T6BS.6BL-6GL and substitution of chromosomes 1D(1D^t), 4D(4D^t), 5D(5D^t), 6D(6D^t) were identified. DNA analysis revealed that the lines can carry leaf rust resistance genes that are different from the known *Lr39* and *Lr50*. Introgression lines have been successfully used in breeding. Five common winter wheat cultivars are developed.

Keywords: *T. aestivum*, *T. miguschovae*, wild relatives, synthetic form, introgression lines, resistance to disease, protein content, cytological analysis, DNA analysis.

DOI 10.33952/2542-0720-2020-5-9-10-57

УДК 577.21:633.111.1

Давоян Эдвард Румикович, Беспалова Людмила Андреевна, Давоян Румик Оганесович, Агаева Елена Валентиновна, Миков Дмитрий Сергеевич, Болдаков Дмитрий Максимович, Зубанова Юлия Сергеевна, Худокормова Жанна Николаевна

Применение ДНК-маркеров в селекции мягкой пшеницы на устойчивость к листовой ржавчине

ФГБНУ «Национальный центр зерна имени П. П. Лукьяненко»
e-mail: davayan@rambler.ru

Молекулярные или ДНК-маркеры способны в значительной степени повысить эффективность идентификации и отбора большого количества генетического материала, предоставляя исходную информацию для понимания адаптивной ценности отдельных аллелей или их комбинаций в конкретных условиях культивирования мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) [4].

Одним из основных направлений отбора с применением молекулярных маркеров (MAS) в Краснодарском НЦЗ им. П. П. Лукьяненко является селекция на устойчивость к болезням, в частности к листовой ржавчине (*Puccinia triticinia* Erikss.) – наиболее вредоносной и распространённой болезни мягкой пшеницы. Для эффективной и долгосрочной защиты растений от данной болезни предпочтительно использовать гены, определяющие разные механизмы устойчивости. На сегодняшний день в России перспективными для селекции по данному признаку являются высокоэффективные гены устойчивости к листовой ржавчине: *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr39(41)*, *Lr47*, *Lr50* [2]. Стратегия пирамидирования этих генов с генами возрастной устойчивости *Lr22a*, *Lr35*, *Lr37*, *Lr48*, *Lr49*, а также в сочетании с генами, утратившими эффективность, позволит в значительной степени повысить генетическое разнообразие в сортах и адаптивность к популяции патогена.

Цель работы заключалась в изучении полученных селекционных линий на присутствие молекулярных маркеров, сцепленных с генами, детерминирующими устойчивость к листовой ржавчине: *Lr9, Lr19, Lr24, Lr37, Lr26* и отборе ценных для селекции генотипов.

Объектом исследования служили 277 линий мягкой пшеницы селекции НЦЗ им. П.П. Лукьяненко. ДНК выделяли из 5–7-дневных этиолированных проростков пшеницы по методу Плашке с соавторами [3]. Идентификацию *Lr*-генов осуществляли с использованием ПЦР с праймерами, маркирующими искомые гены.

Начиная с 2012 года в отделе селекции и семеноводства пшеницы и тритикале проводится передача эффективных в условиях Краснодарского края генов устойчивости к листовой ржавчине *Lr9, Lr19, Lr24, Lr37* в сорта мягкой пшеницы селекции НЦЗ им. П. П. Лукьяненко. В рамках данного направлений проводится: анализ исходного материала, маркерный отбор на целевые гены на всех этапах начиная с F_2, маркер опосредованный беккросс и пирамидирование генов. С применением молекулярных маркеров изучены линии КСИ-2 и КСИ-3 (конкурсное сортоиспытание) на присутствие маркеров, сцепленных с генами *Lr9, Lr19, Lr24, Lr37, Lr26* (таблица 1).

Таблица 1 – Изучение линий КСИ-2 и КСИ-3 на присутствие молекулярных маркеров, сцепленных с *Lr*-генами

Ген	*Lr9*	*Lr19*	*Lr24*	*Lr26*	*Lr37*
Число анализируемых образцов	277	277	277	277	277
Число образцов с геном	-	-	52	80	141

По результатам проведённого анализа выявлено 52 линии, несущих ген *Lr24*, 80 линий с геном *Lr26* и 141 линия с геном *Lr37*. Линии с генами *Lr9* и*Lr19* не идентифицированы.

Одним из важных преимуществ MAS является возможность применения ДНК-маркеров для создания пирамид генов. Например, для признаков устойчивости к грибным патогенам на основании фенотипических данных достаточно сложно идентифицировать растения, имеющие более одного гена устойчивости. В тоже время использование MAS для этой задачи позволяет выявлять растения, имеющие более одного гена устойчивости, а также позволяет отбирать генотипы, содержащие комбинации генов на ранних стадиях, например, в популяциях F_2 [1]. С применением молекулярных маркеров отобраны линии КСИ-2 и КСИ-3, несущие комбинацию генов устойчивости к листовой ржавчине (таблица 2).

Наличие комбинации генов *Lr37+Lr26* установлено у 31 линии. Комбинация генов *Lr24+Lr26* выявлена у 12 линий. Линия 125-15 Мс 2 несёт сочетание генов *Lr37+Lr24*. Пирамида из трёх генов обнаружена у линии 144-15 Мс 2.

Таблица 2 – Изучение линий КСИ-2 и КСИ-3 на присутствие комбинаций генов устойчивости к листовой ржавчине

Ген	Количество линий с геном
Lr37+Lr26	31
Lr24+Lr26	12
Lr37+Lr24	Линия 125-15 Мс 2
Lr37+Lr24+Lr26	Линия 144-15 Мс 2

Таким образом, использование молекулярных маркеров позволило выявить линии мягкой пшеницы, имеющие как единичные гены устойчивости *Lr24, Lr37, Lr26*, так и их комбинации. В настоящее время отобранные линии интенсивно вовлечены в селекционный процесс.

Литература

1. Беспалова Л. А., Васильев А. В., Аблова И. Б. Филобок В. А., Худокормова Ж. Н., Давоян Р. О., Давоян Э. Р., Карлов Г. И., Соловьев А. А., Дивашук М. Г., Майер Н. К., Дудников М. В., Мироненко Н. В., Баранова О. А. Применение молекулярных маркеров в селекции пшеницы в Краснодарском НИИСХ им. П.П. Лукьяненко // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2012. Т. 16. № 1. С. 37–43.

2. Гультяева Е. И. Методы идентификации генов устойчивости пшеницы к бурой ржавчине с использованием ДНК-маркеров и характеристика эффективности *Lr*-генов. СПб: РАСХН, отделение защиты растений, ГНУ ВНИИЗР, 2012. С. 59–-60.

3. Plaschke J., Ganal M.W., Roder M.S. Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers // Theor. Appl. Genet. 1995. Vol. 91. P. 1001–1007.

4. Randhawa H. S., Asif M., Pozniak C., Clarke J. M., Graf R. J., Fox S. L., Humphreys D G., Knox R. E., De Pauw R. M., Singh A. K., Cuthbert R. D., Hucl P., Spaner D. Application of molecular markers to wheat breeding in Canada // Plant Breed. 2013. Vol. 132. No. 5. P. 458–471.

UDC 577.21:633.111.1

Davoyan E. R., Bespalova L. A., Davoyan R. O., Agaeva E.V., Mikov D. S., Boldakov D. M., Zubanova Yu. S., Khudokormova Zh.N.

Breeding of common wheat for leaf rust resistance using DNA markers

Summary. The article presents the results of the characterization of 277 lines of common wheat developed in the National Center of Grain named after P.P. Lukyanenko

by the presence of molecular markers linked to leaf rust resistance genes Lr9, Lr19, Lr24, Lr37, Lr26. Lines with Lr9 and Lr19 were not identified. We detected 52 lines carrying Lr24; 80 lines with Lr26; 141 lines with Lr37. Lines carrying a combination of leaf rust resistance genes were selected using molecular markers. The presence of a combination of Lr37 + Lr26 was established in 31 lines. The combination of Lr24 + Lr26 was detected in 12 lines. Line 125-15 Ms 2 carries a combination of Lr37 + Lr24. A pyramid of three genes was found in the line 144-15 Ms 2. Currently, the selected lines are widely involved in the breeding process.

Keywords: common wheat, leaf rust resistance genes, molecular markers, marker-assisted selection.

DOI 10.33952/2542-0720-2020-5-9-10-58

UDC 632.4.01

Dutbayev Ye. B. [1], Kuresbek A.[2], Sarbaev A. T.[2], Kuldybayev N. M.[1] Sultanova N. Zh.[3]

The impact of genotype and common bunt intensity on winter wheat productivity in Southeastern Kazakhstan

[1]Kazakh National Agrarian University, Almaty, Kazakhstan;
[2]Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant growing, Almaty, Kazakhstan;
[3]Kazakh Research Institute of plant protection and Quarantine, Almaty, Kazakhstan
e-mail: edutbaev@mail.ru

Common bunt (CB) of winter wheat caused by *Tilletia tritici and T. laevis* is an important disease that occurs in all wheat-growing areas of the world and can cause yield losses up to 40-60% and more [1]. Bunt destroys the content of infected kernels, replaces them with the spores of the fungus. Infected plants are more susceptible than healthy ones to certain diseases and winter injury. Plants infected by CB fungi are several centimeters shorter, heads are slimmer, kernels are shorter and thicker than those of the normal plants. CB can be controlled by using smut-free seeds from resistant cultivar [1]. In our study we have evaluated the effect of five commercial genotypes and CB intensity to winter wheat yield parameters in Southeastern Kazakhstan.

A field study with completely randomized design was conducted based on artificial background of five winter wheat genotypes (‘Zhetisu’, ‘Farabi’, ‘Azharly’, ‘Steklovidnaya 24’ and ‘Naz’) at Kazakh Research Institute of Agriculture and Plant growing (Almaty, Kazakhstan) in 2016–2017. There were four replications of the experiment. The seeds were planted at a row spacing of 1 m and plant spacing of 10 cm. Statistical processing of data was performed using software R-studio [2]. A two-way analysis of variance (ANOVA) test was performed with two factors. Factor 1: winter wheat genotype, namely (1) – ‘Zhetisu’, (2) – ‘Farabi’, (3) – ‘Azharly’, (4) – ‘Steklovidnaya 24’, (5) – ‘Naz’. Factor 2: common bunt intensity – 1 – (0) healthy plants, 2 – (1–10, low level of infecting), 3 – (11–20), 4 – (21–30), 5 – (31–40), 6 – (100%, great rate of infecting). The two-way ANOVA test was performed before and during experiment. As numerical variables were: 1 – stem length, cm; 2 – plant height, cm; 3 – peduncle length, cm; 4 – length of spike, cm; 5 – width of spike, cm; 6 – number of flowers; 7 – number of grains per spike; 8 – grain from one spike, gram; 9 – weight of grains, gram. The significance of all variables was evaluated with P-value by R Studio software [2].

In Kazakhstan main works on CB of winter wheat are focused on studying the evaluation of synthetic wheat for resistance [3, 4], identification of resistance carriers [5]. An alternative approach is necessary to evaluate the impact of commercial cultivars and CB intensity on winter wheat productivity in Southeastern Kazakhstan.

Our results have shown that CB disease on winter wheat started on flowering stage, however, the infection intensity was not significant among all genotypes (fig. 1). The CB was responsible for 0.4 to 32.3% yield losses, which in turn significantly correlated with the