

УДК 633.111.1:577.2

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ В СЕЛЕКЦИИ ПШЕНИЦЫ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ В КРАСНОДАРСКОМ НИИСХ им. П.П. ЛУКЪЯНЕНКО

© 2014 г. Э.Р. Давоян, Л.А. Беспалова, Р.О. Давоян, Ю.С. Зубанова,
Д.С. Миков, В.А. Филобок, Ж.Н. Худокормова

ГНУ Краснодарский научно-исследовательский институт
сельского хозяйства им. П.П. Лукьяненко Россельхозакадемии, Краснодар, Россия,
e-mail davayan@rambler.ru

Поступила в редакцию 10 сентября 2014 г. Принята к публикации 21 октября 2014 г.

С использованием молекулярных маркеров, сцепленных с генами устойчивости пшеницы к бурой ржавчине *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr34*, *Lr37*, проанализировано 1 920 растений и 46 коммерческих сортов селекции КНИИСХ. В основном анализируемые сорта несут утративший эффективность ген *Lr10*, а также слабоэффективные *Lr26* и *Lr34* и их комбинации. Высокоэффективные гены *Lr9* и *Lr24* не были идентифицированы. Эффективный на территории Краснодарского края ген *Lr19* был идентифицирован в сортах Паллада и Яра. Ген *Lr37* выявлен в сорте Морозко. За короткий срок были получены растения поколения F_2 , F_3 с интрогрессиями генов *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr37*. Выявлены образцы с комбинациями генов *Lr24+Lr37*, *Lr24+Lr19*, *Lr24+Lr9*, *Lr19+Lr37*, *Lr37+Lr9*, *Lr19+Lr9*. Отобрано 7 растений с комбинацией из трех генов *Lr37+Lr19+Lr9* и одно с комбинацией *Lr37+Lr24+Lr9*.

Ключевые слова: мягкая пшеница, гены устойчивости к бурой ржавчине, молекулярные маркеры, MAS-селекция.

ВВЕДЕНИЕ

Бурая или листовая ржавчина, возбудителем которой является облигатный патоген *Puccinia triticina* Eriks., – одна из самых вредоносных и распространенных болезней мягкой пшеницы. Создание устойчивых сортов – наиболее эффективный и экологически безопасный метод борьбы с данной болезнью. Условием успешной селекции на устойчивость к бурой ржавчине является достаточное количество доноров и источников (*Lr*-генов). По данным каталога генных символов, до настоящего времени опубликовано около 80 генов устойчивости к бурой ржавчине (McIntosh *et al.*, 2010). Для идентификации многих *Lr*-генов используют сцепленные с ними молекулярные маркеры. Внедрение в селекционные программы современных подходов с использованием молекулярных маркеров может стать мощным инструментом в решении

проблемы устойчивости к бурой ржавчине. Одним из таких подходов является маркер-вспомогательная селекция (MAS, marker-assisted selection). Основным принцип MAS заключается в идентификации тесного сцепления между маркером и геном, контролирующим признак, и использовании ассоциации маркер–признак в практических целях для создания новых сортов и селекционных линий (Леонова, 2013).

В Краснодарском НИИСХ им. П.П. Лукьяненко с 1930 г. успешно ведется селекция, направленная на создание сортов пшеницы, устойчивых к болезням. В селекции на устойчивость используются как традиционные методы – внутривидовая и отдаленная гибридизация, индивидуальный отбор, так и отбор с помощью молекулярных маркеров. Для создания генетически разнообразного исходного материала и сортов с различной природой устойчивости к бурой ржавчине были отобраны доноры эффективных

в большинстве регионов России генов *Lr9*, *Lr19* и *Lr24* и среднеэффективного гена возрастной устойчивости *Lr37*. Исходя из их родословной предполагалось, что гены устойчивости к бурой ржавчине *Lr10*, *Lr26*, *Lr34* могут присутствовать в сортах селекции КНИИСХ.

Цель данной работы заключалась в анализе отдельных растений и сортов пшеницы селекции КНИИСХ на присутствие молекулярных маркеров, сцепленных с генами *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr34*, *Lr37*, и отборе перспективных растений с содержанием одного или нескольких генов устойчивости к бурой ржавчине.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Объектами исследования служили 1 920 растений и 46 коммерческих сортов мягкой пшеницы селекции КНИИСХ. Растения пшеницы были получены от скрещивания доноров генов *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr37* с районированными сортами-реципиентами. В качестве доноров использовали почти изогенные линии сорта Thatcher RL6040 для гена *Lr19*, RL6010 для гена *Lr9*, RL6040 для гена *Lr24* и RL6081 для гена

Lr37. В качестве реципиентов были отобраны устойчивые к бурой ржавчине сорта: Фортуна, Юнона, Таня; среднеустойчивые: Айвина, Адель; средневосприимчивые: Нота, Гром, Вита; восприимчивый сорт Краснодарская 99. ДНК пшеницы выделяли из 5–7-дневных этиолированных проростков по методу Плашке с соавт. (Plaschke *et al.*, 1995). Идентификацию генов *Lr* осуществляли с использованием метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) с праймерами, маркирующими гены *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr34*, *Lr37*. Праймеры отбирали на основании литературных данных; их названия, источники и условия амплификации представлены в табл. 1.

Продукты ПЦР разделяли с помощью электрофореза в агарозном геле с 0,5× буфером ТВЕ. Концентрация геля варьировала от 1,5 до 2,0 % в зависимости от размера амплифицированного фрагмента. Гели окрашивали бромистым этидием и фотографировали в ультрафиолетовом свете с помощью фотобокса «INFINITI 1000». В качестве маркера молекулярной массы использовали ДНК-маркер М 24 100 бр «СибЭнзим». В качестве положительных контролей для опре-

Таблица 1

Происхождение генов устойчивости к бурой ржавчине, условия ПЦР и характеристика праймеров, используемых для идентификации соответствующих генов

Ген	Источник гена	Название праймеров	Условия амплификации фрагментов	Размер фрагмента п.н.	Литературный источник
<i>Lr9</i>	<i>Aegilops umbellulata</i>	<i>FJ13/1</i>	94 °С – 6 мин; 35 циклов (92 °С – 30 с, 63 °С – 30 с, 72 °С – 60 с); 72 °С – 5 мин	1100	Schachermayer <i>et al.</i> , 1994
		<i>RJ13/2</i>			
<i>Lr10</i>	<i>Triticum aestivum</i>	<i>Lrk10 D1</i>	94 °С – 3 мин; 35 циклов (92 °С – 45 с, 63 °С – 45 с, 72 °С – 30 с); 72 °С – 3 мин	282	Schachermayer <i>et al.</i> , 1997
		<i>Lrk10 D2</i>			
<i>Lr19</i>	<i>Agropyron elongatum</i>	<i>FGbf</i>	94 °С – 5 мин; 40 циклов (94 °С – 30 с, 60 °С – 30 с, 72 °С – 60 с); 72 °С – 5 мин	130	Prinse <i>et al.</i> , 2001
		RGbr			
<i>Lr24</i>	<i>Ag. elongatum</i>	<i>J 09/1</i>	94 °С – 4 мин; 40 циклов (92 °С – 60 с, 60 °С – 60 с, 72 °С – 2 мин); 72 °С – 5 мин	320	Schachermayer <i>et al.</i> , 1995
		<i>J 09/2</i>			
<i>Lr26</i>	<i>Secale cereale</i>	<i>SCM9/F</i>	94 °С – 3 мин; 30 циклов (94 °С – 45 с, 60 °С – 60 с, 72 °С – 90 с); 72 °С – 5 мин	207	Weng <i>et al.</i> , 2007
		<i>SCM9/R</i>			
<i>Lr34</i>	<i>Triticum aestivum</i>	<i>csLV34F</i>	94 °С – 5 мин; 40 циклов (94 °С – 45 с, 55 °С – 30 с, 72 °С – 60 с); 72 °С – 5 мин	150	Lagudah <i>et al.</i> , 2006
		<i>csLV34R</i>			
<i>Lr37</i>	<i>Aegilops ventricosa</i>	<i>Ventriup</i>	94 °С – 45 с; 30 циклов (94 °С – 45 с, 65 °С – 30 с, 72 °С – 60 с); 72 °С – 7 мин	262	Helguera <i>et al.</i> , 2003
		<i>Ln2</i>			

деления известных генов были использованы почти изогенные линии сорта Thatcher с генами устойчивости к бурой ржавчине: *Lr9* (TcLr9), *Lr10* (TcLr10), *Lr19* (TcLr19), *Lr24* (TcLr24), *Lr26* (TcLr26), *Lr34* (TcLr34), *Lr37* (TcLr37).

РЕЗУЛЬТАТЫ

В настоящее время из 80 генов устойчивости к бурой ржавчине, описанных в каталоге генных символов, для 50 % определены ДНК-маркеры, сцепленные с ними, и только для 15 % маркеры валидированы для использования в схемах MAS (Леонова, 2013). Валидация означает тестирование способности ДНК-маркеров предсказывать фенотип на широком наборе сортов, изогенных линий, популяций в различном генетическом окружении и в различных условиях окружающей среды. Из литературных источников нами были отобраны известные ДНК-маркеры, сцепленные с генами устойчивости к бурой ржавчине: *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr34*, *Lr37*. Гены *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr37* рекомендованы для интрогрессии в озимые сорта пшеницы и валидации маркеров.

На начальном этапе исследования было проанализировано 46 коммерческих сортов селекции КНИИСХ с целью характеристики их генотипов по анализируемым генам устойчивости к бурой ржавчине. Полученные результаты представлены в табл. 2. Высокоэффективные в большинстве регионов нашей страны гены *Lr9* и *Lr24* не были идентифицированы. Ген *Lr10* был выявлен в сортах Батько, Гром, Нота, Краля, Краснодарская 99, Трио, Этнос, Юмпа. Эффективный на территории Краснодарского края ген *Lr19* был идентифицирован в сортах Паллада и Яра. Пшенично-ржаная транслокация 1BL.1RS, несущая ген устойчивости *Lr26*, идентифицирована в сортах Баграт, Васса, Вершина, Иришка, Курень, Лауреат, Ольхон, Уруп, Фортуна.

Ген возрастной устойчивости *Lr34* выявлен в сортах Дмитрий, Есаул, Калым, Лига 1, Протон, Юнона. Ген *Lr37* выявлен в высокоустойчивом сорте Морозко. Сорта с неспецифичной устойчивостью Адель, Айвина, Вита и Юка несут комбинацию, состоящую из трех генов: *Lr10*, *Lr26*, *Lr34*.

В 4 сортах с частичной устойчивостью – Афина, Дока, Таня, Утриш – выявлены гены

Таблица 2

Анализ сортов мягкой пшеницы селекции КНИИСХ на присутствие генов устойчивости к листовой ржавчине *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr34*, *Lr37*

Гены устойчивости	Сорта мягкой пшеницы
<i>Lr10+Lr26+Lr34</i>	Адель, Айвина, Вита, Юка
<i>Lr26+Lr34</i>	Афина, Дока, Таня, Утриш
<i>Lr10+Lr26</i>	Коллега, Антонина, Стан, Курс
<i>Lr10+Lr34</i>	Зимтра
<i>Lr37</i>	Морозко
<i>Lr19</i>	Паллада, Яра
<i>Lr10</i>	Батько, Гром, Нота, Краля, Краснодарская 99, Трио, Этнос, Юмпа
<i>Lr26</i>	Баграт, Васса, Вершина, Иришка, Курень, Лауреат, Ольхон, Уруп, Фортуна
<i>Lr34</i>	Дмитрий, Есаул, Калым, Лига 1, Протон, Юнона, Кума, Юбилейная 100

Lr26 в сочетании с *Lr34*. Комбинация генов *Lr10+Lr26* идентифицирована в сортах с неспецифичной устойчивостью: Коллега, Антонина, Стан, Курс. Сорт Зимтра несет комбинацию *Lr10+Lr34*.

В дальнейшем в отделе селекции пшеницы и тритикале была начата работа по передаче эффективных в условиях Краснодарского края генов устойчивости к бурой ржавчине в сорта мягкой пшеницы селекции КНИИСХ. В качестве доноров были использованы почти изогенные линии сорта Thatcher с генами *Lr9*, *Lr19*, *Lr24* и *Lr37*. Данные гены были перенесены в мягкую пшеницу от дикорастущих сородичей. Преимущество некоторых из них состоит в том, что они были переданы в составе транслокаций совместно с другими генами устойчивости. Ген *Lr19*, переданный от *Ag. elongatum*, тесно сцеплен с геном устойчивости к стеблевой ржавчине *Sr25*, от этого вида в мягкую пшеницу передан ген *Lr24*, который сцеплен с *Sr24*. Переданный от *Ae. ventricosa* ген *Lr37* входит в состав транслокации вместе с генами *Yr17* и *Sr38* (Friebe *et al.*, 1996). Ген *Lr9* передан в мягкую пшеницу от *Ae. umbellulata*. До недавнего времени ген от-

носился к группе высокоэффективных во всем мире. В настоящее время вирулентность к гену *Lr9* отмечается как в регионах выращивания сортов с этим геном, так и за их пределами. Однако *Lr9* продолжает оставаться эффективным в условиях Краснодарского края.

Далее проводили беккроссы с целью увеличения адаптивного материала сорта-реципиента в гибридном потомстве. С помощью ПЦР анализа выявляли присутствие ДНК-маркеров, сцепленных с интрогрессируемыми генами (рис. 1).

Из 130 растений поколения F_2 маркер, сцепленный с геном *Lr9*, выявлен у 39. Маркер, сцепленный с геном *Lr19*, идентифицировали в 57 из 123 анализируемых образцов. В 57 образцах из 215 детектировали диагностический маркер, сцепленный с геном *Lr24*. Из 346 растений были выделены 219, несущих маркер, сцепленный с геном *Lr37*.

В растениях поколения F_3 диагностический маркер, сцепленный с геном устойчивости к бурой ржавчине *Lr9*, детектировали в 205 образцах. Маркер, сцепленный с геном *Lr19*, был идентифицирован у 221 из 368 анализируемых образцов. Диагностические маркеры к генам *Lr24* и *Lr37* были выявлены в 841 и 743 растениях соответственно.

Растения, у которых были выявлены ДНК-маркеры, сцепленные с искомыми генами, отбирали для повторного беккросса, а также проведения скрещиваний по объединению нескольких генов в одном генотипе. Известно, что сочетание нескольких генов устойчивости к

бурой ржавчине в одном генотипе может обеспечивать более надежную и продолжительную защиту вследствие расширения генетической основы устойчивости. Работы по пирамидированию 5 генов и 2 локусов количественных признаков устойчивости к болезням (*Lr19*, *Lr34*, *Sr2*, *Sr26*, *YrSp*, *QYr*, *sgi-7D* *QYr.sgi-2B*) в одном генотипе пшеницы изложены у S.L. Sydenham (2007). D.G. Bonnet с соавт. (2005) провели работу по сочетанию в одном генотипе генов устойчивости к болезням (*Sr2*, *Lr37*, *Yr17*, *Sr38*) и вредителям (*Cre 1*), генов карликовости (*Rht-B1b*, *Rht8*) и генов, определяющих качество зерна (*Glu-B1*, *Glu-D1*, *Glu-A3*).

Использование молекулярных маркеров для пирамидирования генов позволяет идентифицировать растения, имеющие более одного гена устойчивости, а также выявлять генотипы, содержащие комбинации генов, на ранних стадиях, например, в популяциях F_2 (Sivasamy *et al.*, 2009; Беспалова и др., 2012). Комбинации генов и количество проанализированных образцов представлены в табл. 3.

Идентифицировано 443 растения с сочетанием диагностических маркеров, сцепленных с генами *Lr24+Lr37*. Выявлено 77 образцов, несущих маркеры, сцепленные с генами *Lr24+Lr19*. 82 растения несли маркеры, сцепленные с комбинацией генов *Lr24+Lr9*. Комбинации генов *Lr19+Lr37*, *Lr37+Lr9*, *Lr19+Lr9* были выявлены в 41, 12 и 58 образцах соответственно. Отобрано 7 растений с сочетанием генов *Lr37+Lr19+Lr9* и один образец с комбинацией генов *Lr37+Lr24+Lr9*.

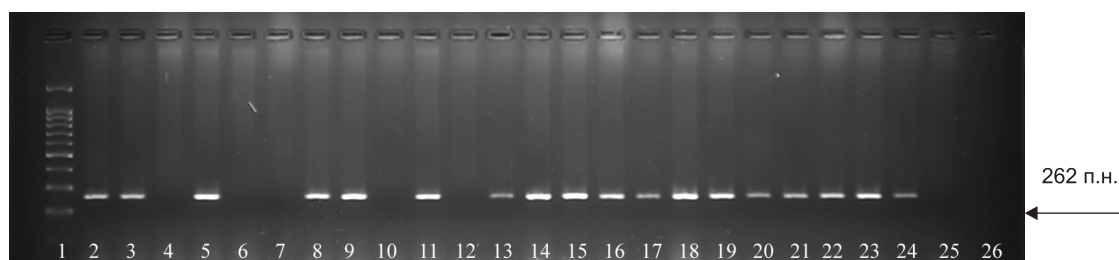


Рис. 1. Продукты амплификации с использованием пары праймеров *Ventriup* и *Ln2* к диагностическому маркеру, сцепленному с геном устойчивости к листовой ржавчине *Lr37*.

1 – маркер длины; 2 – почти изогенная линия сорта Thatcher (*TcLr37*); 3–26 – растения, полученные от скрещивания сорта Thatcher (*TcLr37*) с сортом Юнона.

Таблица 3

Анализ гибридов мягкой пшеницы на присутствие комбинаций генов устойчивости к бурой ржавчине

Комбинация генов	Число анализируемых растений	Число растений с комбинацией генов
<i>Lr24+Lr37</i>	864	443
<i>Lr24+Lr19</i>	144	77
<i>Lr24+Lr9</i>	205	82
<i>Lr19+Lr37</i>	188	41
<i>Lr37+Lr9</i>	96	12
<i>Lr19+Lr9</i>	96	58
<i>Lr37+Lr19+Lr9</i>	96	7
<i>Lr37+Lr24+Lr9</i>	96	1

ОБСУЖДЕНИЕ

На сегодняшний день очевидно, что селекция с использованием ДНК-технологий является мощным инструментом для повышения эффективности селекционного процесса. Интрогрессия генов в различных схемах MAS в сравнении с методами традиционной селекции позволяет существенно сократить размер выборки, время при проведении беккроссов и контролировать длину чужеродного фрагмента (Timonova *et al.*, 2013). Анализ ДНК-маркерами можно проводить на любой стадии развития растения в лабораторных условиях. Удешевление технологии MAS в совокупности с преимуществами применения ДНК-маркеров позволит в течение следующего десятилетия добиться большей эффективности селекции растений.

Создание сортов пшеницы с генами устойчивости к бурой ржавчине и их комбинациями является актуальной задачей практической селекции. Для стабильной защиты растений пшеницы от бурой ржавчины необходимо использовать гены, определяющие разные механизмы устойчивости. Перспективными в России для использования в селекции пшеницы являются высокоэффективные гены *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr39(41)*, *Lr47*, *Lr50*, а также гены устойчивости взрослых растений *Lr22a*, *Lr35*, *Lr37*, *Lr48*, *Lr49* (Гульятеева, 2012). Пирамидирование этих генов в сочетании с генами,

утратившими эффективность, и генами возрастной устойчивости позволит в значительной степени повысить генетическое разнообразие в сортах и адаптивность к популяции патогена. В настоящее время селекция с использованием молекулярных маркеров активно проводится во многих странах. Так, в Индии с использованием пирамидирования были созданы линии и сорта, несущие сочетание генов *Lr19* и *Lr24* (Singh *et al.*, 2004), *Lr32* и *Lr28*, *Lr9*, *Lr24* и *Lr28*, *Lr28* и *Lr48*, *Lr24* и *Lr48* (Prubhu, Tiwary, 2007). В США с использованием стратегии маркер-вспомогательного беккроссирования в североамериканские сорта пшеницы перенесены гены *Lr21*, *Lr39(41)*, *Lr47* и *Lr37*. С использованием молекулярных маркеров *Lr*-генов во Франции были созданы линии пшеницы с генами *Lr1*, *Lr9*, *Lr24* и *Lr47* (Nocente *et al.*, 2007); линии с генами *Lr24*, *Lr25*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr35* и *Lr37* – в Венгрии (Vida *et al.*, 2009); линии с генами *Lr24* и *Lr19* – в Чехии (Slikova *et al.*, 2004).

Селекция с использованием молекулярных маркеров в Краснодарском НИИСХ проводится с использованием различных доноров устойчивости. Для передачи генов широко применяются почти изогенные линии сорта Thatcher, интрогрессивные линии с генетическим материалом от видов *Aegilops*, *Agropyron*, *Secale* и *Triticum*, а также сорта иностранной селекции TAM 200, Agarachoe, Kapchorn, Alkazar, KS93U62. Ведутся работы с использованием маркеров, сцепленных с генами устойчивости к бурой ржавчине *Lr22a*, *Lr29*, *Lr32*, *Lr35*, *Lr39(41)*, *Lr47*, *Lr50* и *Lr51*.

В основном в сортах Краснодарского НИИСХ выявляются утративший эффективность ген *Lr10*, а также слабоэффективные *Lr26* и *Lr34*. Ген *Lr10* является одним из наиболее широко представленных в российских сортах. Из-за широкого возделывания сортов, несущих *Lr10*, ген потерял эффективность во всем мире. Однако, согласно R.A. McIntosh с соавт. (1995), *Lr10* может быть эффективен в сочетании с другими генами. Утративший эффективность ген *Lr26* входит в состав транслокации 1BL.1RS. В этой транслокации находятся гены устойчивости к мучнистой росе (*Pm8*), стеблевой (*Sr31*) и желтой (*Yr9*) ржавчинам, в связи с чем ген *Lr26* в сочетании с другими генами устойчивости представляет особый интерес для селекции.

Следует отметить, что в условиях Краснодарского края хороший эффект по устойчивости к бурой ржавчине показывают комбинации генов *Lr10+Lr26+Lr34*, *Lr26+Lr34*, *Lr10+Lr26*, *Lr10+Lr34* (Аблова, 2014).

Известно, что в сортах, несущих ген возрастной устойчивости *Lr34*, болезнь развивается медленнее, несмотря на восприимчивый тип реакции растения. Подобную устойчивость называют частичной или устойчивостью по типу медленного развития. Так, например, сорта пшеницы, созданные в СИММУТ, сохраняли устойчивость к бурой ржавчине в различных регионах мира более 30 лет. Генетической основой сортов служили гены возрастной устойчивости *Lr13* и *Lr34*, дополненные 2–3 генами с аддитивным эффектом (Singh *et al.*, 2003).

Ген *Lr37* выявлен у сорта Морозко. До недавнего времени этот ген являлся высокоэффективным во всем мире. В середине 2000-х годов ген утратил эффективность в Западной Европе в связи с широким возделыванием сортов – его носителей. В условиях северо-запада России в 2011 г. пораженность сортов и линий бурой ржавчиной возросла до 5 % (Гультияева, Баранова, 2010). Несмотря на потерю эффективности, ген возрастной устойчивости *Lr37* рекомендуется для селекции во многих странах мира, в том числе и в России.

Таким образом, использование молекулярных маркеров позволило за короткий срок изучить 46 сортов пшеницы на присутствие генов устойчивости к бурой ржавчине *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr34*, *Lr37*. Получены и проанализированы растения поколений F_2 и F_3 с интрогрессиями генов *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr37*. Растения пшеницы с пирамидами генов *Lr19+Lr9*, *Lr24+Lr37*, *Lr24+Lr19*, *Lr24+Lr19*, *Lr37+Lr19+Lr9*, *Lr37+Lr24+Lr9*, отобранные с использованием молекулярных маркеров, интенсивно вовлекаются в гибридизацию.

ЛИТЕРАТУРА

- Аблова И.Б., Беспалова Л.А., Колесников Ф.А. и др. Принципы, методы и результаты селекции озимой пшеницы на устойчивость к болезням в Краснодарском НИИСХ им. П.П. Лукьяненко // Сб. науч. тр. Краснодарского НИИСХ. 2014. С. 48–67.
- Беспалова Л.А., Васильев А.В., Аблова И.Б. и др. Применение молекулярных маркеров в селекции пшеницы в Краснодарском НИИСХ им. П.П. Лукьяненко // Вавилов. журн. генет. и селекции. 2012. Т. 16. № 1. С. 37–43.
- Гультияева 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.
- Гультияева Е.И., Баранова О.А. Тенденции изменчивости популяции *Puccinia triticina* под влиянием выращиваемых сортов пшеницы и эффективность *Lr*-генов в основных зернопроизводящих регионах РФ // Технология создания и использования сортов и гибридов с групповой и комплексной устойчивостью к вредным организмам в защите растений. СПб.: РАСХН, отделение защиты растений, ГНУ ВНИИЗР, 2010. С. 26–48.
- Леонова И.Н. Молекулярные маркеры: использование в селекции зерновых культур для идентификации, интрогрессии и пирамидирования генов // Вавилов. журн. генет. и селекции. 2013. Т. 17. № 2. С. 314–325.
- Bonnett D.G., Rebetzke G.J., Spielmeier W. Strategies for efficient implementation of molecular markers in wheat breeding // Mol. Breeding. 2005. V. 15. P. 75–78.
- Friebe B., Jiang J., Raupp W.J. *et al.* Characterization of wheat-alien translocations conferring resistance to diseases and pests: current status // Euphytica. 1996. V. 91. P. 59–87.
- Helguera M., Khan I.A., Kolmer J. *et al.* PCR assays for the *Lr37-Yr17-Sr38* cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines // Crop Sci. 2003. V. 43. P. 1839–1847.
- Lagudah E.S., McFadden H., Singh R.P. *et al.* Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat // Theor. Appl. Genet. 2006. V. 114. P. 21–30.
- McIntosh R.A. Postulation of leaf (brown) rust resistance genes in 70 wheat cultivars grown in United Kingdom // Euphytica. 2001. V. 120. P. 205–218.
- McIntosh R.A., Wellings C.R., Park R.F. Wheat rust: An atlas of resistance gene // CSIRO, Australia. 1995. P. 234–237.
- McIntosh R.A., Yamazaki Y., Dubcovsky J. *et al.* Catalogue of Gene Symbols for Wheat. 2010. Suppl. 2011, 2012. Available at <http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/>.
- Nocente F., Fritz A.K., Moran J.L. *et al.* Identification and molecular tagging of genes *Lr1*, *Lr9*, *Lr24*, *Lr47* and their introgression into common wheat cultivars by marker-assisted selection // Euphytica. 2007. V. 155. P. 329–336.
- Plaschke J., Ganai M.W., Roder M.S. Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers // Theor. Appl. Genet. 1995. V. 91. P. 1001–1007.
- Prins R., Groenewald J.Z., Marais G.F. *et al.* AFLP STS tagging of *Lr19*, a gene conferring resistance to leaf rust in wheat // Theor. Appl. Genet. 2001. V. 91. P. 618–624.
- Prubhu K.W., Tiwary R. Marker assisted breeding in wheat: rust and biotic stresses-I // ICAR-ACIAR Planning Workshop 11–13 Oct. 2007 NASC, New Delhi 2007 (<http://aciara.gov.au/Files/node/3871/Session%20IV-Prabhu%20Tiwari.pdf>).
- Schachermayer G., Siedler H., Gale M.D. Identification and localization of molecular markers linked to the *Lr9* leaf rust resistance gene of wheat // Theor. Appl. Genet. 1994. V. 88. P. 110–115.

- Schachermayer G., Messemer M., Feuillet C. *et al.* Identification of molecular markers linked to the Agropyron elongatum-derived leaf rust resistance gene *Lr24* in wheat // *Theor. Appl. Genet.* 1995. V. 90. P. 982–990.
- Schachermayer G., Feuillet C., Keller B. Molecular markers for detection of the wheat leaf rust resistance gene *Lr10* in diverse genetic backgrounds // *Mol. Breeding.* 1997. V. 3. P. 65–74.
- Singh R.P., Huerta-Espino J., Wiliam M. Genetics and breeding for durable resistance to leaf and stripe rusts of wheat // *Increasing Wheat Production in Central Asia through Science and Intern. cooperation: Proc. 1st Central Asian Wheat Conf. Almaty, Kazakhstan, 10–13 June, 2003. Almaty, 2003. P. 127–132.*
- Singh D., Franks C.D., Huang L. *et al.* *Lr41*, *Lr39*, and a leaf rust resistance gene from *Aegilops cylindrica* may be allelic and are located on wheat chromosome 2DS // *Theor. Appl. Genet.* 2004. V. 108. P. 586–591.
- Slikova S., Gregova E., Bartos P. Development of wheat genotypes possessing a combination of leaf rust resistance genes *Lr19* and *Lr24* // *Plant Soil Environ.* 2004. V. 50. No. 10. P. 434–438.
- Sydenham S.L. Pyramiding wheat rust resistance genes using marker-assisted selection. Master's theses, University of Free State, Republic of South Africa. 2007. Available at <http://etd.uovs.ac.za/ETD-db/theses/available/etd-02052009-140213/iunrestricted/Sydenham S.L.pdf>.
- Sivasamy M., Vinod, Tiwari S. *et al.* Introgression of useful linked genes for resistance to stem rust, leaf rust and powdery mildew and their molecular validation in wheat (*Triticum aestivum* L.) // *Indian J. Genet.* 2009. V. 69. P. 17–27.
- Timonova E.M., Leonova I.N., Roder M.S., Salina E.A. Marker-assisted development and characterization of a set of *Triticum aestivum* lines carrying different introgressions from the *T. timopheevii* genome // *Mol. Breed.* 2013. V. 31. P. 123–136.
- Vida G., Gal M., Uhrin A. *et al.* Molecular markers for the identification of resistance genes and marker-assisted selection in breeding wheat for leaf rust resistance // *Euphytica.* 2009. V. 170. P. 67–76.
- Weng Y. *et al.* PCR-based markers for detection of different sources 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat-rye translocation in wheat background // *Plant Breeding.* 2007. V. 126.

USE OF MOLECULAR MARKERS IN WHEAT BREEDING FOR RESISTANCE TO LEAF RUST AT THE LUKYANENKO RESEARCH INSTITUTE OF AGRICULTURE

**E.R. Davoyan, L.A. Bespalova, R.O. Davoyan, Yu.S. Zubanova,
D.S. Mikov, V.A. Filobok, J.N. Khudokormova**

Lukyanenko Research Institute of Agriculture, Krasnodar, Russia,
e-mail davayan@rambler.ru

Summary

Wheat accessions were genotyped with molecular markers linked to wheat leaf rust resistance genes *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr26*, *Lr34*, and *Lr37*. They included 1920 wheat plants and 46 commercial varieties bred at the Lukyanenko Institute. Basically, the analyzed varieties had the inefficient gene *Lr10*, poorly efficient *Lr26* and *Lr34*, or their combinations. The highly efficient genes *Lr9* and *Lr24* were not detected. The *Lr19* gene, effective in the Krasnodar region, was identified in varieties Pallada and Yara. The resistance gene *Lr37* was found in variety Morozko. Within a short time, F2 and F3 plants with introgression of genes *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr37* were obtained. Accessions with combinations *Lr24* + *Lr37*, *Lr24* + *Lr19*, *Lr24* + *Lr9*, *Lr19* + *Lr37*, *Lr37* + *Lr9*, *Lr19* + *Lr9* were identified. Seven plants with the combination of three genes *Lr37* + *Lr19* + *Lr9* and one with *Lr37* + *Lr24* + *Lr9* were selected.

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