**Генетический анализ
устойчивости к расе G
Orobanche cumana Wallr.
в F₂ и BC₁ линий подсолнечника
RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2**

С.З. Гучетль,

кандидат биологических наук

Т.С. Антонова,

доктор биологических наук

Н.М. Арасланова,

кандидат сельскохозяйственных наук

Т.А. Челюстникова,

аналитик

Ю.В. Питинова,

лаборант-исследователь

ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК

Россия, 350038, г. Краснодар, ул. им. Филатова, д. 17

Тел.: (861) 275-86-53

E-mail: saida.guchetl@mail.ru

Для цитирования: Гучетль С.З., Антонова Т.С., Арасланова Н.М., Челюстникова Т.А., Питинова Ю.В. Генетический анализ устойчивости к расе G *Orobanche cumana* Wallr. в F₂ и BC₁ линий подсолнечника RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 // Масличные культуры. – 2019. – Вып. 4 (180). – С. 23–28.

Ключевые слова: подсолнечник, зарази́ха, устойчивость, раса G, доноры, наследование, F₂, BC₁.

На центральной экспериментальной базе ВНИИМК в течение нескольких лет были созданы линии, резистентные к расе G зарази́хи. Ранее установлено неполное доминирование признака устойчивости у линий RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 в F₁. Целью работы было изучение генетического контроля устойчивости к расе G зарази́хи у этих линий подсолнечника в поколениях F₂ и BC₁. Материалом исследования служили потомства F₁ от скрещивания устойчивых линий с восприимчивыми. Для тестирования устойчивости растений к зарази́хе применяли метод ранней диагностики А.Я. Панченко. Математическую обработку результатов проводили с использованием χ^2 -критерия. Было показано, что гетерозиготные по признаку устойчивости генотипы не всегда поражаются зарази́хой. Поэтому для корректной оценки результатов расщепления устойчивые рас-

тения и растения с неполной устойчивостью были объединены в один класс – промежуточный. У семи возвратных скрещиваний первого поколения наблюдалось расщепление растений на два фенотипических класса: восприимчивые и промежуточные в соотношении 1 : 1. Величина χ^2 для всех комбинаций находилась в пределах от 0,00 до 2,27, что подтверждает гипотезу о контроле устойчивости у линий одним геном с вероятностью от 0,1 до 0,9. Для 13 комбинаций скрещивания F₂ фактически наблюдаемое расщепление соответствовало теоретически ожидаемой модели 3 : 1. Величина χ^2 для всех комбинаций находилась в пределах от 0,18 до 2,34, что подтверждает гипотезу о контроле устойчивости у каждой из изучаемых линий одним геном с вероятностью от 0,1 до 0,7. Модель расщепления 3 : 1 указывает на доминирование изучаемого признака. Но мы можем говорить лишь о неполном доминировании резистентности у изучаемых линий, поскольку гетерозиготные растения в основном поражаются зарази́хой. Таким образом, проведенные исследования показывают, что устойчивость к расе G зарази́хи у линий подсолнечника RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 контролируется одним геном с неполным доминированием.

UDC 581.169:582.952.6:633.854.78

Genetic analysis of resistant to race G of *Orobanche cumana* Wallr. in F₂ and BC₁ of sunflower lines RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2.

S.Z. Guchetl, PhD in biology

T.S. Antonova, doctor of biology

N.M. Araslanova, PhD in agriculture

T.A. Chelyustnikova, analyst

Yu.V. Pitinova, research assistant

V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops

17 Filatova str., Krasnodar, 350038, Russia

Tel.: (861) 275-86-53

E-mail: saida.guchetl@mail.ru

Key words: sunflower, broomrape, resistance, race G, donors, inheritance, F₂, BC₁.

For several years, at the V.S. Pustovoit All-Russian Research Institute of Oil Crops we have been developing the lines resistant to race G of broomrape. Previously, we established incomplete dominance of the resistance trait in lines RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 in F₁. The aim of the work was to study the genetic control of resistance to race G of broomrape in these sunflower lines in generations F₂ and BC₁. The research material was F₁ progeny from crossing of resistant lines with susceptible ones. We applied the method of A.Ya. Panchenko to test the resistance of plants to broomrape. We conducted the mathematical processing of the results using the χ^2 -

criterion. It showed that broomrape is not always affecting genotypes heterozygous by resistance gene. Therefore, we combined into one intermediate group resistant plants and plants with incomplete resistance to correctly evaluate the results of splitting. In seven back crossings of the first generation, plants were split into two phenotypic groups: susceptible and intermediate in a 1 : 1 ratio. The value of χ^2 for all combinations ranged from 0.00 to 2.27, which confirms the hypothesis of resistance control for lines by one gene with a probability of 0.1 to 0.9. For 13 crossing combinations of F_2 , the actually observed splitting corresponded to the theoretically expected model of 3 : 1. The value of χ^2 for all combinations ranged from 0.18 to 2.34, which confirms the hypothesis of resistance control for each of the studied lines by lines by one gene with a probability of 0.1 to 0.7. A 3 : 1 splitting model indicates the dominance of the studied trait. But we can only speak about the incomplete dominance of resistance in the studied lines, since heterozygous plants are mainly affected by broomrape. Thus, the conducted studies show that resistance to race G of broomrape in the sunflower lines RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 is controlled by one gene with incomplete dominance.

Введение. Быстрое появление новых рас заразихи на подсолнечнике требует постоянного поиска новых источников устойчивости. В Российской Федерации за последние 20 лет во многих регионах идентифицированы три наиболее вирулентные в мире расы – F, G, H [1]. Генетическая резистентность к заразихе является наиболее эффективным способом борьбы с паразитом. Так, во многих странах мира созданы новые инбредные линии подсолнечника, происходящие из различных межвидовых гибридов, устойчивые к наиболее вирулентным расам паразита. Изучалось наследование генов резистентности для разработки дальнейшей стратегии их передачи перспективным селекционным линиям [2; 3; 4; 5; 6].

На центральной экспериментальной базе ВНИИМК в течение нескольких лет выполнялся скрининг образцов мировой коллекции ВИР, дикорастущих видов подсолнечника, линий, гибридов и сортов отечественной и зарубежной селекции с использованием искусственного инфек-

ционного фона, в котором преобладали семена заразихи расы G. В результате были созданы шесть линий разного происхождения, резистентные к этой расе [7; 8]. Проведенный гибридологический анализ устойчивости к расе G заразихи у одной из линий – RG, показал, что у неё признак контролируется одним геном с неполным доминированием [7]. Изучено наследование в F_1 резистентности к расе G у пяти других линий RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2. Установлено неполное доминирование признака устойчивости у этих линий [9]. Целью работы было изучение генетического контроля устойчивости к расе G заразихи у линий подсолнечника RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 в поколениях F_2 и BC_1 .

Материалы и методы. Материалом исследования служили потомства F_1 от скрещивания созданных нами ранее [8; 9] линий подсолнечника – доноров устойчивости к расе G заразихи: RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2, с восприимчивыми. Гибридизацию выполняли с применением ручной кастрации или нанесением пыльцы на стерильную корзинку. В качестве восприимчивых выступали линии селекции ВНИИМК: ВК 101 А, ВК 678 А, ВК 678 Б, ВК 680 А, ВК 680 Б. В скрещиваниях гибридов с родительскими формами использовали вышеперечисленные восприимчивые линии подсолнечника.

Для получения потомств F_2 и BC_1 растения F_1 предварительно оценивали на устойчивость к расе G заразихи в камерах Биотрон-5. Типичные для F_1 растения подсолнечника пересаживали в поле. Принудительное самоопыление растений проводили принятым во ВНИИМК методом [10], используя индивидуальные изоляторы из спанбонда. Гибридизацию выполняли с применением ручной кастрации или нанесением пыльцы на стерильную корзинку. Растения потомств F_2 и BC_1 тестировали в теплице на устойчивость и восприимчивость к заразихе, используя семена расы G, собранные на полях Боковского района Ростовской об-

ласти. Идентификация их расовой принадлежности была выполнена с помощью известных линий-дифференциаторов: Record 1-3 (C), S-1358 (D), P-1380 (E), LC1093 и P96 (F). Для тестирования устойчивости растений к зарази́хе применяли метод ранней диагностики А.Я. Панченко [11]. Инфекционный фон создавался внесением семян зарази́хи в короба объёмом 250 кг почвенно-песчаной смеси из расчёта 200 мг на 1 кг смеси. Выращивали растения подсолнечника при температуре 25–27 °С и 16-часовом фотопериоде. Через 25–30 дней после появления всходов растения выкапывали и проводили учёт клубеньков или побегов зарази́хи на их корнях. Восприимчивыми считались растения, на корнях которых было обнаружено более пяти клубеньков или сформировавшихся побегов зарази́хи. Устойчивыми – растения, на корнях которых не было обнаружено здоровых клубеньков и побегов. Растения подсолнечника с поражением корней пятью и менее особями зарази́хи были определены как генотипы с неполной устойчивостью. Эта классификация была предложена L. Velasco с соавторами при изучении наследования устойчивости подсолнечника к расе F зарази́хи [12]. В качестве контроля был использован сорт ВНИИМК 8883, восприимчивый к современным расам *O. citrana*. Математическую обработку результатов расщепления проводили с использованием χ^2 -критерия соответствия фактических расщеплений теоретически ожидаемым в моногибридных скрещиваниях [13].

Результаты и обсуждение. Выполненные нами ранее реципрокные скрещивания пяти новых доноров устойчивости к расе G зарази́хи с восприимчивыми формами подсолнечника показали, что практически все полученные гибриды первого поколения имели невысокую степень поражения зарази́хой (от 0 до 6 клубеньков зарази́хи на пораженное растение). Степень поражения не зависела от генотипов родительских форм и ли-

ний, использованных в качестве материнских, что говорит об отсутствии материнского эффекта. Проведенные исследования позволили предположить неполное доминирование признака устойчивости подсолнечника у изучаемых линий к расе G зарази́хи с незначительными отличиями в степени доминирования признака [9].

Настоящее исследование было проведено, чтобы подтвердить тип наследования и установить количество генов, которые контролируют устойчивость к расе G у тестируемых линий. Предварительно оцененные на устойчивость растения F_1 самоопыляли или скрещивали с восприимчивыми родительскими линиями. Потомства F_2 и BC_1 оценены по устойчивости и восприимчивости к расе G зарази́хи.

Ранее было отмечено, что во многих семьях F_1 наблюдалось расщепление на устойчивые и неполно устойчивые растения [9]. Некоторые авторы объясняют это тем, что растения подсолнечника могут с небольшой степенью (до 5 клубеньков) поражаться зарази́хой той расы, к которой они устойчивы, вследствие преодоления неполной устойчивости к ней [14; 15]. Кроме того, не исключено влияние на степень поражения зарази́хой подсолнечника количественных генов устойчивости, механизм действия которых мы не можем изучить из-за отсутствия соответствующей материально-технической базы. Поэтому изучаемые гетерозиготные по признаку устойчивости генотипы не всегда поражаются зарази́хой. При скрещивании гетерозиготных растений F_1 с восприимчивыми родительскими формами подсолнечника в потомстве BC_1 ожидали два фенотипа – восприимчивые и неполно устойчивые, как характерно для моногенного наследования признака. Кроме двух ожидаемых классов, получали еще один дополнительный класс устойчивых растений, что не позволяет нам достоверно отличить устойчивые (гомозиготные) растения от генотипов с неполной устойчивостью (гетерозиготных).

Поэтому для корректной оценки соответствия фактически наблюдаемых результатов теоретически ожидаемым эти два класса объединены в один – промежуточный. Были получены семь возвратных скрещиваний первого поколения с линиями RGP2 (два беккрасса), RGL1 (два беккрасса), RGL2 (один беккрасс), RGB (два беккрасса). В популяциях BC₁ наблюдалось расщепление растений на два фенотипических класса: восприимчивых и промежуточных в соотношении 1 : 1 (табл. 1).

Таблица 1

Наследование признака устойчивости подсолнечника к расе G заразики в BC₁ при скрещивании устойчивых линий с восприимчивыми

г. Краснодар, ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК, 2019 г.

Происхождение	Всего растений, шт.	Число растений, шт.		Ожидаемое соотношение	χ^2	df	P
		промежуточных	восприимчивых				
BK680A × (BK 680A × RGP2)*	148	80	68	1:1	0,96	1	0,3–0,5
BK678A × (RGP2 × BK 678 Б)	84	47	37	1:1	1,18	1	0,2–0,3
BK680A × (BK680A × RGL1)	164	78	86	1:1	0,39	1	0,5–0,7
BK101A × (BK101A × RGL2)	146	71	75	1:1	0,10	1	0,7–0,8
BK678A × (RGL1 × BK 678 Б)	98	48	50	1:1	0,04	1	0,8–0,9
BK 101A × (BK 101A × RGB)	186	93	93	1:1	0,00	1	0,9
(BK680A × RGB) × BK 680 Б	86	50	36	1:1	2,27	1	0,1–0,2

Примечание: * – поколение BC₁

Величина χ^2 для всех комбинаций находилась в пределах от 0,00 до 2,27, что подтверждает гипотезу о контроле устойчивости у четырех линий-доноров одним геном с вероятностью от 0,1 до 0,9.

В популяциях F₂ наблюдалось расщепление на три фенотипических класса: устойчивые, пораженные в малой степени и восприимчивые. Практически в результате всех комбинаций скрещивания обнаружили избыток устойчивых растений по сравнению с неполно устойчивыми и восприимчивыми. Исходя из того, что не

все гетерозиготные растения поражаются заразихой, как и для комбинаций BC₁, объединили первые два класса в один – промежуточный. Были получены 13 популяций F₂ с линиями: RGL1 (3 семьи), RGL2 (4 семьи), RGP2 (2 семьи), RGP1 (1 семья), RGB (3 семьи) (табл. 2).

Таблица 2

Наследование признака устойчивости подсолнечника к расе G заразики в F₂ при скрещивании устойчивых линий с восприимчивыми

г. Краснодар, ФГБНУ ФНЦ ВНИИМК, 2019 г.

Происхождение	Всего растений, шт.	Число растений, шт.		Ожидаемое соотношение	χ^2	df	P
		промежуточных	восприимчивых				
BK680A × RGL1*	66	51	15	3 : 1	0,18	1	0,5–0,7
BK680A × RGL1	41	34	7	3 : 1	1,13	1	0,2–0,3
RGL1 × BK678Б	62	48	14	3 : 1	0,20	1	0,5–0,7
BK678A × RGL2	51	43	8	3 : 1	2,34	1	0,1–0,2
BK680A × RGL2	38	25	13	3 : 1	1,71	1	0,1–0,2
BK680A × RGL2	62	49	13	3 : 1	0,45	1	0,7–0,8
BK101A × RGL2	79	65	14	3 : 1	1,53	1	0,2–0,3
BK 678 A × RGP2	55	37	18	3 : 1	1,74	1	0,1–0,2
RGP2 × BK 680 Б	105	83	22	3 : 1	0,90	1	0,3–0,5
BK 678 A × RGP1	107	78	29	3 : 1	0,24	1	0,7–0,8
BK680A × RGB	98	76	22	3 : 1	1,05	1	0,3–0,5
RGB × BK 680 Б	94	72	22	3 : 1	0,12	1	0,7–0,8
BK101 × RGB	22	16	6	3 : 1	0,52	1	0,3–0,5

Примечание: * – поколение BC₁

Для всех комбинаций скрещивания F₂ фактически наблюдаемое расщепление соответствовало теоретически ожидаемой модели 3 : 1. Величина χ^2 для всех комбинаций находилась в пределах от 0,18 до 2,34, что подтверждает гипотезу о контроле устойчивости у каждой из изучаемых линий одним геном с вероятностью от 0,1 до 0,7. Модель расщепления 3 : 1 указывает, обычно, на доминирование изучаемого признака. Но в результате анализа полученных нами данных мы можем говорить лишь о неполном доминировании резистентности у изучаемых линий, поскольку гетерозиготные растения в основном поражаются заразихой. С точки зрения селекции, неполное доминирование типа устойчивости к заразихе

у изученных доноров предполагает необходимость интрогрессии гена в обе родительские линии, чтобы получить устойчивые гибриды.

Генетический контроль устойчивости к расе G у линий подсолнечника RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 аналогичен типу наследования у созданной авторами ранее линии RG. Но зарубежными авторами установлены и другие типы наследования этого признака. Описана генетическая устойчивость к зарази-ке расы G, контролируемая двумя независимыми доминантными генами [3], одним рецессивным геном [2; 5], доминантным аллелем одного гена [4]. Сочетание различных генов устойчивости к одной и той же расе зарази-ки в одном генотипе подсолнечника и возделывание гибридов, несущих гены, контролирующие различные механизмы устойчивости, может способствовать долговременной устойчивости культуры к паразиту. Для того чтобы использовать линии RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 как доноры устойчивости для создания селекционного материала с долговременной резистентностью к расе G зарази-ки, необходимо определить, являются ли гены, контролирующие данный признак, идентичными, или же представляют собой разные гены.

Выводы. Таким образом, проведенные исследования показывают, что устойчивость к расе G зарази-ки у линий подсолнечника RGP1, RGP2, RGB, RGL1, RGL2 контролируется одним геном с неполным доминированием.

Исследования выполнены при финансовой поддержке РФФИ и Администрации Краснодарского края, грант № 19-44-230025.

Список литературы

1. Антонова Т.С., Арасланова Н.М., Стрельников Е.А., Рамазанова С.А., Гучетль С.З., Челюстникова Т.А. Распространение высоковирулентных рас зарази-ки *Orobanche cuman* Wallr., поражающей подсолнечник на юге Российской Федерации

// Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. – 2012. – № 6. – С. 40–44.

2. Imerovski I., Dimitrijevic A., Miladinovic D., Dedic B., Jocić S., Kocis Tubic N., Cvejic S. Mapping of a new gene for resistance to broomrape races higher than F // Euphytica. – 2015. – Vol. 209, I.2. – P. 281–289. DOI: 10.1007/s10681-015-1597.

3. Pacureanu-Joita M., Raranciuc S., Procopovici E., Sava E., Nastase D. The impact of the new races of broomrape (*Orobanche cuman* Wallr.) parasite in sunflower crop in Romania // Proc. 17th Int. Sunflower Conf., Cordoba. Spain. – 2008. – P. 225–231.

4. Velasco L. Pérez-Vich B., Yassein A., Jan C., Fernández-Martínez J. M. Inheritance of resistance to sunflower broomrape (*Orobanche cuman* Wallr.) in an interspecific cross between *Helianthus annuus* and *Helianthus debilis* subsp. *tardiflorus* // Plant Breeding. – 2012. – Vol. 131. – Is. 1. – P. 220–221. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2011.01915. x

5. Cvejić S., Jocić S., Dedić B., Miladinović D., Dimitrijević A., Imerovski I., Jocković M., Miklič V. Inheritance of resistance to broomrape in sunflower inbred line LIV17 // Proceedings of 4th International Symposium on Broomrape in Sunflower Bucharest, Romania, 2–4 July 2018. – P. 156–164.

6. Cvejić S., Dedić B., Jocić S., Miladinović D., Miklič V. Broomrape resistance in newly developed sunflower inbred lines // In: Proc. 18th Int. Sunfl. Conf., Mar del Plata, Argentina. Int. Sunfl. Assoc., Paris, France. – 2012. – P. 1037–1042.

7. Гучетль С.З., Антонова Т.С., Челюстникова Т.А., Арасланова Н.М., Стрельников Е.А. Генетический контроль устойчивости к расе G зарази-ки (*Orobanche cuman* Wallr.) у линии подсолнечника RG // Наука Кубани. – 2017. – № 2. – С. 13–20.

8. Антонова Т.С., Стрельников Е.А., Арасланова Н.М., Гучетль С.З., Челюстникова Т.А. Отбор на устойчивость к расе G зарази-ки из расщепляющихся популяций подсолнечника в искусственных условиях выращивания // Масличные культуры. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2017. – Вып. 3 (171). – С. 18–22.

9. Гучетль С.З., Антонова Т.С., Арасланова Н.М., Челюстникова Т.А. Новые доноры устойчивости подсолнечника к расе G зарази-ки: изучение наследования признака // Масличные культуры. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2018. – Вып. 4 (176). – С. 3–8.

10. Гундаев А.И. Основные принципы селекции подсолнечника. Генетические основы селекции растений. – М.: Наука, 1971. – С. 417–465.

11. Панченко А.Я. Ранняя диагностика зарази-хоустойчивости при селекции и улучшающем се-

меноводстве подсолнечника // Вестник с.-х. науки. – 1975. – № 2. – С. 107–115.

12. Velasco, L., Pérez-Vich, B., Jan, C.C., Fernández-Martínez, J.M. Inheritance of resistance to broomrape (*Orobanche cumana* Wallr.) race F in a sunflower line carrying resistance genes from wild sunflower species // Plant Breeding. – 2007. – 126. – P. 67–71.

13. Гершензон С.М. Основы современной генетики. – Киев: Наукова думка, 1979. – 508 с.

14. Дьяков А.Б., Васильева Т.А., Бойко Ю.Г. Опасность новых рас заразики для подсолнечника в России и меры предупреждения возможного ущерба // Масличные культуры. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2008. – Вып. 1 (138). – С. 3–12.

15. Ačimovič M. Physiological races of *Orobanche cumana* Wallr. on sunflowers in Yugoslavia // Proc. of the 9-th Intern. Sunflower conference. – 1980. – Vol. 1. – P. 162–166.

References

1. Antonova T.S., Araslanova N.M., Strel'nikov E.A., Ramazanova S.A., Guchetl' S.Z., Chelyustnikova T.A. Rasprostranenie vysokovirulentnykh ras zarazikhi *Orobanche cumana* Wallr., porazhayushchey podsolnechnik na yuge Rossiyskoy Federatsii // Doklady Rossiyskoy akademii sel'skokhozyaystvennykh nauk. – 2012. – № 6. – S. 40–44.

2. Imerovski I., Dimitrijevic A., Miladinovic D., Dedic B., Jocić S., Kocis Tubic N., Cvejic S. Mapping of a new gene for resistance to broomrape races higher than F // Euphytica. – 2015. – Vol. 209, I.2. – P. 281–289. DOI: 10.1007/s10681-015-1597.

3. Pacureanu-Joita M., Raranciuc S., Procopovici E., Sava E., Nastase D. The impact of the new races of broomrape (*Orobanche cumana* Wallr.) parasite in sunflower crop in Romania // Proc. 17th Int. Sunflower Conf., Cordoba. Spain. – 2008. – P. 225–231.

4. Velasco L., Pérez-Vich B., Yassein A., Jan C., Fernández-Martínez J. M. Inheritance of resistance to sunflower broomrape (*Orobanche cumana* Wallr.) in an interspecific cross between *Helianthus annuus* and *Helianthus debilis* subsp. *tardiflorus* // Plant Breeding. – 2012. – Vol. 131. – Is. 1. – P. 220–221. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2011.01915.x

5. Cvejić S., Jocić S., Dedić B., Miladinović D., Dimitrijević A., Imerovski I., Jocković M., Miklič V. Inheritance of resistance to broomrape in sunflower inbred line LIV17 // Proceedings of 4th International Symposium on Broomrape in Sunflower Bucharest, Romania, 2–4 July 2018. – P. 156–164.

6. Cvejić S., Dedić B., Jocić S., Miladinović D., Miklič V. Broomrape resistance in newly developed sunflower inbred lines // In: Proc. 18th Int. Sunfl.

Conf., Mar del Plata, Argentina. Int. Sunfl. Assoc., Paris, France. – 2012. – P. 1037–1042.

7. Guchetl' S.Z., Antonova T.S., Chelyustnikova T.A., Araslanova N.M., Strel'nikov E.A. Geneticheskij kontrol' ustoychivosti k rase G zarazikhi (*Orobanche cumana* Wallr.) u linii podsolnechnika RG // Nauka Kubani. – 2017. – № 2. – S. 13–20.

8. Antonova T.S., Strel'nikov E.A., Araslanova N.M., Guchetl' S.Z., Chelyustnikova T.A. Otbor na ustoychivost' k rase G zarazikhi iz rasshcheplyayushchikhsya populyatsiy podsolnechnika v iskusstvennykh usloviyakh vyrashchivaniya // Maslichnye kul'tury. Nauch.-tekhn. byul. VNIIMK. – 2017. – Vyp. 3 (171). – S. 18–22.

9. Guchetl' S.Z., Antonova T.S., Araslanova N.M., Chelyustnikova T.A. Novye donory ustoychivosti podsolnechnika k rase G zarazikhi: izuchenie nasledovaniya priznaka // Maslichnye kul'tury. Nauch.-tekhn. byul. VNIIMK. – 2018. – Vyp. 4 (176). – S. 3–8.

10. Gundaev A.I. Osnovnye printsipy selektsii podsolnechnika. Geneticheskie osnovy selektsii rasteniy. – M.: Nauka, 1971. – S. 417–465.

11. Panchenko A.Ya. Rannyya diagnostika zarazikhoustoychivosti pri selektsii i uluchshayushchem semenovodstve podsolnechnika // Vestnik s.-kh. nauki. – 1975. – № 2. – S. 107–115.

12. Velasco, L., Pérez-Vich, V., Jan, C.C., Fernández-Martínez, J.M. Inheritance of resistance to broomrape (*Orobanche cumana* Wallr.) race F in a sunflower line carrying resistance genes from wild sunflower species // Plant Breeding. – 2007. – 126. – P. 67–71.

13. Гершензон С.М. Основы современной генетики. – Киев: Наукова думка, 1979. – 508 с.

14. Д'яков А.Б., Васильева Т.А., Бойко Ю.Г. Опасность новых рас заразики для подсолнечника в России и меры предупреждения возможного ущерба // Масличные культуры. Науч.-тех. бюл. ВНИИМК. – 2008. – Вып. 1 (138). – С. 3–12.

15. Ačimovič M. Physiological races of *Orobanche cumana* Wallr. on sunflowers in Yugoslavia // Proc. of the 9-th Intern. Sunflower conference. – 1980. – Vol. 1. – P. 162–166.

Получено: 09.09.2019 Принято: 11.11.2019

Received: 09.09.2019 Accepted: 11.11.2019