სსიპ „ბათუმის შოთა რუსთაველის სახელმწიფო უნივერსიტეტი“

ტექნოლოგიური ფაკულტეტი

აგროეკოლოგიისა და სატყეო საქმის დეპარტამენტი

რუსუდან დუმბაძე

ხორბლის ღეროს ჟანგას გენეტიკური და მოლეკულური პოლიმორფიზმი და დაავადებისადმი გამძლე გენოტიპების გამორჩევა

სოფლის მეურნეობის აკადემიური დოქტორის ხარისხის მოსაპოვებლად წარმოდგენილი დისერტაციის

ა ვ ტ ო რ ე ფ ე რ ა ტ ი

ბათუმი 2017

სადისერტაციო ნაშრომი შესრულებულია ბათუმის შოთა რუსთაველის სახელმწიფო უნივერსიტეტის ტექნოლოგიური ფაკულტეტის, აგროეკოლოგიისა და სატყეო საქმის დეპარტამენტში.

სამეცნიერო ხელმძღვანელი: ზოია სიხარულიძე - ბიოლოგიის აკადემიური დოქტორი,

ბათუმის შოთა რუსთაველის სახელმწიფო უნივერსიტეტის, ფიტოპათოლოგიის და ბიომრავალფეროვნების ინსტიტუტის გამძლეობის გენეტიკის განყოფილების ხელმძღვანელი.

უცხოელი შემფასებლები: სონგ ვეინინგ - ბიოლოგიის დოქტორი, ჩინეთის ჩრდილო-დასავლეთის აგრარული უნივერსიტეტის პროფესორი, მცენარეული გენომის სპეციალისტი.

ქადირ აქან - ბიოლოგიის დოქტორი, აჰი ევრან უნივერსიტეტის აგრარული ფაკულტეტის მცენარეთა დაცვის დეპარტამენტის პროფესორი.

შემფასებლები: **ნუნუ ჩაჩხიანი-ანასაშვილი** - სოფლის მეურნეობის აკადემიური დოქტორი, ქუთაისის აკაკი წერეთლის სახელმწიფო უნივერსიტეტის ასოცირებული პროფესორი.

ესე ჯაყელი - სოფლის მეურნეობის მეცნიერებათა აკადემიური დოქტორი, აიპ საქართველოს აგრარული უნივერსიტეტის - ჩაის, სუბტროპიკული კულტურების და ჩაის მრეწველობის ინსტიტუტის უფროსი მეცნიერი თანამშრომელი.

შოთა ლამპარაძე - სოფლის მეურნეობის აკადემიური დოქტორი, ბათუმის შოთა რუსთაველის სახელმწიფო უნივერსიტეტის ასოცირებული პროფესორი.

სადისერტაციო ნაშრომის დაცვა შედგება 2017 წლის 12 ივლისს, 15:00 საათზე, ბათუმის შოთა რუსთაველის სახელმწიფო უნივერსიტეტის ტექნოლოგიური ფაკულტეტის სადისერტაციო საბჭოს სხდომაზე. მისამართი: ბათუმი 6010, ნინოშვილის ქ. #35, ოთახი 328.

სადისერტაციო ნაშრომის გაცნობა შესაძლებელია ბათუმის შოთა რუსთაველის სახელმწიფო უნივერსიტეტის ბიბლიოთეკასა და ამავე უნივერსიტეტის ვებ-გვერდზე www.bsu.ge.

სადისერტაციო საბჭოს სწავლული მდივანი, სოფლის მეურნეობის აკადემიური დოქტორი, ასოცირებული პროფესორი **შოთა ლამპარაძე**.

ნაშრომის ზოგადი დახასიათება

თემის აქტუალობა. განვითარებადი ქვეყნის სოციალურ-ეკონომიკური სტაბილურობის მნიშვნელოვან პირობას სურსათის უზრუნველყოფა და სიღარიბის დაძლევა წარმოადგენს. ამის ერთ-ერთი უმნიშვნელოვანესი პირობაა ნათესების ეფექტური დაცვა მრავალი ნეგატიური ფაქტორების ზემოქმედებისგან. ხორბალზე მოქმედი ბიოტური ფაქტორების რიგში ჟანგოვანი დაავადებები ერთ-ერთ მთავარ ფაქტორს და უხსოვარი დროიდან მოყოლებული დღემდე, სერიოზულ პრობლემას წარმოადგენს ხორბლის მწარმოებლებისთვის. ამის ძირითადი მიზეზი გახლავთ ჟანგას გამომწვევი სოკოვანი მიკროორგანიზმის ძალიან სწრაფი ცვალებადობის და ახალ გარემო პირობებთან ადაპტირების უნარი.

ჟანგას სამი სახეობიდან ყველაზე დიდი მავნეობით გამოირჩევა ხორბლის ღეროს ჟანგა (გამომწვევი - *Puccinia graminis f.* sp. Tritici). ბოლო წლებში რამდენიმე ქვეყანაში ახალი, მაღალვირულენტური რასათა ჯგუფის - Ug99 გამოჩენის გამო, განსაკუთრებით აქტუალურია ხორბლის ღეროს ჟანგას პოპულაციის კვლევა (Pretorius et al. 2000:203). ამ რასამ მანამდე გამძლე ჯიშები თითქმის 100%-ით გაანადგურა (Wanyera, 2008:9-11). Ug99 რასის მოძრაობის ტრაექტორიის გათვალისწინებით საქართველო მაღალი რისკის ქვეყნების რიგს მიეკუთვნება. აქედან გამომდინარე, საქართველოსთვის, როგორც ხორბლის სახეობრივი სიმრავლით გამორჩეული ქვეყნისთვის, ღეროს ჟანგას პოპულაციის კვლევა ასევე ძალიან მნიშვნელოვანია.

კვლევის მიზანი და ამოცანები. კვლევის მიზანს წარმოადგენდა საქართველოში გავრცელებული ხორბლის ღეროს ჟანგას პოპულაციის გენეტიკური და მოლეკულური მრავალფეროვნების დახასიათება, პოპულაციის შიგნით მიმდინარე ცვლილებების შესწავლა და მიღებული შედეგების გამოყენება დაავადების კონტროლის მიზნით. აღნიშნული მიზნის მისაღწევად დაგეგმილი იყო შემდეგი ამოცანების შესრულება:

1. ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელების და განვითარების შესწავლა უსქესო და სქესობრივ სტადიაში სხვადასხვა მასპინძელ მცენარეზე;

2. ხორბლის ღეროს ჟანგას გამომწვევი პათოგენის პოპულაციის გენეტიკური მრავალფეროვნების იდენტიფიცირება განვითარების სხვადასხვა ფაზაში;

3. ხორბლის ღეროს ჟანგას გამომწვევი სოკოვანი მიკროორგანიზმის მოლეკულური პოლიმორფიზმის შესწავლა;

4. ღეროს ჟანგასადმი ხორბლის გამძლე გენოტიპების სკრინინგი ადგილობრივი და საერთაშორისო სასელექციო მასალის იმონოლოგიური შეფასების გზით.

კვლევის თეორიული და პრაქტიკული მნიშვნელობა. კვლევის პერიოდში შესწავლილი იქნა საქართველოში ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელებისა და განვითარების ხარისხი, პირველად გაანალიზდა ხორბლის ღეროს ჟანგას გამომწვევის შიდასახეობრივი მრავალფეროვნება, ვირულენტური გენების სტრუქტურისა და მოლეკულური ნიშნის მიხედვით უახლესი მეთოდების გამოყენებით, დადგენილი იქნა ღეროს ჟანგას ქართული პოპულაციის ერთიანობა, გამოვლენილი იქნა არსებული საწარმოო ჯიშებისათვის ,,საშიში ვირულენტობა“, ეფექტური გამძლეობის გენები და გამძლეობის წყაროები. კვლევის შედეგები მეტად ფასეულია თეორიული თვალსაზრისით, კერძოდ *Puccinia graminis* მიკროევოლუციური პროცესების უკეთესად გააზრებისთვის და პრაქტიკული თვალსაზრისით - ხორბლის სელექციაში არსებული ჯიშების გამძლეობის გაუმჯობესების, ახალი გამძლე ჯიშების მიღების მიზნით და წარმოებაში შემოტანილი ახალი ჯიშების მოყვანის მიზანშეწონილობაზე რეკომენდაციების შემუშავებისათვის. მეცნიერული სიახლის შემცველია კვლევის ყველა შედეგი, რადგან წარმოდგენილი დისერტაცია არის ხორბლის ღეროს ჟანგას საქართველოში გავრცელებული პოპულაციის პირველი და ერთადერთი მრავალმხრივი კვლევა ბოლო 50 წლის მანძილზე.

კვლევის ობიექტი, მასალა და მეთოდიკა. კვლევის ობიექტს წარმოადგენდა ხორბლის ღეროს ჟანგას გამომწვევის *Puccinia graminis f. sp. tritici* პოპულაცია, რომელიც წარმოდგენილი იყო საქართველოს სხვადასხვა გეოგრაფიულ ზონაში (შიდა ქართლი, ქვემო ქართლი, კახეთი, მესხეთი, ჯავახეთი) შეგროვებული ნიმუშებიდან გამოყოფილი მონოსპოროვანი იზოლატების სახით.

საკვლევ მასალას წარმოადგენდა ხორბლის ადგილობრივი სასელექციო მასალა (ენდემური სახეობები, ადგილობრივი ჯიშ-პოპულაციები) და საერთაშორისო ორგანიზაციების ICARDA (მშრალი რეგიონების სასოფლო სამეურნეო კვლევის საერთაშორისო ცენტრი) და CIMMYT (სიმინდის და ხორბლის გამოუმჯობესების საერთაშორისო ცენტრი) მიერ მოწოდებული ღეროს ჟანგასადმი გამძლეობის გენების მატარებელი ჯიშ-დიფერენციატორების და იზოგენური ხაზების საერთაშორისო ნაკრები და დაწინაურებული ჰიბრიდული ფორმები, პერსპექტიული ჯიშები და „ხაფანგი“ საერთაშორისო სანერგეები,.

კვლევა მიმდინარეობდა ბათუმის შოთა რუსთაველის უნივერსიტეტის ფიტოპათოლოგიისა და ბიომრავალფეროვნების ინსტიტუტის გამძლეობის გენეტიკის განყოფილებაში ლაბორატორიის, სათბურისა და მინდვრის პირობებში მრავალი საერთაშორისო კლასიკური და თანამედროვე მეთოდების გამოყენებით. პათოგენის პოპულაციის მოლეკულური მარკერებით დახასიათება განხორციელდა აშშ-ის მინესოტას უნივერსიტეტის მარცვლოვანთა დაავადებების ლაბორატორიაში.

ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელების და განვითარების ინტენსივობა დადგენილი იქნა საერთაშორისო სასელექციო ცენტრების მეთოდოლოგიის შესაბამისად (Yahyaoui et al.,2003). მონოეციო- და მონოურედინიალური იზოლატების მიღება, ინოკულუმის დაგროვება, ჯიშ-დიფერენციატორთა ინოკულაცია ხორციელდებოდა საერთაშორისო კლასიკური მეთოდების გამოყენებით (Roelfs et.al; 1992). აღმონაცენის და ზრდასრულ ფაზაში მცენარეების საპასუხო რეაქციის ტიპის და დაავადების განვითარების ინტენსივობის განსაზღვრისას ვხელმძღვანელობდით საერთაშორისო სკალებით (Stakman et al., 1962; Peterson et al.,1948). რასობრივი სტრუქტურის იდენტიფიკაციისას გამოყენებული იყო რასების ჩრდილოეთ ამერიკული ნომენკლატურის სისტემა (Jin et al., 2008). პათოგენის პოპულაციის მოლეკულური დახასიათების მიზნით გამოყენებული იქნა ერთ-ნუკლეოტიდური პოლიმორფიზმის (SNP) გენოტიპირების Infinium Assay მეთოდი და კომპანია „Illumina“ სტანდარტული პროტოკოლი (Illumina, San Diego, CA).

პოპულაციის გენეტიკური ცვალებადობის მაჩვენებლები გამოთვლილი იქნა სხვადასხვა მეთოდების საშუალებით (Айала, 1984; Животовский, 1982, Growth and Roelfs, 1987). პოპულაციის გენეტიკური მრავალფეროვნების კლასტერული ანალიზი ჩატარდა UPGMA მეთოდის და NTSYSpc 2.01, Systat 10 კომპიუტერული პროგრამების გამოყენებით (SPSS Ine., Chicago,IL; Applied Biostatistics Inc., UUS). ერთ-ნუკლეოტიდიანი პოლიმორფიზმების გენოტიპირების შედეგების სტატისტიკური ანალიზი ჩატარდა ნეის გენეტიკური დისტანციის ინდექსის საფუძველზე (Nei, 1978; Saitou and Nei, 1987) სპეციალური კომპიუტერული პროგრამის (version 3.12; R Core Team, 2014) "Poppr" პაკეტის გამოყენებით (Kamvar et al., 2014).

ნაშრომის სტრუქტურა. სადისერტაციო ნაშრომი მოიცავს კომპიუტერზე ნაბეჭდ 158 გვერდს, შედგება: შესავლის, ლიტერატურის მიმოხილვის, კვლევის მეთოდების, კვლევის შედეგების, დასკვნების, რეკომენდაციების და გამოყენებული ლიტერატურისგან. ნაშრომში გაანალიზებულია 12 ქართული და 138 უცხოური წყარო.

კვლევის შედეგების აპრობაცია. 2013-2016 წლებში კვლევის შედეგები გამოქვეყნებულია 2 ადგილობრივ და 4 საერთაშორისო რეცენზირებად სამეცნიერო ჟურნალში და სასტენდო მოხსენებების სახით წარმოდგენილი იყო თურქეთში, ინდოეთში, მექსიკასა და ავსტრალიაში ჩატარებულ საერთაშორისო კონფერენციებსა და ვორკშოპებზე:

- საერთაშორისო სამეცნიერო-პრაქტიკული კონფერენცია - ,,ბორლაუგის ჟანგების გლობალური ინიციატივა'' (ობრეგონი, მექსიკა, 2014 წ.)
- საერთაშორისო კონფერენცია - ,,მცენარეთა სელექციის საერთაშორისო კონგრესი'' (ანტალია, თურქეთი, 2014 წ.)
- BGRI-ის 2013 წლის საერთაშორისო კონფერენცია და ვორკშოპი (ნიუ-დელი, ინდოეთი, 2013 წ.)
- საერთაშორისო სამეცნიერო კონფერენცია - ,,ინოვაციური ტექნოლოგიები აგრარული სექტორის მდგრადი და უსაფრთხო განვითარებისათვის'' (თბილისი, 2013 წ.)

თავი 1. კვლევის შედეგები და განხილვა

1.1 საქართველოში ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელება 2012-2015 წლებში

ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელების შესწავლის მიზნით, 2012-2015 წლებში საქართველოს ტერიტორიაზე ჩატარდა 15 საველე ექსპედიცია, რომელიც მოიცავდა საქართველოს ხუთ გეოგრაფიულ ზონას (შიდა ქართლი, ქვემო ქართლი, კახეთი, მესხეთი, ჯავახეთი) და 17 რაიონს (გორი, ქარელი, მცხეთა, დუშეთი, კასპი, ხაშური, ბორჯომი, მარნეული, გარდაბანი, დედოფლისწყარო, სიღნაღი, საგარეჯო, თელავი, ახალქალაქი, ახალციხე, ასპინძა და ადიგენი). ჟანგების გამოსავლენად განხორციელდა ფერმერული მეურნეობებისა და გზის პირებში არსებული კომერციული ნათესების და ჯიშთა გამოცდის სასელექციო ნაკვეთების ვიზუალური დათვალიერება. სულ გამოკვლეული იქნა 224 ხორბლის მინდორი. დიდი ზომის ფართობები (10-20 ჰა) ძირითადად დაკავებული იყო კომერციული ჯიშებით: ბეზოსტაია 1, კრასნოდარსკაია 99, ჯაგერი, ლომთაგორა 123. სასელექციო ნაკვეთებზე წარმოდგენილი იყო სხვადასხვა წარმოშობის კომერციული და პერსპექტიული ჯიშები, დაწინაურებული და სელექციის საწყის ეტაპზე მყოფი ნიმუშები. მარცვლოვანთა ნაკვეთების დათვალიერების დროს დადგენილი იქნა ღეროს ჟანგას გავრცელების არეალი და განვითარების ინტენსიობა.

აღნიშნულ წლებში ხორბლის მინდვრების ღეროს ჟანგათი ინფიცირების საშუალო მაჩვენებლების მიხედვით ინფიცირებული მინდვრების რიცხვი მესხეთში მაღალი იყო (64.7%), ხოლო დანარჩენ გამოკვლეულ ზონაში: შიდა ქართლში, ქვემო ქართლსა და ჯავახეთში საშუალო მაჩვენებელი აღინიშნა. მათ შორის, ყველაზე მეტი მინდორი დაავადდა შიდა ქართლში (35.2%). ამ ფაქტის ახსნა იმით შეიძლება, რომ ახალციხეში, ადიგენში, დუშეთში, ბორჯომის ხეობაში უხვადაა კოწახურის ბუჩქები, რაც ღეროს ჟანგას განვითარების წინაპირობას წარმოადგენს.

დაავადებული მინდვრების თითქმის თანაბარი რაოდენობა (25.4-26.7%) იქნა აღრიცხული ქვემო ქართლსა და ჯავახეთში. ინფიცირებული მინდვრების რიცხვი ყველაზე დაბალი (8.4%) იყო კახეთში, სადაც უფრო ხშირად გამოიყენებოდა ფუნგიციდები.

ცხრილი 1. ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელება საქართველოს სხვადასხვა გეოგრაფიულ ზონაში 2012-2015 წლებში

ღეროს ჟანგათი ინფიცირებული ხორბლის მინდვრების რაოდენობა, %						სულ
წლები	გეოგრაფიული ზონა					
	შიდა ქართლი	ქვემო ქართლი	კახეთი	მესხეთი	ჯავახეთი	
2012	57.1	33.3	7.1	85.7	50.0	45.6
2013	24.0	33.0	6.6	50.0	1.0	20.8
2014	31.3	16.7	20.0	42.9	16.7	23.2
2015	28.4	18.8	0.0	80.0	50.0	35.4
საშუალო	35.2	25.4	8.4	64.7	26.7	32.0

როგორც ცხრილი 1-დან ჩანს, მიუხედავად იმისა, რომ 2012 წლის სავეგეტაციო პერიოდი არახელსაყრელი იყო როგორც ხორბლის, ისე ჟანგების განვითარებისათვის, სწორედ 2012 წელს დაფიქსირდა გამოკვლეული ხორბლის მინდვრების ღეროს ჟანგათი ინფიცირების ყველაზე მაღალი საშუალო მაჩვენებელი (45.6%), თუმცა დაავადების გავრცელების და განვითარების საშუალო ინტენსივობა დაბალი იყო (8.4% და 9.3%), განსაკუთრებით კი, კახეთში, ურწყავ ადგილებში (1%). 2012 წელს თითქმის ყველა გამოკვლეულ რაიონში მაღალი იყო ჰაერის მაქსიმალური ტემპერატურის საშუალო მაჩვენებელი, რომელიც მერყეობდა ზონების მიხედვით 20-26^{0}C ფარგლებში (http://meteo.gov.ge/hydrometeorology). აქედან გამომდინარე, ძალიან ცხელი, გვალვიანი ამინდის გამო, აპრილ-მაისის განმავლობაში ძალიან შეიზღუდა ყვითელი და მურა ჟანგას განვითარება, რამაც გარკვეულწილად ხელი შეუწყო ღეროს ჟანგას განვითარებას (Sikharulidze et.al.,2015b), რომელიც, როგორც წესი, უფრო გვიან გამოვლინდება. 2013 და 2014 წლებში თითქმის ერთნაირი და წინა წელთან შედარებით დაბალი იყო ღეროს ჟანგათი დაავადებული მინდვრების საშუალო რიცხვი - 20.8% და 23.2%, შესაბამისად. ასევე, ძალიან დაბალი იყო

დაავადების გავრცელების და განვითარების ინტენსივობის საშუალო მაჩვენებლები: შესაბამისად, 2.6% და 4.4% იყო 2013 წელს, 3.1% და 4.0% - 2014 წელს და 3.1 და 2.8 - 2015 წელს. 2013-2014 წლებში ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელების დაბალი დონე გარდა ნაკლებად ხელსაყრელი კლიმატური პირობებისა შეიძლება იმითაც აიხსნას, რომ მარცვლოვანთა კომერციული ფართობების დიდი ნაწილი დამუშავებული იყო ფუნგიციდებით. დაავადების გავრცელების და განვითარების ყველაზე მაღალი საშუალო ინტენსივობა აღირიცხა მესხეთის ზონაში (30.4% და 35%) 2012 წელს, 12.5% და 14.4% - 2013 წელს, 6.5% და 7.1% - 2014 წელს და 3.8% და 3.0% - 2015 წელს (ცხრ. 2).

ცხრილი 2. ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელების და განვითარების საშუალო ინტენსივობა, %

გეოგრაფიული ზონა	**2012 წელი**		**2013 წელი**		**2014 წელი**		**2015 წელი**		
	გავრცელება %	**განვითარება %**	**გავრცელება %**	**განვითარება %**	**გავრცელება %**	**განვითარება %**	**გავრცელება %**	**განვითარება %**	**საშუალო**
შიდა ქართლი	9.4	8.5	0.3	1.6	1.4	3.1	6.6	5.5	4.5
ქვემო ქართლი	0.5	0.8	0.3	5	0.2	0.7	0.5	0.5	0.4
კახეთი	1.3	1.4	0.1	1	2.9	3.8	0	0	1.1
მესხეთი	30.4	35.0	12.5	14.4	6.5	7.1	3.8	3.0	13.3
ჯავახეთი	0.5	1.0	0.2	0.4	4.2	5.5	4.8	5.1	2.4
საშუალო	**8.4**	**9.3**	**2.6**	**4.4**	**3.0**	**4.0**	**3.1**	**2.8**	

გამოკვლეული იქნა ხორბლის ღეროს ჟანგას შუამავალი მასპინძელი მცენარის, კოწახურის - *Barberry vulgaris* ველურად მოზარდი ნარგაობები ახალციხეში, ადიგენში, ბორჯომსა და დუშეთში. კოწახურის ბუჩქებზე აღნიშნული იქნა ღეროს ჟანგას ეციალური სტადიის განვითარების მაღალი ინტენსივობა: 60-100%.

ამრიგად, საქართველოში ღეროს ჟანგას სქესობრივი სტადია ვითარდება შუამავალ მასპინძელ მცენარეზე - კოწახურზე და ვეგეტატიური სტადია ვითარდება ხორბალზე. საშუალო მაჩვენებლების მიხედვით დაავადების გავრცელების და განვითარების დონე დაბალი იყო საქართველოში. ღეროს ჟანგასთვის დამახასითებელი გავრცელების ვერტიკალური ზონალობა ხელს უწყობს საწყისი ინფექციის ანუ ურედინიოსტადიის შენარჩუნებას და ხელსაყრელ პირობებში მის დაგროვებას.

თავი 1.2. ხორბლის ღეროს ჟანგას პოპულაციის გენეტიკური მრავალფეროვნების იდენტიფიკაცია

1.2.1. ურედინიოპოპულაციის რასობრივი და გენეტიკური სტრუქტურა

2012-2015 წლებში საქართველოს სხვადასხვა გეოგრაფიულ ზონაში, 14 რაიონში არსებული ხორბლის საწარმოო ნათესებიდან, ჯიშთა გამოცდის ნაკვეთებიდან და სელექციური სანერგეებიდან შეგროვებული იქნა 81 ურედინიო ნიმუში. ცალკეული ნიმუშიდან გამოყოფილი იქნა 3-5 მონოსპოროვანი იზოლატი, სულ - 350 იზოლატი.

როგორც ცხრილი 3-დან ჩანს, სულ 2012-2015 წლებში საქართველოს ტერიტორიაზე გავრცელებული *Puccinia graminis* პოპულაციაში იდენტიფიცირებული იქნა 41 რასა. მათგან სამი რასა PRCQP (14.5%), PKPTF (13.1%) და PRCTF (12.0%) შეადგენდა პოპულაციის ძირითად ნაწილს. შემდეგი ცხრა რასის: PKFTC, PRCQF, PCHTP, TKFTF, TKPTF, TTRTF, TKTTF, PKPTC, TKFTC შემცველობა პოპულაციაში 9.4-2.6%-ს შეადგენდა. დანარჩენი 29 რასა ძალიან დაბალი (0.3-2.9%) სიხშირით იყო გავრცელებული პოპულაციაში.

ცხრილი 3. ხორბლის ღეროს ჟანგას რასების სიხშირე *P.graminis* ურედინიოპოპულაციაში 2012-2015 წლებში

№	რასა	ვირულენტობის ფორმულა (ავირულენტური/ვირულენტური გენები)	იზოლატები	
			ცალი	%
1	PRCQP	*21,8a,36,30, 9b,10,11,Tmp, 31/ 5,9e,7b, 6, 9g, 17,9a,9d, 24,38,McN*	51	14.5
2	PKPTF	*21, 9b, 11, 24, 31,36, 38/5,9e,7b, 6,8a,9g, 30, 17, 9a,9d, 10, Tmp, McN*	46	13.1
3	PRCTF	*21,8a,36,9b,30,24,31/5,9e,7b,11,6, 9g, 17, 10, 9a, 9d, Tmp, 38,McN*	42	12.0
4	PKFTC	*11, 9b,24, 31, 36, 38/21,5,9e,7b,6, 8a, 9g, 30,17, 10, 9a, 9d, Tmp, McN*	33	9.4
5	PRCQF	*21,8a,36,9b,10,Tmp, 30,31/ 5,9e, 7b,11,6, 9g, 17,9a,9d, 38,McN*	21	6.0

6	PCHTP	*21,8a, 11,6, 36,30, 31/ 5,9e,7b, 9g, 9b, 17,9a,9d, 10, Tmp, 24,38,McN*	20	5.7
7	TKFTF	*11,24,31/5,21,9e,7b, 6, 8a,9g, 9b, 36,30,10,17,9a,9d, Tmp,38,McN*	19	5.4
8	TKPTF	*11,24,31/5,21,9e,7b, 6, 8a,9g, 9b, 36,30,10,17,9a,9d, Tmp,38,McN*	13	3.7
9	TTRTF	*30, 24,31/5,21,9e,7b,11,6,8a,9g,36,9b,17,9a,9d,10, Tmp, 38,McN*	13	3.7
10	TKTTF	*11, 9b,24, 31, 38 /5,21,7b, 9e,6,8a,9g,9b,30, 36, 17, 9a, 9d, 10,Tmp,38,McN*	10	2.9
11	PKPTC	*21, 11, 9b,24, 31, 38 /5,9e,7b,6, 8a, 9g, 10, 17, 9a,9d, 36, 30, Tmp,McN*	9	2.6
12	TKFTC	*11, 9b,24, 31, 36, 38/21,5,9e,7b,6, 8a, 9g, 30,17, 10, 9a, 9d, Tmp, McN*	9	2.6
13	PRCTC	*21,8a,36,9b,30,24,31,38/5,9e,7b,11,6, 9g, 17, 9a,9d, 10, Tmp,McN*	6	2.0
14	PTCTF	*21,36,9b,30,24,31/5,9e,7b,11,6, 8A,9g, 17,9a,9d, 10,Tmp, 38,McN*	5	1.4
15	TRTQF	*21,8a, 10,Tmp, 24, 31/5,9e,7b,21, 11, 6, 9g, 36,9b,30, 17,9a,9d, 38,McN*	5	1.4
16	TRCQP	*21,8a, 11,6, 36,30, 31/5,9e,7b, 9g, 9b, 17,9a,9d, 10, Tmp, 24,38,McN*	4	1.1
17	PHCTF	*21,11,8a,36,9b,30,24,31/5,9e,7b, 6, 9g, 17,9a,9d,10, Tmp, 38,McN*	4	1.1
18	PRCTP	*21, 8a, 36,9b, 31/5,9e,7b, 11,6, 9g, 30,17,9a,9d,10,Tmp, 24,38,McN*	3	0.9
19	PRMQF	*21,8a, 9b,10,Tmp24,30,31 /5,9e, 7b,11,6, 9g, 36,17,9a,9d, 38,McN*	3	0.9
20	PTCTM	*21,36,9b,30, 31/5,9e,7b,11,6, 8A,9g, 17,9a,9d,10,Tmp,38, 24,McN*	3	0.9

21	MRCQP	*21, 9e,9b, 8a, 30,36, 10,31 Tmp/5, 7b, 6, 11,9g, 17, 9a,9d, 24, 38,McN*	3	0.9
22	PKTTF	*21,11,8a,24,31/5,9e,7b,6,9a,9d,9g,10,Tmp,36,9b,30,17,38,McN*	3	0.9
23	PHHTF	*21,11,8a,36,30,24,31,38/5,9e,7b, 6, 9g, 9b , 17, 9a, 9d, 10, Tmp, 38, McN*	2	0.6
24	TRCQF	*8a,36,9b,10,Tmp, 30,31/21,5,9e, 7b,21, 11, 6, 9g, 17,9a,9d, 24, 38,McN*	2	0.6
25	PRTQF	*21, 8a,10,Tmp,24,31/5, 9e,7b, 11,6, 9g, 9b,36,30, 17,9a,9d, 38,McN*	2	0.6
26	MRKTF	*21, 9e,8a,24, 36, 31/5, 7b, 11,6, 9g, 9b, 30,17,9a,9d, 10, Tmp,38,McN*	2	0.6
27	PRTSF	*21,8a, Tmp,24,31/5,9e,7b,11, 6, 9g, 36,9b,30,17,10,9a,9d, 38,McN*	2	0.6
28	TKKTF	*11, 9b,24, 36,31/5,21,7b,9e, 6,8a,9g,9b,30,17,9a, 9d,10,Tmp, 38,McN*	2	0.6
29	PRCQM	*21,8a,36,30, 9b,10,11, Tmp, 31/ 5,9e,7b, 6, 9g, 17,9a,9d, 24,38,McN*	1	0.3
30	PCKTF	*21, 11, 6, 8a, 36,24, 31/5,9e,7b, 9g, 9b,10, 17, 9a,9d, 30, Tmp,38,McN*	1	0.3
31	MMKTF	*21, 9e,8a, 6, 24, 36, 31/5, 7b, 11, 9g, 9b, 30,17,9a,9d, 10, Tmp, 38,McN*	1	0.3
32	PRFQM	*21, 8a, 9e,11, 9b,10, 24, 30, 36, Tmp, 31/5, 7b, 6,9g, 17, 9a,9d, 38,McN*	1	0.3
33	PKFTP	*21, 11, 9b, 31 ,36 /5,9e,7b,6, 8a, 9g, 10, 17, 9a,9d, 30, Tmp, 24, 38 ,McN*	1	0.3
34	PRFRF	*21, 8a, 9e,11, 9b,10, 24, 30, 36, Tmp, 31/5,9e,7b,11,6, 9g,30, 17,9a,9d,Tmp,38,McN*	1	0.3
35	PHFTP	*21, 8a, 11, 9b,10, 36, Tmp, 31/5,9e,7b,6,9g, 30,17,9a,9d,10,Tmp,24,38,McN*	1	0.3
36	PMCQF	*21,11,8a, 36, 30, 9b,10,Tmp, 24,31/5,9e,7b, 6, 9g, 17, 9a, 9d,*	1	0.3

		38, McN		
37	PRCTM	*21,36,9b,30, 38,31/5,9e,7b,11,6, 9g, 17,9a,9d,10,Tmp, 24, McN*	1	0.3
38	PCPSF	*21, 11,6, 9b, 8a, , 24, Tmp, 31 /5, 9e, 7b, 9g, 36,30,17,9a, 9d, 10, 38, McN*	1	0.3
39	TRDSC	*36,9b,30, Tmp,24, 38,31/5,21,9e, 7b,11,6,9g,30,9a,9d, 10, McN*	1	0.3
40	NCCTM	*21, 7b, 11,6, 8a, 36,30, 9b/5, 9e, 9g,17, 9a,9d, 10, Tmp, 24, 38,*	1	0.3
41	TRTTF	*11, 9b,24, 31 /5,21,7b, 9e,6,8a,9g,9b,30, 36, 17, 9a, 9d, 10,Tmp,38,McN*	1	0.3
სულ 41 რასა			350	

2012-2015 წლების კვლევის შედეგების ანალიზით გამოვლინდა 12 გამძლეობის გენის (*Sr5, Sr6, Sr7b, Sr9a, Sr9d, Sr9e, Sr9g, Sr10, Sr17, Sr38, Sr Tmp, Sr McN*) მიმართ ვირულენტური იზოლატების ძალიან მაღალი - 75.7-100% რიცხვი. ასევე მაღალი იყო *Sr36* (40,3%), *Sr8a*(45.7%), *Sr30*(49.7%) და *Sr11*(52.3%) გამძლეობის გენებისადმი ვირულენტური იზოლატების კონცენტრაცია პოპულაციაში. გაანალიზებული იზოლატების 28.3% ვირულენტური იყო *Sr9b*-დმი, 26.9% - *Sr24* და 22.1% - *Sr21* გამძლეობის გენისადმი (ცხრ.4). კვლევის მანძილზე არ დაფიქსირებულა მხოლოდ Sr31-დმი ვირულენტობა.

ცხრილი 4. ვირულენტობის იზოლატების სიხშირე *P.graminis* ურედინიოპოპულაციაში 2012-2015 წლებში

გამძლეობის გენები	გაანალიზებული იზოლატების რაოდენობა	
	ცალი	%
Sr 5	350	100.0
Sr 6	324	92.6
Sr 7b	348	99.4
Sr 8a	160	45.7
Sr 9a	348	99.4

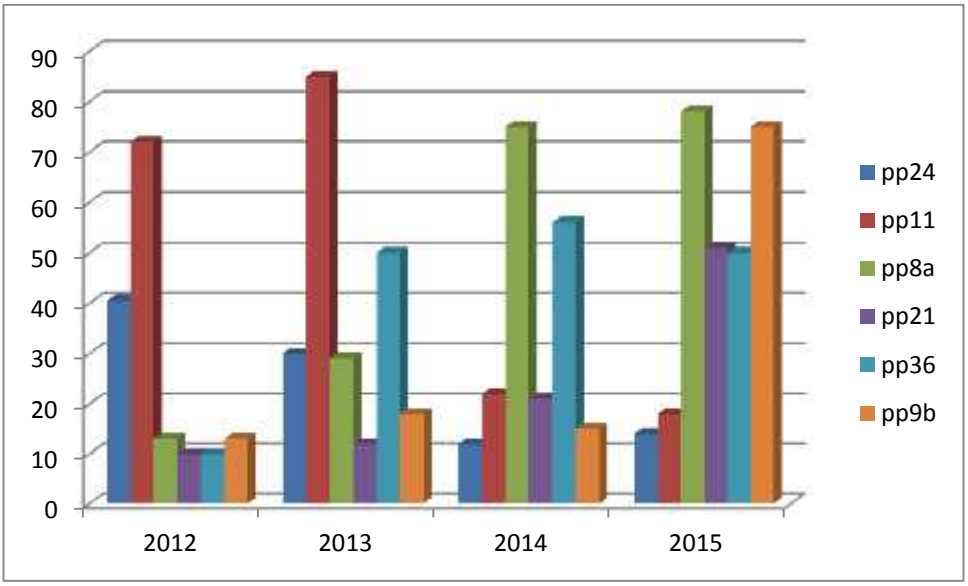
Sr 9b	99	28.3
Sr 9e	330	94.3
Sr 9d	348	99.4
Sr 9g	350	100.0
Sr 10	270	77.1
Sr 11	187	52.3
Sr 17	350	100.0
Sr 21	77	22.0
Sr 24	94	26.9
Sr 30	174	49.7
Sr 31	0	0
Sr 36	141	40.3
Sr 38	296	84.6
Sr TmP	265	75.7
Sr McN	350	100.0

ხორბლის ღეროს ჟანგას ურედინიოპოპულაციის ვირულენტური, რასობრივი და პათოტიპური სტრუქტურის სტატისტიკური ანალიზის, მიხედვით 2012-2015 წლებში პოპულაციაში მაღალი პოლიმორფობის პირობებში იდენტიფიცირებული იყო საშუალოდ 14 ვირულენტობის გენი (Fv-13.9) და 31 რასა (μ-31.2±0.9). იშვიათი რასების წილი (h-0.24±0.02) პოპულაციის 26.3% შეადგენდა, პოპულაციის მრავალფეროვნების დონე დაბალია (გლისონის ინდექსის - H_G= 0.11).

გამოკვლევის წლების მიხედვით ვირულენტობის გენების უმრავლესობის შეხვედრის სიხშირე გამოკვლევის წლების მიხედვით არსებითად არ შეცვლილა. გამონაკლისს წარმოადგენდა ზოგიერთი ვირულენტობის გენი. კერძოდ, 2015 წლისთვის *Sr9b* გამძლეობის გენისადმი ვირულენტური იზოლატების სიხშირე გაიზარდა 13.5%-დან

75.6%-მდე, *Sr21* გენისადმი ვირულენტური იზოლატების სიხშირე გაიზარდა 10.4%-დან 51.4%-მდე. ასევე, გაიზარდა *Sr8a* (12.5-78.4%) და *Sr36*(10-50%) გენებისადმი ვირულენტობაც. ხოლო *Sr24* და *Sr11* გენებისადმი ვირულენტობა შემცირდა, შესაბამისად, 40.5%-დან 13.5%-მდე და 85%-დან 17.6%-მდე (დიაგრამა 1).

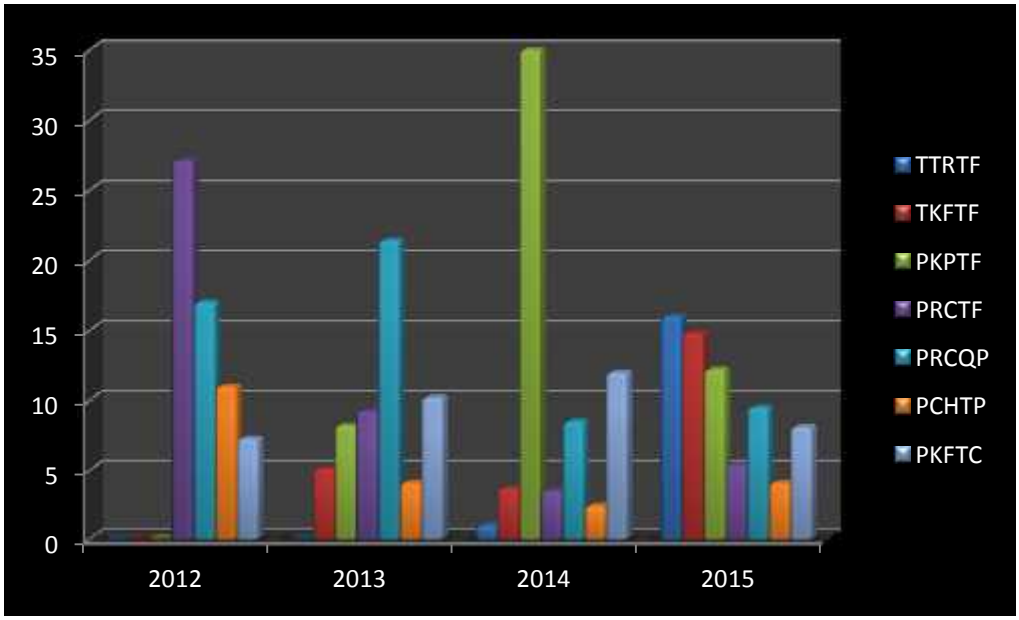
დიაგრამა 1. ცვლადი სიხშირის ვირულენტობის გენების დინამიკა წლების მიხედვით



ოთხწლიანი კვლევის განმავლობაში პათოგენის პოპულაციაში იდენტიფიცირებული რასობრივი სტრუქტურის ერთმანეთთან შედარების შედეგად აღმოჩნდა, რომ 2012 და 2014 წლებში ღეროს ჟანგას პოპულაციაში დომინირებული რასები PRCTF და PKPTF უფრო მაღალი სიხშირით (35% და 27%) იყო წარმოდგენილი, ვიდრე 2013 და 2015 წლებში იდენტიფიცირებული დომინანტი რასები: PRCQP(21%) და TTRTF(16%). ყოველ წელს თითქმის თანაბრად და შედარებით მაღალი სიხშირით იყო გავრცელებული რასა - PRCQP. ყველაზე მაღალი ინტენსივობით კი იგი გავრცელებული იყო 2013 წელს. როგორც დიაგრამა 2-დან ჩანს, 2015 წლისთვის PRCTF, PRCQP და PCHTP რასების სიხშირე შემცირდა, ხოლო რასა TKFTF-ის რაოდენობა გაიზარდა. 2015 წლის პოპულაციაში პრევალირებდა მანამდე იშვიათი რასები TTRTF და TKFTF, რაც შეიძლება აიხსნას

აღნიშნული რასების ეკოლოგიური თავისებურებებით და პოპულაციაზე მოქმედი ბუნებრივი გადარჩევის სხვადასხვა ფაქტორებით.

დიაგრამა 2. რასების დინამიკა წლების მიხედვით



ვირულენტობის ფაქტორის - Fv მაჩვენებლების თანახმად (ცხრ.5) ღეროს ჟანგას პოპულაცია ერთანაირად მაღალვირულენტური აღმოჩნდა 2014 (Fv=14.6) და 2015 წლებში (Fv=14.9). ყველაზე მაღალი პოლიმორფობა P=0.7 და შესაბამისად, ყველაზე მაღალი გენეტიკური მრავალფეროვნება (H_G=0.26; μ=20.2±1.4) აღირიცხა 2013 წელს. მიუხედავად იმისა, რომ 2013 წლის პოპულაცია უფრო მაღალი მრავალფეროვნების დონით გამოირჩევა, ვიდრე 2012 (H_G=0.19; μ=14.7±0.8) და 2014 წლის (H_G=0.21; μ=13.5±0.8) პოპულაცია, იშვიათი რასების წილი (h=0.25-0.27) სამივე წელს თითქმის ერთნაირი იყო.

ცხრილი 5. ხორბლის ღეროს ჟანგას ურედინიოპოპულაციის ცვალებადობის მაჩვენებლები

გამოკვლევის წლები	პოპულაციის ცვალებადობის ხარისხის მაჩვენებლები				
	Fv	P	μ	h	H_G
2012	12.7	0.6	14.7±0.8	0.27±0.05	0.19
2013	13.4	0.7	20.2±1.4	0.25±0.14	0.26
2014	14.6	0.5	13.5±0.8	0.25±0.05	0.21
2015	14.9	0.6	12.5±0.5	0.11±0.04	0.18

სხვადასხვა გეოგრაფიულ ზონაში გავრცელებული პოპულაციების ვირულენტური და რასობრივი სტრუქტურის შედარებისას აღმოჩნდა, რომ *Sr5, Sr6, Sr7b, Sr8a, Sr9a, Sr9d, Sr9e, Sr9g, Sr10, Sr11, Sr17, Sr30, Sr36, Sr38, SrTmP, SrMcN* გამძლეონის გენებისადმი ვირულენტური იზოლატები მაღალი სიხშირით იყო წარმოდგენილი ყველა ზონაში. *Sr21* გამძლეობის გენისადმი ვირულენტობა მხოლოდ ქვემო ქართლსა და კახეთში არ იქნა იდენტიფიცირებული, დანარჩენ ზონებში ის საშუალო სიხშირით იყო გავრცელებული. ყველა ზონაში მაღალი ეფექტურობით გამოირჩეოდა გამძლეობის გენი *Sr9b*(13.2-24.7%), რომლისადმი ვირულენტური იზოლატები არ აღრიცხულა მხოლოდ ქვემო ქართლის პოპულაციაში. ასევე, არც ერთ ზონაში არ იქნა იდენტიფიცირებული *Sr31* გამძლეობის გენისადმი ვირულენტური იზოლატები. მაღალი ვირულენტობის დონით გამოირჩეოდა მესხეთის და ჯავახეთის ზონა (ცხრ 6).

ცხრილი 6. ვირულენტური იზოლატების სიხშირე გეოგრაფიული ზონების მიხედვით

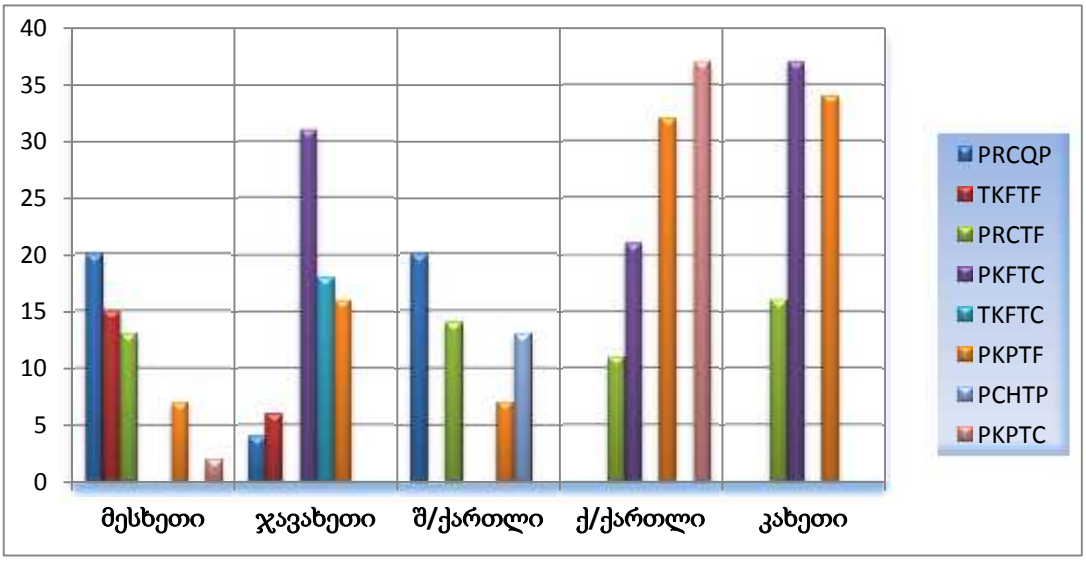
გამძლეობის გენები	ვირულენტური იზოლატების შეხვედრის სიხშირე, %				
	გეოგრაფიული ზონები				
	მესხეთი	ჯავახეთი	შიდა ქართლი	ქვემო ქართლი	კახეთი
Sr 5	100	100	100	100	100

Sr 6	100	100	82.3	89.5	78.9
Sr 7b	100	100	94.7	100	100
Sr 8a	40.4	95.9	22.0	89.5	78.9
Sr 9a	100	100	100	100	100
Sr 9b	18.1	14.4	24.7	0	13.2
Sr 9e	97.9	100	94.7	100	100
Sr 9d	100	100	100	100	100
Sr 9g	100	100	100	100	100
Sr 10	65.9	95.9	60.0	100	100
Sr 11	53.2	8.2	66.0	10.5	21.1
Sr 17	100	100	100.0	100	97.3
Sr 21	22.3	46.9	17.3	0	0
Sr 24	24.5	6.1	41.3	0	0
Sr 30	38.3	91.8	21.3	89.5	84.2
Sr 31	0	0	0	0	0
Sr 36	20.2	48.9	22.7	68.4	52.6
Sr 38	94.5	51.0	97.3	42.1	63,2
Sr TmP	65.9	95.9	59.3	100	71.1
Sr McN	100	100	100	100	100

როგორც დიაგრამა 3-დან ჩანს, ყველა ზონაში გავრცელებული იყო რასა PKPTF, ამასთან, იგი ქვემო ქართლსა და კახეთში მეორე ადგილზე იყო გავრცელების სიხშირით. რასა PRCQP დომინირებს მესხეთსა და შიდა ქართლში, ჯავახეთში მისი სიხშირე დაბალია (4%) და დანარჩენ ზონაში კი, იგი საერთოდ არ გამოვლენილა. რასა PRCTF თითქმის ერთნაირი სიხშირით (12-16%) იყო გავრცელებული ყველა ზონაში ჯავახეთის გარდა, სადაც ის არ იქნა აღრიცხული. რასა PKPTC მხოლოდ ორ ზონაში იქნა ნაპოვნი:

ქვემო ქართლში მას გაბატონებული ადგილი ეჭირა (37%), ხოლო მესხეთში ძალიან დაბალი სიხშირით იყო გავრცელებული.

დიაგრამა 3. დომინირებული რასების გავრცელება გეოგრაფიული ზონების მიხედვით



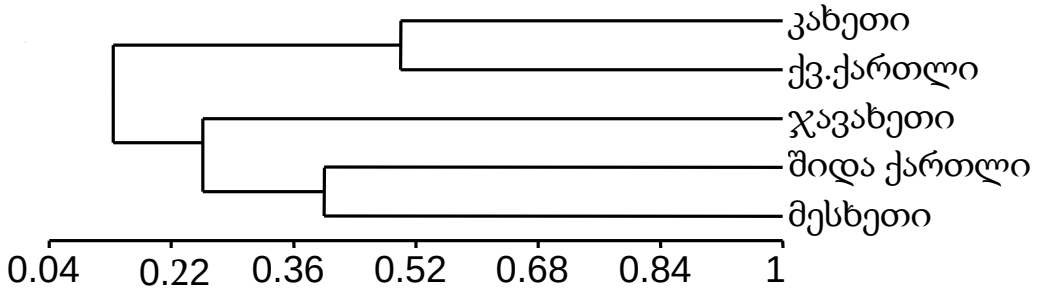
ცალკეულ გეოგრაფიულ ზონაში (მესხეთი, ჯავახეთი, შიდა ქართლი, ქვემო ქართლი, კახეთი) გავრცელებული ღეროს ჟანგას პოპულაციის ვირულენტობის და ცვალებადობის დონის დადგენის მიზნით გამოთვლილი ძირითადი მაჩვენებლების (Fv - ვირულენტობის ფაქტორი, P - პოლიმორფობა, μ - რასების ანუ პათოტიპთა საშუალო რიცხვი, პოპულაციის მრავალფეროვნების კოეფიციენტი, იშვიათი რასების ან პათოტიპების რიცხვი, h - იშვიათი რასების რიცხვი) მიხედვით, შედარებით მაღალი ვირულენტობით გამოირჩეოდა ჯავახეთის პოპულაცია, რომელშიც საშუალოდ 14 ვირულენტობის გენი აღირიცხა. ყველაზე მაღალი გენეტიკური მრავალფეროვნების კოეფიციენტი და პოპულაციაში იდენტიფიცირებული რასების საშუალო რიცხვი გამოვლინდა შიდა ქართლისა (18.5±1) და მესხეთის (15.1±0.8) პოპულაციაში. პათოტიპების ყველაზე უფრო დაბალი მრავალფეროვნება დაფიქსირდა კახეთსა (H_G -0.11; μ -4.0±0.3) და ქვემო ქართლის პოპულაციაში (H_G - 0.16; μ - 3.2±0.3) (ცხრ.7).

ცხრილი 7. ხორბლის ღეროს ჟანგას ურედინიოპოპულაციის ცვალებადობის მაჩვენებლები გეოგრაფიული ზონების მიხედვით

გეოგრაფიული ზონა	ურედინიოპოპულაციის ცვალებადობის მაჩვენებლები				
	Fv	P	μ	h	H_G
მესხეთი	13.5	0.6	15.1±0.8	0.8±0.04	0.19
ჯავახეთი	14.6	0.5	6.3±0.7	0.4±0.06	0.18
შიდა ქართლი	13.0	0.7	18.5±1	0.5±0.04	0.19
ქვემო ქართლი	13.8	0.3	3.2±0.3	0.2±0.09	0.16
კახეთი	13.6	0.4	4.0±0.3	0.2±0.06	0.11

სხვადასხვა გეოგრაფიული ზონის პოპულაციებს შორის რასობრივი ანუ პათოტიპური მსგავსების დასადგენად გამოთვლილი იქნა ჯაკარდის მსგავსების კოეფიციენტი, რომლის საფუძველზე შეიქმნა სხვადასხვა გეოგრაფიული ზონის პოპულაციებს შორის მსგავსების მატრიცა და აგებული იქნა დენდროგრამა (სურ.1).

სურათი 1. ღეროს ჟანგას გეოგრაფიულ პოპულაციებს შორის მსგავსების დენდროგრამა



დენდროგრამიდან ჩანს, რომ რასობრივი შემადგენლობის მიხედვით უფრო მეტი მსგავსება იყო კახეთისა და ქვემო ქართლის (0.50) პოპულაციებს შორის. ასევე, შედარებით მსგავსია შიდა ქართლის და მესხეთის (0.40) პოპულაციები. განცალკევებულ შტოს ქმნის ჯავახეთის პოპულაცია, რომელიც ოდნავ დაშორებულია დანარჩენი პოპულაციებისაგან. გამონაკლისს წარმოადგენს მესხეთის პოპულაცია, რომელთანაც უფრო მეტი საერთო აქვს ჯავახეთის პოპულაციას. ასევე, ძალიან განსხვავებული აღმოჩნდა კახეთის პოპულაცია შიდა ქართლის და მესხეთის პოპულაციებისგან.

ამრიგად, 2012-2015 წლებში საქართველოს სხვადასხვა გეოგრაფიულ ზონაში გავრცელებული ხორბლის ღეროს ჟანგას გამომწვევის *P.graminis* ურედინიოპოპულაცია მაღალი ვირულენტობით ხასიათდებოდა. შესწავლილი 20 გამძლეობის გენიდან მასში აღრიცხული იქნა 19 გამძლეობის გენისამდი ვირულენტობა. ღეროს ჟანგას ქართულ პოპულაციაში არ იქნა იდენტიფიცირებული *Sr31* გამძლეობის გენის შემცველი იზოგენური ხაზი *Sr31/6*LMPG*-დმი ვირულენტობა. ეს უკანასკნელი 1999 წელს იქნა პირველად აღრიცხული უგანდაში (Pretorius et.al, 2000) და მომდევნო წლებში მეზობელ ქვეყნებშიც გავრცელდა. BGRI მონაცემების თანახმად Ug99 რასის მოძრაობის ტრაექტორიის გათვალისწინებით საქართველო მაღალი რისკის ქვეყნების რიცხვს მიეკუთვნება (Anonymous, 2008). ამჟამად მსოფლიოში გავრცელებული Ug99 რასის 12 ვარიანტიდან არც ერთი არ იქნა იდენტიფიცირებული ღეროს ჟანგას ქართულ პოპულაციაში.

1.2.2. ეციოპოპულაციის რასობრივი და გენეტიკური სტრუქტურა

2013-2014 წლებში გამოკვლეული იქნა საქართველოს სხვადასხვა ზონაში გავრცელებული კოწახურის ველური ნარგაობა შევაგროვეთ ეციო ნიმუშები - დუშეთში, ახალციხესა და ბორჯომში შეგროვებული ნიმუშებიდან გამოყოფილია 48 იზოლატი, მათგან, დუშეთის პოპულაციიდან - 16 იზოლატი, ახალციხის პოპულაციიდან - 24 და ბორჯომიდან - 8 იზოლატი. ეციოპოპულაციაში იდენტიფიცირებული იქნა 21 რასა

(ცხრ.39) ყველაზე მეტი სიხშირით გავრცელებული იყო PRCQP და PKPTF (12.5%) რასები, მას მოჰყვებოდა რასები TTRTF, TTKTF, PCHTP, ხოლო რასების დიდი ნაწილი (11 რასა) ერთეული იზოლატით იყო წარმოდგენილი.

1964-1966 წლებში ჩატარებული პირველი კვლევის ფარგლებში დადგენილი იქნა საქართველოში გავრცელებული ხორბლის ღეროს ჟანგას შუამავალი მასპინძელი მცენარის -კოწახურის მნიშვნელობა ღეროს ჟანგას პოპულაციის ჩამოყალიბებაში (Цикаридзе, 1970). ხოლო უფრო მოგვიანებით დანიელ კოლეგებთან საერთაშორისო თანამშრომლობის შედეგად ეს ფაქტი დადასტურებული იქნა მოლეკულური მარკერებით ეციო- და ურედინიოპოპულაციის შესწავლის გზით (Justesen et.al.,2013).

ეციოიზოლატების გენეტიკური სტრუქტურის გაანალიზების შედეგად აღმოჩნდა, რომ ეციოპოპულაცია მაღალვირულენტურია და შეიცავს 19 გამძლეობის გენისადმი (*Sr5, Sr6, Sr7b, Sr8a, Sr9a, Sr9b, Sr9e, Sr9d, Sr9g, Sr10, Sr11, Sr17, Sr21, Sr24, Sr30, Sr36, Sr38, Sr Tmp, Sr McN*) ვირულენტურ იზოლატებს. ხაზგასმით უნდა აღინიშნოს, რომ ხორბლის ღეროს ჟანგას ეციოპოპულაციაში *Sr31* გამძლეობის გენისადმი ვირულენტური პათოტიპი არ დაფიქსირებულა.

როგორც წესი, ეციოპოპულაცია გამოირჩევა მაღალი მრავალფეროვნებით, რაც წარმოდგენილი კვლევის შემთხვევაშიც დადასტურდა. სტატისტიკური ანალიზის თანახმად, 2013-2014 წლების ეციოპოპულაციის მრავალფეროვნების მაჩვენებელი, გლისონის ინდექსი (H_G= 0.41) და რასების ანუ პათოტიპების საშუალო რიცხვი (μ=17.1±1.2) უფრო მაღალია, ვიდრე ურედინიოპოპულაციის, იშვიათი რასების წილიც მაღალია - h=0.19±0.05.

თავი 1.3. ხორბლის ღეროს ჟანგას გამომწვევის *Puccinia graminis f.sp. tritici* ურედინიოპოპულაციის მრავალფეროვნების შესწავლა მოლეკულური მარკერებით

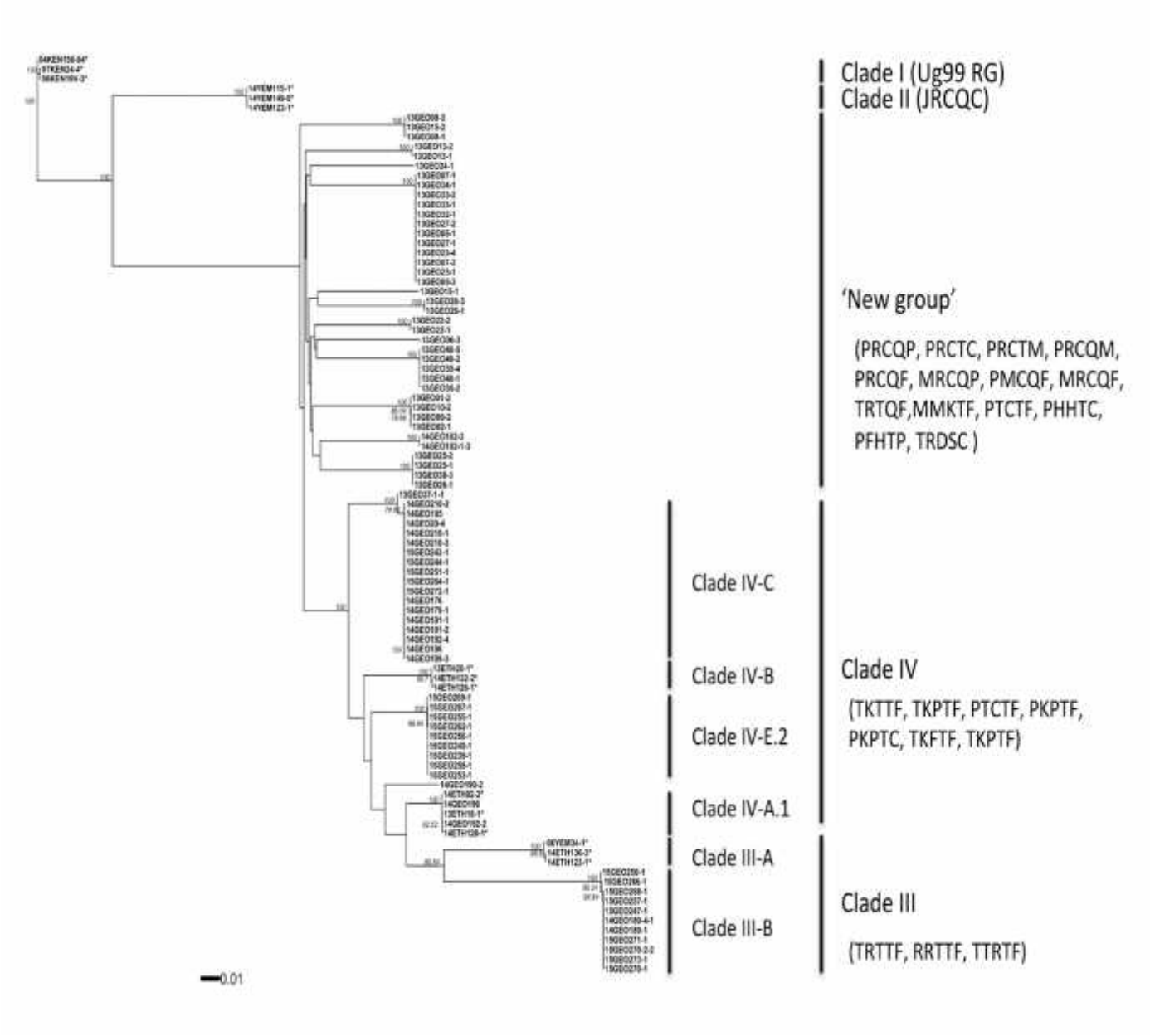
კვლევის კლასიკური მეთოდის გარდა, ჩვენ მიერ გამოყენებული იქნა მოლეკულური ბიოლოგიის თანამედროვე პოლიმერაზა ჯაჭვური რეაქციის მეთოდი- ერთნუკლეოტიდური პოლიმორფიზმის (SNP) გენოტიპირება, რომელმაც საშუალება მოგვცა შეგვესწავლა ხორბლის ღეროს ჟანგას გამომწვევი სოკოვანი მიკროორგანიზმის მოლეკულური პოლიმორფიზმი. ღეროს ჟანგას ქართული პოპულაციის SNP-ის ანალიზი ჩატარდა მინესოტას უნივერსიტეტის მარცვლოვანთა დაავადებების ლაბორატორიაში (აშშ) მათ მიერ დაფინანსებული სტაჟირების ფარგლებში.

სულ 102 მონოურედინიალური იზოლატი იქნა გენოტიპირებული PgtSNP 3.0kChip - ჩიპის გამოყენებით. მათ შორის, 44 იზოლატი იყო 2013 წლის კოლექციიდან, 28 იზოლატი - 2014 წლის კოლექციიდან, ხოლო 30 - 2015 წლის კოლექციიდან. მათი დიდი უმრავლესობა (20 იზოლატი) წარმოადგენდა TKFTF რასას, 18 - PKPTF რასას, 16 - TTRTF რასას, 12 იზოლატი - PRCQP რასას, 5 იზოლატი - PTCTF რასას. 3-3 იზოლატით იყო წარმოდგენილი რასები: PKPTC, PRCTC, PRCTM, 2 იზოლატით - MMKTF, MRCQF, MRCQP, PHHTC, PMCQF რასები და 1 იზოლატით - NCCTM, PFHTP, PRCQF, PRCQM, PRFQM, PRFTF, PTCTM, TRTQF, TRDSC რასები. თითოეული იზოლატიდან გამოყოფილი და გაფილტრული დნმ-ის 2825 ლოკუსი იქნა გაანალიზებული.

SNP ცვლილებების საშუალი რიცხვი 2.3-282.5 ფარგლებში იყო. PgtSNP 3.0kChip ჩიპზე აღრიცხული SNP ცვლილებების საფუძველზე გამოთვლილი იქნა გენეტიკური დისტანციის მაჩვენებელი - Nei-ის ინდექსი, როგორც კლადების შიგნით, ისე კლადებს შორის. მიღებული მონაცემების საფუძველზე აგებული იქნა NJ ფილოგენეტიკური ხე (სურ.2), სადაც საკვლევმა იზოლატებმა სხვადასხვა კლასტერები შექმნა და ისინი უმნიშვნელოდ იყვნენ ერთმანეთისგან დაცილებული. კლასტერები კლადების სახით გაერთიანდა. კერძოდ, 78 იზოლატი 2 ძირითად ჯგუფში გაერთიანდა: 1. ე.წ. ,,ახალი ჯგუფი“ (New group) 2. III და IV კლადი (ბუტსტრაპის ინდექსი - 75-100%). კლადების

შიგნით იზოლატებს შორის გენეტიკური დისტანცია იყო ძალიან უმნიშვნელო: 0.000-0.002, ხოლო კლადების იზოლატებს შორის გენეტიკური დისტანცია მერყეობდა 0.091-0.144; ფარგლებში. III კლადის იზოლატებში ცვლილება არ დაფიქსირებულა. ძალიან უმნიშვნელო ცვლილება იქნა ნაპოვნი და IV-A და IV-B კლადების იზოლატებს შორისაც (0.000-0.002.). III კლადისა და IV-A - IV-B კლადების იზოლატებს შორისაც გენეტიკური დისტანციის მაჩვენებელი მერყეობს 0.140-0.144 ფარგლებში, რაც შედარებით უფრო მეტ განსხვავებაზე მიუთითებს, ვიდრე ეს არის IV კლადის ქვეკლადებში IV-A - IV-B შემავალ იზოლატებს შორის -0.091-0.094.

სურათი 2. *Puccinia graminis f. sp. tritici* იზოლატების SNP ლოკუსების ფილოგენეტიკური ანალიზი.



მიღებული შედეგების მიხედვით ,,ახალი ჯგუფის" იზოლატები მეტი გენეტიკური და ფენოტიპური მრავალფეროვნებით გამოირჩეოდა, ვიდრე III და IV კლადში გაერთიანებული 28 იზოლატი. როგორც უკვე აღვნიშნეთ, ისინი ,,ახალი ჯგუფის" შიგნით

რამდენიმე ქვეჯგუფში აღმოჩნდენენ. ყველაზე უფრო მრავალრიცხოვანი იყო ქვეჯგუფი NG04, რომელიც 2 რასის (PRCQP, MRCQP) 12 იზოლატით იყო წარმოდგენილი, ქვეჯგუფი NG09 შეიცავდა 2 რასის (PRCTC, PRCTM) 5 იზოლატს, ქვეჯგუფი NG10 – 3 რასის (PRFQM, PRCQF PRCQM) 4 იზოლატს, ქვეჯგუფი NG12- PTCTF რასის 4 იზოლატს, ქვეჯგუფი NG01 შეიცავდა სამი რასით (MMKTF, PRCTF PRCTC) წარმოდგენილ 3 იზოლატს, ქვეჯგუფი NG06 შეიცავდა 2 იზოლატს: 13GEO28-1 და 13GEO28-3 ორი განსხვავებული რასით: PFHTP, NCCTM. PHHTC რასით წარმოდგენილი 2 იზოლატი მოხვდა ქვეჯგუფ NG01-ში, ასევე, ერთი უნიკალური რასის (TRDSC) მომცემი 2 იზოლატი: 14GEO182-1 და 14GEO182-3 NG11-ქვეჯგუფში გაერთიანდა და თითო იზოლატით იყო წარმოდგენილი ქვეჯგუფები: NG03 (13GEO24-1, რასა PMCQF), NG05 (13GEO15-1, რასა MMKTF) და NG08 (13GEO06-3, რასა TRTQF).

ხორბლის ღეროს ჟანგას „ქართული“ პოპულაციის მოლეკულური პოლიმორფიზმის მაჩვენებელი 0.110-0.141 ფარგლებში მერყეობდა.

საკვლევი ნიმუშების ფილოგენეტიკური ანალიზის შედეგების თანახმად შეიძლება ითქვას, რომ საქართველოში ღეროს ჟანგას ერთიანი პოპულაცია არსებობს, მიუხედავად იმისა, რომ მოლეკულური მარკერებით პოპულაციის მრავალფეროვნების კვლევისას უმნიშვნელო დისტანციით გამოიყო პოპულაციის ორი ნაწილი: „ახალ ჯგუფში“ და III და IV კლადში გაერთიანებული იზოლატები. ამასთან შეიძლება ვივარაუდოთ, რომ ღეროს ჟანგას პოპულაციაში გამოყოფილ „ახალ ჯგუფში“ გაერთიანებული იზოლატებისათვის დამახასიათებელი მრავალფეროვნება და ზოგადად პათოგენის პოპულაციის პოლიმორფიზმის გარკვეული ხარისხი სწორედ სქესობრივი ჰიბრიდიზაციის შედეგია, ხოლო III და IV კლადში გაერთიანებული პოპულაციის მეორე ნაწილი კი, ძირითადად, ვეგეტატიური გზით მიღებული იზოლატებით იყო წარმოდგენილი.

მიუხედავად იმისა, რომ III კლადში გაერთიანებული იზოლატები, რომლებიც გამოყოფილი იყო სამი სხვადასხვა გეოგრაფიული ზონიდან და ხორბლის ოთხი ჯიშიდან, ერთი და იგივე კლადში გაერთიანდნენ და მხოლოდ ერთი რასა (TTRTF) წარმოქმნეს. 2014-2015 წლებში ხუთი ზონიდან გამოყოფილი იზოლატების 57%, რომლებიც შვიდი რასით იყო წარმოდგენილი, IV კლადის ერთი და იგივე ქვეკლადში დაჯგუფდა. ეს შედეგები კი

ადასტურებს იმ ფაქტს, რომ მასპინძელი-მცენარის ჯიში და გეოგრაფიული ზონა არ შეიძლება განვიხილოთ, როგორც პათოგენის ქართულ პოპულაციაზე ზემოქმედების ძირითადი ფაქტორი და შესაბამისად, გენეტიკური ცვლილებების მნიშვნელოვანი წყარო. ვფქრობთ, რომ ღეროს ჟანგას ქართულ პოპულაციაში არსებული მრავალფეროვნება განპირობებულია საქართველოში კოწახურის, ხორბლის ღეროს ჟანგას შუამავალი მასპინძელი - მცენარის არსებობით და მათზე მიმდინარე სქესობრივი ჰიბრიდიზაციის შედეგად.

SNP ტექნოლოგიის გამოყენებით ჩატარებული კვლევა უზრუნველყოფს კლადებს შორის ურთიერთკავშირის გაგებას. ფილოგენეტიკურმა ანალიზმა გვიჩვენა, რომ TKTTF რასის იზოლატებმა შექმნეს უნიკალური კლადი, რომელიც ძალიან განსხვავდება დანარჩენი კლადებისაგან. შესაძლოა ეს ახალი რასები სხვა რეგიონებიდან არის შემოსული ან ადრეც იყო პოპულაციაში ძალიან დაბალი სიხშირით და აქამდე არ იქნა აღმოჩენილი. ამერიკელი კოლეგების დახმარებით შესაძლებელი იქნა საქართველოში გავრცელებული პოპულაციის შედარება ეთიოპიის, იემენის და კენიის Ug99 რასის რეფერენს იზოლატებთან. როგორც ფილოგენეტიკურმა ანლიზმა აჩვენა (სურ.2), კენიური წარმოშობის 3 იზოლატი (04KEN154-04, 07KEN24-4, 06KEN19V-3) გაერთიანდა I კლადში, ხოლო 3 იემენური იზოლატი (14YEM115-1, 14YEM49-5, 14YEM123-1) აღმოჩნდა II კლადში და ისინი ძალიან განსხვავდებიან ქართული იზოლატებისაგან (Nei ინდექსი 0.4). რაც შეეხება ეთიოპურ იზოლატებს, მათ უფრო მეტი საერთო აღმოაჩნდათ ქართულ იზოლატებთან (Nei ინდექსი 0.001). კერძოდ, IV კლადში აღმოჩნდა ექვსი ეთიოპიური იზოლატი: 13ETH120-1, 14ETH132-2, 14ETH128-1, 14ETH02-2, 13ETH18-1, 14ETH128-1. ქართული იზოლატების (14GEO190-2, 14GEO192-2, 14GEO196) გვერდით (სარწმუნოების ბუტსტრაპ ინდექსით 82.5). III კლადის III-B ქვეკლადში გაერთიანდა თერთმეტი ქართული იზოლატი (ბუტსტრაპ ინდექსი 88.24-99.24), III-A ქვეკლადში ორი ეთიოპიური (14ETH136-3, 14ETH123-1) და ერთი იემენური (06YEM34-1) იზოლატი, მაგრამ ისინი აღმოჩნდნენ სხვადასხვა ქვეჯგუფში. ქართულ და ეთიოპიურ პოპულაციაში დაფიქსირდა ერთი და იგივე (TTRTF, TKTTF) რასები, რომლებიც მანამდე არ იყო აღრიცხული

საქართველოში, თუმცა ბოლო წლებში გავრცელდა ეგვიპტესა და თურქეთში (Mert et.al, 2012). აქედან გამომდინარე, შეიძლება დავუშვათ, რომ აღნიშნული რასები საქართველოს ტერიტორიაზე ქარის ნაკადების საშუალებით ჟანგას სპორების მიგრაციის შედეგად გავრცელდა, თუმცა დღეისათვის მათი სიხშირე ხორბლის ღეროს ჟანგას ქართულ პოპულაციაში უმნიშვნელოა.

ამგვარად, SNP მარკერების გამოყენებით 2013-2015 წლის განმავლობაში საქართველოში გავრცელებული ხორბლის ღეროს ჟანგას პოპულაციის პოლიმორფიზმის დონე დაბალია (მრავალფეროვნების მაჩვენებელი 0.14) და მოლეკულური პოლიმორფიზმის ხარისხი სრულ შესაბამისობაშია ვირულენტობის ნიშნით გაანალიზებულ პოლიმოფიზმთან. მოლეკულური მარკერებით პოპულაციის დახასიათებისას უფრო მეტად დაზუსტდა პოპულაციაში წარმოქმნილი ცვლილებების წყარო და განსხვავებების ხარისხი გეოგრაფიულ პოპულაციებს შორის. თუმცა, საქართველოში გავრცელებული ხორბლის ღეროს ჟანგაზე მოქმედი სხვა ფაქტორების სიღრმისეული შესწავლა, მასპინძელ-მცენარესა და პათოგენს შორის არსებული ურთიერთდამოკიდებულების რიგი ასპექტების დადგენა და ე.წ. „ახალი ჯგუფის“ იზოლატების მოლეკულური მარკერებით შესწავლა მომავალი კვლევებისა და ამერიკელ კოლეგებთან თანამშრომლობის გაგრძელების მნიშვნელოვანი ობიექტია.

თავი 1.4. ღეროს ჟანგასადმი ხორბლის გამძლე გენოტიპების სკრინინგი

1.4.1 ადგილობრივი სასელექციო მასალის ღეროს ჟანგასადმი გამძლეობის დონის შეფასება

აგრარული უნივერსიტეტის ლომოურის მიწათმოქმედების ინსტიტუტის სელექციონერების მიერ მოწოდებული სასელექციო მასალა (50 ნიმუში) გამოვცადეთ ხელოვნურ ინფექციურ ფონზე, როგორც ხორბლის ღეროს ჟანგას პოპულაციის რასების ნარევის მიმართ სათბურში, აღმონაცენის ფაზაში და მინდვრის პირობებში ზრდასრულ ფაზაში. გამოსაცდელი მასალა წარმოდგენილი იყო საკონტროლო ჯიშით - ბეზოსტაია 1, ხორბლის 12 სახეობითა და ქვესახეობით, 9 ადგილობრივი ჯიშით, 7 ინტროდუცირებული

პერსპექტიული ჯიშით და სხვადასხვა საერთაშორისო სანერგეებიდან ბოლო 5 წლის განმავლობაში გამორჩეული 21 ნიმუშით.

ჩატარებული ცდის შედეგად გამოვლენილი იქნა პათოგენის პოპულაციის მიმართ ეფექტური გამძლეობის წყაროები აღმონაცენის და ზრდასრულ ფაზაში. კერძოდ, ტესტირებული ნიმუშების 40% გამძლე იყო ღეროს ჟანგას მიმართ. სახეობები: *Tr.monoccoccum (Var.laetissimum Korn), Tr.tomopheevi (ar.tipicum Shuk-var.viticulosum Shuk), Tr.georgicum (Var.chvamlicum Supat, Tr. Dicoccum (Var.farrum), Tr.ibericum Men(Var.fuliginosum Shuk), Tr.ibericum Men (Var.stramineum zhuk), Tr. Macha Dek et Men ((Var.megrelicum Men), Tr. Spelta Dek et Men (Var.dekaprelevichi Dorof),* ჯიშები - ხულუგო, ლომთაგორა 155, საული 9, ლომთაგორა 123 გამძლე (R) და საშუალოდ გამძლე (MR) იყო. საშემოდგომო ხორბლის საერთაშორისო სანერგედანაც გამოირჩა რამდენიმე გამძლე ნიმუში: (BTZ-18FAWWON-IRR-149, 18FAWWON-SA-49, Sunco/pastor-19FAWWON, SRMA/tui//babax/ 3JGR-11LR-Res-132), ხოლო ჯიშებმა: ლომთაგორა 107(60 MR-MS), ლომთაგორა 109(40MR-MS), ლომთაგორა 149(40MR-MS) შერეული რეაქცია გამოავლინეს ზრდასრულ ფაზაში, ხოლო აღმონაცენის ფაზაში გამძლე რეაქცია აჩვენეს. ჯიშები თბილისიური 5, დოლის პური 35/4, ლაგოდეხის გრძელთავთავა, კორბოულის დოლის პური, ახალციხის წითელი დოლი, თეთრი იფქლი, ვარძია, სომნეზ, ლომთაგორა 107(60MS), ლომთაგორა 109(40MS), ლომთაგორა 126(40MS), ლომთაგორა 149(30MS) მიმღები და საშუალოდ მიმღები (MS) აღმოჩნდა ღეროს ჟანგასადმი. საკონტროლო ჯიშ ბეზოსტაია 1-ზე დაავადების განვითარების ინტენსივობა 80% იყო (Sikharulidze et.al.2015).

ხორბლის ადგილობრივი გენოტიპების 20 ნიმუში გამოცდილი იქნა აშშ მინესოტას უნივერსიტეტის მარცვლოვანთა დაავადებების ლაბორატორიაში მაღალვირულენტური Ug99 რასათა ჯგუფის 4 ვარიანტის მიმართ. მათ შორის, 3 იზოლატი 04KEN156/04 (რასა TTKSK), 06KEN19V3(რასაTTKST), 07KEN24-4 (რასა TTKSK) კენიური წარმოშობისაა და ერთი იზოლატი 06YEM34-1 (რასაTRTTF) იემენის პოპულაციიდანაა გამოყოფილი. დაავადებაზე ნიმუშების რეაქციის ტიპების მიხედვით 9 ენდემური სახეობიდან 7 სახეობა - *Tr.monoccoccum (Var.laetissimum Korn), Tr.tomopheevi (Var.tipicum Shuk-var.viticulosum Shuk), Tr.ibericum Men(Var.fuliginosum Shuk), T. Dicoccum (var.faruum*), *Tr. Macha Dek et Men (Var.megrelicum Men), Tr.*

Macha Dek et Men (Var.palaeo-imereticum Men) და Tr. Macha Dek et Men (Var.*cochicum Dek et Men.)* აღმონაცენის ფაზაში გამძლე იყო Ug99-ის სამივე კენიური რასის მიმართ. *Tr.ibericum Men (Var.stramineum zhuk)* და *T. georgicum* Dekapr (კოლხური ასლი) მიმღები აღმოჩნდა. იემენური წარმოშობის რასის მიმართ ყველა სახეობა საშუალოდ მიმღები იყო გარდა ერთი სახეობისა (*T.macha Var. megrelicum* Dek et Men). ძველი ქართული ჯიშები (ახალციხის წითელი დოლი, თეთრი იფქლი, ვარძია, ალმასი) მიმღები იყო ოთხივე რასისი მიმართ, ხოლო, საერთაშორისო სანერგეებიდან გამორჩეული პერსპექტიული ჯიშები ლომთაგორა 107, ლომთაგორა 109, ლომთაგორა 149, ლომთაგორა 123, ლომთაგორა 155, ლომთაგორა 126-ის გარდა, გამძლე აღმოჩნდა Ug99 ყველა რასისადმი (Dumbadze et.al., 2014). გამძლე პერსპექტიული ჯიშების გამოვლენა მნიშვნელოვანი მონაპოვარი და დაავადების კონტროლის ეფექტური საშუალებაა ქვეყანაში Ug99 რასის წარმოშობის შემთხვევაში.

2013-2014 წლებში ხორბლის ღეროს ჟანგას საქართველოში გავრცელებული პოპულაციის მიმართ ხელოვნურ ინფექციურ ფონზე გამოვცადეთ CYMMIT-ის მიერ მოწოდებული გამორჩეული, დაწინაურებული სასელექციო მასალა - 4th International Winter Wheat Stem Rust Resistant Nursery, რომელიც წარმოდგენილი იყო ღეროს ჟანგასადმი გამძლე საშემოდგომო ხორბლის დაწინაურებული 85 გენოტიპით.

ჩატარებული ცდის შედეგად გამოვლენილი იქნა 15 გამძლე (R) გენოტიპი, რომელთაგან 10 ნიმუში (T03/17, TAM-107/T21, SD92107-2/SD99W042, KS95U522/TX95VA0011) F1/JAGGER, AR800-1-3-1/NW97S320, FL9547/NC00-14622, FL9547/TX00D1626, TAM302/ KS93U450, MCCORMİCK/TREGO, NC00-14622/2137) არის ამერიკული სელექციის, 4 ნიმუში (TAM200/KAUZ//GOLDMARK/3/BETTY, KS920709-B-5-1-1/BURBOT-4, TAM200/KAUZ/ 4/ BEZ/ NAD// KZM (ES85.24)/ 3/ F900K, SOMNEZ) - თურქული და ერთი რუსული ჯიში „აფინა“. 39 ნიმუშმა გამოავლინა საშუალოდ გამძლე (MR) რეაქცია. გამძლე გენოტიპების დიდ უმრავლესობას ჰქონდა ინფექციურობის კოეფიციენტის (C.I. 0.2-0.5) და AUDPC-ს (10-ზე ნაკლები) დაბალი მაჩვენებლები და ისინი ხასიათდებიან როგორც ღეროს ჟანგასადმი საველე გამძლეობის მქონე გენოტიპები. 15 ნიმუშმა აჩვენა შერეული რეაქცია MR-MS, ხოლო დანარჩენი 17 ნიმუში იყო საშუალოდ მიმღები დაავადებისადმი. რამდენიმე მიმღები ნიმუში,

რომლებსაც დაბალი ინფექციურობის კოეფიციენტი აქვთ, შეიძლება ჩაითვალოს საშუალო საველე გამძლეობის მქონე გენოტიპებად.

ამგვარად, ხორბლის ღეროს ჟანგას ქართული პოპულაციის მიმართ 4th-IWWSRR საერთაშორისო სანერგის გენოტიპების 93% გამძლე და საშუალოდ გამძლე აღმოჩნდა. ეს ჯიშები და ხაზები მომავალში შეიძლება გამოყენებული იქნას ხორბლის გაუმჯობესების ადგილობრივ და საერთაშორისო სასელექციო პროგრამებში, როგორც საუკეთესო დონორები. ჩვენი ცდების საფუძველზე გამძლეობით გამორჩეული 32 ნიმუში გადავეცით სოფლის მეურნეობის კვლევის ცენტრის ერთწლიანი კულტურების კვლევის დეპარტამენტს სამეურნეო მახასიათებლების შესწავლის მიზნით შემდგომი სელექციური კვლევისათვის.

1.4.2.ხორბლის გამძლეობის გენების ეფექტურობა ზრდასრულ ფაზაში

სასოფლო სამეურნეო კვლევების საერთაშორისო ცენტრებთან (ICARDA, CYMMIT) თანამშრომლობის შედეგად მათ მიერ მოწოდებული ღეროს ჟანგას საერთაშორისო ე.წ. „ხაფანგი“ სანერგეები (7th ISRTN-12, 8th ISRTN და 9th ISRTN-14) გამოცდილი იქნა სხვადასხვა აგროეკოლოგიურ ზონაში ბუნებრივ ინფექციურ ფონზე.

ღეროს ჟანგას მიმართ იმუნური აღმოჩნდა 13 ნიმუში, გამძლე (R) - 17, ზომიერად გამძლე (MR) -21 და ზომიერად მიმღები - 15 ნიმუში. შერეული რეაქცია (MR - MS) აჩვენა 16 ნიმუშმა. დადგენილი იქნა, რომ 20 გამძლეობის გენი: *Sr7a, Sr7b, Sr8a, Sr8b, Sr9b, Sr21, Sr23, Sr24, Sr25, Sr27, Sr28, Sr31, Sr32, Sr33, Sr34, Sr35, Sr36, Sr37, Sr39, Sr40* და ზოგიერთი მათგანის კომბინაცია ერთ გენოტიპში (*Sr 24+31, Sr 6+36, Sr 6+31+36, Sr 6+24+36, Sr 6+7+12, Sr 6+24+36*) ეფექტურად უზრუნველყოფს ზრდასრულ ფაზაში ხორბლის ღეროს ჟანგასაგან დაცვას.

ამრიგად, სხვადასხვა წარმოშობის და სხვადასხვა სელექციურ ეტაპზე მყოფი სასელექციო მასალის (ადგილობრივი და ინტროდუცირებული ჯიშები, სახეობები, სახესხვაობები, ჰიბრიდული ფორმები, დაწინაურებული ჯიშები) საქართველოში გავრცელებული ხორბლის ღეროს ჟანგას პოპულაციისადმი ბუნებრივ და ხელოვნურ ინფექციურ ფონზე შეფასების შედეგად ჩვენ მიერ იდენტიფიცირებული იქნა გამძლე

გენოტიპების მნიშვნელოვანი რაოდენობა, რაც ეროვნული და საერთაშორისო სასელექციო პროგრამებისათვის მნიშვნელოვანი ინფორმაცია და სამეცნიერო პროდუქტია ხორბლის გამძლეობის გაუმჯობესებისა და ახალი გამძლე ჯიშების შექმნისა და წარმოებაში დანერგვის თვალსაზრისით.

დ ა ს კ ვ ნ ე ბ ი

1. 2012-2015 წლებში ხორბლის ღეროს ჟანგა გავრცელებული იყო საქართველოს ყველა გეოგრაფიულ ზონაში მეტ-ნაკლები ინტენსივობით. დაავადების გავრცელების და განვითარების შედარებით მაღალი დონით გამოირჩეოდა მესხეთისა და შიდა ქართლის ზონა, სადაც კოწახურის ბუჩქები უხვად არის ხორბლის ნათესებთან ახლოს.

2. ეციო- და ურედინიოპოპულაცია მაღალვირულენტურია, რადგან შეიცავს გაანალიზებული გამძლეობის გენების დიდი უმრავლესობისადმი კომპლემენტარულ ვირულენტობის გენებს.

3. ხორბლის ღეროს ჟანგას ურედინიაპოპულაციაში დომინირებდა სამი რასა: PRCQP(14.5%), PKPTF(13.1%) და PRCTF(12%). ექვსი რასა PCHTP, PKFTC, PRCQF, PHCTF, TKFTF, TKPTF პოპულაციის 9.4-2.6%-ს შეადგენდა, დანარჩენი 32 რასა ძალიან დაბალი (0.3-2.9%) სიხშირით იყო გავრცელებული.

4. კვლევის განმავლობაში ხორბლის ღეროს ჟანგას პოპულაციაში არ დაფიქსირებულა Ug99 რასათა ჯგუფის არც ერთი ვარიანტი.

5. ხორბლის განვითარების აღმონაცენისა და ზრდასრულ ფაზაში მაღალი ეფექტურობა გამოავლინეს გამძლეობის გენებმა: *Sr9b, Sr21, Sr24, Sr25, Sr27, Sr28, Sr31, Sr32, Sr33, Sr34, Sr35, Sr36, Sr37, Sr39, და Sr40.*

6. გამოკვლევის წლების მიხედვით, პათოგენის ვირულენტური სტრუქტურა ხარისხობრივი და რაოდენობრივი მაჩვენებლების მიხედვით არსებითად არ შეცვლილა.

7. პათოგენის გეოგრაფიული წარმოშობა და ხორბლის ჯიში არ ახდენს მნიშვნელოვან ზეგავლენას საქართველოში გავრცელებული ღეროს ჟანგას პოპულაციის სტრუქტურის ფორმირებაზე.

8. ხორბლის ღეროს ჟანგას ურედინიაპოპულაციის გენეტიკური და მოლეკულური ანალიზის შედეგების თანახმად საქართველოში გავრცელებულია ერთიანი პოპულაცია და მის შიგნით გამოიყოფა ვეგეტატიური გზით წარმოქმნილი პოპულაციის დიდი ნაწილი და სქესობრივი ჰიბრიდიზაციის გზით ფორმირებული პოპულაციის მცირე ნაწილი.

9. მაღალვირულენტური Ug99 რასის მიმართ გამოცდილი 20 გენოტიპიდან აღმონაცენის ფაზაში გამძლე და საშუალოდ გამძლე იყო 7 სახეობა - *Tr.monoccoccum* (*Var.laetissimum Korn*), *Tr.tomopheevi* (*Var.tipicum Shuk-var.viticulosum Shuk*), *Tr.ibericum Men* (*Var.fuliginosum Shuk), T. Dicoccum*(*var.faruum*), *Tr. Macha Dek et Men* (*Var.megrelicum Men*), *Tr. Macha Dek et Men* (*Var.palaeo-imereticum Men*) *და Tr. Macha Dek et Men* (Var.*cochicum Dek et Men.*) და საერთაშორისო სანერგეებიდან გამორჩეული 5 ჯიში: ლომთაგორა 107, ლომთაგორა 109, ლომთაგორა 149, ლომთაგორა 123, ლომთაგორა 155.

10. ღეროს ჟანგასადმი გამძლე საშემოდგომო ხორბლის მე-4 საერთაშორისო სანერგედან (4th-IWWSRR) გენოტიპების 93% გამძლე და საშუალოდ გამძლე იყო „ქართული“ პოპულაციის მიმართ ზრდასრულ ფაზაში, რაც მნიშვნელოვანი მონაპოვარია ადგილობრივი სასელექციო პროგრამისათვის.

რ ე კ ო მ ე ნ დ ა ც ი ე ბ ი

❖ საქართველოში გავრცელებული ხორბლის ღეროს ჟანგას ვირულენტობის მონიტორინგი უნდა გაგრძელდეს, რადგან კვლევის შედეგად მიღებული შედეგები ძალიან მნიშვნელოვანი და სასარგებლო იქნება როგორც ადგილობრივი, ისე საერთაშორისო სასელექციო პროგრამებისათვის.

❖ ხორბლის აღმონაცენის და ზრდასრულ ფაზაში კვლევის შედეგად იდენტიფიცირებული ეფექტური გამძლეობის გენები და გენთა კომბინაციები შეიძლება გამოყენებული იქნას ადგილობრივ და საერთაშორისო სასელექციო პროგრამებში, რასასპეციფიკური და საველე გამძლეობის წყაროების გამოვლენისა და მათი სელექციურ პროცესში ჩართვის მიზნით.

❖ კვლევის შედეგად გამორჩეული გამძლე 7 სახეობა მომავალში შეიძლება გამოყენებულ იქნას ხორბლის გაუმჯობესების ადგილობრივ და საერთაშორისო სასელექციო პროგრამებში, ხორბლის გამძლეობის გაუმჯობესების მიზნით, როგორც საუკეთესო დონორები.

❖ ჩატარებული კვლევების საფუძველზე საერთაშორისო სანერგედან გამორჩეული 32 გამძლე ნიმუში გადაეცა სოფლის მეურნეობის სამეცნიერო კვლევითი ცენტრის სელექციონერებს სამეურნეო მახასიათებლების შესწავლისა და მომავალში წარმოებაში დანერგვის მიზნით.

❖ წარმოდგენილი კვლევის შედეგად გამდიდრებული ჟანგების პათოტიპთა ბანკი შეიძლება გამოყენებული იქნას სელექციონერებისა და დაინტერესებული პირების მიერ ახალი შემოტანილი ხორბლის ჯიშების გამძლეობის დონის და ჩვენს პირობებში ახალი პესტიციდების ეფექტურობის შეფასების მიზნით.

სადისერტაციო ნაშრომის ირგვლივ გამოქვეყნებული შრომები

1. R.Z. Dumbadze, Z.V. Sikharulidze. Virulence Structure of the Wheat Stem Rust Population in Georgia. International Journal of Agriculture Innovations and Research. Volume 4, Issue 6, ISSN (Online) 2319-1473. 2016

2. რ.დუმბაძე, ზ. სიხარულიძე. ხორბლის ღეროს ჟანგას გავრცელება საქართველოში 2012-2014 წლებში. საქართველოს სოფლის მეურნეობის მეცნიერებათა აკადემიის მოამბე. ISSN 1512-2743, გვ.172-175 თბილისი, 2015

3. Z.V. Sikharulidze, R.Z. Dumbadze, K. D. Sikharulidze. Resistance level of introduced germplasm of wheat to stem rust in Georgia. Biological Forum-An International Journal, ISSNNo.(Print)0975-1130,ISSNNo.(Online):2249-3239,2015

4. Z. Sikharulidze, K. Natsarishvili, R. Dumbadze, L. Mgeladze, T. Tsetskhladze. Monitoring of Cereal rusts in Georgia in 2009-2013. Biological Forum-An International Journal 7(1):721-725, 2015 http://researchtrend.net/ bf12/ 118%20DR%20Z.%20SIKHARULIDZE.pdf

5. Zoia Sikharulidze, Lali Mgeladze, Rusudan Dumbadze**,** Ketino Natsarishvili, Nana Chkhutiashvili. Reaction of wheat germplasm to stem rust in Georgia. Ekin journal of Crop Breeding and Genetics Vol.1 No.1 p.63-68, 2015.

6. R.Z. Dumbadze, Z.V.Sikharulidze, G.A.Chkhutiashvili, L.A. Mgeladze, K.T. Natsarishvili. Evaluation of Wheat Germplasm for resistance to Stem Rust. Annals of Agrarian Science Vol.12 No.2 p.8-13, 2014. http://agrscience.ge/article/view/631

LEPL „Batumi Shota Rustaveli State University''

Faculty of Technologies

Department of Agroecology and Forestry

Rusudan Dumbadze

Genetic and Molecular polymorphism of Wheat Stem Rust in Georgia and Screening for Disease Resistance in Wheat Germplasm

Annotation of Dissertation Submitted for Awarding Doctor's Academic Degree in Agrarian Science

Batumi 2017

The dissertation thesis has been prepared at the department of Agroecology and Forestry of the faculty of Technologies Batumi Shota Rustaveli State University.

Scientific supervisor: Zoia Sikharulidze - Doctor of Biology, Head of Laboratory Resistence of Genetic, Institute of Phytopathology and Biodiversity (BSU).

Reviwers: **Song Weining,** PhD. Professor of Plant Genomics, College of Agronomy Northwest A&F University. Yangling, Shaanxi. China.

Kadir Akan, PhD. Associate Prof. Dr. Ahi Evran University, Agricultural Faculty. Department of Plant protection. Kırşehir - Turkey.

Nunu Chachkhiani-Anasashvili, PhD of Agriculture, Associate professor of Kutaisi Akaki Tsereteli State University.

Ese Jakeli, PhD of Agriculture, Senior researcher of Institute of Tea, Subtropical crops and Tea Industry. Agricultural University of Georgia.

Shota Lamparadze, PhD of Agriculture, Associate professor of Batumi Shota Rustaveli State University.

The defence of the thesis will take place on July 12, 2017, at 15:00 o'clock, at the dissertation council meeting of faculty of Technologies Batumi Shota Rustaveli State University.
Adress: 35 Ninoshvili Str., Batumi 6010, the second building of the university, room # 328.

PhD Thesis is available at the Library of Batumi Shota Rustaveli State University and www.bsu.ge.

The secretary of the dissertation council, PhD of Agriculture, Associate professor - **Shota Lamparadze.**

Theme actuality. The reduction of poverty and food security is an important for socio-economic stability of developing countries. One of the most indispensable conditions is an effective protection of crops from many biotic and abiotic factors. Since time immemorial wheat rust diseases is one of the main serious problems for wheat producers. The main reason is the changing rapidly and ability to adapt to new environmental conditions of the rust fungal microorganism.

Stem rust caused by *Puccinia graminis f. sp. tritici is* one of the most destructive diseases of wheat. In the past few years the impact of stem rust has increased because new virulent strain of disease known as Ug99 has emerged and spread quickly across borders (Pretorius et al. 2000). It can cause up to 100% crop losses and is virulent against many resistance genes which have previously protected wheat against stem rust (Wanyera, 2008). There is a chance that Ug99 will reach Georgia which is distinguished by a diversity of a number of unique endemic species and where barberry is widespread. Accordingly, research of stem rust population is very important for Georgia and therefore, it was included in FAO's Wheat Rust Disease Global Programme as country at high risk from Ug99 for preventing this threat.

Research goal and objectives. The research aim is to improve stem rust control through studying the genetic and molecular structure of various geographic populations of stem rust causal agent in Georgia and screening new genotypes with improved resistance.

The principal research objectives are:

1. To determine the incidence and severity of stem rust in sexual and asexual hosts of pathogen
2. To identify the virulence diversity of pathogen in the aecial and uredial stages
3. To study the molecular polymorphism of *P.graminis* population
4. Screening of wheat genotypes resistant to stem rust from the national and international breeding material

Theoretical and practical importance of the research. The given thesis is the first comprehensive studies of wheat stem rust genetic structure and molecular polymorphism in Georgia. The novelty of the PhD work is given in research results which have a great scientific and practical importance because studies of distribution areas of stem rust, genetic and molecular diversity of pathogen, the virulence spectrum and race dinamics can help scientists to identify the origin of dominant or new races, to understand variation in population structure and allow a rational selection of stem rust

resistance genes to be incorporated in cultivars. Such studies prove helpful to study the disease epidemiology and to determine a substantial effective control of the disease.

Virulence analysis of Georgian isolates revealed effective resistance stem rust genes and sources which can be utilized in wheat breeding programmes on both sides for stem rust resistance preferably combining major and minor genes to achieve durable resistance and for producing new resistant cultivars.

Research object, Material and Methodology. Research object was the population of wheat stem rust causal agent - *Puccinia graminis f. sp. tritici,* presented by uredinial isolates collected from different geographical zones (Shida Kartli, Kvemo Kartli, Kakheti, Meskheti, Javakheti) of Georgia.

An international set of stem rust differentials and isogenic lines as well as national and introduced wheat germplasm (endemic wheat species and subspecies, domestic varieties, advanced cultivars and international breeding materials) kindly provided by International Center of Agriculture Research for Dry Area (ICARDA) and The International Maize and Wheat Improvment Center (CIMMYT) were used as a research material.

The research was carried out in greenhouse, laboratory and field conditions in the department of Genetics of Resistance, Batumi Shota Rustaveli State University Phytopathology and Biodiversity Institute. The molecular characterization of pathogen population was carried out in Cereal Disease Laboratory (University of Minnesota, USA).

Different international classical and modern methods have been used in PhD research. Route observations of cereal fields and collection of infected samples were conducted according to standardized protocols for international rust surveillance system (Yahyaoui et al.,2003). Pathogen isolation, multiplication of inocula, inoculation and incubation were conducted according to Roelfs *et al.* (1992). Seedling ITs were determined following the 0-4 scale developed by Stakman et al. (1962). Race designation based on the letter code was carried out according to the North American Nomenclature proposed by Jin et al., (2008). The severity of disease and response of adult plants were recorded using the international scales specified for rusts (Peterson *et al.,* 1948).

The values of pathogen population were calculated with accordance to known methods (Aiala, 1984; Zhivotovski, 1982; Growth and Roelfs, 1987). Genetic similarity of stem rust population was clustered by the Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Averages (UPGMA) using software package NTSYSpc 2.01, Systat 10. The dendrogram was generated using the Jaccard's coefficient.

To study the molecular diversity of pathogen population were used Single Nucleotide Polymorphism (SNP) genotyping Infinium Assay Method according to „Illumina“standard protocol (Illumina, San Diego, CA). DNA isolations were performed using the OmniPrep DNA extraction kit (G-Biosciences, St. Louis) as described by the manufacturer. Phylogenetic analysis of the data was performed using R (version 3.1.2; R Core Team, 2014), with the package ‘Poppr’ version 1.1.2 (Kamvar et al. 2014) installed. Phylogenetic trees were constructed on base of Nei’s distance (Nei, 1978), neighbor-joining (Saitou and Nei, 1987), a sample of 5,000 bootstrap replicates, and cutoff value of 80%.

The structure of the thesis. The work consists of the introduction, literature review, materials and methods, results and discussions, conclusions, recommendations and references. The thesis publish computer-printed 158 pages in Georgian language.

Approbation of work. The research results were presented on six International Conferences and BGRI workshops conducted in Turkey, Mexico, India, Australia and Georgia as a poster and six papers were published in the refferied national and international scientific journals.

Chapter 1.The Results and Discussion

1.1 Distribution of stem rust in 2012-2015

Fifteen field observations were held by scientific expeditions to determine the distribution of wheat stem rust in Georgia in 2012-2015. The annual disease survey was conducted across five geographic zones and seventeen regions of Georgia: Gori, Kareli, Mtskheta, Dusheti, Kaspi, Khashuri, Borjomi(Shida Kartli), Marneuli (Kvemo Kartli), Gardabani, Dedopliskharo, Sighnaghi, Sagarejo, Telavi(Kakheti zone), Akhaltsikhe, Adigeni (Meskheti zone) and Akhalkalaki (Javakheti zone). A total of 224 fields of winter wheat were observed in the important wheat production regions including the farmer fields and breeding stations. Large areas (10-20ha) of the bread wheat were commonly grown commercial cultivars (cv. Bezostaya 1, cv. Krasnodarskaya 99, cv. Jagger, cv. Lomtagora 123).

At the research centers different commercial and promising varieties, advanced breeding materials were presented. The distribution area of stem rust, level of disease incidence and severity were determined during observation of wheat sowings.

These years the average values of infected field were high (64.7%) in Meskheti and moderate level of disease incidence (25.4-35.2%) was in another investigated zones (Shida Kartli, Kvemo Kartli and Javakheti). Among them, most of the field was infected in Shida Kartli (35.2%). This can be explained by the fact that in Akhaltsikhe, Adigeni, Dusheti and Borjomi regions barberry bushes are grown widely in natural conditions, which is a precondition for the development of stem rust.

Nearly equal number of infected fields (25.4-26.7%) were determined in Kvemo Kartli and Javakheti geographical zones. The lowest number of infected fields (8.4%) were in the Kakheti zone, where wheat fields have been mainly treated with fungicides.

Table 1. Distribution of wheat stem rust in the different geographic zones in 2012-2015

Number of infected wheat fields, %						Total
Years	Geographic zones					
	Shida Kartli	Kvemo Kartli	Kakheti	Meskheti	Javakheti	
2012	57.1	33.3	7.1	85.7	50.0	45.6
2013	24.0	33.0	6.6	50.0	1.0	20.8

2014	31.3	16.7	20.0	42.9	16.7	23.2
2015	28.4	18.8	0.0	80.0	50.0	35.4
Average	35.2	25.4	8.4	64.7	26.7	32.0

Notwithstanding that the vegetation period of 2012 was unfavorable for wheat and rust diseases development as suitable, the highest of 2012-2015 years mean value (45.6%) of field infected by stem rust was described (Table 1). However, overall mean of incidence and severity were low (8.4% and 9.3%), especially in non-irrigated region of Kakheti (1%). In 2012 the maximum temperature of air was high in all the surveyed zones which ranged from 20^{0}C to 26^{0}C (http://meteo.gov.ge/hydrometeorology). Drought and hot dry weather during April and May limited development of yellow and leaf rusts and that significantly contributed to the stem rust development (Sikharulidze et. al., 2015b). In 2013 and 2014 years overall mean of infected fields by stem rust were similar (20.8% and 23.2%, respectively) and lower, than in previous years. Also, there was a very low overall mean of incidence and severity of diseases - 2.6% and 4.4% in 2013, 3.1% and 4.1% in 2014, 3.1 and 2.8 – in 2015 respectively.

Low levels of disease incidence during 2013-2014 can be explained by influence of unfavorable environmental conditions as well as by using the fungicides for disease control on large proportion of the commercial wheat fields. The highest mean incidence and severity of diseases were recorded in the Meskheti zone- 30.4% and 35% in 2012, 12.5% and 14.4% - in 2013, 6.5% and 7.1% - in 2014 and 3.8% and 3.0% - in 2015 (Table 2).

Table 2. Overall mean values of incidence and severity levels of wheat stem rust, %

Geographical zones	2012		2013		2014		2015		
	Incidence %	Severity %	Incidence %	Severity %	Incidence %	Severity %	Incidence %	Severity %	Average
Shida Kartli	9.4	8.5	0.3	1.6	1.4	3.1	6.6	5.5	4.5

Kvemo Kartli	0.5	0.8	0.3	5	0.2	0.7	0.5	0.5	0.4
Kakheti	1.3	1.4	0.1	1.0	2.9	3.8	0.0	0.0	1.1
Meskheti	30.4	35.0	12.5	14.4	6.5	7.1	3.8	3.0	13.3
Javakheti	0.5	1.0	0.2	0.4	4.2	5.5	4.8	5.1	2.4
Average	8.4	9.3	2.6	4.4	3.0	4.0	3.1	2.8	

The alternate host *Barberry vulgaris* of wheat stem rust were observed in Akhaltsikhe, Adigeni (Meskheti zone), Borjomi and Dusheti (Shida Kartli zone) regions where severity of aecial infection of stem rust was high (60-100%).

Thus, the sexual cycle of *Puccinia graminis* develop on *Barberry vulgaris* and asexual stage – on wheat. The level of incidence and severity of uredinial population according to overall mean were low. Presence of alternate host-plants, wild grasses, siutable climatic conditions and vertical distribution of disease provide for maintaining of uredinial infection and stable development of stem rust.

Chapter 1.2. Identification of Genetic Diversity of Stem Rust

1.2.1. Race and Virulence Structure of *P.graminis* Uredinial Population

During 2012-2015 growing season eighty one wheat stem rust samples were collected from wheat fields and nurseries across five agroecological zones of Georgia. Three to five single-pustule isolates were produced from each samples. In total three hundred fifty isolates of *Puccinia graminis* were evaluated based on the 20 differentials to identify pathogen virulence.

During 2012-2015 growing season forty one races were identified in uredinial population of *Puccinia graminis* in Georgia (Table 3). Frequency of races was between 0.3-14.5%. Races PRCQP, PKPTF and PRCTF constituted 14.5%, 13.1% and 12.0% of all Georgian isolates, respectively and were the most prevalent races in the population. Races PKFTC, PRCQF, PCHTP, TKFTF, TKPTF and TTRTF were distributed with frequency ranged between 9.4-3.7%. The other races were distributed with low frequency compares to other races (0.3-2.9%). Dominant races consisted of 11-13 virulent genes. About 35% of identified races consisted of 16-17 virulent genes.

Table 3. Number and frequency of virulence phenotypes of *Puccinia graminis* uredinial population in 2012-2015 by virulence to 20 host lines of wheat with single resistance genes

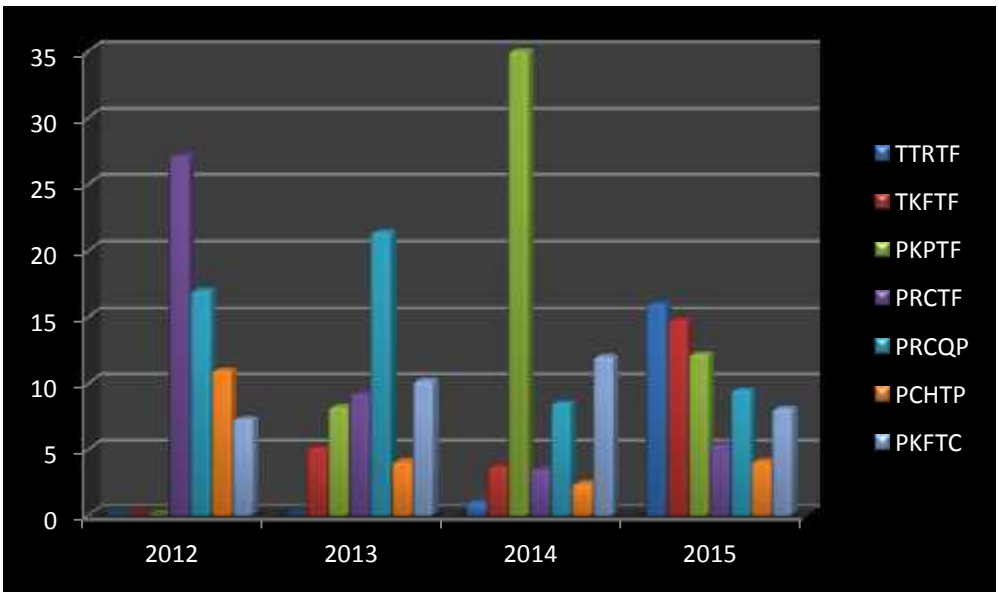
№	Race	Virulence formula (Avirulent/Virulent genes)	Virulent isolates	
			number	%
1	PRCQP	*21,8a,36,30,9b,10,11,Tmp,31/5,9e,7b,6,9g,17,9a,9d,24,38,McN*	51	14.5
2	PKPTF	*21,9b,11,24,31,36,38,/5,9e,7b,6,8a,9g,30,17,9a,9d,10,Tmp,McN*	46	13.1
3	PRCTF	*21,8a,36,9b,30,24,31/5,9e,7b,11,6,9g,17,10,9a,9d,Tmp,38,McN*	42	12.0
4	PKFTC	*11,9b,24,31,36,38/21,5,9e,7b,6,8a,9g,30,17,10,9a,9d,Tmp,McN*	33	9.4
5	PRCQF	*21,8a,36,9b,10,Tmp,30,31/5,9e,7b,11,6,9g,17,9a,9d,38,McN*	21	6.0
6	PCHTP	*21,8a,11,6,36,30,31/5,9e,7b,9g,9b,17,9a,9d,10,Tmp,24,38,McN*	20	5.7
7	TKFTF	*11,24,31/5,21,9e,7b,6,8a,9g,9b,36,30,10,17,9a,9d,Tmp,38,McN*	19	5.4
8	TKPTF	*11,24,31/5,21,9e,7b,6,8a,9g,9b,36,30,10,17,9a,9d,Tmp,38,McN*	13	3.7
9	TTRTF	*30,24,31/5,21,9e,7b,11,6,8a,9g,36,9b,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	13	3.7
10	TKTTF	*11,9b,24,31,38/5,21,7b,9e,6,8a,9g,9b,30,36,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	10	2.9

11	PKPTC	*21,11,9b,24,31,38/5,9e,7b,6,8a,9g,10,17,9a,9d,36,30,Tmp,McN*	9	2.6
12	TKFTC	*11,9b,24,31,36,38/21,5,9e,7b,6,8a,9g,30,17,10,9a,9d,Tmp,McN*	9	2.6
13	PRCTC	*21,8a,36,9b,30,24,31,38/5,9e,7b,11,6,9g,17,9a,9d,10,Tmp,McN*	6	2.0
14	PTCTF	*21,36,9b,30,24,31/5,9e,7b,11,6,8A,9g,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	5	1.4
15	TRTQF	*21,8a,10,Tmp,24,31/5,9e,7b,21,11,6,9g,36,9b,30,17,9a,9d,38,McN*	5	1.4
16	TRCQP	*21,8a,11,6,36,30,31/5,9e,7b,9g,9b,17,9a,9d,10,Tmp,24,38,McN*	4	1.1
17	PHCTF	*21,11,8a,36,9b,30,24,31/5,9e,7b,6,9g,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	4	1.1
18	PRCTP	*21,8a,36,9b,31/5,9e,7b,11,6,9g,30,17,9a,9d,10,Tmp,24,38,McN*	3	0.9
19	PRMQF	*21,8a,9b,10,Tmp24,30,31/5,9e,7b,11,6,9g,36,17,9a,9d, 38,McN*	3	0.9
20	PTCTM	*21,36,9b,30,31/5,9e,7b,11,6,8A,9g,17,9a,9d,10,Tmp,38,24,McN*	3	0.9
21	MRCQP	*21,9e,9b,8a,30,36,10,31,Tmp,/5,7b,6,11,9g,17,9a,9d,24,38,McN*	3	0.9
22	PKTTF	*21,11,8a,24,31,/5,9e,7b,6,9a,9d,9g,10,Tmp,36,9b,30,17,38,McN*	3	0.9
23	PHHTF	*21,11,8a,36,30,24,31,38/5,9e,7b,6,9g,9b,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	2	0.6
24	TRCQF	*8a,36,9b,10,Tmp,30,31/21,5,9e,7b,21,11,6,9g,17,9a,9d,24,38,McN*	2	0.6
25	PRTQF	*21,8a,10,Tmp,24,31/5,9e,7b,11,6,9g,9b,36,30,17,9a,9d,38,McN*	2	0.6
26	MRKTF	*21,9e,8a,24,36,31/5,7b,11,6,9g,9b,30,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	2	0.6
27	PRTSF	*21,8a,Tmp,24,31/5,9e,7b,11,6,9g,36,9b,30,17,10,9a,9d,38,McN*	2	0.6
28	TKKTF	*11,9b,24,36,31/5,21,7b,9e,6,8a,9g,9b,30,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	2	0.6
29	PRCQM	*21,8a,36,30,9b,10,11,Tmp,31/5,9e,7b,6,9g,17,9a,9d,24,38,McN*	1	0.3
30	PCKTF	*21,11,6,8a,36,24,31,/5,9e,7b,9g,9b,10,17,9a,9d,30,Tmp,38,McN*	1	0.3
31	MMKTF	*21,9e,8a,6,24,36,31/5,7b,11,9g,9b,30,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	1	0.3
32	PRFQM	*21,8a,9e,11,9b,10,24,30,36,Tmp,31/5,7b,6,9g,17,9a,9d,38,McN*	1	0.3
33	PKFTP	*21,11,9b,31,36,/5,9e,7b,6,8a,9g,10,17,9a,9d,30,Tmp,24,38,McN*	1	0.3
34	PRFRF	*21,8a,9e,11,9b,10,24,30,36,Tmp,31/5,9e,7b,11,6,9g,30,17,9a,9d,Tmp,McN*	1	0.3
35	PHFTP	*21,8a,11,9b,10,36,Tmp,31/5,9e,7b,6,9g,30,17,9a,9d,10,Tmp,24,38,McN*	1	0.3
36	PMCQF	*21,11,8a,36,30,9b,10,Tmp,24,31/5,9e,7b,6,9g,17,9a,9d,38,McN*	1	0.3
37	PRCTM	*21,36,9b,30, 38,31/5,9e,7b,11,6, 9g, 17,9a,9d,10,Tmp, 24, McN*	1	0.3
38	PCPSF	*21,11,6,9b,8a,24,Tmp,31/5,9e,7b,9g,36,30,17,9a,9d,10,38,McN*	1	0.3

39	TRDSC	*36,9b,30, Tmp,24, 38,31/5,21,9e, 7b,11,6,9g,30,9a,9d, 10, McN*	1	0.3
40	NCCTM	*21, 7b, 11,6, 8a, 36,30, 9b,/5, 9e, 9g,17, 9a,9d, 10, Tmp, 24, 38,*	1	0.3
41	TRTTF	*11,9b,24,31/5,21,7b,9e,6,8a,9g,9b,30,36,17,9a,9d,10,Tmp,38,McN*	1	0.3
Total			350	

Race PRCTF and PKPTF with high frequencies (35% and 27%) were common races in 2012 and 2014, respectively. PRCQP and TTRTF, which were a common races in 2013 and 2015, were occurred with moderate frequencies 21% and 16%, respectively. Race PRCQP was occurred in all years with higher frequency than other races. Frequencies of races PRCTF and PCHTP have decreased during 2012-2015, but frequency of race TKFTF has increased. Frequency of race PRCQP has increased from 6.2% in 2012 to 12.7% in 2014 and in 2015 decreased to 7.5%. In 2015 races TTRTF and TKFTF which did not found earlier, were common in the population (Diagram1). This fact can be explained by different nature selective factors influenced on formation of stem rust population.

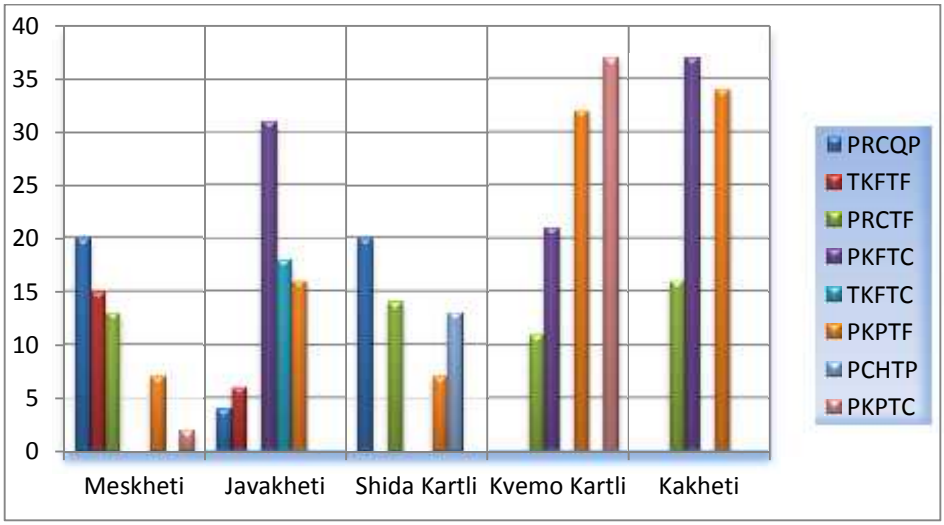
Diagram 1. Dinamics of stem rust races by years



Race PKPTF which was the second common race in Kakheti and Kvemo kartli agroecological zones, was occured in all areas. Race PKFTC was the prevalent in Kakheti agroecological zone and the second in Javakheti zone. PRCQP was the most common race identified in Meskheti and Shida Kartli agroecological zones. Race PRCTF was found in all zones except for Javakheti zone. In Kvemo Kartli zone race PKPTC was the most common (37%) and it was detected only in Meskheti zone with very

low frequency. Race PCHTP was recorded only in Shida Kartli area. Race TKFTC was found only in Janakheti zone and it was the second common race. TKFTF was occurred in two agroecological zones: Meskheti and Javakheti (Diagram 2).

Diagram 2. Occurrence of prevalent stem rust races by geographic zones



Research results showed that virulence to genes *Sr5, Sr6, Sr7b, Sr9e, Sr9g, Sr9a, Sr9d, Sr17, Sr38, SrMcN* were found in nearly all of the isolates (Table 4). Also, the virulence frequency to genes *Sr10, Sr11* and *SrTmP* was very high (52.3-77.8%). Frequency of virulence to genes *Sr36, Sr8a* and *Sr30* was between 40.3-49.7%. Virulence on lines with genes *Sr21, Sr9b* and *Sr24*, was moderate (22.0-28.3%). Virulence to line with resistance gene *Sr31* has not been found in any isolate.

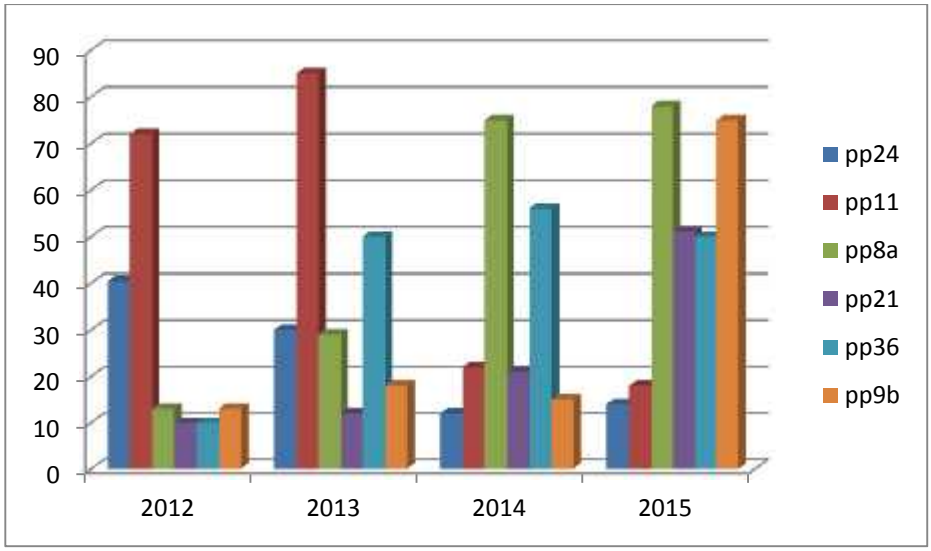
Table 4. Frequency of virulence genes of *P.graminis* in uredinialpopulation in growing seasons 2012-2015

Resistance genes	Frequency of isolates	
	Number	%
5	350	100.0
6	324	92.6
7b	348	99.4
8a	160	45.7
9a	348	99.4
9b	99	28.3

9e	330	94.3
9d	348	99.4
9g	350	100.0
10	270	77.1
11	187	52.3
17	350	100.0
21	77	22.0
24	94	26.9
30	174	49.7
31	0	0
36	141	40.3
38	296	84.6
Tmp	265	75.7
McN	350	100.0

Frequency of the isolates virulent to majority resistance genes did not change significantly by years. However, some virulence genes were exception. Particularly, frequencies of isolates virulent to resistance genes *Sr21* (10.4- 51.4%), *Sr9b* (13.5-75.6%), *Sr8a* (12.5-78.4%) and *Sr36* (10-50%) have increased in 2015. But the virulence to genes *Sr24* and *Sr11* have decreased from 40.5% to 13.5% and from 85% to 17.6%, respectively (Diagram 3).

Diagrame 3. Dinamics of virulence genes with changeable frequency by years



Virulence to *Sr21* resistance gene was found in all zones with frequency 17-22.3% except Kvemo Kartli and Kakheti. The moderate virulence to *Sr24* resistance gene was indicated only in Meskheti (24.5%) and Shida Kartli (41%) zones, low frequency was recorded in Javakheti and no virulence to *Sr 24* resistance gene was found in kvemo Kartli and Kakheti. Virulent isoletes to lines with *Sr8a, Sr30* and *Sr36* resistance genes with moderate frequencies were found only in Meskheti and Shida Kartli zones; in other zones their frequencies were high. Nearly 8.2%, 10.5% and 21% of the isolates were virulent to Sr11 resistance gene in Meskheti, Kvemo Kartli and Kakheti areas, respectively. Low percent (13.4-24.2%) of isolates virulent to *Sr9b* resistance gene was recorded in all zones except Kvemo Kartli zone where virulence was not present (Table 5).

Table 5. Frequency of virulent isolates to resistance genes in geographic zones

Resistance genes	Geographical zones				
	Frequency of isolates virulent to resistance genes, %				
	Meskheti	Javakheti	Shida Kartli	Kvemo Kartli	Kakheti
5	100	100	100	100	100
6	100	100	82.3	89.5	78.9
7b	100	100	94.7	100	100
8a	40.4	95.9	22.0	89.5	78.9
9a	100	100	100	100	100

9b	18.1	14.4	24.7	0	13.2
9e	97.9	100	94.7	100	100
9d	100	100	100	100	100
9g	100	100	100	100	100
10	65.9	95.9	60.0	100	100
11	53.2	8.2	66.0	10.5	21.1
17	100	100	100.0	100	97.3
21	22.3	46.9	17.3	0	0
24	24.5	6.1	41.3	0	0
30	38.3	91.8	21.3	89.5	84.2
31	0	0	0	0	0
36	20.2	48.9	22.7	68.4	52.6
38	94.5	51.0	97.3	42.1	63,2
Tmp	65.9	95.9	59.3	100	71.1
McN	100	100	100	100	100

Some characteristics of variability of stem rust population (factor of virulence, value of polymorphic, Gleason index, mean number of races, number of rare races) were accounted. According to these characteristics the level of genetic diversity of *P.graminis* population in Georgia during 2012-2015 growing seasons were low (H_G= 0.11). However, the level of virulence (Fv-13.9) and number of rare pathotypes (h-0.7) were high. Gleason index varied from 0.11 to 0.19 within agro-ecological zones. Shida Kartli zone (H_G -0.19) and Meskheti zone (H_G -0.19) characterized with the highest level of diversity. The lowest level of genetic diversity (H_G-0.11) was found in Kakheti zone (Table 6).We suppose that differences in virulence frequency between the areas may have been due to differences in the sampling by years, not to differences in geographical locations.

Table 6. Characteristics of variability of stem rust uredinial population by geographic zones

Geographical zones	Characteristics of variability of stem rust				
	Fv	P	μ	h	H_G
Meskheti	13.5	0.6	15.1±0.8	0.8±0.04	0.19
Javakheti	14.6	0.5	6.3±0.7	0.4±0.06	0.18
Shida Kartli	13.0	0.7	18.5±1	0.5±0.04	0.19
Kvemo Kartli	13.8	0.3	3.2±0.3	0.2±0.09	0.16
Kakheti	13.6	0.4	4.0±0.3	0.2±0.06	0.11

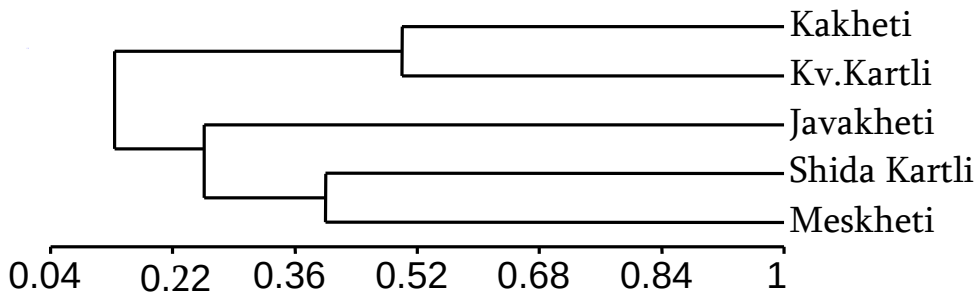
According to table 7 the highest diversity (H_G-0.26) and polymorphic (P=0.7) were indicated in 2013, but the level of virulence of stem rust was high in 2014 (Fv=14.6) and 2015 (Fv=14.9). Number of rare races in 2012-2014 (h - 0.25-0.27) was nearly same and higher than in 2015 (h 0.11±0.04).

Table 7. Characteristics of variability of stem rust uredinial population by years

Years	Characteristics of variability of stem rust uredinial population				
	Fv	P	μ	h	H_G
2012	12.7	0.6	14.7±0.8	0.27±0.05	0.19
2013	13.4	0.7	20.2±1.4	0.25±0.14	0.26
2014	14.6	0.5	13.5±0.8	0.25±0.05	0.21
2015	14.9	0.6	12.5±0.5	0.11±0.04	0.18

To determine the similarity between populations occurred in the different geographic zones the Jaccard coefficient was accounted, the matric of simmilaraty was established and the dendrogram was constructed (Picture 1).

Picture 1. Dendrogram of similarity between populations from different geografical zones



The dendrogram showed that more similarity (0.50) was found between Kakheti and Kvemo Kartli zones by race composition. Also, the similarity was detected between populations distributed in Shida Kartli and Meskheti zones (0.40). Javakheti population formed a separate branch, what is distanced from other populations except for Meskheti population which is more similar to Javakheti population. Also, Kakheti population was different from Shida Kartli and Meskheti populations.

Thus, population of wheat stem rust widespread in Georgia in 2012-2015 growing seasons was highly virulent as it consists of the virulence to nineteen resistance genes out of twenty analyzed genes. So far, considerable changes in the populations from year to year have not been detected. The level of population diversity was low (H_G= 0.11). On the basis of the virulence of pathogen, there was no significant difference in virulence genes and races distribution between populations occurred in the different geographic areas. Virulence to resistance gene *Sr31* was not found in Georgian population of stem rust. Also, no any variants of Ug99 race group (Race TTKSK (Ug99), Race TTKSF (Avirulent *Sr31*), Race TTKST (*Sr31+Sr24*), Race TTTSK (*Sr31+Sr36*), Race PTKST (*Sr31+Sr24*), Race TTKSP (Avirulent *Sr31* + *Sr24*), Race PTKSK (Ug99 Avirulent *Sr2*1), Race TTKSF+) Detected in the population. Population of *P. graminis* distributed in Georgia is much differed with populations from other countries by virulence structure (Singh et.al. 2011).

1.2.2. Race and Virulence Structure of *P.graminis* Aecial Population

In 2013 and 2014 growing seasons aecial samples were collected from infected leafs of from *Barberry vulgaris* L. from different regions of southern and eastern Georgia: Dusheti, Akhaltsikhe, Borjomi. Fourty eight isolates were derived from samples among them sixteen isolates – from Dusheti, twenty four isolates – from Akhaltsike and eight isolates – from Borjomi region. Twenty one races were identified in the aecial population. 12 races were detected in Akhaltsikhe population, 6 races were identified in Dusheti population and 3 races – in Borjomi region. Races PRCQP (12.5%) and TTRTF (12.5%) were common in population. The majority of revealed races were presented by one isolate. Virulence to resistance genes *Sr5, Sr6, Sr7b, Sr8a, Sr9a, Sr9b, Sr9e, Sr9d, Sr 9g, Sr 10, Sr 11, Sr17, Sr21, Sr24, Sr30, Sr 36, Sr38, SrTmp, Sr McN* was recorded in the aecial population with different frequencies. Virulence to resistance gene *Sr31* was not presented in any region.

As it is known, aecilal population characterised with high level of diversity and presence of new races, what was confirmed in the presented research. According to statistical analysis of aecial population the level of virulence (Fv=14), genetic diversity (H_G= 0.41) and the mean number of races (μ=17.1±1.2) were higher than in urediniapopulation.

Chapter 1.3. Studying of Diversity *Puccinia graminis f.sp. tritici* Population by Molecular Markers

The molecular diversity of *Puccinia graminis f. sp. tritici* was studied by SNP (Single - Nucleotide Polymorphism) genotyping method. This research was conducted in Cereal Disease Laboratory (Minnesota University, USA).

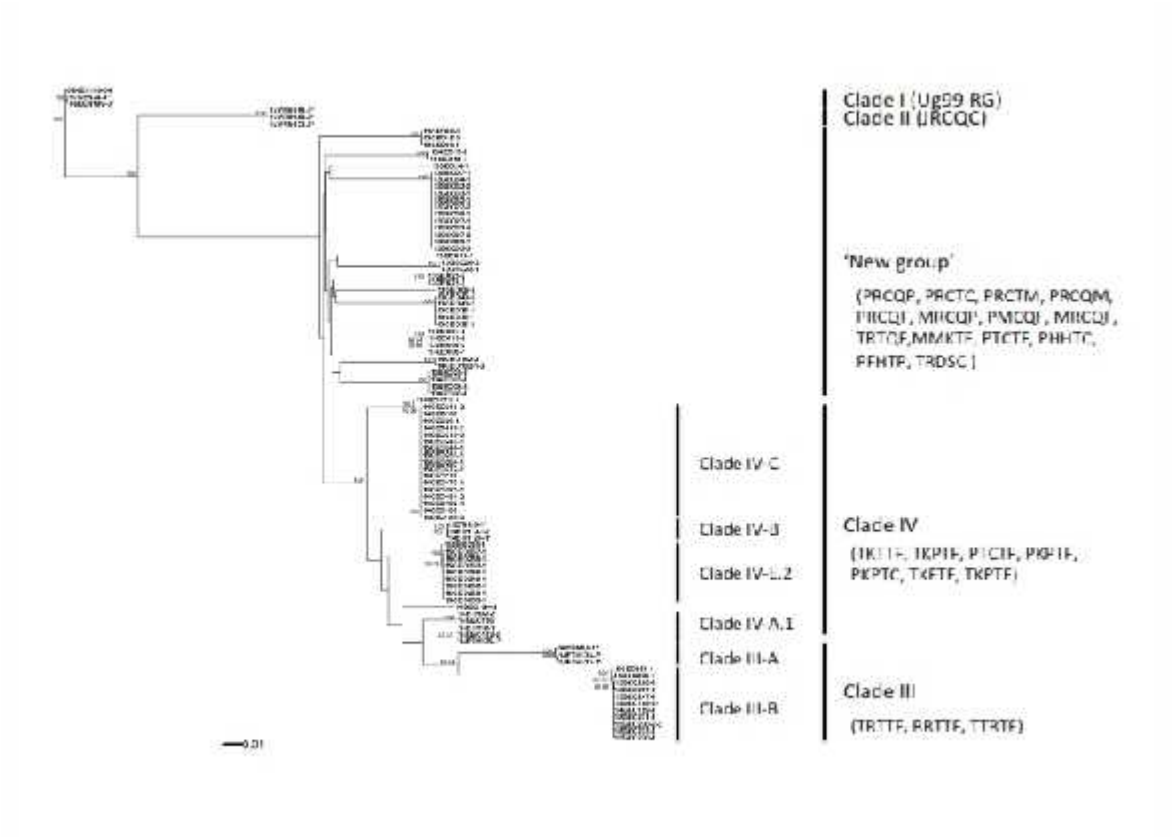
A total, 102 uredinial isolates of *Puccinia graminis f.sp. tritici* (44 isolates from 2013 collection, 28 isolates from 2014 collection and 30 isolates from 2015 collection) were genotyped using a custom PgtSNP 3.0k chip. Race TKFTF was identified from the majority of isolates (20 isolates), race PKPTF was identified from 18 isolates, race TTRTF – from 16 isolates, race PRCQP – from 12 isolates, race PTCTF – from 5 isolates; races PKPTC, PRCTC, PRCTM were presented by 3 isolates, races MMKTF, MRCQF, MRCQP, PHHTC, PMCQF were presented by 2 isolates and races NCCTM, PFHTP, PRCQF, PRCQM, PRFQM, PRFTF, PTCTM, TRTQF, TRDSC were presented by one isolate.

DNA was extracted from either purified uredinial isolates. After filtering 2,097 SNP loci/ markers were used for anlysis. Loci with more than 2% missing data were removed. 24 DNA samples in which one of the replicates failed were removed from the analysis. The genetic distance is expressed in the number of SNP changes per 1,000 loci.

The phylogenetic tree was based on Nei's distance matrix that has generated on calculating genetic distances between isolates and between clades/ sub-clades for the isolates using Neighbor-joining method. The numbers at the nodes (branches) represent percent bootstrap support from 5,000 replicates. In the bootstrap analysis, only nodes/branches with values of 75% or greater are shown.

According to phylogenetic analysis (Picture 2), in general, the isolates are divided into 2 groups that correspond to the years collected: ''New Group'' – 2013 collections and Clade III and IV – 2014 and 2015 collections.

Picture 2. NJ phylogenetic tree of 2097 SNP loci of *Puccinia graminis f. sp. tritici* isolates



Eleven isolates collected in the 2014 and 2015growing seasons formed a sub-clade (III-B) of clade III. The majority (28) of the 2014/15 isolates clustered into clade IV. It was observed sub-divisions of clade IV: IV- B, IV-C, IV-A.1, and IV-E.2. Sixteen isolates were identified to be IV-C. Nine isolates were identified to be IV-E. Two isolates were identified to be IV-A.1. One isolate (14GEO190-2) did not cluster with any known sub-division in clade IV.

39 isolates formed the ‘‘New group’’ (NG). These 39 isolates clustered into 12 distinct genetic sub-groups. The largest is NG04 with included 12 isolates of 2 race types: PRCQP, MRCQP. NG09 included 5 isolates of races PRCTC, PRCTM. NG10 included 4 isolates of three races PRFQM, PRCQF PRCQM. NG12 included 4 isolates of race PTCTF. NG01 included 3 isolates of three races: MMKTF, PRCTF PRCTC. NG06 included 2 isolates (13GEO28-1, 13GEO28-3) of 2 races PFHTP and NCCTM. 2 isolates of race PHHTC were clustered in NG1. Also, 2 isolates of race TRDSC were

clustered in NG11. The remaining sub-groups NG03, NG05 and NG08 contained one each isolate 13GEO24-1of race PMCQF, 13GEO15-1 of race MMKTF and 13GEO06-3 of race TRTQF, respectively.

The level of genetic distance within clades/ sub-clades: (Clade III Clade IV-A Clade IV-B) was very small: 0.000, 0.000-0.001 and 0.000-0.002, but distance between clades was between 0.091-0.144. Within Clade III the SNP was not indicated (distance - 0.000). A very little change (0.000-0.002) was detected within isolates of Clade IV-A and Clade IV-B. Distance between Clade III and Clade IV-A; Clade III and Clade IV-B was higher (0.143-0.144 and 0.140-0.141.) than it was between subclades IV-A and IV-B (0.091-0.094).

‘‘New Group’’ appeared to represent more diversity (genetic and phenotypic) than what was observed in the 28 isolates that cluster in clades III and IV.

Thus, phylogenetic analysis of isolates collected from Georgia showed that the most of isolates were similar. High degree of similarity was found within and between clades. The level of molecular polymorphism was low with genetic distance 0.110-0.141.

Comparing the geographical location of the sites the samples were collected and the races, phenotypes and genotypes, the data suggest that there is a single population within the country. However, part of the samples cluster with known genetic groups, which suggest that these are part of a larger clonal population. The second part of isolates of ‘‘New Group’’ may represent local sexual population.

The research results showed that the isolates of different origin (different geographic zones, cultivars and sampling years) were grouped in the same clade, at this same time, some isolates derived from same zones or cultivars were clustered in different clades or subclades. Accordingly, it could be concluded that diversity of existing population is not association with the geographic origin of the isolates and cultivars.

In the analysis twelve reference isolates (three isolates- 04KEN154-04, 07KEN24-4, 06KEN19V-3 of Ug99 race group (Clade I), three isolates -14YEM115-1, 14YEM49-5, 14YEM123-1 of race JRCQC, Clade II and nine isolates 13ETH120-1, 14ETH132-2, 14ETH128-1, 14ETH02-2, 13ETH18-1, 14ETH128-1, 14ETH02-2, 13ETH18-1, 14ETH128-1 of TRTTF/RRTTF race group, Clade IV and TKTTF race group, Clade III) were included.

The genetic distance between the isolates collected from Georgia (clade III, clade IV) and isolates from Kenya and Yemen (clade I and clade II) was larger (0.259-0.289) than between the Georgia isolates and Ethiopia isolates (clade III-A, clade IV-B, clade IV-A.1). Six Ethiopia isolates clustered in different clades: IV-B and III-A, but three Ethiopia isolates grouped in clade A.1 together Georgia isolates. In general the genetic sub-groups correlate with race phenotypes. Races TKTTF and TRTTF were identified in both Ethiopia and Georgia populations of stem rust. Besides, race TKTTF was identified in Egypt and Turkey (Mert et.al.2012). These races were detected in Georgia population in first time in 2015 and their frequencies are very low. It is possible that new races of the stem rust introduced into Georgia by rust spore migration from other regions.

In this research a number of samples that need to be check, for example, 13GEO15 has 3 single pustule isolates, representing two race types: 13GEO15-1 (MMKTF) clustered in NG05, and 3GEO15-2 (MMKTF) clustered NG01. NG06 contains two isolates (13GEO28-1, 13GEO28-3) with very different race phenotypes: PFHTP, NCCTM.The two other isolates in NG01 both are of PRCTC race. At this point it is not clear the evolutionary relationship of the GEO ‘‘New group’’ to other clades. The research will be continuing.

Thus, in Georgia single population of wheat stem rust is distributed. The level of genetic and molecular diversity was low. The results of population polymorphism by virulence genes are consistent with the results of SNP genotyping of population. The main important source of pathogen diversity is alternate host of stem rust.The geographical factor and wheat cultivar did not play significant role in the selection of *Puccinia graminis* isolates and on formation of race structure of population. This information could be used in resistance breeding programme to improve the management strategy of stem rust.

Chapter 1.4. Screening of Resistant Genotypes to Stem Rust

1.4.1 Evaluation of Resistance Level of Local and Introduced Breeding Material to Stem Rust

A collection of fifty wheat accessions including twelve endemic wheat species and subspecies, nine landraces, seven advanced varieties and nineteen introduced entries from different international nurseries were evaluated under the artificial infection of stem rust both in the field and in the greenhouse conditions. Test material has been received from Lomouri Farming Institute of Georgia. The wheat germplasm was evaluated for reaction to mixture of four predominate stem rust races (PRCQP, PKPTF, PKFTC, PRCTF) in Georgia. These races contained the virulence on *Sr 5, Sr 6, Sr 7b, Sr 9e, Sr 9a, Sr 9g, Sr 9d, Sr 17, Sr 30, Sr 38, Sr McN and Sr Tmp.* High and moderate level (R, MR) of seedling and adult plant resistance to the disease was detected in nearly all tested species: *Triticum monoccoccum (v*ar.*laetissimum* Korn*), Triticum timopheevi* (*v*ar. *tipicum* Zhuk-var.*viticulosum* Zhuk), *Triticum georgicum (*var.*chvamlicum* Supat*), Triticum dicoccum* (var.*farrum), Triticum carthlicum Men(*var. *fuliginosum Zhuk), Triticum carthlicum Men (v*ar. *stramineum Zhuk), Triticum macha* Dek et Men *(*var. *megrelicum* Men*), Triticum macha* Dek et Men (var.*colchicum*), *Triticum macha* Dek et Men *(*var. *palaeo-imereticum)* and *Triticum spelta* (var. *dekaprelevichi* Dorof.*)* Exception was *Triticum durum* Desf. and *Triticum compactum* Host (var. *icterinum)* which showed the susceptibility at seedling stage. Only two landraces (Khulugo and Tetri ipkli) out of nine under study were moderately resistant to stem rust in both seedling and adult plant stages. cv. Vardzia showed MR reaction in seedling stage but it was susceptible in adult stage. Adult plant resistance was found in seven cultivars: cv.Sauli 9, cv.Lomtagora 123, cv.Lomtagora 126, cv.Lomtagora 109, cv.Lomtagora 107, cv.Lomtagora 149, cv.Lomtagora 155, which were selected from international nurseries developed by ICARDA and CIMMYT breeding programme and accepted for registered in Georgia. These introduced entries were immune, resistance and moderately resistant reactions at seedling stage too.

Thus, 40% of tested entries were resistant (R) and moderately resistant (MR) to stem rust. Some resistant entries (BTZ-18FAWWON-IRR-149, 18FAWWON-SA-49, Sunco/pastor-19FAWWON, SRMA/tui// babax/ 3JGR - 11LR-Res-132) were selected from winter wheat international nurseries.

Twenty test genotypes, including nine endemic wheat subspecies, four landraces, seven new genotypes (selected from international winter wheat nurseries) were tested against three isolates:

04KEN156/04 (race TTKSK), 07KEN24-4 (race TTKSK), 06KEN19V3(raceTTKST) of Ug99 variants from Kenyaand one isolate 06YEM34-1 (raceTRTTF) from Yemen at the seedling stage. Of the 20 test genotypes, six endemic subspecies 1)*T.monoccoccum* var. *laetissimum,* 2) *T. timopheevii* var.*typicum,* 3) *T. ibericum* var. *fuliginosum,* 4) *T. ibericum* var. *stramineum,* 5) *T. macha* var .*megrelicum,* and 6) *T. macha* var .*palaeo-imereticum*) were highly resistant to 04KEN156/04 and 07KEN24-4, 06KEN19V3 races. Only two accessions (*T. macha* var. *megrelicum* and *T. macha var. palaeo-imereticum*) showed moderate resistance to the 06YEM34-1 race; the remaining entries were susceptible. The Georgia of cultivars (cv. Almasi, cv. Vardzia, Tetri ipkli is it not cultivar landraces, and Akhaltsikhis Tsiteli Doli) were susceptible reaction to all races. High levels of resistance (CI: 0-1.0) to 04KEN156/04, 07KEN24-4, 06KEN19V3, 06YEM34-1 races were present in five genotypes selected from international nurseries and recommended for registration for stem rust resistance in Georgia.

In 2013-2014 in the framework of collaboration with the IWWIP (International Winter Wheat Improve Programme) the 4th Winter Wheat Stem Rust Resistant Nursery (4th IWWSRRN) was received from CIMMYT. In the present research, our objective was to determine the levels of resistance to of stem rust population occurred in Georgia in entries of 4rd IWWSRRN. 85 entries of the 4rd IWWSRRN different type of germplasm were tested under artificial infection of stem rust in the field conditions.

The results of field assessment revealed that fifteen entries had resistance reaction, among them ten entries (T03/17, TAM-107/T21, SD92107-2/SD99W042, KS95U522/TX95VA0011) F1/JAGGER, AR800-1-3-1/NW97S320, FL9547/NC00-14622, FL9547/TX00D1626, TAM302/ KS93U450, MCCORMİCK/TREGO, NC00-14622/2137) are of USA origin, four entries (TAM200/KAUZ//GOLDMARK/3/BETTY, KS920709-B-5-1-1/BURBOT-4, TAM200/KAUZ/ 4/ BEZ/ NAD// KZM (ES85.24)/ 3/ F900K, SOMNEZ) - are of Turkey origin and one variety-AFINA is of Russia origin. Thirty nine entries showed moderate resistance and nearly all of tested entries having very low values of CI (0.2-0.5) and AUPDC (less then 10.0) are the best genotypes with very high levels of resistance. Fifteen entries had combined MR-MS reaction and the rest seventeen entries were moderate susceptible to pathogen. The majority of entries (80 entries) with average CI values of 0.2-20 and five entries with CI 21-40 were regarded as high and moderate level of adult plant resistance, respectively. Based on the rAUDPC values, the majority of tested entries having rAUDPC values less than 30% of susceptible check Morocco were marked as

better slow rusting genotypes. Only five entries (Bezostaya 1, Fiorina, Simano, PH1B-MUTANT/AE.SPELTOİDES, CV. LADA/ K-62903 had rAUDPC values up to 50% of Morocco.

So, 93% of tested wheat germplasm of 4rd IWWSRR nursery showed high level of adult plant resistance to Georgian population of stem rust. These lines and cultivars can be used in future breeding in wheat improvement program or can then be promoted for release in Georgia. However, selected resistant entries should be assessed over years and different locations for determining other important desirable characters before release. On the base of this research selected 32 entries were sent to breeders of the Centre of Agriculture Research of Georgia for future research.

1.4.2. Effectivness of resistance genes in adult wheat plants

Trap Nurseries (7thISRTN-12, 8thISRTN-13, 9thISRTN-14) consist of isolines with resistance genes, genetic stocks for additional resistance genes, selected differentials, wheat varieties carrying combinations of important resistance genes, and important commercial varieties currently were grown in different regions to collect information on epidemiology and physiologic specialization of rusts, behavior of resistant and susceptible varieties, tested under different environmental conditions.

About 70% of entries showed resistance and moderately resistance to stem rust. Namely, thirty entries were highly resistant to stem rust with “0” or trace level of infection, twenty one entries were moderately resistant; sixteen entrees showed MR- MS reaction and fifteen – moderate susceptibility.

Effectiveness of the following resistance genes: *Sr7a, Sr7b, Sr8a, Sr8b, Sr9b, Sr21, Sr23, Sr24, Sr25, Sr27, Sr28, Sr31, Sr32, Sr33, Sr34, Sr35, Sr36, Sr37, Sr39, Sr40* and combination of some genes (*Sr 24+31, Sr 6+36, Sr 6+31+36, Sr 6+24+36, Sr 6+7+12, Sr 6+24+36*) have been detected in the adult plant stage.

Thus, as result of assessment of different breeding material to nature an artificial infection of stem rust a significant number of resistant genotypes were identified. This information is very usefull for local and international breeding program for improving of resistance of existing cultivars, for developing and realising new cultivars.

C o n c l u s i o n s

1. In 2012-2015 wheat stem rust was distributed in all investigated geographical zones of Georgia with different intensity. The highest level of incidence and severity of stem rust was detected in Meskheti and Shida Kartli zones where bushes of barberry are grown near the wheat fields.

2. Aecial and uredinial population of *Puccinia graminis f. sp. tritici* was highly virulent because it consisted of virulence genes complemented to the majority of analyzed lines with resistance genes.

3. The races PRCQP(14.5%), PKPTF(13.1%) and (PRCTF(12.0%) were the prevalent in the uredinial population of stem rust, frequency of races PKFTC, PRCQF, PCHTP, TKFTF, TKPTF, TTRTF, TKTTF, PKPTC, TKFTC were between 9.4-2.6% an frequency of the remained races were very low (0.3-2.9%.

4. No Ug99 variants were found in the uredinial population of wheat stem rust.

5. The resistance genes *Sr9b, Sr21 Sr3*1and *Sr36* showed very high effectiveness at both seedling and adult plant growth stages during 2012-2015 growing seasons.

6. The virulence and race structure of stem rust population did not change significantly by years.

7. The main source of stem rust diversity is the alternative host-plant *Barberry vulgaris*, but wheat cultivar and geographical location did not play an important role for the formation of stem rust population.

8. According to the genetic and molecular characteristics the uniform population of wheat stem rust is spread within Georgia wheat growing areas.

9. Of the 20 accessions, seven endemic subspecies (*Tr.monoccoccum (Var.laetissimum Korn*), *Tr.tomopheevi* (*Var.tipicum Shuk-var.viticulosum Shuk*), *Tr.ibericum Men(Var.fuliginosum Shuk*), *T. Dicoccum(var.faruum*), *Tr. Macha Dek et Men* (*Var.megrelicum Men), Tr. Macha Dek et Men* (*Var.palaeo-imereticum Men*) *ꝏ Tr. Macha Dek et Men* (Var.*cochicum Dek et Men.*)) showed moderate resistance to the Yemeni race; High levels of resistance to Kenyan and Yemeni races were present in five genotypess selected from international nurseries and recommended for registration in Georgia.

10. 93% of tested entries of 4rd IWWSRR nursery which were resistant and moderate resistant to stem rust can be efficiently used in future breeding programs aiming to develop improved wheat varieties.

R e co m m e n d a t i o n s

- Monitoring of virulence of wheat stem rust population should be carried out regularly in Georgia to have update information about virulence changes for wheat breeding programms

- Effective resistance genes and gene combinations can be used in national and international breeding programs for developing resistanat cultivars to stem rust population uccurred in Georgia

- Seven subspecies (*Tr.monoccoccum (Var.laetissimum Korn*), *Tr.tomopheevi* (*Var.tipicum Shuk-var.viticulosum Shuk*), *Tr.ibericum Men(Var.fuliginosum Shuk*), *T. Dicoccum(var.faruum*), *Tr. Macha Dek et Men* (*Var.megrelicum Men), Tr. Macha Dek et Men* (*Var.palaeo-imereticum Men*) *და Tr. Macha Dek et Men* (Var.*cochicum Dek et Men* which were resistant to stem rust can be used in breeding programs aiming to develop improved wheat varieties as sources of resistance.

- 32 entries resistant to stem rust selected from 4th IWWSRRN have been included in the national breeding program of the Centre of Agriculture Research of Georgia for ecologiacal testing.

- The bank of stem rust pathotypes enriched as a result of the presented research, can be used by breeders and other interested persons for assessing a new breeding materials and the effectiveness of a new pesticides in our conditions.

P u b l i c a t i o n s

1. R.Z. Dumbadze, Z.V. Sikharulidze. Virulence Structure of the Wheat Stem Rust Population in Georgia. International Journal of Agriculture Innovations and Research. Volume 4, Issue 6, ISSN (Online) 2319-1473. 2016

2. R.Dumbadze, Z. Sikharulidze. Distribution of Wheat Stem Rust in Georgia in 2012-2014. Bulletin of the Academy of Agricultural Sciences of Georgia. ISSN 1512-2743, vol. 34, p.172-175 Tbilisi, 2015.(in Georgian).

3. Z.V. Sikharulidze, R.Z. Dumbadze, K. D. Sikharulidze. Resistance level of introduced germplasm of wheat to stem rust in Georgia. Biological Forum-An International Journal, ISSNNo.(Print)0975-1130,ISSNNo.(Online):22493239, 2015.

4. Z. Sikharulidze, K. Natsarishvili, R. Dumbadze, L. Mgeladze, T. Tsetskhladze. Monitoring of Cereal rusts in Georgia in 2009-2013. Biological Forum-An International Journal 7(1):721-725, 2015 http://researchtrend.net/ bf12/ 118%20DR%20Z.%20SIKHARULIDZE.pdf

5. Zoia Sikharulidze, Lali Mgeladze, Rusudan Dumbadze**,** Ketino Natsarishvili, Nana Chkhutiashvili. Reaction of wheat germplasm to stem rust in Georgia. Ekin journal of Crop Breeding and Genetics Vol.1No.1 p.63-68 2015.

6. R.Z. Dumbadze, Z.V.Sikharulidze, G.A.Chkhutiashvili, L.A. Mgeladze, K.T. Natsarishvili. Evaluation of Wheat Germplasm for resistance to Stem Rust. Annals of Agrarian Science Vol.12 No.2 p.8-13, 2014, http://agrscience.ge/article/view/631