



## Генетика и селекция растений Genetics and plant breeding

DOI: 10.22363/2312-797X-2025-20-4-577-588

EDN CABXNN

УДК 633.11./631.527

Научная статья / Research article

### Идентификация генов устойчивости к листовой и стеблевой ржавчине у селекционных линий яровой мягкой пшеницы из вторичного генофонда коллекции «Арсенал»

В.А. Петин<sup>1</sup>  , С.Б. Лепехов<sup>1</sup> , И.Ф. Лапочкина<sup>2</sup> , Н.Р. Гайнуллин<sup>2</sup> <sup>1</sup>Федеральный Алтайский научный центр агrobiотехнологий, г. Барнаул, Российская Федерация<sup>2</sup>Федеральный исследовательский центр «Немчиновка», г. Москва, Российская Федерация  
 999.source.z@mail.ru

**Аннотация.** Листовая (*Puccinia triticina* Eriks.) и стеблевая (*Puccinia graminis* f. sp. tritici) ржавчины являются основными причинами снижения урожайности пшеницы в России и за рубежом. Эпифитотии этих болезней приводят к значительным экономическим потерям. Наблюдается усиление давления со стороны новых, более агрессивных рас патогенов. Стратегия селекции, направленная на защиту сортов пшеницы от этих болезней, является крайне актуальной и приоритетной. Цель исследования — идентификация эффективных и частично эффективных генов устойчивости к листовой (*Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr37*) и стеблевой (*Sr17*, *Sr22*, *Sr36*, *Sr39*, *Sr47*) ржавчине в Приобской лесостепи Алтайского края для дальнейшей разработки комплекса селекционных мероприятий, направленных на создание новых сортов яровой пшеницы с устойчивостью к ржавчинным болезням в местных условиях с использованием современных методов молекулярно-маркерной селекции. Материалом для исследования служили 25 перспективных линий яровой мягкой пшеницы из вторичного генофонда коллекции «Арсенал» (ФИЦ «Немчиновка») с групповой устойчивостью к листостеблевым болезням, имеющие в родословной генетический материал видов *Aegilops speltoides*, *Ae. triuncialis*, *Triticum kiharae*, *Secale*

© Петин В.А., Лепехов С.Б., Лапочкина И.Ф., Гайнуллин Н.Р., 2025

This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License  
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/legalcode>

*cereale* и *T. migushovae*. Молекулярный анализ позволил определить эффективные гены *Lr* у 80 %, а гены *Sr* — у всех протестированных образцов. Наибольшее число идентифицированных генов (5–6) выявлено у линий: 5–16i, 20–16i, 34–16i, 44–16i, 45–16i, 48–16i, 53–16i, а наименьшее (2–3) — 1–16i, 14–16i, 19–16i, 21–16i, 25–16i, 40–16i, 49–16i, 61–16i, 135/10i. У образцов 1–16i, 28–16i, 49–16i, 61–16i искомым генов *Lr* не обнаружено. Результаты исследований показали наличие широкого спектра генов устойчивости к листовой и стеблевой ржавчине, что указывает на донорские свойства линий коллекции «Арсенал» и возможность их эффективного использования в маркер-ассоциированной селекции при создании сортов пшеницы, устойчивых к ржавчинным болезням.

**Ключевые слова:** ДНК-маркёры, болезни растений, сельскохозяйственная генетика, грибные патогены, *Lr*-гены, *Sr*-гены, маркер-ассоциированная селекция

**Вклад авторов:** Петин В.А. — проведение опытов, написание текста рукописи; Лепехов С.Б. — разработка концепции, проверка и редактирование текста рукописи; Лапочкина И.Ф., Гайнуллин Н.Р. — обсуждение и утверждение окончательного варианта рукописи.

**Финансирование.** Работа выполнена при финансовой поддержке проекта Министерства образования и науки Российской Федерации «Развитие селекционно-семеноводческого центра в сфере зерновых и зернобобовых культур — структурного подразделения Федерального государственного бюджетного научного учреждения „Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий“» Соглашение № 075-15-2025-186 от 18 апреля 2025 г.

**Заявления о конфликте интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**История статьи:** поступила в редакцию 19 июня 2025 г., принята к публикации 15 октября 2025 г.

**Для цитирования:** Петин В.А., Лепехов С.Б., Лапочкина И.Ф., Гайнуллин Н.Р. Идентификация генов устойчивости к листовой и стеблевой ржавчине у селекционных линий яровой мягкой пшеницы из вторичного генофонда коллекции «Арсенал» // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агронимия и животноводство. 2025. Т. 20. № 4. 577–588. doi: 10.22363/2312-797X-2025-20-4-577–588 EDN: CABXNN

## Identification of genes for resistance to leaf and stem rust in breeding lines of spring common wheat from the secondary gene pool of Arsenal collection

Vadim A. Petin<sup>1</sup>  , Sergey B. Lepekhov<sup>1</sup> ,  
Inna F. Lapochkina<sup>2</sup> , Nail R. Gainullin<sup>2</sup> 

<sup>1</sup>Altai Research Institute of Agriculture, Barnaul, Russian Federation

<sup>2</sup>Nemchinovka Research Center, Moscow, Russian Federation

 999.source.z@mail.ru

**Abstract.** Leaf rust (*Puccinia triticina* Eriks.) and stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) are the main causes of declining wheat yields in Russia and abroad. Epidemics of these diseases lead to significant economic losses. In recent years, there has been increased pressure from new, more aggressive races of pathogens. As a result, a breeding strategy aimed at protecting wheat varieties from these diseases is extremely relevant and

a priority. The aim of this work was to identify effective and partially effective genes of resistance to leaf (*Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr37*) and stem (*Sr17*, *Sr22*, *Sr36*, *Sr39*, *Sr47*) rust in the Ob forest-steppe of the Altai Territory for the further development of a set of breeding measures aimed at creating new varieties of spring wheat with resistance to rust diseases in local conditions using modern methods of molecular marker selection. The material for the study was 25 promising lines of spring common wheat of secondary origin from Arsenal collection (Nemchinovka Research Center) with group resistance to leaf-stem diseases and having genetic material of the species *Aegilops speltoides*, *Ae. triuncialis*, *Triticum kiharae*, *Secale cereale* and *T. migushovae* in the pedigree. Molecular analysis made it possible to determine effective *Lr* genes in 80 %, and *Sr* genes in all tested accessions. The largest number of identified genes (5–6) were found in the following lines: 5–16i, 20–16i, 34–16i, 44–16i, 45–16i, 48–16i, 53–16i, and the smallest (2–3) in: 1–16i, 14–16i, 19–16i, 21–16i, 25–16i, 40–16i, 49–16i, 61–16i and 135/10i. The desired *Lr* genes were not found in accessions 1–16i, 28–16i, 49–16i, 61–16i. The results of the studies showed the presence of a wide range of genes of resistance to leaf and stem rust, which indicates the donor properties of the lines of Arsenal collection and the possibility of their effective use in marker associated selection in the development of wheat varieties resistant to rust diseases.

**Keywords:** DNA-markers, plant diseases, agricultural genetics, fungal pathogens, *Lr*-genes, *Sr*-genes, marker-assisted selection

**Authors' contribution:** Petin V.A. — conducting experiments, scientific writing; Lepikhov S.B. — concept development, verification and editing of the manuscript; Lapochkina I.F., Gainullin N.R. — discussion and approval of the final version of the manuscript.

**Funding.** The research was supported by the Russian Ministry of Education and Science's project "Development of a Breeding and Seed Center for Grain and Legume Crops — a division of Altai Research Institute of Agriculture". (Agreement No. 075-15-2025-186 dated April 18, 2025)

**Conflict of interests.** The authors declared no conflict of interests.

**Article history:** received 19 June 2025; accepted 15 October 2025.

**For citation:** Petin VA, Lepikhov SB, Lapochkina IF, Gainullin NR. Identification of genes for resistance to leaf and stem rust in breeding lines of spring common wheat from the secondary gene pool of Arsenal collection. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*. 2025;20(4):577–588. doi: 10.22363/2312-797X-2025-20-4-577-588 EDN: CABXNN

## Введение

Листовая или бурая ржавчина (*Puccinia triticina* Eriks.) и стеблевая или черная ржавчина (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) — это регулярно встречающиеся и опасные заболевания пшеницы как в России, так и за рубежом. В рамках программ по улучшению качества пшеницы по всей стране проводят испытания передовых селекционных линий и сортов пшеницы на устойчивость к распространенным видам ржавчины.

Для замедления эволюции патогенов, поражающих зерновые культуры, и предотвращения появления новых, более опасных рас, необходимо использовать стратегии, направленные на повышение генетической устойчивости агроценоза. К ним относятся частая смена сортов и выращивание сортов с разным уровнем устойчивости к болезням на одной территории (стратегия мозаичного размещения

сортов). В передовых странах сорта создают за 3–4 года, тогда как в России этот срок значительно больше — 7...10 лет и более [1]. Селекция, направленная на создание сортов яровой пшеницы, имеющих разнообразную генетическую основу по устойчивости к листовостебельным болезням, весьма актуальна.

Известно более 80 генов устойчивости к листовой и стеблевой ржавчине с установленной локализацией на хромосомах пшеницы [2]. Западно-Сибирские популяции бурой и стеблевой ржавчины отличаются особой вирулентностью и могут преодолевать гены устойчивости растения, которые в других регионах являются эффективными. Установлены высокоэффективные к *Puccinia triticina* гены ювенильной устойчивости (*Lr24, Lr28, Lr41, Lr45, Lr47, LrAg, LrAeg.speltoides*) и возрастной устойчивости (*Lr35, Lr48, Lr49*) [3]. В условиях южной лесостепи Западной Сибири иммунитет к стеблевой ржавчине проявили линии яровой пшеницы с генами: *Sr9e, Sr24, Sr25, Sr26, Sr27, Sr31, Sr33, Sr35, Sr36, Sr38, SRDP-2* с пирамидой генов *Sr7a+Sr12+Sr* [4]. По результатам собственных оценок коллекции почти изогенных линий с генами *Lr* и *Sr* в 2022 г. высокую эффективность проявили гены *Lr9, Lr19, Lr24, Lr25, Lr26, Lr28, Lr29, Lr35, Lr37, Lr44, Lr45, Lr47* и *Sr24, Sr31, Sr36*.

**Цель исследования** состояла в идентификации некоторых известных эффективных и частично эффективных генов устойчивости к бурой (*Lr19, Lr24, Lr26, Lr29, Lr34, Lr37*) и стеблевой (*Sr17, Sr22, Sr36, Sr39, Sr47*) ржавчине у линий яровой мягкой пшеницы вторичного генофонда коллекции «Арсенал» современными методами диагностики. Полученные результаты послужат основой при разработке комплекса мероприятий, направленных на создание новых сортов яровой пшеницы с устойчивостью к листовой и стеблевой ржавчине в условиях Приобской лесостепи Алтайского края с использованием метода MAS.

## Материалы и методы исследования

Исследования проводились в 2024–2025 гг. на базе молекулярно-генетической лаборатории ФГБНУ «Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий». Для идентификации *Lr* и *Sr* генов были взяты 25 линий яровой мягкой пшеницы из вторичного генофонда коллекции «Арсенал», созданные в ФИЦ «Немчиновка» путем многоступенчатой гибридизации доноров устойчивости к расе Ug99 стеблевой ржавчины. Эти селекционные линии обладают групповой устойчивостью к европейской и западно-сибирской популяциям листовой и стеблевой ржавчины [5], которая была подтверждена полевыми исследованиями на опытном поле ФГБНУ «ФАНЦА» в 2021–2022 гг. Для оценки реакции и степени поражения видами ржавчины использовали шкалу СИММУТ [6].

ДНК пшеницы выделяли из 6–7-дневных этиолированных проростков по методу Плашке с соавт. [7]. Идентификацию генов проводили с помощью метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) с праймерами, маркирующими *Lr*-гены: *Lr19, Lr24, Lr26, Lr29, Lr34, Lr37* и *Sr*-гены: *Sr17, Sr22, Sr36, Sr39, Sr47*. Подбор

праймеров осуществляли на основании литературных данных, их нуклеотидные последовательности показаны в табл. 1.

Таблица 1

### ПЦР-маркеры, использованные для идентификации *Lr* и *Sr*-генов

Ген	Маркеры			Литературный источник
	Название	Нуклеотидная последовательность (5'-3')	Размер ампликона п. н.	
<i>Lr</i> 19	SCS265-FSCS265-R	GGCGGATAAGCAGAGCAGAGGGCGGATAAG TGGGTTATGG	512	[8]
<i>Lr</i> 24	SCS73-FSCS73-R	TCGTCCAGATCAGAATGTGCTCGTCTGATTAG CAGTGAG	719	[9]
<i>Lr</i> 26	SCM9-FSCM9-R	TGACAACCCCTTTCCCTCGTTCATCGACGC TAAGGAGGACCC	207	[10]
<i>Lr</i> 29	Lr29F24Lr29R24	GTGACCTCAGGCAATGCACACAGTGTGACCT CAGAACCAGATGTCCATC	900	[11]
<i>Lr</i> 34	csLV34-FcsLV34-R	GTTGGTTAAGACTGGTGTATGGTCTTGCTAT TGCTGAATAGT	150	[12]
<i>Lr</i> 37	VentriupLN2	AGGGGCTACTGACCAAGGCTTGCAGCTACAG CAGTATGTACACAAAA	259	[13]
<i>Sr</i> 17	WPT5343-FWPT5343-R	TATTCTACAACGCTCCATCCCGCATGCAANC CATACCTTT	407	[14]
<i>Sr</i> 22	WMC633-FWMC633-R	ACACCAGCGGGATATTTGTTACGTGCACAA GACATGAGGTGGATT	117	[15]
<i>Sr</i> 36	XSTM773-2FXSTM773-2R	ATGGTTTGTGTGTGTGTGTAGGAAACGCC CCAACCACCTCTCTC	155	[16]
<i>Sr</i> 39	SR39#22-FSR39#22-R	AGAGAAGATAAGCAGTAAACATGTGCTGTCA TGAGAGGAACTCTG	487	[17]
	Sr39#50s-FSr39#50s-R	CCAATGAGGAGATCAAAACAACCCTAGCAAG GACCAAGCAATCTTG	167	
<i>Sr</i> 47	WGWM501-FWGWM501-R	GGCTATCTCTGGCGCTAAAATCCACAAACAA GTAGCGCC	109	[18]

Источник: выполнено В.А. Петиним.

## Результаты и обсуждение

По результатам наших оценок селекционных линий вся коллекция обладала высокой устойчивостью к бурой и стеблевой ржавчинам в условиях Приобской лесостепи Алтайского края в 2021 и 2022 гг. в сравнении со стандартным сортом Алтайская 70, который поражался бурой ржавчиной на 60...70 %, а стеблевой на 40 % (табл. 2). Исходя из этого, сделано заключение о наличии у них эффективных генов устойчивости *Lr* и *Sr* или их сочетаний.

Таблица 2

**Результаты оценки устойчивости линий из коллекции «Арсенал» к листовой и стеблевой ржавчине, опытное поле ФГБНУ «ФАНЦА», 2021–2022 гг.**

Сорт/линия	Родословная*	Оценка устойчивости к листовой ржавчине, %/тип		Оценка устойчивости к стеблевой ржавчине, %/тип	
		2021	2022	2021	2022
Алтайская-70 (восприимчивый контроль)	Алтайская-98/ Алтайская-325	70S	60S	40S	40S
1–16i	(96/113)/145//113	10MR	5MR	5MR	5MR
5–16i	(96/113)/145	5MR	R	5MR	5MR
6–16i	(96/113)/145	R	R	0	0
14–16i	96/113	R	R	R	R
17–16i	96/113	R	R	0	0
19–16i	96/113	0	0	R	R
20–16i	96/113	R	R	R	0
21–16i	96/113	0	R	0	R
25–16i	96/113	0	R	R	R
28–16i	(113/96)/145//113	R	R	R	0
30–16i	(113/96)/113	R	R	0	0
31–16i	(113/96)/113	R	R	R	R
34–16i	(113/96)/113	5MR	5MR	0	0
36–16i	(113/96)/145	R	R	R	R
37–16i	(113/96)/145	R	5MR	R	0
40–16i	(113/96)/145	R	R	5MR	5MR
44–16i	(113/119)/113	0	0	0	0
45–16i	(113/119)/113	0	0	R	0
48–16i	(113/119)/113	0	R	0	0
49–16i	(113/119)/113	R	5MR	5MR	5MR
53–16i	(113/119)/113	5MR	R	5MR	5MR
57–16i	(113/119)/119	R	R	0	0
60–16i	(119/113)/113/113	0	R	5MR	5MR
61–16i	(119/96)/113	R	R	0	0
135/10i	102/00i /Эстивум 440	R	R	0	0

Примечание. \*В создании линий участвовали следующие доноры устойчивости к бурой и стеблевой ржавчине: линия озимой пшеницы GT 96/90 (Болгария) с генетическим материалом *T. migushovae* (в табл. указана как линия 96); линия 113/00i-4 образец яровой пшеницы коллекции «Арсенал» с генетическим материалом видов *Ae. triuncialis* и *T. kiharae* (в табл. линия 113); линия яровой пшеницы 145/05i – результат скрещивания ярового сорта Лада с образцом коллекции «Арсенал» к-62903, который получен с участием вида *Ae. speltoides* (в табл. линия 145); линия озимой пшеницы 119/4–06гw – трехродовой пшенично-эгилопсно-ржаной гибрид, содержит чужеродный материал *Ae. speltoides* и *S. cereale* (в табл. линия 119); линия яровой пшеницы 135/10i – результат скрещивания образца коллекции «Арсенал» 102/00i (с генетическим материалом *Ae. speltoides*) с сортом яровой пшеницы Эстивум 440 [Чайка(оз)/Целинная 20/3/Юбилейная Осетии(оз)/Безостая 1/Саратовская 36].

Источник: выполнено В.А. Петиним.

В селекции пшеницы для повышения устойчивости к патогенам широко используется генетическое разнообразие диких и культурных сородичей, а также других злаковых культур. Транслокация 1RS/1BL, несущая гены *Lr26*, *Sr31*, *Yr9* и *Pm8*, обеспечивающие устойчивость к мучнистой росе и ржавчинным болезням, является одним из наиболее часто применяемых генетических элементов селекционных программ в мире [19]. И хотя существует негативное влияние локуса *Sec-1*, кодирующего  $\epsilon$ -secalin (секалина — запасные белки зерна ржи), на хлебопекарные качества пшеницы, транслокация 1RS/1BL в целом оказывает положительное воздействие на урожайность и адаптивность к условиям внешней среды [20].

Идентификацию гена *Lr26* проводили с использованием маркера SCM9, который позволяет дифференцировать генотипы, несущие 1BL.1RS и 1AL.1RS-транслокации. Ампликон размером 207 п. н. указывает на наличие 1BL.1RS-транслокации, а 228 п. н. — на 1AL.1RS-транслокацию [21]. В результате проведения ПЦР фрагмент амплификации размером только 207 п. н. выявлен у 16 линий: 5–16i, 53–16i, 6–16i, 14–16i, 17–16i, 19–16i, 20–16i, 21–16i, 25–16i, 30–16i, 31–16i, 36–16i, 37–16i, 44–16i, 45–16i, 48–16i. Мягкая пшеница получила транслокацию 1RS от сорта ржи *Petkus*, которая располагается в длинном плече хромосомы 1B. В этой транслокации также находятся гены устойчивости к мучнистой росе *Pm8*, стеблевой (*Sr31*) и желтой (*Yr9*) ржавчине [2]. Гены устойчивости к трем видам ржавчины являются независимыми, но тесно сцеплены друг с другом. Транслокация 1BL.1RS, помимо прочего, содержит гены, благоприятно влияющие на урожайность, качество зерна и устойчивость к засухе, которая достигается благодаря повышению массы корней [20].

Ген *Lr34* обеспечивает устойчивость растений пшеницы по типу медленного развития (*slow rusting*), который характеризуется удлинённым периодом формирования болезни после поражения, а также уменьшением количества пустул возбудителя на поверхности листа и их размеров. Использование этого гена в сочетании с другими генами устойчивости к бурой ржавчине (*Lr10*, *Lr13*, *Lr16* и др.) позволит получить менее восприимчивые к болезни образцы и сорта пшеницы [22].

Ген устойчивости к бурой ржавчине *Lr34* считается слабо эффективным в России [23], но представляет ценность в качестве источника сцепленных с ним в одном сегменте хромосомы других генов устойчивости к болезням, таких как желтая ржавчина (*Yr18*), мучнистая роса (*Pm46*) и стеблевая ржавчина (*Sr57*) [5].

Идентификацию гена *Lr34* осуществляли с кодоминантным STS-маркером *csLV34*, маркирующим ген в различных аллельных состояниях. На доминантный (функциональный) аллель указывает наличие в образцах фрагмента амплификации с молекулярным весом 150 п. н., на рецессивный (не функциональный) аллель — 229 п. н. Обнаружение обоих аллельных вариантов гена *Lr34* в образце может указывать на гетерозиготность по данному локусу, или это может быть следствием неоднородности исходного материала, обусловленной экстракцией ДНК из нескольких проростков с различным генотипом.

Почти все представленные линии обладали рецессивным аллелем гена *Lr34*. Доминантный аллель был выявлен только у линий 34–16i, 40–16i, и 135/10, а гетерозиготное аллельное состояние наблюдалось только у контрольного образца.

Ген *Lr37* передан в мягкую пшеницу с транслокацией 2NS-2AS от *Aegilops ventricosa* в составе кластера генов *Yr17/Lr37/Sr38* и локализован в коротком плече хромосомы 2A. До недавнего времени он принадлежал к группе высокоэффективных во многих странах. Однако широкое возделывание сортов с геном *Lr37* в Западной Европе привело к утрате его эффективности. В России эффективность гена *Lr37* варьирует по регионам от высокой до умеренной [24].

Идентификацию гена *Lr37* в коллекционных линиях проводили с праймерами *VENTRIUP* и *LN2*. Маркерный фрагмент размером 259 п.н. был выявлен у 11 генотипов: 5–16i, 34–16i, 53–16i, 60–16i, 17–16i, 30–16i, 31–16i, 44–16i, 45–16i, 48–16i, 57–16i.

Гены *Lr19*, *Lr24* и *Lr29* интрогрессированы в пшеницу от *Agropyrum elongatum*. Все они находятся в D геноме и тесно сцеплены с генами устойчивости к стеблевой ржавчине *Lr19/Sr25* и *Lr24/Sr24*. Данные гены считаются высокоэффективными и широко используются в селекции.

Для идентификации этих генов использовали SCAR-маркеры *SCS265* (*Lr19*), *SCS73* (*Lr24*) и *Lr29F24* (*Lr29*). Фрагменты амплификации по всем трем генам были обнаружены только у контрольных образцов, что говорит об отсутствии генетического материала *Agropyrum elongatum* в родословных исследуемых линий.

Ген *Sr17* (от *T. turgidum*), лежащий в хромосоме 7B и сцепленный с *Lr14a/Pm5*, хоть и неэффективен к *Ug99*, но может обеспечить устойчивость к местным популяциям отдельных регионов и в сочетаниях с другими генами, например с *Sr13* [25]. Ген *Sr17* был обнаружен с использованием DArT-маркера *wPt 5343* у 4 линий: 20–16i, 34–16i, 44–16i, 53–16i.

Ген *Sr22* был первоначально идентифицирован у *Triticum monosocum*, затем был перенесен на тетраплоидную и гексаплоидную пшеницу путем межвидовой гибридизации. Данный ген эффективен против всех рас стеблевой ржавчины, и есть линии с *Sr22*, которые не сцеплены с нежелательными агрономическими признаками [26].

Ранее *Sr22* был картирован на длинном плече хромосомы 7A. Три связанных маркера *CFA2019*, *CFA2123* и *BARC121* были использованы для гаплотипирования этого локуса [27]. Олсон и др. [15] создали новый набор линий с редуцированными чужеродными фрагментами и обнаружили, что ближайшими маркерами, примыкающими к *Sr22* в этих линиях, являются *WMC633* и *CFA2123*.

При использовании маркера *CFA2123* характерный продукт в 234 п.н. мы наблюдали у всех исследуемых образцов, в т.ч. и у отрицательного контроля. Поскольку этот маркер не является полностью диагностическим и может давать ложноположительный результат, использовали еще один SSR маркер *WMC633*. В результате мы обнаружили амплифицированные продукты, описанные не только как диагностические. У всех линий были фрагменты порядка 240 п.н., а 117 п.н. отсутствовали только у 21–16i, 40–16i, 34–16i, 17–16i. Как писали Олсон и др. [15],

это может быть связано с рекомбинацией между геном устойчивости и всеми маркерами, картированными в этом районе.

*Sr36* интрогрессирован в пшеницу от *T. timopheevii* и локализован в коротком плече хромосомы 2В. Этот ген широко используется в селекции и распространен во многих сортах в мире. *Sr36* эффективен к большинству рас стеблевой ржавчины, в т. ч. и к Ug99, кроме ее разновидностей ТТКСТ и ТТТСК [28]. Также его используют для создания пирамид в сочетаниях с другими генами *Sr* при селекции устойчивых сортов пшеницы.

Для определения этого гена использовали SSR кодоминантный маркер Xstm 773–2, который дал четкие, читаемые фрагменты длиной 155 п.н., свидетельствующие о наличии, и 190 п.н. — об отсутствии гена. У большинства образцов амплифицировался фрагмент в 155 п.н., а 190 п.н. обнаружен у 25–16i и 135/10i.

Ген устойчивости к стеблевой ржавчине *Sr39* обеспечивает устойчивость ко всем известным патотипам *Puccinia graminis f. sp. tritici*, включая Ug99(ТТКСК) и его варианты — ТТКСТ и ТТТСК, которые вирулентны против *Sr24* и *Sr36* — двух часто используемых генов устойчивости. Ген *Sr39* был перенесен в гексаплоидный сорт пшеницы Marquis в хромосому 2В из 2S хромосомы *Aegilops speltoides* [29]. Перемещенный сегмент также содержит ген устойчивости к листовой ржавчине *Lr35*. Для идентификации *Sr39* взяли маркеры *Sr39#22r* и *Sr39#50s*. По первому маркеру у всех образцов выявлен фрагмент в 820 п.н., что не соответствовало диагностическому фрагменту в 487 п.н. Аналогичная ситуация наблюдалась и по второму маркеру, при заявленном 167 п.н. фрагменте, у образцов амплифицировались продукты на 240 и 280 п.н. На данном этапе исследований можно предполагать отсутствие участка хромосомы с местом отжига этих праймеров. В дальнейшем, когда у нас появится контрольная линия с геном *Sr39*, повторный ПЦР анализ позволит уточнить это предположение.

Ген устойчивости к стеблевой ржавчине *Sr47* перенесен из *Aegilops speltoides* путем гомеологичной рекомбинации с использованием *ph1b*-мутанта в твердую пшеницу, в результате чего получена линия DAS15. Мы провели исследование на присутствие гена *Sr47*, но без наличия контроля, как и в случае с *Sr39*. Ярко выраженный продукт размером 109 п.н. отметили у большей части образцов, исключения составили 14–16i, 19–16i, 25–16i, 31–16i, 44–16i, у которых он отсутствовал. Исследователи отмечают, что при использовании Xgwm501 насыщенный фрагмент длиной 109 п.н. указывает на присутствие хроматина *Ae. speltoides*, в то время как отсутствие фрагмента или меньшая его выраженность может говорить о сегменте хромосомы пшеницы [30].

В результате молекулярного скрининга у исследованных линий яровой мягкой пшеницы обнаружены как единичные *Lr* и *Sr*-гены, так и их пирамида (табл. 3). Наибольшее число идентифицированных генов было обнаружено у линии 53–16i (*Lr26*, *Lr37*, *Sr17*, *Sr22*, *Sr36*, *Sr47*), а у линий 1–16i, 28–16i, 49–16i, 61–16i исследуемых *Lr*-генов не обнаружено. С учетом высокой устойчивости последних генотипов в условиях Алтайского края и южной лесостепи Западной Сибири велика

вероятность присутствия других эффективных генов устойчивости (например, *Lr35*, *Sr32*, *Sr39*, *Sr40*) или новых генов устойчивости, переданных от *Ae. speltoides*, *T. kiharae* или *T. migushovae*.

Таблица 3

**Идентификация Lr и Sr-генов у линий яровой мягкой пшеницы из коллекции «Арсенал»**

Сорт/линия	Lr-гены			Sr-гены			
	<i>Lr26</i>	<i>Lr34</i>	<i>Lr37</i>	<i>Sr17</i>	<i>Sr22</i>	<i>Sr36</i>	<i>Sr47</i>
Алтайская-70	-	-	-	-	-	-	-
1–16i	-	-	-	-	+	+	+
5–16i	+	-	+	-	+	+	+
6–16i	+	-	-	-	+	+	+
14–16i	+	-	-	-	+	+	-
17–16i	+	-	+	-	-	+	+
19–16i	+	-	-	-	+	+	-
20–16i	+	-	-	+	+	+	+
21–16i	+	-	-	-	-	+	+
25–16i	+	-	-	-	+	-	-
28–16i	-	-	-	-	+	+	+
30–16i	+	-	+	-	+	+	+
31–16i	+	-	+	-	+	+	-
34–16i	-	+	+	+	-	+	+
36–16i	+	-	-	-	+	+	+
37–16i	+	-	-	-	+	+	+
40–16i	-	+	-	-	-	+	+
44–16i	+	-	+	+	+	+	-
45–16i	+	-	+	-	+	+	+
48–16i	+	-	+	-	+	+	+
49–16i	-	-	-	-	+	+	+
53–16i	+	-	+	+	+	+	+
57–16i	-	-	+	-	+	+	+
60–16i	-	-	+	-	+	+	+
61–16i	-	-	-	-	+	+	+
135/10i	-	+	-	-	+	-	+

Источник: выполнено В.А. Петиным.

### Заключение

Выявлено наличие широкого спектра генов устойчивости к листовой и стеблевой ржавчине у линий пшеницы из коллекции «Арсенал», что указывает на донорские свойства линий и возможность их эффективного использования в MAS

для преодоления генетической однотипности местных сортов по устойчивости к ржавчинным болезням и решения проблемы фитосанитарной обстановки в крае.

### Список литературы

1. Санин С.С. Проблемы фитосанитарии зернопроизводства // Защита зерновых культур от болезней, вредителей, сорняков: достижения и проблемы : материалы Междунар. науч.-практ. конф. (05–09 декабря 2016 г., Большие Вяземы) / ВНИИФ. Большие Вяземы, 2016. С. 4–15. EDN: YQWIIH
2. McIntosh RA, Yamazaki Y, Devos KM, Dubcovsky J, Rogers JW, Appels R. Catalogue of Gene Symbols for Wheat. In: *Proceedings of the 12th international wheat genetics symposium*. Tokyo : Yokohama. 2013.
3. Сочалова Л.П., Лихенко И.Е. Оценка устойчивости к бурой ржавчине изогенных по генам Lr линий и сортов пшеницы в условиях Новосибирской области // Достижения науки и техники АПК. 2016. Т. 30. № 3. С. 46–50. EDN: VUZZSF
4. Шаманин В.П., Моргунов А.И., Петуховский С.Л., Лихенко И.Е., Левшунов М.А., Салина Е.А. и др. Селекция яровой мягкой пшеницы на устойчивость к стеблевой ржавчине в Западной Сибири. Омск : ОмГАУ им. П.А. Столыпина, 2015. 152 с.
5. Лапочкина И.Ф., Баранова О.А., Шаманин В.П., Волкова Г.В., Гайнуллин Н.Р., Анисимова А.В. и др. Создание исходного материала яровой мягкой пшеницы для селекции на устойчивость к стеблевой ржавчине (*Puccinia graminis* Pers. f. sp. *tritici*), в том числе и к расе Ug99 в России // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2016. Т. 20. № 3. С. 320–328. doi: 10.18699/VJ16.167 EDN: WLKVEV
6. Койшыбаев М., Муминджанов Х. Методические указания по мониторингу болезней, вредителей и сорных растений на посевах зерновых культур. Анкара : ФАО-СЕК, 2014. 61 с.
7. Plaschke J, Ganai MW, Roder MS. Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers. *Theoretical and applied genetics*. 1995;91:1001–1007. doi: 10.1007/BF00223912 EDN: OODEIJ
8. Gupta SK, Charpe A, Prabhu KW, Haque OMR. Identification and validation of molecular markers linked to the leaf rust resistance gene Lr19 in wheat. *Theoretical and applied genetics*. 2006;113(6):1027–1036. doi: 10.1007/s00122-006-0362-7 EDN: LNNCFZ
9. Prabhu KV, Gupta SK, Charpe A, Koul S. SCAR marker tagged to the alien leaf rust resistance gene *Lr19* uniquely marking the *Agropyron elongatum*-derived gene *Lr24* in wheat: a revision. *Plant Breeding*. 2004;123(5):417–420.
10. Saal B, Wricke G. Development of simple sequence repeat markers in rye (*Secale cereale* L.). *Genome*. 1999;42(5):964–972. doi: 10.1139/g99-052 EDN: XOGPAB
11. Procnunier JD, Townley-Smith TF, Fox S, Prashar S, Gray M, Kim WK, et al. PCR-based RAPD/DGGE markers linked to leaf rust resistance genes Lr29 and Lr25 in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Genetics and Breeding*. 1995;49:87–92.
12. Lagudah ES, McFadden H, Singh RP, Huerta-Espino J, Bariana HS, Spielmeier W. Molecular genetic characterization of the Lr34/Yr18 slow rusting resistance gene region in wheat. *Theoretical and applied genetics*. 2006;114:21–30. doi: 10.1007/s00122-006-0406-z EDN: KHWMZS
13. Helguera M, Khan IA, Kolmer J, Lijavetzky D, Zhong-Qi L, Dubcovsky J. PCR assays for the Lr37-Yr17-Sr38 cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines. *Crop Science*. 2003;43(5):1839–1847.
14. Crossa J, Burgueño J, Dreisigacker S, Vargas M, Herrera-Foessel SA, Lillemo M, et. al. Association analysis of historical bread wheat germplasm using additive genetic covariance of relatives and population structure. *Genetics*. 2007;177(3):1889–1913. doi: 10.1534/genetics.107.078659 EDN: YBMSNL
15. Olson EL, Brown-Guedira G, Marshall D, Stack E, Bowden RL, Jin Y, et. al. Development of lines with a small introgressed segment carrying stem rust resistance gene Sr22. *Crop Science*. 2010;50(5):1823–1830.
16. Tsilo TJ, Jin Y, Anderson JA. Diagnostic microsatellite markers for the detection of stem rust resistance gene Sr36 in diverse genetic backgrounds of wheat. *Crop Science*. 2008;48:253–261.
17. Mago R, Zhang P, Bariana HS, Verlin DC, Bansal UK, Ellis JG, et. al. Development of wheat lines carrying stem rust resistance gene Sr39 with reduced *Aegilops speltoides* chromatin and simple PCR markers for marker-assisted selection. *Theoretical and applied genetics*. 2009;119(8):1441–1450. doi: 10.1007/s00122-009-1146-7 EDN: YTDSNW

18. Faris JD, Xu SS, Cai X, Friesen TL, Jin Y. Molecular and cytogenetic characterization of a durum wheat — *Aegilops speltoides* chromosome translocation conferring resistance to stem rust. *Chromosome Research*. 2008;16(8):1097–1105. doi: 10.1007/s10577-008-1261-3 EDN: THOAFH
19. Mago R, Miah N, Lawrence GJ, Wellings CR, Spielmeyer W, Bariana HS, et. al. High-resolution mapping and mutation analysis separate the rust resistance genes Sr31, Lr26 and Yr9 on the short arm of rye chromosome 1. *Theoretical and applied genetics*. 2005;112:41–50. doi: 10.1007/s00122-005-0098-9 EDN: XOWBPP
20. Kim W, Johnson JW, Baenziger PS, Lukaszewski AJ, Gaines CS. Agronomic effect of wheat-rye translocation carrying rye chromatin (1R) from different sources. *Crop Science*. 2004;44(4):1254–1258.
21. Weng Y, Azhaguel P, Devkota RN, Rudd JC. PCR-based markers for detection of different sources of 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat-rye translocations in wheat background. *Plant Breeding*. 2007;126(5):482–486. doi: 10.1111/j.1439-0523.2007.01331.x EDN: XPMTWX
22. Schnurbusch T, Bossolini E, Messmer B, Keller B. Tagging and validation of a major quantitative trait locus for leaf rust resistance and leaf tip necrosis in winter wheat cultivar Forno. *Phytopathology*. 2004;94(10):1036–1041.
23. Гультяева Е.И., Садовая А.С. Селекция мягкой пшеницы на устойчивость к бурой ржавчине в России // Защита и карантин растений. 2014. № 10. С. 24–26. EDN: SNGPTX
24. Гультяева Е.И. Генетическая структура популяций *Puccinia triticina* в России и ее изменчивость под влиянием растения-хозяина: дис. ... д-ра биол. наук. СПб., 2018. EDN: URARXH
25. Баранова О.А., Лапочкина И.Ф., Анисимова А.В., Гайнуллин Н.Р., Иорданская И.В., Макарова И.Ю. Идентификация генов Sr у новых источников устойчивости мягкой пшеницы к расе стеблевой ржавчины Ug99 с использованием молекулярных маркеров // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2015. Т. 19. № 3. С. 316–322. doi: 10.18699/VJ15.041 EDN: UFFNSX
26. Shiferaw GA, Hoffmann B. Recent advances and future perspectives in resistance breeding against *Puccinia graminis f. sp. tritici*, strain Ug99. *Acta Agronomica Hungarica*. 2012;60(1):71–86.
27. Yu LX, Liu S, Anderson JA, Singh RP, Jin Y, Dubcovsky J, et. al. Haplotype diversity of stem rust resistance loci in uncharacterized wheat lines. *Molecular Breeding*. 2010;26(4):667–680. doi: 10.1007/s11032-010-9403-7 EDN: NYRAPP
28. Jin Y, Szabo LJ, Rouse MN, Fetch TJr, Pretorius ZA, Wanyera R, et. al. Detection of virulence to resistance gene Sr36 within the TTKS race lineage of *Puccinia graminis f. sp. Tritici*. *Plant Disease*. 2009;93(4):367–370. doi: 10.1094/PDIS-93-4-0367.
29. Kerber ER, Dyke PL. Transfer to hexaploid wheat of linked genes for adult-plant leaf rust and seedling stem rust resistance from amphiploid of *Aegilops speltoides* × *Triticum monococcum*. *Genome*. 1990;33(4):530–537.
30. Klindworth DL, Niu Z, Chao S, Friesen TL, Faris JD, Cai X et al. Introgression and characterization of a goatgrass gene for a high level of resistance to Ug99 stem rust in tetraploid wheat. *Genes, Genomes, Genetics*. 2012;2(6):665–673. doi: 10.1534/g3.112.002386

#### Об авторах:

Петин Вадим Андреевич — младший научный сотрудник, Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий, Российская Федерация, 656910, Алтайский край, г. Барнаул, Научный городок, д. 35; e-mail: 999.source.z@mail.ru

ORCID: 0000-0001-6175-9510 SPIN-код: 7177-1334

Лепехов Сергей Борисович — кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий, Российская Федерация, 656910, Алтайский край, г. Барнаул, Научный городок, д. 35; e-mail: sergei.lepehov@yandex.ru

ORCID: 0000-0003-1561-6345 SPIN-код: 9394-4835

Лапочкина Инна Фёдоровна — доктор биологических наук, главный научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр «Немчиновка», Российская Федерация, 121205, г. Москва, Сколково, Большой бульвар, д. 30, стр. 1; e-mail: inna-lapochkina@yandex.ru

ORCID: 0000-0002-2328-2798 SPIN-код: 9642-0889

Гайнуллин Nailь Рифкатович — кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр «Немчиновка», Российская Федерация, 121205, г. Москва, Сколково, Большой бульвар, д. 30, стр. 1; e-mail: gainullin.nail@gmail.com

ORCID: 0000-0002-0970-662X SPIN-код: 4974-2310