



## Характеристика сортового генофонда мягкой яровой пшеницы Республики Татарстан по генетическим маркерам устойчивости к желтой ржавчине

© 2025. Н. Б. Баранова, В. В. Костенко✉, М. Л. Пономарева

ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», г. Казань, Российская Федерация

В Республике Татарстан мягкая яровая пшеница (*Triticum aestivum* L.) занимает одно из ведущих мест в полевых севооборотах и ежегодно засеивается на площади более 400 тыс. га. Особую угрозу для посевов пшеницы представляют заболевания, вызываемые, в том числе фитопатогеном *Puccinia striiformis*, которые могут сокращать величину урожая до 90 %. В нашей работе было проведено генотипирование 25 сортов мягкой яровой пшеницы селекции Татарского НИИСХ в отношении генов устойчивости к желтой ржавчине – Yr1 (gwm311), Yr5 (S23M41 и S19M93), Yr10 (Xpsp3000), Yr15 (Xgwm413) и Yr17/Lr37/Sr38 (Ventriup/LN2). Для 56 % исследуемых сортов было выявлено наличие в генотипе маркера S23M41, ассоциированного с Yr5. Маркер S19M93 был идентифицирован для 84 % исследуемых сортов. Наличие маркера Xgwm413 установили для 32 % тестируемых сортов яровой пшеницы. Для всех изучаемых сортов получили отрицательные результаты идентификации молекулярного маркера Ventriup/LN2, ассоциированного с генами устойчивости к полосатой, листовой и стеблевой ржавчинам. Полученные результаты свидетельствуют о генетическом разнообразии данных сортов в отношении устойчивости к *P. striiformis*. Наличие сразу трех генов устойчивости к желтой ржавчине (Yr1, Y5 и Yr15) выявлено для сортов Баракат, Йолдыз, Казанская Юбилейная, Ситара, Экада 113 и Экада 214.

**Ключевые слова:** *Puccinia striiformis*, *Triticum aestivum* L., молекулярные маркеры, устойчивость, Yr-гены

**Благодарности:** работа выполнена за счет средств Программы стратегического академического лидерства Казанского (Приволжского) федерального университета («Приоритет-2030»).

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

**Конфликт интересов:** авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

**Для цитирования:** Баранова Н. Б., Костенко В. В., Пономарева М. Л. Характеристика сортового генофонда мягкой яровой пшеницы Республики Татарстан по генетическим маркерам устойчивости к желтой ржавчине. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2025;26(1):107–114. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.1.107-114>

Поступила: 07.10.2024 Принята к публикации: 06.02.2025 Опубликовано онлайн: 26.02.2025

## Characteristics of the varietal gene pool of soft spring wheat in the Republic of Tatarstan according to genetic markers of resistance to stripe (yellow) rust

© 2025. Natalia B. Baranova, Victoria V. Kostenko✉, Mira L. Ponomareva

Kazan (Volga Region) Federal University, Kazan, Russian Federation

In the Republic of Tatarstan, common spring wheat (*Triticum aestivum* L.) occupies a leading position in crop rotations and is sown annually on more than 400,000 hectares. Diseases caused by the phytopathogen *Puccinia striiformis*, which can reduce yields by up to 90 %, are a particular threat to wheat crops. In our work, 25 breeding cultivars of soft spring wheat bred by the Tatar Scientific Research Institute of Agriculture were genotyping for yellow rust resistance genes – Yr1 (gwm311), Yr5 (S23M41 and S19M93), Yr10 (Xpsp3000), Yr15 (Xgwm413) and Yr17/Lr37/Sr38 (Ventriup/LN2). The presence of the Yr5-associated marker S23M41 in the genotype was detected in 56 % of the tested cultivars. The S19M93 marker was identified in 84 % of the studied cultivars. The presence of the Xgwm413 marker was detected in 32 % of the tested spring wheat varieties. Negative results were obtained for the identification of the molecular marker Ventriup/LN2 associated with genes for resistance to stripe, leaf and stem rust in all the studied cultivars. The results obtained indicate the genetic diversity of these cultivars with regard to resistance to *P. striiformis*. The presence of three yellow rust resistance genes (Yr1, Y5 and Yr15) was detected for ‘Barakat’, ‘Yoldyz’, ‘Kazanskaya Yubileynaya’, ‘Sitara’, ‘Ekada 113’ and ‘Ekada 214’.

**Keywords:** *Puccinia striiformis*, *Triticum aestivum* L., molecular markers, resistance, Yr-genes

**Acknowledgments:** the research was carried out using the funds of the Strategic Academic Leadership Program “Priority 2030” of the Kazan Federal University of the Government of the Russian Federation.

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

**Conflict of interest:** the authors declared no conflict of interest.

**For citation:** Baranova N. B., Kostenko V. V., Ponomareva M. L. Characteristics of the varietal gene pool of soft spring wheat in the Republic of Tatarstan according to genetic markers of resistance to stripe (yellow) rust. *Agrarnaya nauka Euro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2025;26(1):107–114. (In Russ.).

DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2025.26.1.107-114>

Received: 07.10.2024 Accepted for publication: 06.02.2025 Published online: 26.02.2025

Желтая ржавчина, вызываемая фитопатогеном *Puccinia striiformis*, представляет собой прогрессирующее заболевание пшеницы, которое распространяется на новые регионы. Болезнь снижает способность к фотосинтезу, увеличивает транспирацию и уменьшает накопление органических веществ, что приводит к снижению качества зерна и значительным потерям урожая. Желтая ржавчина пшеницы имеет свыше 300 растений-хозяев и зарегистрирована более чем в 60 странах и на всех континентах, кроме Антарктиды [1]. Способность возбудителя к мутациям и быстрой смене поколений ускоряет появление вирулентных рас патогена, преодолевающих специфические гены устойчивости. Урединиоспоры обладают способностью разноситься ветром на большие расстояния, которые при высоком давлении инокулята могут распространяться на тысячи километров от первоначальных очагов заражения [2].

Глобальное распространение и быстрая эволюция возбудителя желтой ржавчины способствуют широкому применению фунгицидов [3], использование которых является экологически опасным и экономически не выгодным способом защиты. Для предотвращения масштабных эпифитотий необходимо создавать сорта с генетически детерминированным высоким уровнем устойчивости, поскольку возделывание таких сортов – один из наиболее эффективных способов защиты посевов [4]. Для успешной селекционной работы по созданию устойчивых сортов необходимы знания о генетике устойчивости растений, надежные методики отбора и ежегодный фитосанитарный мониторинг.

Желтая ржавчина может поражать восприимчивые сорта пшеницы на любой стадии роста, пока части растений зеленые. Существует два основных типа устойчивости – общая устойчивость или устойчивость на всех стадиях (также называемая устойчивостью рассады/саженцев/проростков (ASR)) и устойчивость взрослых растений (APR) [5]. Общая устойчивость зависит от расы патогена, моногенно наследуется, легко обнаруживается при тестировании проростков и остается эффективной на всех стадиях роста при условии, что во всех оценках используется один и тот же патотип *P. striiformis*. Устойчивость проростков контролируется несколькими генами с основными эффектами или простыми комбинациями отдельных генов. Устойчивость взрослого растения определяется

одним или несколькими локусами, описывается как количественно наследуемая, не зависящая от расы и обеспечивающая длительную устойчивость [6].

Согласно «Каталогу генных символов...», идентифицировано более 80 генов с официальными или временными обозначениями устойчивости к желтой ржавчине<sup>1</sup>. Эффективность устойчивости к желтой ржавчине может быть преодолена появлением новых рас патогенов. Большинство из генов устойчивости являются доминантными и специфичными для расы. Поэтому выявление новых источников устойчивости сорта имеет первостепенное значение для эффективной борьбы с болезнями.

Фитопатологические методы, основанные на симптоматике, не всегда эффективны для идентификации генов устойчивости. Оценка в полевых условиях является дорогостоящей, требующей больших временных затрат и сильно зависящей от условий окружающей среды. Основой для выведения сортов пшеницы, устойчивых к ржавчине, должен быть разнообразный и эффективный генетический ресурс резистентности.

Яровая мягкая пшеница занимает одно из ведущих мест в полевых севооборотах Республики Татарстан, которая входит в ТОП-20 крупнейших регионов по посевным площадям этой культуры. Постоянное возрастание значения пшеницы в экономике республики обусловлено комплексом ценных свойств культуры, многоцелевым использованием и постоянно востребованным экспортным потенциалом. В 2023 году площади под яровой пшеницей составили около четверти всей пашни в Республике Татарстан – 500 тыс. га.

Исследования в отношении желтой ржавчины проводятся лишь по нескольким программам в мире, в РФ они единичны и в основном касаются полевой устойчивости [7]. Это особенно важно для сортов яровой пшеницы, созданных непосредственно в ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН или в сотрудничестве с другими селекционными учреждениями РФ, доля которых в агропроизводстве Республики Татарстан составляет 50 %. Генетическое разнообразие выращиваемых сортов по генам устойчивости, контролирующим данное заболевание, обеспечивает безпестицидную защиту пшеницы от данного патогена.

<sup>1</sup>Wheat Gene Catalogue documents. GrainGenes – A Database for Triticeae and Avena. 2024. [Электронный ресурс]. URL: [https://wheat.pw.usda.gov/GG3/Wheat\\_Gene\\_Catalog\\_Documents](https://wheat.pw.usda.gov/GG3/Wheat_Gene_Catalog_Documents) (дата обращения: 26.06.2024).

В связи с этим молекулярные маркеры, связанные с устойчивостью к *P. striiformis*, станут наиболее эффективным способом выявления этих факторов. Изучение генетического разнообразия сортового генофонда в отношении маркеров устойчивости к желтой ржавчине ранее не проводилось в Республике Татарстан.

**Цель исследований** – идентификация ДНК-маркеров, ассоциированных с генами устойчивости к желтой ржавчине высокоурожайных сортов мягкой яровой пшеницы, созданных в Республике Татарстан.

**Научная новизна** – впервые проведено генотипирование высокоурожайных сортов мягкой яровой пшеницы, созданных в Республике Татарстан, в отношении ДНК-маркеров, ассоциированных с генами устойчивости к желтой ржавчине gwm311 (*Yr1*), S23M41 и S19M93 (*Yr5*), Xpsp3000 (*Yr10*), Xgwm413 (*Yr15*) и Ventriup/LN2 (*Yr17/Lr37/Sr38*).

**Материал и методы.** В работе были использованы селекционные сорта мягкой яровой пшеницы (*Triticum aestivum* L.), любезно предо-

ставленные ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН [https://knc.ru/tatniva/679/].

ДНК выделяли из листьев 7-дневных растений с помощью коммерческого набора («diaGene», Россия) из растительных тканей на спин-колонках согласно протоколу фирмы-изготовителя. Для амплификации маркерных последовательностей, ассоциированных с генами устойчивости к желтой ржавчине *T. aestivum* L., использовали олигонуклеотидные праймеры, синтезированные в «Евроген» (Москва, Россия), на основе соответствующих нуклеотидных последовательностей. Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) проводили в объеме 25 мкл в микроцентрифужных пробирках на программируемом амплификаторе «Терцик» («ДНК-технология», Россия). Реакционная смесь включала следующие компоненты: 100 мМ трис-НСl (рН 8,7); 50 мМ КСl; 2-3 мМ MgCl<sub>2</sub>; 0,2 мМ дНТФ; 1 ед. Taq-полимеразы; 0,02 нг каждого праймера и исследуемую ДНК. Нуклеотидные последовательности праймеров представлены в таблице 1.

**Таблица 1 – Молекулярные маркеры, использованные для идентификации *Yr*-генов устойчивости яровой мягкой пшеницы к желтой ржавчине /**

**Table 1 – Molecular markers used for identification of *Yr*-genes of spring soft wheat resistance to yellow rust**

Ген / Gene	Тип маркера / Marker type	Название маркера / Marker name	Последовательность праймера 5' → 3' / Primer sequence 5' → 3'	Ожидаемый размер ампликона (н.н.) / Fragment size (bp)	Ссылка / Reference
<i>Yr1</i>	SSR	gwm311	TCACGTGGAAGACGCTCC CTACGTGCACCACCATTTT	143	[8]
<i>Yr5</i>	STS	S23M41	TCAACGGAACCTCCAATTTC AGGTAGGTGTTCCAGCTTGC	275	[9]
	STS	S19M93	TAATTGGGACCGAGAGACG TTCTTGACAGCTCCAAAACCT	100	[9]
<i>Yr9</i>	SSR	IB-267	GCAAGTAAGCAGCTTGATTTAGC AATGGATGTCCCGGTGAGTGG	267	[10]
<i>Yr10</i>	SSR	Xpsp3000	GCAGACCTGTGTCATTGGTC GATATAGTGGCAGCAGCAGGATAC	+260 -240	[11]
<i>Yr15</i>	SSR	Xgwm413	TGCTTGCTAGATTGCTTGGG GATCGTCTCGTCCCTGGCA	96	[12]
<i>Yr17/Lr37/Sr38</i>	SCAR	Ventriup/LN2	AGGGGCTACTGACCAAGGCT TGCAGCTACAGCAGTATGTACACAAAA	262	[13]

**Результаты и их обсуждение.** В настоящее время селекционные программы на устойчивость к желтой ржавчине базируются на относительно небольшом спектре генов устойчивости, среди которых селекционеры предпочитают *Yr5*, *Yr10*, *Yr15*, *Lr37/Yr17* и *Lr76/Yr70*. Различные комбинации этих генов дают наи-

лучшие полевые результаты защиты растений от фитопатогена *P. striiformis*. В нашей работе впервые было проведено генотипирование 25 сортов мягкой яровой пшеницы, созданных в Республике Татарстан, в отношении генов устойчивости к желтой ржавчине (рис. 1, табл. 2).

*Идентификация гена Yr1.* Для идентификации гена устойчивости *Yr1* в геноме пшеницы исследуемых сортов использовали SSR-маркер *gwm311*, который локализован в хромосоме 2AL и располагается на расстоянии 5,0 сМ от гена *Yr1*. Согласно данным литературы, наличие этого гена обеспечивает устойчивость пшеницы к изолятам *Pst-21*, *Pst-87/7*, *Pst-08/21* [14]. В наших исследованиях у 60 % образцов идентифицирован ген *Yr1* по наличию ампликона размером 143 п. н. (рис. 1А, табл. 2).

*Идентификация гена Yr5.* Известно, что ген *Yr5* в геном мягкой пшеницы перенесен из полбы и имеет локализацию на хромосоме 2BL. Впервые этот ген был идентифицирован Р. К. Ф. Масер (R. C. F. Maser, 1966) [15] с помощью моносомного анализа. Показано, что

практически все изоляты *P. striiformis*, за исключением некоторых из Индии и Австралии, авируленты к *Yr5*, что делает целесообразным введение этого гена в селекционные программы по созданию высокоустойчивых сортов пшеницы [16]. Для идентификации гена *Yr5* нами были использованы две STS-маркерные последовательности S23M41 и S19M93, которые тесно сцеплены с геном и амплифицируют фрагменты размером 275 и 100 п.н. соответственно [1]. Согласно полученным нами данным, ампликон размером 275 п.н. выявлен у 14 образцов (56 %) (рис. 1В), тогда как ампликон размером 100 п.н. обнаружен у 21 образца (84 %) (рис. 1Б). Оба маркера были выявлены у 13 исследуемых сортов пшеницы (52 %). Сорта Амир, Хаят и Экада 247 не имели ни одного маркера устойчивости по гену *Yr5* (табл. 2).

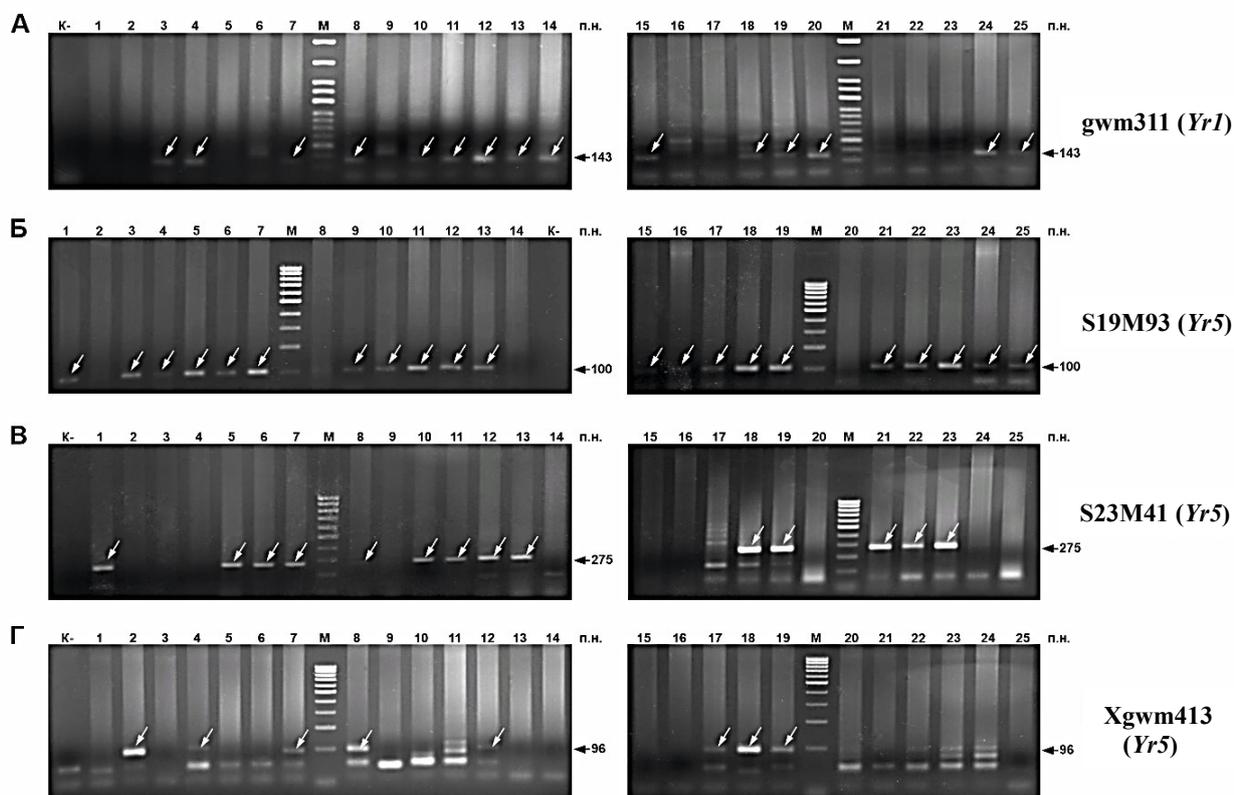


Рис. 1. Электрофореграммы продуктов амплификации маркерных последовательностей *gwm311* (А), *S19M93* (Б), *S23M41* (В) и *Xgwm413* (Г). Дорожки: К – отрицательный контроль, М – маркер (Step 50 для А; Step 100 для Б, В, Г). Сорта мягкой яровой пшеницы: 1 – Аль Варис, 2 – Амир, 3 – Балкыш, 4 – Баракат, 5 – Буляк, 6 – Иделле, 7 – Йолдыз, 8 – Казанская юбилейная, 9 – Надира, 10 – Наставник, 11 – Сакара, 12 – Ситара, 13 – Хазинэ, 14 – Хаят, 15 – Чистопольская, 16 – Экада 66, 17 – Экада 109, 18 – Экада 113, 19 – Экада 214, 20 – Экада 247, 21 – Экада 253, 22 – Экада 258, 23 – Экада 265, 24 – Экада 282, 25 – 100 лет ТАССР /

*Fig. 1. Electrophoregrams of amplification products of marker sequences gwm311 (A), S19M93 (B), S23M41 (V) and Xgwm413 (Г). Tracks: К – negative control, М – marker (Step 50 for A; Step 100 for Б, В, Г). Cultivar of soft spring wheat: 1 – ‘Al Waris’, 2 – ‘Amir’, 3 – ‘Balkysh’, 4 – ‘Barakat’, 5 – ‘Bulyak’, 6 – ‘Idelle’, 7 – ‘Yoldyz’, 8 – ‘Kazanskaya Yubileynaya’, 9 – ‘Nadira’, 10 – ‘Nastavnik’, 11 – ‘Sakara’, 12 – ‘Sitara’, 13 – ‘Khazine’, 14 – ‘Hayat’, 15 – ‘Chistopolskaya’, 16 – ‘Ekada 66’, 17 – ‘Ekada 109’, 18 – ‘Ekada 113’, 19 – ‘Ekada 214’, 20 – ‘Ekada 247’, 21 – ‘Ekada 253’, 22 – ‘Ekada 258’, 23 – ‘Ekada 265’, 24 – ‘Ekada 282’, 25 – ‘100 let TASSR’)*

*Таблица 2 – Результаты ПЦР-анализа на маркеры к генам устойчивости яровой мягкой пшеницы к желтой ржавчине /*

*Table 2 – Results of PCR analysis for markers to yellow rust resistance genes of spring soft wheat*

<i>Сорт / Cultivar</i>	<i>Регион допуска<sup>1</sup> / Region of admission<sup>1</sup></i>	<i>Выявленные маркеры устойчивости пшеницы к желтой ржавчине / Identified markers of wheat resistance to yellow rust</i>
Аль Варис / ‘Al Waris’	7	S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Амир / ‘Amir’	2, 4	Xgwm413 (Yr15)
Балкыш / ‘Balkysh’	7	gwm311 (Yr1), S19M93 (Yr5)
Баракат / ‘Barakat’	-	gwm311 (Yr1), S19M93 (Yr5), Xgwm413 (Yr15)
Буляк / ‘Bulyak’	9	S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Иделле / ‘Idelle’	7	S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Йолдыз / ‘Yoldyz’	4, 5, 7	gwm311 (Yr1), S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5), Xgwm413 (Yr15)
Казанская юбилейная / ‘Kazanskaya yubileynaya’	7	gwm311 (Yr1), S23M41 (Yr5), Xgwm413 (Yr15)
Надира / ‘Nadira’	4, 7, 9	S19M93 (Yr5)
Наставник / ‘Nastavnik’	-	gwm311 (Yr1), S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Сакара / ‘Sakara’	-	gwm311 (Yr1), S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Ситара / ‘Sitara’	4, 7	gwm311 (Yr1), S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5), Xgwm413 (Yr15)
Хазинэ / ‘Khazine’	9	gwm311 (Yr1), S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Хаят / ‘Hayat’	7	gwm311 (Yr1)
Чистопольская / ‘Chistopolskaya’	-	gwm311 (Yr1), S19M93 (Yr5)
Экада 66 / ‘Ekada 66’	7	S19M93 (Yr5)
Экада 109 / ‘Ekada 109’	4, 5, 7, 9	S19M93 (Yr5), Xgwm413 (Yr15)
Экада 113 / ‘Ekada 113’	7, 9	gwm311 (Yr1), S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5), Xgwm413 (Yr15)
Экада 214 / ‘Ekada 214’	3, 4, 7	gwm311 (Yr1), S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5), Xgwm413 (Yr15)
Экада 247 / ‘Ekada 247’	-	gwm311 (Yr1)
Экада 253 / ‘Ekada 253’	3, 9	S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Экада 258 / ‘Ekada 258’	4, 9	S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Экада 265 / ‘Ekada 265’	9	S23M41 (Yr5), S19M93 (Yr5)
Экада 282 / ‘Ekada 282’	9	gwm311 (Yr1), S19M93 (Yr5)
100 лет ТАССР / ‘100 let TASSR’	7, 9	gwm311 (Yr1), S19M93 (Yr5)

<sup>1</sup>Регионы допуска приведены согласно данным «Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию. Т. 1. Сорта растений (официальное издание)»: 2 – Северо-Западный; 3 – Центральный; 4 – Волго-Вятский; 5 – Центрально-Черноземный; 7 – Средневолжский; 9 – Уральский /

<sup>1</sup>Regions of admission are given according to the data of the “State Register of Selection Achievements Admitted for Usage (National list). T.1. Plant varieties (official publication)”: 2 – NorthWestern; 3 – Central; 4 – Volgo-Vyatka; 5 – Central Black earth; 7 – Middle Volga; 9 – Ural

*Идентификация гена Yr9.* Устойчивость пшеницы к желтой ржавчине обусловлена также наличием в генотипе гена *Yr9*, который получен от ржи путем транслокации 1BL/1RS. Комбинация *Yr9* с другими *Yr*-генами может способствовать увеличению устойчивости сортов пшеницы к *P. striiformis*. Так, в недавней работе Л. В. Равишанкар с коллегами (L. V. Ravishankar et al., 2024) было показано, что комбинация

*Yr9* с такими генами, как *Yr2*, *Yr16*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr29* дает наилучшие результаты полевых испытаний фенотипической устойчивости растений [10]. В нашей работе наличие SSR-маркера IB-267, сцепленного с геном *Yr9* и дающего ампликон размером 267 п.н., не выявлено ни в одном из тестируемых сортов пшеницы.

*Идентификация гена Yr10.* Доминантный ген *Yr10* впервые был выявлен у линии турецкой

пшеницы P.I.178383 [11]. Кроме этого, альтернативные источники гена устойчивости к полосатой ржавчине *Yr10* обнаружены в образцах *T. spelta* 415 [17] и *T. vavilovii* AUS22498 [18]. Ген *Yr10* относится к группе ASR-генов устойчивости пшеницы к желтой ржавчине, которые эффективны на всех этапах развития растения. По данным литературы известно, что все расы *P. striiformis* подвержены действию гена *Yr10* в Китае, Индии, Пакистане, Иране, США и Казахстане [19]. В нашей работе для идентификации гена *Yr10* использовали микросателлитный маркер Xrsp3000, локализованный проксимальнее гена на 1,3 сМ в хромосоме 1BS. Указанный маркер при амплификации дает два типа полос – 260 п. н. (для генотипов, устойчивых к *P. striiformis*) и 240 п.н. (для генотипов, чувствительных к *P. striiformis*). Таким образом, данный ген является доминантным и проявляет расоспецифичность. Поэтому ген *Yr10* рекомендуют использовать для пирамидирования (одновременного отбора и/или введения сразу нескольких генов, что обеспечивает комплементарность малоэффективных генов) и маркерной селекции (MAS) в программах селекции на устойчивость к желтой ржавчине. Генотипирование сортов мягкой яровой пшеницы, созданных в Татарстане, по гену *Yr10* позволило идентифицировать аллель, дающую ампликон размером 240 п.н. у 68 % анализируемых сортов.

**Идентификация гена *Yr15*.** Впервые ген *Yr15* открыли З. К. Герехтер-Амитай с соавторами (Z. K. Gerechter-Amitai et al., 1989) при изучении характера устойчивости *Triticum dicoccoidese* sel. G-25 к желтой ржавчине [20]. Ген *Yr15* локализован на коротком плече хромосомы 1В, при этом ряд исследователей предполагают, что ген *Yr15* может находиться внутри тесно связанного кластера генов хромосомы 1BS (*Yr9*, *Yr10*, *Yr24* и *YrH52*) [21]. Согласно данным литературы, ген *Yr15* обеспечивает широкую устойчивость к более чем 3000 генетически различным изолятам *P. striiformis* по всему миру, включая современные расы Wagriog (DR09/11) [22]. Используемый в нашей работе микросателлитный маркер Xgwm413 расположен на 4.4 сМ проксимальнее от гена *Yr15*. Молекулярно-генетический скрининг сортов яровой мягкой пшеницы селекции Татарского НИИСХ позволил установить наличие маркера Xgwm413 для 32 % тестируемых образцов (рис. 1Г).

**Идентификация гена *Yr17*.** Для идентификации гена *Yr17* использовали SCAR-маркер *Yr17/Lr37/Sr38*, представляющий собой транс-

локацию 2NS/2AS, которая является широко распространенной интрогрессией и эффективна против некоторых распространенных патотипов *Pst* и других видов ржавчины [23]. Наличие гена *Yr17* в генотипе обусловлено доминантной аллелью Ventriup/LN2, дающей при амплификации фрагмент размером 262 п.н., а восприимчивые сорта не амплифицируют данный фрагмент. Молекулярный маркер Ventriup/LN2, ассоциированный с генами устойчивости к желтой, листовой и стеблевой ржавчинам, отсутствовал у всех изученных сортов.

В результате проведенных исследований установлено, что сорта Баракат, Йолдыз, Казанская Юбилейная, Ситара, Экада 113 и Экада 214 предварительно несут по 3 идентичных гена устойчивости к полосатой ржавчине (*Yr1*, *Yr5* и *Yr15*). У 32 % сортов (Балкыш, Наставник, Сакара, Хазинэ, Чистопольская, Экада 109, Экада 282 и 100 лет ТАССР) идентифицированы по 2 гена устойчивости в разных сочетаниях, что может свидетельствовать о генетическом разнообразии созданных сортов яровой пшеницы по устойчивости к этому заболеванию. Следует отметить, что некоторые из указанных сортов являются носителями гена *Yr10*, но в его рецессивном состоянии. Смена генетически защищенных сортов позволит снизить вероятность эпифитотий и стабилизировать популяционный состав фитопатогенов. Полученную информацию о представленности *Yr*-генов в районированных и перспективных сортах яровой мягкой пшеницы следует использовать в региональных селекционных программах. Применение молекулярных маркеров упрощает процесс идентификации *Yr*-генов, но для подтверждения результатов ДНК-скрининга необходимо провести фитопатологические тесты выделенных сортов на устойчивость к *P. striiformis*. Так, в работе [1] было показано, что сорта пшеницы с идентифицированными маркерами по генам *Yr5* и *Yr15* в условиях полевой оценки по среднему значению коэффициента заражения характеризовались как обладающие высоким уровнем устойчивости взрослых растений к желтой ржавчине.

Для сортов пшеницы, которые отобрали для анализа ДНК-маркеров, ассоциированных с *Yr*-генами, полевая оценка на устойчивость к желтой ржавчине еще не проводилась. Это связано с тем, что серьезная эпифитотия на территории Республики Татарстан впервые была зарегистрирована в 2021 г. Согласно данным селекционеров-авторов изучаемых нами сортов

яровой пшеницы [24], в условиях Татарстана за последние 10 лет (2009–2018 гг.) наблюдается массовое развитие стеблевой ржавчины, мучнистой росы, темно-бурой листовой пятнистости, листовой бурой ржавчины, но данные заболевания носят эпифитотийный характер. Максимальная устойчивость к мучнистой росе отмечена у сортов Ситара и Баракат (9-8 баллов). Практической устойчивостью к твердой головне обладает сорт Ситара (1 балл), слабовосприимчив сорт Хазинэ (2 балла). По устойчивости к стеблевой ржавчине выделяются сорта Хазинэ, Балкыш, Баракат, степень поражения которых при эпифитотии 10, 15 и 20 % соответственно. Новые сорта, кроме Баракат, обладают полевой устойчивостью к темно-бурой листовой пятнистости. Сорт Хазинэ не поражен листовой бурой ржавчиной и имел комплексную устойчивость к грибным заболеваниям.

**Заключение.** Таким образом, в отношении генов устойчивости к желтой ржавчине проведено генотипирование ряда сортов мягкой яровой пшеницы, возделываемых в Республике Татарстан и других регионах Российской Федерации. Полученные результаты свидетельствуют о генетическом разнообразии данных сортов в отношении устойчивости к *P. striiformis*. Наличие сразу трех генов устойчивости к желтой ржавчине (*Yr1*, *Y5* и *Yr15*) обнаружено у сортов Баракат, Йолдыз, Казанская Юбилейная, Ситара, Экада 113 и Экада 214.

Выявление высокоэффективных *Yr*-генов устойчивости к *P. striiformis* дает возможность защитить пшеницу, а сорта, несущие гены устойчивости, целесообразно использовать в селекции для создания сортов и гибридов, устойчивых к данному фитопатогену.

#### References

1. Kokhmetova A., Rsaliyev A., Malysheva A., Atishova M., Kumarbayeva M., Keishilov Z. Identification of Stripe Rust Resistance Genes in Common Wheat Cultivars and Breeding Lines from Kazakhstan. *Plants* (Basel). 2021;10(11):2303. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants10112303>
2. Chen W., Wellings T., Chen C., Kang X., Liu Z. Wheat stripe (yellow) rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *Tritici*. *Molecular Plant Pathology*. 2014;15(5):433–446. DOI: <https://doi.org/10.1111/mpp.12116>
3. Carmona M. A., Sautua F. J., Pérez-Hernández O., Grosso C., Vettorello L., Milanese B., Corvi E., Almada G., Hovmöller M. S. Rapid emergency response to yellow rust epidemics caused by newly introduced lineages of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Argentina. *Tropical Plant Pathology*. 2019;44:385–391. DOI: <https://doi.org/10.1007/s40858-019-00295-y>
4. Swarup S., Cargill E. J., Crosby K., Flagel L., Kniskern J., Glenn K. C. Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. *Crop Science*. 2021;61(2):839–852. DOI: <https://doi.org/10.1002/csc2.20377>
5. Chen X. M. High temperature adult plant resistance, key for sustainable control of stripe rust. *American Journal of Plant Sciences*. 2013;4(3):608–627. DOI: <https://doi.org/10.4236/ajps.2013.43080>
6. Chen X. Pathogens which threaten food security: *Puccinia striiformis*, the wheat stripe rust pathogen. *Food Security*. 2020;12(2):239–251. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12571-020-01016-z>
7. Волкова Г. В., Матвеева И. П., Дерова Т. Г., Шишкин Н. В., Марченко Д. М. Источники устойчивости к желтой ржавчине (возбудитель *Puccinia striiformis* West.) Среди селекционного и коллекционного материала озимой пшеницы ФГБНУ «АНЦ «Донской». *Зерновое хозяйство России*. 2020;(4):69–76. DOI: <https://doi.org/10.31367/2079-8725-2020-70-4-69-76> EDN: NGCOIF
8. Volkova G. V., Matveeva I. P., Derova T. G., Shishkin N. V., Marchenko D. M. The sources of yellow rust resistance (the causative agent *Puccinia striiformis* West.) among the breeding and collection material of winter wheat developed in the FSBSI “ARC “Donskoy”. *Zernovoe khozyaystvo Rossii = Grain Economy of Russia*. 2020;(4):69–76. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.31367/2079-8725-2020-70-4-69-76>
9. Röder M. S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M. H., Leroy P., Ganal M. W. A microsatellite map of wheat. *Genetics*. 1998;149(4):2007–2023. DOI: <https://doi.org/10.1093/genetics/149.4.2007>
10. Smith P. H., Hadfield J., Hart N. J., Koebner R. M. D., Boyd L. A. STS markers for the wheat yellow rust resistance gene *Yr5* suggest a NBS-LRR-type resistance gene cluster. *Genome*. 2007;50(3):259–265. DOI: <https://doi.org/10.1139/g07-004>
11. Ravishankar L. V., Pandey M. K., Dey T., Singh A., Rasool B., Diskit S., et al. Phenotyping and molecular characterization of durable resistance in bread wheat for stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*). *Journal of Biobased Materials and Bioenergy*. 2024;18(4):710–720. DOI: <https://doi.org/10.1166/jbmb.2024.2407>
12. Wang L. F., Ma J. X., Zhou R. H., Wang X. M., Jia J. Z. Molecular tagging of the yellow rust resistance gene *Yr10* in common wheat, P.I.178383 (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*. 2002;124:71–73. DOI: <https://doi.org/10.1023/A:1015689817857>
13. Peng J. H., Fahima T., Roeder M. S., Huang Q. Y., Dahan A., Li Y. C., Grama A., Nevo E. High density molecular map of chromosome region harboring stripe-rust resistance genes *YrH52* and *Yr15* derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. *Genetica*. 2000;109(3):199–210. DOI: <https://doi.org/10.1023/a:1017573726512>
14. Lagudah E. S., McFadden H., Singh R. P., Huerta-Espino J., Bariana H. S., 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: <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0406-z>

14. Bansal U. K., Hayden M. J., Keller B., Wellings C. R., Park R. F., Bariana H. S. Relationship between wheat rust resistance genes *Yr1* and *Sr48* and a microsatellite marker. *Plant Pathology*. 2009;58(6):1039–1043. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2009.02144.x>
15. Macer R. C. F. The formal and monosomic genetic analysis of stripe rust (*Puccinia striiformis*) resistance in wheat. *Proceedings of the 2nd international wheat genetics symposium, Lund, Sweden*. 1966;(2):127–142.
16. Sharma-Poudyal D., Chen X. M., Wan A. M., Zhan G. M., Kang Z. S., Cao S. Q., et al. Virulence Characterization of International Collections of the Wheat Stripe Rust Pathogen, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Plant Disease*. 2013;97(3):379–386. DOI: <https://doi.org/10.1094/PDIS-01-12-0078-RE>
17. Kemma G. H. J., Lange W. Resistance in spelt wheat to yellow rust. II: Monosomic analysis of the Iranian accession 415. *Euphytica*. 1992;63:219–224. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00024547>
18. Bariana H. S., Brown G. N., Ahmed N. U., Khatkar S., Conner R. L., Wellings C. R., et al. Characterisation of *Triticum vavilovii*-derived stripe rust resistance using genetic, cytogenetic and molecular analyses and its marker-assisted selection. *Theoretical and Applied Genetics*. 2002;104:315–320. DOI: <https://doi.org/10.1007/s001220100767>
19. Ul Islam B., Mir S., Dar M. S., Khan G. H., Shikari A. B., Sofi N. U. R., et al. Characterization of pre-breeding wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm for stripe rust resistance using field phenotyping and genotyping. *Plants (Basel)*. 2023;12(18):3239. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants12183239>
20. Gerechter-Amitai Z. K., Van Silfhout C. H., Grama A., Kleitman F. *Yr 15* - a new gene for resistance to *Puccinia striiformis* in *Triticum dicoccoides* sel. G-25. *Euphytica*. 1989;43:187–190. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF00037912>
21. Yaniv E., Raats D., Ronin Y., Korol A. B., Grama A., Bariana H., Dubcovsky J., Schulman A. H. Evaluation of marker-assisted selection for the stripe rust resistance gene *Yr15*, introgressed from wild emmer wheat. *Molecular Breeding*. 2015;35:43. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-015-0238-0>
22. Klymiuk V., Yaniv E., Huang L., Raats D., Fatiukha A., Chen S., et al. Cloning of the wheat *Yr15* resistance gene sheds light on the plant tandem kinase-pseudokinase family. *Nature Communications*. 2018;9:3735. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-018-06138-9>
23. Agarwal P., Jha S. K., Sharma N. K., Raghunandan K., Mallick N., Niranjana M., Saharan M.S., Singh J.B., Vinod. Identification of the improved genotypes with 2NS/2AS translocation through molecular markers for imparting resistance to multiple biotic stresses in wheat. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2021;81(04):522–528. DOI: <https://doi.org/10.31742/IJGPB.81.4.4>
24. Василова Н. З., Асхадуллин Д-л Ф., Асхадуллин Д-р Ф., Багавиева Э. З., Тазутдинова М. Р., Хусаинова И. И. Достижения селекции яровой мягкой пшеницы в Татарстане. Зернобобовые и крупяные культуры. 2019;(2(30)):124–131. DOI: <https://doi.org/10.24411/2309-348X-2019-11102> EDN: KZXA FM
- Vasilova N. Z., Askhadullin D-l F., Askhadullin D-r F., Bagavieva E. Z., Tazutdinova M. R., Khusainova I. I. Achieving the breeding of spring soft wheat in Tatarstan. *Zernobobovye i krupyanye kul'tury* = Legumes and Groat Crops. 2019;(2(30)):124–131. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.24411/2309-348X-2019-11102>

#### Сведения об авторах

**Баранова Наталья Борисовна**, кандидат биол. наук, доцент кафедры генетики Института фундаментальной медицины и биологии, ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, Республика Татарстан, Российская Федерация, 420008, e-mail: [public.mail@kpfu.ru](mailto:public.mail@kpfu.ru),

**ORCID:** <http://orcid.org/0000-0001-9109-7378>

✉ **Костенко Виктория Викторовна**, кандидат биол. наук, доцент кафедры генетики Института фундаментальной медицины и биологии, ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, Республика Татарстан, Российская Федерация, 420008, e-mail: [public.mail@kpfu.ru](mailto:public.mail@kpfu.ru),

**ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-1118-1471>, e-mail: [yvkostenko1@gmail.com](mailto:yvkostenko1@gmail.com)

**Пономарева Мира Леонидовна**, доктор биол. наук, профессор кафедры генетики Института фундаментальной медицины и биологии, ФГАОУ ВО «Казанский (Приволжский) федеральный университет», ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, Республика Татарстан, Российская Федерация, 420008, e-mail: [public.mail@kpfu.ru](mailto:public.mail@kpfu.ru),

**ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-1648-3938>

#### Information about the authors

**Natalia B. Baranova**, PhD in Biological Science, associate professor, the Department of Genetics, Institute of Fundamental Medicine and Biology, Kazan (Volga region) Federal University, st. Kremlevskaya, 18, Kazan, Republic of Tatarstan, Russian Federation, 420008, e-mail: [public.mail@kpfu.ru](mailto:public.mail@kpfu.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0001-9109-7378>

✉ **Victoria V. Kostenko**, PhD in Biological Science, associate professor, the Department of Genetics, Institute of Fundamental Medicine and Biology, Kazan (Volga Region) Federal University, st. Kremlevskaya, 18, Kazan, Republic of Tatarstan, Russian Federation, 420008, e-mail: [public.mail@kpfu.ru](mailto:public.mail@kpfu.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-1118-1471>, e-mail: [yvkostenko1@gmail.com](mailto:yvkostenko1@gmail.com)

**Mira L. Ponomareva**, DSc in Biological Science, professor at the Department of Genetics, Institute of Fundamental Medicine and Biology, Kazan (Volga Region) Federal University, st. Kremlevskaya, 18, Kazan, Republic of Tatarstan, Russian Federation, 420008, e-mail: [public.mail@kpfu.ru](mailto:public.mail@kpfu.ru), **ORCID:** <http://orcid.org/0000-0002-1648-3938>

✉ – Для контактов / Corresponding author