североамериканской системе (Long, Kolmer, 1989). Для этого использованные TcLr-линии были объединены в 5 групп по четыре линии в каждой: 1 – Lr1, Lr2a, Lr2c, Lr3a; 2 – Lr9, Lr16, Lr24, Lr26; 3 – Lr3ka, Lr11, Lr17, Lr30; 4 – Lr2b, Lr3bg, Lr14a, Lr14b; 5 – Lr15, Lr18, Lr19, Lr20. Дополнительно в анализ вирулентности включили линии с генами Lr23, Lr28, Lr29, Lr44 и TcLr47, поскольку доноры некоторых из этих генов используются в селекции в ЧНИИСХ.

Определение буквенного кода фенотипов, вычисление индексов внутривидового и межвидового разнообразия проводили с использованием пакета программ Virulence Analysis Tool (VAT) (Kosman, 2008). Внутривидовое разнообразие челябинской популяции оценивали по индексам Нея ( $H_e$ ) и Шеннона (Sh). Различия между образцами челябинской популяции в изученный период времени, а также между образцами популяции на

твердой и мягкой пшенице определяли по индексам Нея ( $Nei\_D$ , Nei genetic distance), Рождерса (R) и Fst.

Многомерная диаграмма генетического родства между образцами челябинской популяции в 2014–2018 гг. построена в пакете программ GenAlEx (PCoA params) (<http://biology-assets.anu.edu.au/GenAlEx/Welcome.html>) по индексу Нея ( $Nei\_D$ ).

### Результаты и обсуждение

Всего по признаку вирулентности охарактеризовано по 60 монопустьных изолятов, с мягкой и 60 изолятов с твердой пшеницы.

В результате анализа вирулентности образцов *P. tritricina*, собранных с мягкой пшеницы в Челябинской области в 2018 г., высокой эффективностью, как и в предыдущие годы, характеризовались гены *Lr24*, *Lr28* и *Lr29* (табл. 1). Наряду с ними в текущем году не выявлено изолятов, вирулентных к линиям с генами *Lr19*, *Lr16* и *Lr44*. При этом, тип реакции изолятов на линиях с генами *Lr19*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr29* характеризовался как высокоустойчивый (балл 0–0), а на линиях с генами *Lr16* и *Lr44* как умеренно устойчивый (балл 2–2++). К группе неэффективных в фазе проростков относились гены *Lr1*, *Lr2c*, *Lr3a*, *Lr3bg*, *Lr3ka*, *Lr14a*, *Lr14b*, *Lr17*, *Lr18* и *Lr30* (частоты вирулентности 77–100%). Основные изменения челябинской популяции на мягкой пшенице в 2018 г., как и в предыдущие годы, затрагивали частоты вирулентности к линиям с генами *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr20* и *Lr26* (рис. 1). При этом частоты вирулентности к линиям *TcLr2a*, *TcLr15* и *TcLr20* в 2018 г. были существенно ниже по сравнению с предыдущими годами исследований (рис. 1).

Изоляты, вирулентные к *Lr9*, отмечены как на сортах пшеницы с этим геном (Дуэт, Челябинка 2, Челябинка юбилейная, Челябинка ранняя), так и на сортах без гена *Lr9* (Эритроспермум 59, Искра). В 2018 г. отмечается возрастание частот

вирулентности патогена к линии *TcLr9*, по сравнению с 2017 и 2016 гг. Это может быть обусловлено высокой представленностью в образцах инфекционного материала патогена с сортов, защищенных геном *Lr9*. Все изоляты, вирулентные к линии *TcLr9*, были авирулентными к линии *TcLr26*. Соответственно, сочетание генов *Lr9* и *Lr26* остается эффективным в защите пшеницы от бурой ржавчины в Уральском регионе. Это подтверждается результатами полевых исследований ЧНИИСХ, в которых сорт Силач и селекционные линии с генами *Lr9* и *Lr26* в полевых условиях не поражаются бурой ржавчиной.

Среднее число аллелей вирулентности по отношению к 20 линиям-дифференциаторам в челябинской популяции *P. tritricina* в 2018 г. составило 13.5 и было самым низким за пятилетний период изучения (2017 г. – 14.9; 2016 г. – 14; 2015 г. 16.7; 2014 г. – 15.8).

В целом популяция *P. tritricina* на мягкой пшенице в 2018 г. характеризовалась умеренным полиморфизмом по вирулентности (генным разнообразием). Значение индекса Нея ( $H_e$ ) составило 0.14. В 2017 г. этот показатель составлял 0.22; в 2016 г. – 0.19; в 2015 г. 0.04; в 2014 г. 0.11.

Согласно индексу генетических расстояний ( $Nei\_Distance$ ) сходство челябинской популяции *P. tritricina* по частотам вирулентности в 2018 г. было выше по сравнению с 2016–2017 гг., ( $Nei\_D=0.03$  и 0.08 соответственно), чем с 2014–2015 гг. (0.13 и 0.15).

Таблица 1. Частота изолятов, вирулентных к линиям Thatcher, в челябинской популяции *Puccinia tritricina* на мягкой и твердой пшенице (2018 г.)

Сорт	Частота вирулентных изолятов к TcLr-линиям, %										
	<i>Lr2a</i>	<i>Lr2b</i>	<i>Lr2c</i>	<i>Lr9</i>	<i>Lr11</i>	<i>Lr15</i>	<i>Lr20</i>	<i>Lr23</i>	<i>Lr26</i>	*	**
Челябка ранняя	0	0	100	100	0	0	0	100	0	0	100
Эритроспермум 59	0	100	100	100	100	0	0	0	0	0	100
Челябка 2	0	100	100	100	0	0	0	0	0	0	100
Дуэт	0	100	100	100	0	0	0	100	0	0	100
Уральская кукушка, Россиянка	100	100	100	0	100	100	0	0	100	0	100
Челябка степная	0	100	100	100	100	0	100	0	0	0	100
Изумрудная, Нива 2	100	100	100	0	100	100	100	0	100	0	100
Челябка юбилейная	0	100	100	100	100	0	0	0	0	0	100
Искра	0	100	100	100	100	0	0	100	0	0	100
Саратовская 29	0	100	100	0	0	0	0	0	100	0	100
<b>Всего: мягкая пшеница</b>	<b>33</b>	<b>92</b>	<b>100</b>	<b>69</b>	<b>67</b>	<b>33</b>	<b>23</b>	<b>25</b>	<b>33</b>	<b>0</b>	<b>100</b>
Безенчукская степная	0	0	0	0	100	0	100	100	0	0	100
Диганево	0	0	0	0	100	0	0	100	0	0	100
Дамсинская юбилейная	0	0	0	0	100	0	100	100	0	0	100
Лавина	0	0	0	0	100	0	100	100	100	0	100
Харьковская 46	0	0	0	0	100	0	0	100	0	0	100
Памяти Янченко	0	0	0	0	100	0	0	100	0	0	100
<b>Всего: твердая пшеница</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>100</b>	<b>0</b>	<b>33</b>	<b>100</b>	<b>17</b>	<b>0</b>	<b>100</b>

\* линии с генами *Lr19*, *Lr16*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr44*

\*\* линии с генами *Lr1*, *Lr3a*, *Lr3bg*, *Lr3ka*, *Lr14a*, *Lr14b*, *Lr17*, *Lr18*

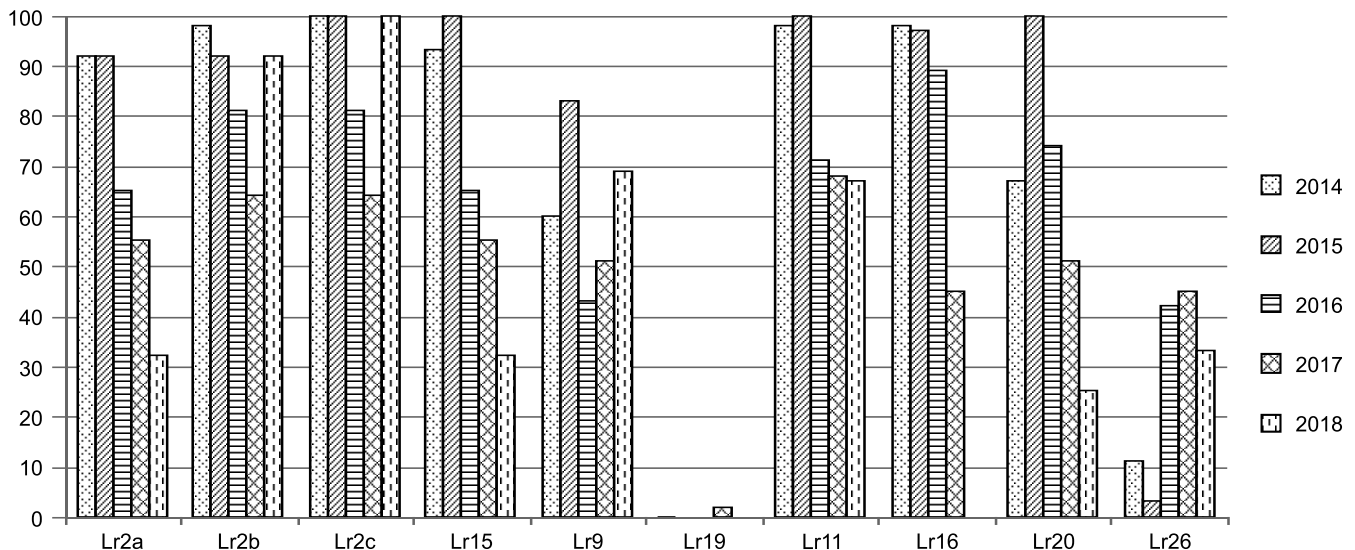


Рисунок 1. Динамика вирулентности в челябинской популяции *Puccinia triticina* (2014–2018 гг.)

В результате анализа фенотипического состава челябинской популяции с мягкой пшеницы выявлено семь фенотипов (PLTTG – 25%; PLPTG – 16.7%; TCTTR – 16.7%; TCTTQ – 16.7%; PCPTG – 8.3%; PLTTH – 8.3%; PLPKG – 8.3%). Индекс Шеннона указывал на ее умеренное разнообразие ( $Sh=0.45$ ). Сходный уровень фенотипического разнообразия отмечен для челябинской популяции в 2014 и 2016 гг. (0.45). В 2015 г. он был существенно ниже (0.16), а в 2017 г. выше (0.68). Согласно индексу Роджерса (R) челябинская популяция в 2018 г. была ближе по сходству с популяциями 2016–2017 гг. (0.89 и 0.76), и отличалась от 2014–2015 гг. ( $R=0.99$  и 1 соответственно).

Динамика фенотипического состава *P. triticina* на широко возделываемых сортах пшеницы (Дуэт, Челябин 2, Челябин юбилейная, Челябин ранняя, Эритроспермум 59, Россиянка, Нива 2), инфекционный материал с которых анализируется ежегодно, представлена в таблице 2. По сравнению с 2017 г. отмечено существенное изменение в составе фенотипов для большинства изученных образцов популяций, за исключением субпопуляций с сортов Россиянка (TCTTQ) и Нива 2 (TCTTR). Фенотипы TCTTQ и TCTTR характеризовались большим числом аллелей вирулентности, по сравнению с фенотипами группы P-, определенными на других сортах. Фенотип TCTTQ также отмечен на умеренно восприимчивом сорте Уральская кукушка, а фенотип TCTTR на сорте Изумрудная.

Многомерная диаграмма генетических расстояний между образцами челябинской популяции в 2014–2018 гг. по индексу  $F_{st}$  представлена на рисунке 2. В 2018 г. челябинская популяция *P. triticina* умеренно отличалась от популяций 2016 и 2017 гг., и в большей степени от популяций 2014 и 2015 гг. Результаты по индексу  $F_{st}$  согласуются с полученными по индексам Нея ( $Nei_D$ ) и Роджерса (R). Согласно тесту Мантеля выявлена высокая корреляция результатов анализа популяций по трем статистическим индексам ( $Nei_D$  и R:  $r=0.88$ ;  $Nei_D$  и  $F_{st}$ :  $r=0.64$ ; R и  $F_{st}$ :  $r=0.64$ ).

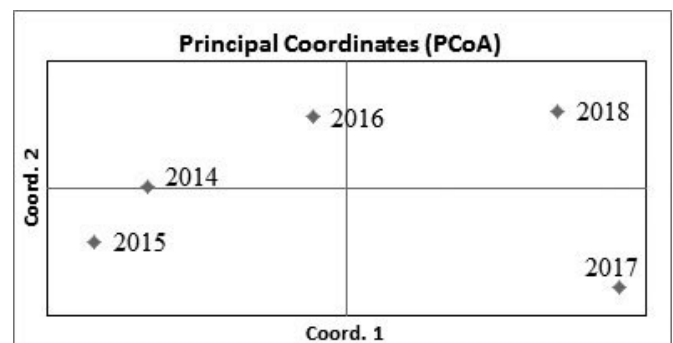


Рисунок 2. Многомерная диаграмма генетических расстояний между образцами челябинской популяции в 2014–2018 гг. (по индексу  $F_{st}$ )

Таблица 2. Динамика фенотипического состава *Puccinia triticina* в Челябинской области на районированных сортах мягкой пшеницы

Сорт пшеницы	Фенотипы				
	2014	2015	2016	2017	2018
Дуэт	TQT <sup>u</sup> TQ TQT <sup>r</sup>	TQT <sup>r</sup>	PQTG	MQPKH	PLPTG
Челяба 2	TQT <sup>u</sup> TQ TQT <sup>r</sup>	TLT <sup>r</sup> TQT <sup>r</sup>	TQPTR	MQPKG	PLPTG
Челяба юбилейная	TQT <sup>r</sup>	TQT <sup>r</sup>	TQT <sup>r</sup>	MLTKG	PLTTG
Челяба ранняя	TQT <sup>u</sup> TL TQT <sup>u</sup> TQ	TQT <sup>r</sup>		TQT <sup>u</sup> TQ	PLPKG
Эритроспермум 59	TGT <sup>r</sup> TR FGT <sup>u</sup> JB TQT <sup>u</sup> SL TQT <sup>u</sup> TQ TQPTR PQTKT	PGTKR TQT <sup>r</sup>	TGT <sup>r</sup> TR	MLTKH THT <sup>r</sup> TR	PLTTG
Россиянка	-	-	THT <sup>r</sup> TR	TCTTR	TCTTQ
Нива 2	TGTTM KGTTL	-	-	TLT <sup>r</sup> TR TCTTR	TCTTR

При анализе образцов популяций, собранных с твердой пшеницы, выявлены существенные их отличия от популяции с мягкой пшеницы. Все изоляты с твердой пшеницы характеризовались меньшим числом аллелей вирулентности (10.5) и были авирулентны к линиям с генами *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr15*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr44* (табл.1). Как правило, тип реакции изолятов на линиях *TcLr2a* и *TcLr15* был несколько ниже (1–2), чем на линиях *TcLr2b* и *TcLr2c* (2–2++). Варьирование по вирулентности между изолятами с разных сортов отмечено только на линиях с генами *Lr20* и *Lr26*. Изученная коллекция изолятов с твердой пшеницы была представлена тремя фенотипами (МВТКГ – 50%; МСТКН – 27.3%; МВТКН – 22.7%). Данные фенотипы относятся к группе редких и, как правило, не встречаются в анализе популяций патогена с мягкой пшеницы.

Субпопуляция *P. triticina* на твердой пшенице характеризовалась меньшим генетическим ( $H_s=0.04$ ) и фенотипическим ( $Sh=0.27$ ) разнообразием, по сравнению с субпопуляцией на мягкой пшенице и существенно отличалась от нее согласно индексам генетических расстояний Нея ( $Nei\_D=0.15$ ) и Роджерса ( $R=1$ ).

Исследования выполнены при поддержке гранта РФФИ №19-016-00052а.

#### Библиографический список (References)

- Михайлова ЛА, Гультяева ЕИ, Мироненко НВ (1998) Методы исследований структуры популяции возбудителя бурой ржавчины пшеницы. Сборник методических рекомендаций по защите растений. СПб.: ВИЗР. 105–126
- Тюнин ВА, Шрейдер ЕР (2010) Особенности технологии селекции мягкой яровой пшеницы на устойчивость к углеводно-белковому истощению семян и другим стрессам в условиях Южного Урала. Челябинск. 119с.
- Тюнин ВА, Шрейдер ЕР, Гультяева ЕИ., Шайдаюк ЕЛ (2017) Характеристика вирулентности популяций *Puccinia triticina* и перспективы использования генов *Lr24*, *Lr25*, *LrSp* в селекции яровой мягкой пшеницы на Южном Урале. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 21(5):523–529 <http://doi.org/10.18699/VJ17.269>
- Тюнин ВА, Шрейдер ЕР, Гультяева ЕИ, Шайдаюк ЕЛ (2018) Вирулентность возбудителя бурой ржавчины пшеницы на Южном Урале. *Вестник защиты растений*. 1(95):16–20 [http://doi.org/10.31993/2308-6459-2018-1\(95\)-16-20](http://doi.org/10.31993/2308-6459-2018-1(95)-16-20)
- Giraud T, Enjalbert J, Fournier E (2008) Population genetics of fungal disease of plant. *Parasite*. 15:449–454
- Kosman E, Dinooor A, Herrmann A, Schachtel GA, Kosman E (2008) Virulence Analysis Tool (VAT). User Manual.
- Long DL, Kolmer JA (1989) North American system of nomenclature for *Puccinia recondita* f.sp. *tritici*. *Phytopathology*. 79:525–529 <http://doi.org/10.1094/Phyto-79-525>.
- McIntosh RA, Wellings CR, Park RF (1995) Wheat rusts. An atlas of resistance genes. CSIRO Australia, Kluwer Acad. Publ., Dordrecht, the Netherlands. 213 p.
- Nei M (1972) The genetic distance between populations. *American Naturalist* 106(949):283–291
- Rogers JS (1972) Measures of genetic similarity and genetic distance. Texas: University of Texas Publication. 145–53

#### Translation of Russian References

- Mikhailova LA, Gultyayeva EI, Mironenko NV (1998) [Methods for studying the structure of populations of the causative agent of brown rust of wheat]. *Sbornik metodicheskikh rekomendaciy po zashchite rasteniy*. St.-Petersburg: VIZR. 105–126 (In Russian)
- Tyunin VA Shreyder ER (2010) *Osobennosti tekhnologii seleksii yarovoy myagkoy pshenitsy na ustoychivost k uglevodno-belkovomu istoshcheniyu semyan i drugim stressam v usloviyakh Yuzhnogo Urala* [Features of the technology of selection of soft spring wheat for resistance to carbohydrate-protein depletion of seeds and other stresses in the conditions of the Southern Urals]. Chelyabinsk 119 p. (In Russian)
- Tyunin VA, Shreyder ER, Gultyayeva EI, Shaydayuk EL (2017) [Characteristics of virulence of *Puccinia triticina* populations and the potential of the *Lr24*, *Lr25*, *LrSp* genes for spring common wheat breeding in the Southern Ural]. *Vavilovskiy zhurnal genetiki i seleksii* 21(5):523–529 (In Russian) <http://doi.org/10.18699/VJ17.269>
- Tyunin VA, Shreyder ER, Gultyayeva EI, Shaydayuk EL (2018) [Virulence of leaf rust pathogen of wheat in South Ural]. *Vestnik zashchity rasteniy*. 1(95):16–20 (In Russian) [http://doi.org/10.31993/2308-6459-2018-1\(95\)-16-20](http://doi.org/10.31993/2308-6459-2018-1(95)-16-20)

MONITORING OF VIRULENCE AND PHENOTYPES COMPOSITION  
OF *PUCCINIA TRITICINA* POPULATION IN SOUTHERN URAL IN 2018E.I. Gultyayeva<sup>1\*</sup>, E.R. Shreyder<sup>2</sup>, E.L. Shaydayuk<sup>1</sup>, N.P. Bondarenko<sup>2</sup><sup>1</sup>All-Russian Institute of Plant Protection, St. Petersburg, Russia<sup>2</sup>Chelyabinsk Research Institute of Agriculture, Chelyabinsk region, Timiryazevskii, Russia\*corresponding author, e-mail: [eigultyayeva@gmail.com](mailto:eigultyayeva@gmail.com)

The long-term monitoring of *Puccinia triticina* virulence on common wheat from the Southern Urals, started in 2014, was continued in 2018. Population studies have been supplemented with the data on the infectious pathogen samples collected from the durum wheat. In total, sixty isolates from each host species were studied. All isolates from the common and durum wheat were avirulent to the lines with the *Lr19*, *Lr16*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr44* genes and virulent to the lines with *Lr1*, *Lr3a*, *Lr3bg*, *Lr3ka*, *Lr14a*, *Lr14b*, *Lr17*, *Lr18* genes. Similarly to the previous years, the main changes in the Chelyabinsk population on the common wheat included the frequencies of virulence to *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr9*, *Lr11*, *Lr15*, *Lr20* and *Lr26* genes. The average number of virulence alleles with respect to the 20 differentiator lines in 2018 was 13.5 and it was the lowest for the 2014–2018 period. The studied isolates from the common wheat were represented by seven virulence phenotypes. According to the indices of the genetic differences Nei (Nei D), Rogers (R) and Fst, the Chelyabinsk population in 2018 was characterized by moderate differences in comparison to 2017–2016, and higher differences in comparison to 2014–2015. Analysis of infectious populations samples collected from the durum wheat revealed significant differences among them and with pathogen samples from the common wheat. All isolates from the durum wheat were characterized by a reduced number of virulence alleles (10.5) and were avirulent to the lines with the *Lr2a*, *Lr2b*, *Lr2c*, *Lr15* genes. A subpopulation of *P. triticina* from the durum wheat had a lower virulence polymorphism (*TcLr20*, *TcLr26*) and phenotypic composition (three phenotypes), compared to the subpopulation from common wheat. Under the field conditions with moderate development of leaf rust, the lines *TcLr24*, *TcLr25*, *TcLr28*, *TcLr29*, *TcLr32*, and *TcLr37* (0% of infection) were characterized by a high level of resistance.

**Key words:** leaf rust, *Triticum aestivum* L., *Triticum durum* Desf., population structure, *Lr*-genes

Received: 31.01.2019

Accepted: 30.05.2019