

DOI 10.69536/FKR.2025.18.13.002
УДК 632.4:633.1

DOI 10.69536/FKR.2025.18.13.002
UDC 632.4:633.1

Ювенильная устойчивость пшеницы к листовостебельным болезням в Поволжье

*Баранова О.А.¹, Расторгуева Т.Р.²,
Коваленко Н.М.³, Мироненко Н.В.⁴

^{1,2,3,4} ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений» (ВИЗР), г. Санкт-Петербург, Россия, 196608

² Санкт-Петербургский государственный университет (СПбГУ), г. Санкт-Петербург, Россия, 199034

¹ ORCID ID: 0000-0001-9439-2102,
e-mail: baranova_oa@mail.ru

² e-mail: rastorguevataya@gmail.com

³ ORCID ID: 0000-0001-9577-8816,
e-mail: nadyakov@mail.ru

⁴ ORCID ID: 0000-0003-3383-2973,
e-mail: nina2601mir@mail.ru

АННОТАЦИЯ

Пшеница (*Triticum aestivum* L.) является одной из наиболее важных для человека зерновых культур. В России основные зернопроизводящие регионы – это Западная Сибирь, Краснодарский край и Поволжье. Значительному снижению урожая пшеницы способствуют заболевания, вызываемые грибными патогенами, такими как стеблевая ржавчина (возбудитель *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) и желтая пятнистость (возбудитель *Pyrenophora tritici-repentis*). В работе проведена оценка ювенильной устойчивости в лабораторных условиях 92 яровых сортов мягкой пшеницы, возделываемых на территории Поволжья, к двум популяциям *P. graminis* f. sp. *tritici* (челябинской популяции гриба 2024 года и чувашской популяции 2025 года) и двум популяциям *Pyrenophora tritici-repentis* (тамбовской популяции патогена 2024 года и пензенской популяции 2025 года), а также идентификация генов устойчивости к стеблевой ржавчине (*Sr24*, *Sr25*, *Sr26*, *Sr28*, *Sr31*, *Sr36*, *Sr38*, *Sr57*, *Sr1A1R*) и доминантной аллели гена восприимчивости к желтой пятнистости *Tsn1* с помощью молекулярных маркеров. Показано, что к челябинской популяции стеблевой ржавчины были устойчивы 26 сортов (28,2%), к чувашской популяции гриба – 50 сортов (54,3%). К обоим популяциям возбудителя стеблевой ржавчины был устойчив 21 сорт (22,8%). К тамбовской популяции желтой пятнистости умеренно устойчивы 15,2% и устойчивы 2,2% сортов, к пензенской популяции гриба умеренно устойчивы 34,7% и устойчивы 47,8% сортов. К обоим популяциям возбудителя желтой пятнистости умеренно устойчивы 11 сортов (11,9%), устойчивы два сорта – Экада 253 и Скирда, что составило 2,1% от общего количества сортов.

Seedling resistance of wheat to leaf diseases in the Volga region (Russia)

*Olga A. Baranova¹, Taisia R. Rastorgueva²,
Nadezhda M. Kovalenko³, Nina V. Mironenko⁴

^{1,2,3,4} All-Russian Institute of Plant Protection (VIZR), St. Petersburg, Russia, 196608

² Saint Petersburg State University (SPbSU), Saint Petersburg, Russia, 199034

¹ ORCID ID: 0000-0001-9439-2102,
e-mail: baranova_oa@mail.ru

² e-mail: rastorguevataya@gmail.com

³ ORCID ID: 0000-0001-9577-8816,
e-mail: nadyakov@mail.ru

⁴ ORCID ID: 0000-0003-3383-2973,
e-mail: nina2601mir@mail.ru

ABSTRACT

Wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the most important grain crops for humans. In Russia, the main grain-producing regions are Western Siberia, Krasnodar Krai, and the Volga region. Diseases caused by fungal pathogens, such as stem rust (caused by *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) and tan spot (caused by *Pyrenophora tritici-repentis*), significantly reduce wheat yields. This study assessed the seedling resistance of 92 spring bread wheat cultivars grown in the Volga region to two populations of *P. graminis* f. sp. *tritici* (Chelyabinsk population of the fungus of 2024 and Chuvashia population of 2025) and two populations of *Pyrenophora tritici-repentis* (Tambov population of 2024 and Penza population of 2025) under laboratory conditions. Also, the identification of genes for resistance to stem rust (*Sr24*, *Sr25*, *Sr26*, *Sr28*, *Sr31*, *Sr36*, *Sr38*, *Sr57*, *Sr1A1R*) and the dominant allele of the gene for susceptibility to tan spot - *Tsn1* were carried out using molecular markers. It was shown that 26 cultivars (28.2%) were resistant to the Chelyabinsk population of stem rust, and 50 cultivars (54.3%) to the Chuvashia population of the fungus. A total of 21 cultivars (22.8%) were resistant to both populations of the stem rust. 15.2% of cultivars were moderately resistant to the Tambov population of tan spot, while 2.2% of cultivars were resistant. 34.7% of cultivars were moderately resistant to the Penza population of the fungus, while 47.8% of cultivars were resistant. Eleven cultivars (11.9%) were moderately resistant to both populations of the tan spot, while 2 cultivars, Ekada 253 and Skirda, were resistant, which accounted for 2.1% of the total number of cultivars. The following genes were

В сортах идентифицированы гены: *Sr31*, *Sr24*, *Sr25*, *Sr28*, *Sr38*, *Sr57*, *Sr1A1R*, *Tsn1*. Выделены перспективные сорта с групповой устойчивостью: 100 лет ТАССР (*Sr31*, *Tsn1*), Канюк (*Sr24+Sr1A1R*, *tsn1*), Экада 253 (*Sr31*, *tsn1*) и Экада 258 (*Sr31*, *tsn1*).

Ключевые слова: яровые сорта мягкой пшеницы, ювенильная устойчивость, стеблевая ржавчина, желтая пятнистость, *Sr*-гены, *Tsn1*.

ВВЕДЕНИЕ



Поволжье – один из основных зернопроизводящих регионов нашей страны. В последние годы в регионе ухудшается фитопатологическая ситуация, связанная с возбудителями стеблевой ржавчины (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) и желтой пятнистости (*Pyrenophora tritici-repentis*). Стеблевая ржавчина относится к особо опасным заболеваниям пшеницы, потери урожая на восприимчивых сортах при эпифитотийном развитии патогена могут достигать 80% и более (Ashagre, 2022). Основная проблема ржавчинных заболеваний состоит в том, что урединиоспоры гриба переносятся воздушными массами на огромные расстояния (Leonard and Szabo, 2005). Недаром один из известнейших в мире селекционеров Норман Борлоуг сказал свою знаменитую фразу: «У ржавчины нет границ». В настоящее время, с одной стороны, по странам Африки и Ближнего Востока распространяется раса Ug99 (TTKSK), вирулентная к сортам с геном *Sr31*, и вероятен ее занос на территорию Поволжья через Каспийское море, с другой стороны – в Европе и России есть свои агрессивные расы гриба, авирулентные к *Sr31*, но поражающие сорта без этого гена (Patpour et al., 2022). В Поволжье увеличение вредности возбудителя стеблевой ржавчины наблюдается с 2016 года, когда эпифитотийное развитие патогена затронуло Республику Татарстан и Саратовскую область (Василова и др., 2017; Baranova et al., 2023).

Что касается желтой пятнистости, то в среднем заболевание вызывает потери 5–10% урожая, но на восприимчивых сортах в эпифитотийные годы они могут достигать 65% и более (Rees et al., 1982). Так, на территории Саратовской области (Нижнее Поволжье) с 2000 года отмечается массовое распространение и сильное эпифитотийное развитие желтой пятнистости (Маркелова и др., 2012). В 2018 г. в Саратовской области поражение растений пшеницы патогеном было 30–40%, а в 2019 г. развитие болезни достигало уже 80% на восприимчивых сортах (Конькова, Лящева, 2020).

Таким образом, оценка сортов, рекомендованных к возделыванию на территории Поволжья, на устойчивость к стеблевой ржавчине и желтой пятнистости является актуальным направлением исследований.

Идентификация генов устойчивости растений с помощью молекулярных маркеров, рекомендованных для маркер-ориентированной селекции, – удобный инструмент в руках исследо-

в identified in the cultivars: *Sr31*, *Sr24*, *Sr25*, *Sr28*, *Sr38*, *Sr57*, *Sr1A1R*, and *Tsn1*. Promising cultivars with group resistance were identified: 100 years of TASSR (*Sr31*, *Tsn1*), Kanyuk (*Sr24+Sr1A1R*, *tsn1*), Ekada 253 (*Sr31*, *tsn1*) and Ekada 258 (*Sr31*, *tsn1*).

Keywords: spring bread wheat cultivars, seedling resistance, stem rust, tan spot, *Sr* genes, *Tsn1*.

INTRODUCTION



The Volga region is one of the main grain-producing regions of Russia. In recent years, the phytopathological situation associated with stem rust (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) and tan spot (*Pyrenophora tritici-repentis*) has worsened in the region. Stem rust is a particularly dangerous disease of wheat; yield losses on susceptible cultivars during epiphytotic development of the pathogen can reach 80% or more (Ashagre, 2022). The main problem with rust diseases is that the fungal urediniospores are carried by air masses over vast distances (Leonard and Szabo, 2005). One of the world's most renowned plant breeders, Norman Borlaug, famously said, "Rust knows no boundaries." Currently, on the one hand, the Ug99 (TTKSK) race, virulent to cultivars with the *Sr31* gene, is spreading across Africa and the Middle East, and it is likely to be introduced into the Volga region via the Caspian Sea. On the other hand, Europe and Russia have their own aggressive fungus races, avirulent to *Sr31*, but affecting cultivars without this gene (Patpour et al., 2022). In the Volga region, an increase in the harmfulness of the stem rust pathogen has been observed since 2016, when the epiphytotic development of the pathogen affected the Republic of Tatarstan and Saratov Oblast (Vasilova et al., 2017; Baranova et al., 2023).

As for tan spot, the disease causes yield losses of 5-10% on average, but in susceptible cultivars in epiphytotic years, they can reach 65% or more (Rees et al., 1982). Thus, in Saratov Oblast (Lower Volga region), a widespread spread and strong epiphytotic development of tan spot has been observed since 2000 (Markelova et al., 2012). In 2018, in Saratov Oblast, damage to wheat plants by the pathogen reached 30-40%, and in 2019, the development of the disease reached 80% on susceptible cultivars (Konkova, Lyashcheva, 2020).

Thus, the evaluation of cultivars recommended for cultivation in the Volga region for resistance to stem rust and tan spot is a relevant area of research.

вателя, позволяющий определить, какими генами детерминирована устойчивость к патогенам в сортах. Использование молекулярных маркеров наряду с фитопатологической оценкой устойчивости дает возможность выделить перспективные доноры устойчивости, которые могут представлять интерес для селекции.

В связи с этим целью работы была оценка ювенильной устойчивости 92 сортов яровой мягкой пшеницы, возделываемых на территории Поволжья, к стеблевой ржавчине и желтой пятнистости и идентификация в них генов устойчивости к стеблевой ржавчине – *Sr*-генов и восприимчивости к желтой пятнистости – *Tsn1*.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

В работе анализировали 92 сорта яровой мягкой пшеницы, возделываемые на территории Поволжья. Для оценки ювенильной устойчивости в лабораторных условиях использовали челябинскую популяцию стеблевой ржавчины 2024 года и чувашскую популяцию стеблевой ржавчины 2025 года; тамбовскую популяцию желтой пятнистости 2024 года и пензенскую популяцию желтой пятнистости 2025 года. Размножение популяций стеблевой ржавчины и анализ устойчивости растений в стадии проростков проводили по стандартной лабораторной методике (Jin et al., 2007). Для заражения проростков пшеницы возбудителем стеблевой ржавчины использовали суспензию урединиоспор *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* (концентрация суспензии – 1 мг урединиоспор гриба на 1 мл воды с «Твин 80»). Реакцию проростков на инокуляцию суспензией спор возбудителя стеблевой ржавчины проводили на 12-е сутки по стандартной четырехбалльной шкале E.C. Stakman and M.N. Levine (1962).

Для оценки устойчивости сортов пшеницы к возбудителю желтой пятнистости отсеченные листья 10-дневных проростков помещали в кювету на фильтровальную бумагу, смоченную бензимидазолом (40 мг/л), и инокулировали суспензией конидий гриба в концентрации 5000 кон/мл. Устойчивость оценивали на пятый день после заражения по пятибалльной шкале (Rees et al., 1987; Михайлова и др., 2012), в которой комбинации баллов поражения в виде некроз/хлороз интерпретировали следующим образом: R (0/0, 0/1, 1/0, 1/1) – устойчивые, MR (1/2, 2/2, 2/1) – умеренно устойчивые, S (3/3, 3/4, 4/3, 4/4, 2/3, 3/2) – восприимчивые, HS (4/3, 4/4, 4/5, 5/4, 5/5) – высоко восприимчивые.

ДНК растений пшеницы выделяли из пятидневных проростков СТАВ-методом (Murray, Thompson, 1980). Для идентификации генов устойчивости и восприимчивости использовали специфичные праймеры: *Sr24#12*– *Sr24* (Mago et al., 2005), *Gb*– *Sr25/Lr19* (Prins et al., 2001), *Sr26#43*– *Sr26* (Mago et al., 2005); *wPt-7004-PCR*– *Sr28* (Rouse et al., 2012), *scm9*–*Sr31/Lr26* и *Sr1A1R* (Weng et al., 2007); *Xwmc477*, *Xstm773-2*– *Sr36* (Tsilo et al., 2008); *Xcmwg682*– *Sr38* (Helguera et al., 2003); *csLV34*– *Sr57/Lr34* (Lagudah et al., 2006); *Xfcp623*– *Tsn1* (Faris et al., 2010). Амплификацию проводили с использованием смеси ПЦР (БиоМастер HS-Taq ПЦР (2×) Биолабмикс). Электрофорез продуктов амплифи-

Identification of plant resistance genes using molecular markers recommended for marker-assisted breeding is a convenient tool for researchers, allowing them to determine which genes determine pathogen resistance in cultivars. The use of molecular markers, along with phytopathological assessment of resistance, makes it possible to identify promising resistance donors that may be of interest for breeding.

In this regard, the aim of the work was to evaluate the seedling resistance of 92 cultivars of spring soft wheat cultivated in the Volga region to stem rust and tan spot and to identify genes for resistance to stem rust – *Sr* genes and susceptibility to tan spot – *Tsn1*.

MATERIALS AND METHODS

The study analyzed 92 cultivars of spring soft wheat grown in the Volga region. To assess seedling resistance in laboratory conditions, the Chelyabinsk stem rust population of 2024 and the Chuvashia stem rust population of 2025; the Tambov tan spot population of 2024; and the Penza tan spot population of 2025 were used. The propagation of stem rust populations and the analysis of plant resistance at the seedling stage were carried out according to standard laboratory methods (Jin et al., 2007). To infect wheat seedlings with the stem rust pathogen, a suspension of urediniospores of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* was used (the suspension concentration was 1 mg of fungal urediniospores per 1 ml of water with Tween 80). The reaction of seedlings to inoculation with a suspension of spores of the stem rust pathogen was carried out on the 12th day according to the standard 4-point scale of E.C. Stakman and M.N. Levine (1962).

To assess the resistance of wheat cultivars to the tan spot pathogen, excised leaves of 10-day-old seedlings were placed in a cuvette on filter paper soaked in benzimidazole (40 mg/l) and inoculated with a suspension of fungal conidia at a concentration of 5000 con/ml. Resistance was assessed on the 5th day after infection using a 5-point scale (Rees et al., 1987; Mikhailova et al., 2012), in which combinations of damage scores in the form of necrosis/chlorosis were interpreted as follows: R (0/0, 0/1, 1/0, 1/1) – resistant, MR (1/2, 2/2, 2/1) – moderately resistant, S (3/3, 3/4, 4/3, 4/4, 2/3, 3/2) – susceptible, HS (4/3, 4/4, 4/5, 5/4, 5/5) – highly susceptible.

Wheat plant DNA was isolated from 5-day-old seedlings using the CTAB method (Murray and Thompson, 1980). Specific primers were used to identify resistance and susceptibility genes.: *Sr24#12*– *Sr24* (Mago et al., 2005), *Gb*– *Sr25/Lr19* (Prins et al., 2001), *Sr26#43*– *Sr26* (Mago et al., 2005); *wPt-7004-PCR*– *Sr28* (Rouse et al., 2012), *scm9*– *Sr31/Lr26* и *Sr1A1R* (Weng et al., 2007); *Xwmc477*, *Xstm773-2*– *Sr36* (Tsilo et al., 2008); *Xcmwg682*– *Sr38* (Helguera et al., 2003); *csLV34*– *Sr57/Lr34* (Lagudah et al., 2006); *Xfcp623*– *Tsn1* (Faris et al., 2010). Amplification was performed using a PCR mixture (BioMaster HS-Taq PCR (2×) Biolabmix). Electrophoresis of the

кации проводили в 2% агарозных гелях и 8% полиакриламидных гелях. Для визуализации электрофореграмм использовали гель-документирующую систему GelDoc Go Bio-Rad (США).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Фитопатологическая оценка на устойчивость

На первом этапе работы была проведена оценка ювенильной устойчивости 92 сортов яровой мягкой пшеницы к стеблевой ржавчине и желтой пятнистости на стадии проростков в лабораторных условиях (см. рис. 1, рис. 2).

Количество устойчивых к стеблевой ржавчине сортов (%)
Number of cultivars resistant to stem rust (%)

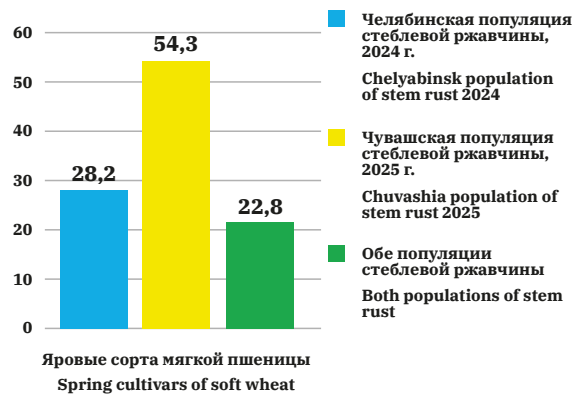


Рис. 1. Устойчивость яровых сортов мягкой пшеницы к стеблевой ржавчине

Fig. 1. Resistance of spring soft wheat cultivars to stem rust

В результате к челябинской популяции патогена были устойчивы 26 сортов (28,2%), а к чувашской популяции – 50 сортов (54,3%). К обеим популяциям стеблевой ржавчины был устойчив 21 сорт (22,8%). Устойчивость сортов яровой мягкой пшеницы к *Pyrenophora tritici-repentis* представлена на рис. 2.

К тамбовской популяции желтой пятнистости умеренно устойчивы 15,2%, устойчивы – 2,2% сортов, к пензенской популяции гриба умеренно устойчивы 34,7%, устойчивы – 47,8% сортов. К обеим популяциям желтой пятнистости умеренно устойчивы 11 сортов (11,9%), устойчивы два сорта – Экада 253 и Скирда, что составило 2,1% от общего количества сортов.

Сорта 100 лет ТАССР, Канюк, Экада 253 и Экада 258 были устойчивы ко всем четырем популяциям патогенов, то есть обладали групповой устойчивостью к стеблевой ржавчине и желтой пятнистости.

Идентификация генов устойчивости

В результате молекулярного скрининга 92 яровых сортов пшеницы в них идентифицированы гены устойчивости к стеблевой ржавчине: *Sr31*, *Sr24*, *Sr25*, *Sr28*, *Sr38*, *Sr57*, *Sr1A1R*, а также доминантный ген восприимчивости к желтой пятнистости *Tsn1*. Гены *Sr26* и *Sr36* в проанализированном материале обнаружены не были.

amplification products was performed in 2% agarose gels and 8% polyacrylamide gels. The GelDoc Go Bio-Rad gel documentation system (USA) was used to visualize the electropherograms).

RESULTS AND DISCUSSION

Phytopathological assessment for resistance.

At the first stage of the work, an assessment was made of the seedling resistance of 92 cultivars of spring soft wheat to stem rust and tan spot at the seedling stage under laboratory conditions (see Fig.1, Fig. 2).

Количество устойчивых к желтой пятнистости сортов (%)
Number of cultivars resistant to tan spot (%)

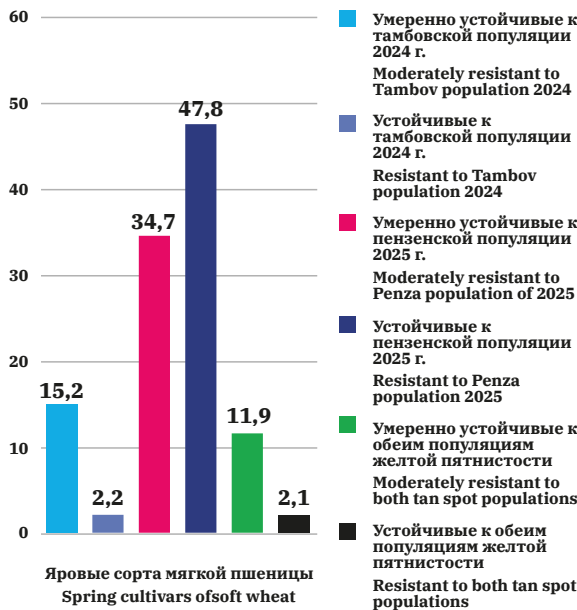


Рис. 2. Устойчивость яровых сортов мягкой пшеницы к желтой пятнистости

Fig. 2. Resistance of spring cultivars of soft wheat to tan spot

As a result, 26 cultivars (28.2%) were resistant to the Chelyabinsk population of the pathogen, and 50 cultivars (54.3%) were resistant to the Chuvashia population. Twenty-one cultivars (22.8%) were resistant to both stem rust populations. Resistance of spring soft wheat cultivars to *Pyrenophora tritici-repentis* is shown in Fig. 2.

15.2% of cultivars are moderately resistant to the Tambov population of tan spot, and 2.2% are resistant. 34.7% of cultivars are moderately resistant to the Penza population of the fungus, and 47.8% are resistant. Eleven cultivars (11.9%) are moderately resistant to both tan spot populations, and two cultivars – Ekada 253 and Skirda – are resistant, which accounts for 2.1% of the total number of cultivars.

The cultivars 100 years of TASSR, Kanyuk, Ekada 253 and Ekada 258 were resistant to all four pathogen populations, i.e. they had group resistance to stem rust and tan spot.

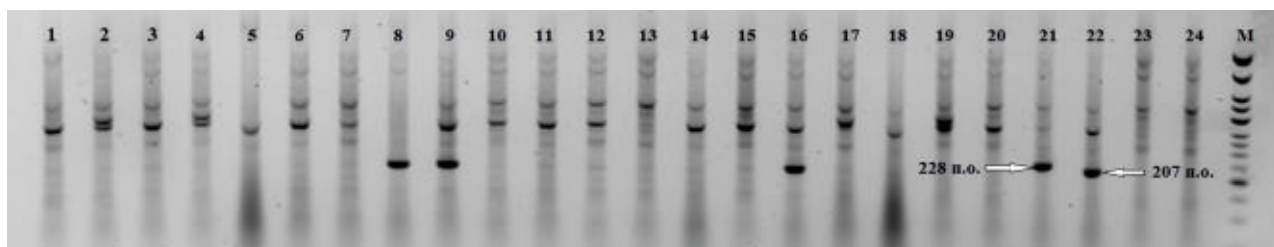


Рис. 3. Идентификация генов *Sr31* и *Sr1A1R* с использованием молекулярного маркера scm9: М – маркер молекулярного веса ДНК Step50 plus (Биолаб-микс); стрелками указаны диагностический фрагмент 207 п.о., выявляющий *Sr31* (№ 8 – Архат, № 9 – Балкыш, № 16 – Ершовская 36, № 22 – Квартет Л 375), и 228 п.о., выявляющий *Sr1A1R* (№ 21 – Канюк)

Fig. 3. Identification of the genes *Sr31* and *Sr1A1R* using the molecular marker scm9: M – DNA molecular weight marker Step50 plus (Biolabmix); arrows indicate the diagnostic fragment of 207 bp, detecting *Sr31* (No. 8 – Arkhat, No. 9 Balkysh, No. 16 Ershovskaya 36, No. 22 Quartet L 375 and 228 bp, detecting *Sr1A1R* - No. 21 Kanyuk)

Ген устойчивости к стеблевой ржавчине *Sr31* (локализован в ржаной транслокации 1RS.1BL) является эффективным к российским, в том числе и к поволжским популяциям стеблевой ржавчины, но не эффективным к расе Ug99 и ее биотипам. Маркер scm9 различает транслокации 1RS.1BL и 1RS.1AL – диагностический фрагмент 207 п.о. указывает на наличие 1BL.1RS-транслокации, а 228 п.о. – на транслокацию 1AL.1RS (Weng et al., 2007). По результатам ПЦР-анализа ген *Sr31* был идентифицирован в 15 сортах: 100 лет ТАССР, Архат, Балкыш, Ершовская 36, Квартет Л 375, Курьер, Прохоровка, Чистопольская, Экада 253, Экада 258, Экада 265, Юго-Восточная 2, Юго-Восточная 4, Квартет, Кинер. Все они были высокоустойчивы к обеим популяциям стеблевой ржавчины. В сорте Канюк был идентифицирован ген *Sr1A1R*, локализованный в транслокации 1RS.1AL (см. рис. 3). Это эффективный ген против стеблевой ржавчины, сорт Канюк был высокоустойчив к обеим популяциям гриба.

Кроме того, в сортах Канюк и Экада 265 был идентифицирован ген *Sr24*. Данный ген сцеплен с эффективным геном устойчивости к бурой ржавчине *Lr24*, что делает его перспективным для селекции. Это редкий ген для отечественных сортов пшеницы, хотя он распространен в зарубежных сортах. В анализируемом материале с использованием маркера Ventriup-LN2 у четырех сортов – Флоренс, Экада 66, Эстер и Каликсо – был идентифицирован ген *Sr38*. Это неэффективный ген, однако он может повысить устойчивость к патогену в сочетании с другими генами устойчивости (Rauf et al., 2022).

Из генов, эффективных против расы возбудителя стеблевой ржавчины Ug99, в анализируемом материале были идентифицированы гены *Sr25*, *Sr28* и *Sr57*. Для идентификации гена возрастной устойчивости *Sr57* (*Lr34*) был использован молекулярный маркер csLV34. Результаты скрининга показали наличие гена *Sr57* в семи анализируемых сортах: Жигулевская, Казанская Юбилейная, Чистопольская, Екатерина, Хаят, Экада 253, Экада 282. Для идентификации гена *Sr25* использовали STS-маркер Gb. Во всех зонах распространения расы Ug99 ген *Sr25* эффективен, но он контролирует высокий уровень устойчивости к стеблевой ржавчине только на определенном генетическом фоне, особенно в присутствии возрастного гена *Sr2*. В России ген *Sr25* потерял эффективность на территории Поволжья (Баранова и др., 2021), но

Identification of resistance genes

As a result of molecular screening of 92 spring wheat cultivars, genes for resistance to stem rust were identified in them: *Sr31*, *Sr24*, *Sr25*, *Sr28*, *Sr38*, *Sr57*, *Sr1A1R*, as well as the dominant gene for susceptibility to tan spot *Tsn1*. The *Sr26* and *Sr36* genes were not detected in the analyzed material.

The stem rust resistance gene *Sr31* (located in the rye translocation 1RS.1BL) is effective against Russian, including Volga region, stem rust populations, but is ineffective against the Ug99 race and its biotypes. The scm9 marker differentiates between the 1RS.1BL and 1RS.1AL translocations: a 207-bp diagnostic fragment indicates the presence of the 1BL.1RS translocation, while a 228-bp fragment indicates the 1AL.1RS translocation (Weng et al., 2007). Based on the PCR analysis results, the *Sr31* gene was identified in 15 cultivars: 100 years of TASSR, Arkhat, Balkysh, Ershovskaya 36, Kvartet L 375, Kurier, Prokhorovka, Chistopolskaya, Ekada 253, Ekada 258, Ekada 265, Yugo-Vostochnaya 2, Yugo-Vostochnaya 4, Kvartet, and Kiner. All of them were highly resistant to both stem rust populations. The *Sr1A1R* gene, localized in the 1RS.1AL translocation (see Fig. 3), was identified in the Kanyuk cultivar. This is an effective gene against stem rust; the Kanyuk cultivar was highly resistant to both populations of the fungus.

Besides, the *Sr24* gene was identified in the same Kanyuk and the Ekada 265 cultivars. This gene is linked to the effective leaf rust resistance gene *Lr24*, making it promising for breeding. This gene is rare among Russian wheat cultivars, although it is common in foreign cultivars. In the analyzed material, using the VENTRIUP-LN2 marker, the *Sr38* gene was identified in four cultivars: Florence, Ekada 66, Ester, and Calixto. This gene is ineffective; however, it can increase resistance to the pathogen when combined with other resistance genes (Rauf et al., 2022).

Of the genes effective against the Ug99 race of the stem rust pathogen, the *Sr25*, *Sr28*, and *Sr57* genes were identified in the analyzed material. The molecular marker csLV34 was used to identify the age-related resistance gene *Sr57* (*Lr34*). Screening

остается эффективным в Западной Сибири и Краснодарском крае. Ген *Sr25* идентифицирован в 18 сортах (19,5%). Также в проанализированном материале с использованием маркера wPt-7004-PCR идентифицирован ген *Sr28*, эффективный против расы Ug99 и ее биотипов. Ген *Sr28* был обнаружен в двух сортах – Сакара и Чистопольская (2,1%). Количество сортов с идентифицированными *Sr*-генами представлено на рис. 4.

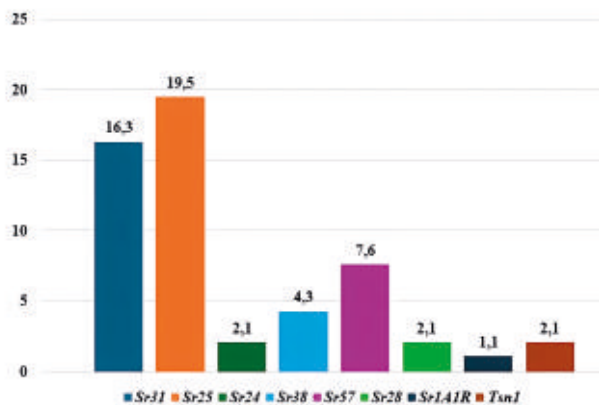


Рис. 4. Количество яровых сортов пшеницы с идентифицированными генами устойчивости (%)

Fig. 4. Number of spring wheat cultivars with identified resistance genes (%)

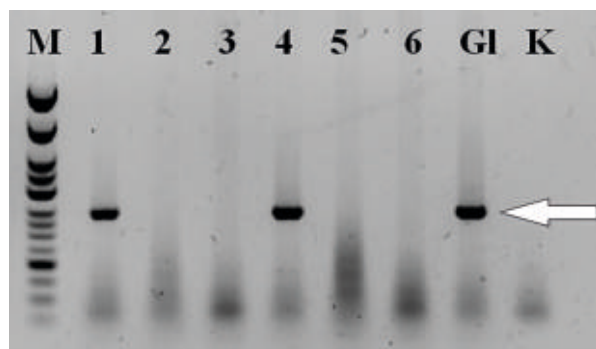


Рис. 5. Идентификация доминантной аллели гена восприимчивости *Tsn1* с использованием молекулярного маркера Xfcp623: М – маркер молекулярного веса ДНК Step50 plus (Биолабмикс); стрелкой указан диагностический фрагмент 380 п.о. № 1–6 – яровые сорта пшеницы, № 1 – 100 лет ТАССР, № 4 – Аль Варис, Gl – сорт Glenlea (позитивный контроль), К – вода (негативный контроль)

Fig. 5. Identification of the dominant *Tsn1* allele of the susceptibility gene using the Xfcp623 molecular marker: M is the Step50 plus DNA molecular weight marker (Biolabmix); the arrow indicates the 380 bp diagnostic fragment. No. 1–6 are spring wheat cultivars, No. 1 is 100 years of the TASSR, No. 4 is Al Waris, Gl is the Glenlea cultivar (positive control), K is water (negative control)

Как видно на рис. 4, наибольшее количество сортов с идентифицированными генами устойчивости к стеблевой ржавчине – носители генов *Sr25* (19,5%) и *Sr31* (16,3%), что следовало ожидать, так как эти гены, особенно *Sr25*, распространены в яровых российских сортах пшеницы.

Выделены сорта с сочетанием генов устойчивости к стеблевой ржавчине: Архат (*Sr31+Sr25*), Квартет Л 375 (*Sr31+Sr25*); Канюк (*Sr24+Sr1A1R*), Чистопольская (*Sr31+Sr28+Sr57*), Экада 253 (*Sr31+Sr57*), Экада 265 (*Sr31+Sr24*).

results revealed the presence of the *Sr57* gene in seven analyzed cultivars: Zhigulevskaya, Kazanskaya Yubileynaya, Chistopolskaya, Ekaterina, Hayat, Ekada 253, and Ekada 282. The STS marker Gb was used to identify the *Sr25* gene. The *Sr25* gene is effective in all zones of distribution of the Ug99 race, but it controls a high level of resistance to stem rust only in a specific genetic background, especially in the presence of the age-related gene *Sr2*. In Russia, the *Sr25* gene has lost its effectiveness in the Volga region (Baranova et al., 2021), but remains effective in Western Siberia and Krasnodar Krai. The *Sr25* gene was identified in 18 cultivars (19.5%). The *Sr28* gene, effective against the Ug99 race and its biotypes, was also identified in the analyzed material using the wPt-7004-PCR marker. The *Sr28* gene was detected in two cultivars—Sakara and Chistopolskaya (2.1%). The number of cultivars with identified *Sr* genes is shown in Fig. 4.

As can be seen from Fig. 4, the largest number of cultivars with identified genes for resistance to stem rust are carriers of the *Sr25* (19.5%) and *Sr31* (16.3%) genes, which was expected, since these genes, especially *Sr25*, are common in Russian spring wheat cultivars.

Cultivars with a combination of genes for resistance to stem rust have been identified: Arhat (*Sr31+Sr25*), Quartet L 375 (*Sr31+Sr25*); Kanyuk (*Sr24+Sr1A1R*), Chistopolskaya (*Sr31+Sr28+Sr57*), Ekada 253 (*Sr31+Sr57*), Ekada 265 (*Sr31+Sr24*).

Also, in the cultivars 100 years of TASSR and Al Varis, a dominant *Tsn1* allele for susceptibility to tan spot was identified (see Fig. 5).

The absence of a diagnostic fragment of the dominant *Tsn1* allele indicated the presence of a null recessive *tsn1* allele controlling resistance. However, no correlation was found between the detection of the dominant *Tsn1* allele in cultivars and susceptibility to tan spot, which is consistent with our previous findings on landraces and modern common wheat cultivars (Mironenko et al., 2023, 2024).

CONCLUSION

Thus, laboratory evaluation showed that 21 cultivars (22.8%) were resistant to stem rust, 11 cultivars (11.9%) were moderately resistant to tan spot, and 2 cultivars (2.1%) were resistant. Identification of stem rust resistance genes using molecular markers revealed the presence of *Sr* genes in spring cultivars of common wheat: *Sr31*, *Sr24*, *Sr25*, *Sr28*, *Sr38*, *Sr57* and *Sr1A1R*. Combinations of genes for resistance to stem rust have been identified in cultivars: Arhat (*Sr31+Sr25*), Quartet L 375 (*Sr31+Sr25*); Kanyuk (*Sr24+Sr1A1R*), Chistopolskaya (*Sr31+Sr28+Sr57*), Ekada 253 (*Sr31+Sr57*) and Ekada 265 (*Sr31+Sr24*).

Promising cultivars with group resistance to stem rust and tan spot have been identified: 100 years of the TASSR (*Sr31, Tsn1*), Kanyuk (*Sr24+Sr1A1R, tsn1*), Ekada 253 (*Sr31, tsn1*) and Ekada 258 (*Sr31, tsn1*).

Также в сортах 100 лет ТАССР и Аль Варис была идентифицирована доминантная аллель гена восприимчивости к желтой пятнистости *Tsn1* (см. рис. 5).

Отсутствие диагностического фрагмента доминантной аллели *Tsn1* означало наличие нулевой рецессивной аллели *tsn1*, контролирующей устойчивость. Однако корреляции между детекцией доминантной аллели *Tsn1* в сортах и восприимчивостью к желтой пятнистости не было обнаружено, что согласуется с выводами, сделанными нами ранее на материале стародавних и современных сортов мягкой пшеницы (Мироненко и др., 2023, 2024).

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Таким образом, оценка в лабораторных условиях показала, что к стеблевой ржавчине был устойчив 21 сорт (22,8%), к желтой пятнистости умеренно устойчивы 11 сортов (11,9%), устойчивы – два (2,1%). Идентификация генов устойчивости к стеблевой ржавчине с использованием молекулярных маркеров выявила наличие в яровых сортах мягкой пшеницы *Sr*-генов: *Sr31*, *Sr24*, *Sr25*, *Sr28*, *Sr38*, *Sr57* и *Sr1A1R*. Выявлены сочетания генов устойчивости к стеблевой ржавчине в сортах: Архат (*Sr31+Sr25*), Квартет Л 375 (*Sr31+Sr25*); Канюк (*Sr24+Sr1A1R*), Чистопольская (*Sr31+Sr28+Sr57*), Экада 253 (*Sr31+Sr57*) и Экада 265 (*Sr31+Sr24*).

Выделены перспективные сорта с групповой устойчивостью к стеблевой ржавчине и желтой пятнистости: 100 лет ТАССР (*Sr31*, *Tsn1*), Канюк (*Sr24+Sr1A1R*, *tsn1*), Экада 253 (*Sr31*, *tsn1*) и Экада 258 (*Sr31*, *tsn1*).

БЛАГОДАРНОСТЬ

Работа выполнена при поддержке гранта РНФ № 25-16-00287 <https://ias.rscf.ru/ext/shot/10457251>

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Баранова О.А., Сибикеев С.Н., Дружин А.Е., Созина И.Д. Потеря эффективности генов устойчивости к стеблевой ржавчине *Sr25* и *Sr6Agi* на территории Нижнего Поволжья // Вестник защиты растений. 2021. Т. 104, № 2. С. 105–112. DOI:10.31993/2308-6459-2021-104-2-14994.
2. Василова Н.З., Асхадуллин Д.Ф. Эпифитотия стеблевой ржавчины на яровой пшенице в Татарстане // Защита и карантин растений. 2017. № 2. С. 27–28.
3. Конькова Э.А., Лящева С.В. Желтая пятнистость листьев озимой мягкой пшеницы в Саратовской области // Зерновое хозяйство России. 2020. № 3 (69). С. 67–71.
4. Маркелова Т.С., Иванова О.В. Устойчивость образцов яровой и озимой пшеницы к желтой пятнистости листьев в условиях нижнего Поволжья // Сельскохозяйственная биология. 2012. Т. 47. № 3. С. 118–121.
5. Мироненко Н.В., Коваленко Н.М., Баранова О.А., Митрофанова О.П. Устойчивость стародавней озимой мягкой пшеницы к желтой пятнистости // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2023. Т. 184. № 4. С. 1–10. DOI:10.30901/2227-8834-2023-4-1-10.

ACKNOWLEDGEMENTS

The work was supported by the Russian Science Foundation grant No. 25-16-00287 <https://ias.rscf.ru/ext/shot/10457251>

REFERENCES

1. Baranova O. A., Sibikeev S. N., Druzhin A. E., Sozina I. D. Loss of effectiveness of stem rust resistance genes *Sr25* and *Sr6Agi* in the Lower Volga region // Plant Protection News 104(2):105-112. DOI: 10.31993/2308-6459-2021-104-2-14994. (In Russ.)
2. Vasilova N. Z., Askhadullin D. F. Epiphytity of stem rust on spring wheat in Tatarstan [Epifitotiya steblevoy rzhavchiny na yarovoy pshenitse v Tatarstane] // Plant Protection and Quarantine. 2017; 2: 27–28. (In Russ.)
3. Konkova E. A., Lyashcheva S. V. Yellow spot of leaves of winter soft wheat in Saratov Oblast [Zheltaya pyatnistost listyev ozimoy myagkoy pshenitsy v Saratovskoy oblasti] // Grain economy of Russia. 2020; 3 (69): 67–71. (In Russ.)
4. Markelova T. S., Ivanova O. V. Resistance of spring and winter wheat samples to tan leaf spot in the lower Volga region [Ustoychivost obraztsov yarovoy i ozimoy pshenitsy k zhelttoy pyatnistosti listyev v usloviyakh nizhnego Povolzhya] // Agricultural Biology. 2012; 47 (3): 118–121. (In Russ.)
5. Mironenko N.V., Kovalenko N.M., Baranova O.A., Mitrofanova O.P. Resistance of old winter bread wheat landraces to tan spot [Ustoychivost starodavney ozimoy myagkoy pshenitsy k zhelttoy pyatnistosti] // Proceedings on applied botany, genetics and breeding. 2023;184(4):205-214. (In Russ.) DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-1-10. (In Russ.)
6. Mironenko N.V., Kovalenko N.M., Baranova O.A., Khakimova A.G., Mitrofanova O.P. Seedling resistance of winter and spring bread wheat cultivars to *Pyrenophora tritici-repentis*. [Yuvenilnaya ustoychivost ozimoykh i yarovykh sortov myagkoy pshenitsy k *Pyrenophora tritici-repentis*] // Proceedings on applied botany, genetics and breeding. 2024;185(2):95-105. (In Russ.) DOI:10.30901/2227-8834-2024-2-95-105.
7. Mikhailova L. A., Mironenko N. V., Kovalenko N. M. Tan spot of wheat. Guidelines for studying populations of the tan spot pathogen *Pyrenophora tritici-repentis* and cultivar resistance [Zheltaya pyatnistost pshenitsy. Metodicheskiye ukazaniya po izucheniyu populyatsiy vozbuditelya zhelttoy pyatnistosti *Pyrenophora tritici-repentis* i ustoychivosti sortov]. St. Petersburg, 2012. (In Russ.)
8. A unique wheat disease resistance-like gene governs effector-triggered susceptibility to necrotrophic pathogens / Faris J. D., Zhang Z., Lu H., Lu S. et al. // Proc Natl Acad Sci. 2010. Vol. 107. P. 13544–13549. DOI:10.1073/pnas.1004090107.

6. Мироненко Н.В., Коваленко Н.М., Баранова О.А., Хакимова А.Г., Митрофанова О.П. Ювенильная устойчивость озимых и яровых сортов мягкой пшеницы к *Pyrenophora tritici-repentis* // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2024. Т. 185, № 2. С. 95–105. DOI:10.30901/2227-8834-2024-2-95-105.
7. Михайлова Л.А., Мироненко Н.В., Коваленко Н.М. Желтая пятнистость пшеницы. Методические указания по изучению популяций возбудителя желтой пятнистости *Pyrenophora tritici-repentis* и устойчивости сортов. Санкт-Петербург, 2012.
8. A unique wheat disease resistance-like gene governs effector-triggered susceptibility to necrotrophic pathogens / Faris J. D., Zhang Z., Lu H., Lu S. et al. // Proc Natl Acad Sci. 2010. Vol. 107. P. 13544–13549. DOI:10.1073/pnas.1004090107.
9. PCR assays for the Lr37-Yr17-Sr38 cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines / Helguera M., Khan I. A., Kolmer J., Lijavetzky D., Zhong-qi L., Dubcovsky J. // Crop Science. 2003. Vol. 43. P. 1839–1847.
10. Characterization of seedling infection types and adult plant infection responses of monogenic Sr gene lines to race TTKS of *Puccinia graminis* f. sp. tritici / Jin Y., Singh R. P., Ward R. W., Wanyera R., Kinyua M., Njau P., Fetch T., Pretorius Z. A., Yahyaoui A. // Plant Disease. 2007. Vol. 91. P. 1096–1099.
11. 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. Vol. 114. P. 21–30.
12. Mago R., Bariana H. S., Dundas I. S. et al. Development of PCR markers for the selection on wheat stem rust resistance genes Sr24 and Sr26 in diverse wheat germplasm // Theor. Appl. Genet. 2005. Vol. 111. P. 496–504. DOI:10.1007/s00122-005-2039-z.
13. Murray M. G., Thompson W. F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA // Nucleic Acids Res. 1980. Vol. 8. P. 4321–4325.
14. Wheat Stem Rust Back in Europe: Diversity, Prevalence and Impact on Host Resistance / Patpour M., Hovmöller M. S., Rodriguez-Algaba J., Randazzo B., Villegas D., Shamanin V. P., Berlin A., Flath K., Czembor P., Hanzalova A., Slikova S., Skolotneva E. S., Jin Y., Szabo L., Meyer K. J. G., Valade R., Thach T., Hansen J. G., Justesen A. F. // Front. Plant Sci. 2022. Vol. 13. Art. 882440. DOI:10.3389/fpls.2022.882440.
15. AFLP and STS tagging of Lr19, a gene conferring resistance to leaf rust in wheat / Prins R., Koebner R. M. D., Groenwald J. Z., Marias G. F. et al. // Theor Appl Genet. 2001. Vol. 103. P. 618–624.
16. Molecular Characterization of Genomic Regions for Adult Plant Resistance to Stem Rust in a Spring Wheat Mapping Population / Rauf Y., Bajgain P., Rouse M. N., Khanzada K. A., Bhavani S., Huerta-Espino J., Singh R. P., Imtiaz M., Anderson J. A. // Plant Disease. 2022, Feb; 106(2): 439–450. DOI:10.1094/PDIS-03-21-0672-RE.
17. Rees R., Platz G., Mayer R. Yield losses in wheat from yellow spot: comparison of estimates derived from single tillers and plots // Australian Journal of Agricultural Research. 1982. Vol. 33, № 6. P. 899–908. DOI: 10.1071/AR9820899.
18. Rees R. G., Platz G. J., Mayer R. J. Susceptibility of Australian wheats to *Pyrenophora tritici-repentis* // Australian Journal of Agricultural Research. 1987. Vol. 39. P. 141–151.
19. Identification of markers linked to the race Ug99 effective stem rust resistance gene Sr28 in wheat (*Triticum aestivum* L.) / Rouse M. N., Nava I. C., Chao S., Anderson J. A., Jin Y. // Theoretical and Applied Genetics. 2012. Vol. 125. P. 877–885. DOI:10.1007/s00122-012-1879-6.

of Australian wheats to *Pyrenophora tritici-repentis* // Australian Journal of Agricultural Research. 1987. Vol. 39. P. 141–151.

19. Identification of markers linked to the race Ug99 effective stem rust resistance gene Sr28 in wheat (*Triticum aestivum* L.) / Rouse M. N., Nava I. C., Chao S., Anderson J. A., Jin Y. // Theoretical and Applied Genetics. 2012. Vol. 125. P. 877–885. DOI:10.1007/s00122-012-1879-6.

20. Stakman E. C., Stewart D. M., Loegering W. Q. Identification of physiologic races of *Puccinia graminis* var. *tritici* // United States Department of Agriculture–Agricultural Research Service. 1962. E-617 (rev).

21. Tsilo T. J., Jin Y., Anderson J. A. Diagnostic microsatellite markers for detection of stem rust resistance gene Sr36 in diverse genetic backgrounds of wheat // Crop Sci. 2008. Vol. 48. P. 253–261. DOI: 10.2135/cropsci2007.04.0204.

22. PCR-based markers for detection of different sources of 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat-rye translocations in wheat background / Weng Y., Azhaguvel P., Devkota R. N., Rudd J. C // Plant Breeding. 2007. Vol. 126. P. 482–486. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2007.01331.x.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

Баранова Ольга Александровна, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник ВИЗР, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Россия; baranova_oa@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9439-2102>

Расторгуева Таисия Руслановна, студентка 2-го курса магистратуры биологического факультета СПбГУ, г. Санкт-Петербург, Россия; лаборант-исследователь ВИЗР, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Россия; rastorguevataya@gmail.com

Коваленко Надежда Михайловна, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник ВИЗР, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Россия; nadyakov@mail.ru, <http://orcid.org/0000-0001-9577-8816>

Мироненко Нина Васильевна, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник ВИЗР, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, Россия; nina2601mir@mail.ru, <http://orcid.org/0000-0003-3383-2973>

20. Stakman E. C., Stewart D. M., Loegering W. Q. Identification of physiologic races of *Puccinia graminis* var. *tritici* // United States Department of Agriculture–Agricultural Research Service. 1962. E-617 (rev).

21. Tsilo T. J., Jin Y., Anderson J. A. Diagnostic microsatellite markers for detection of stem rust resistance gene Sr36 in diverse genetic backgrounds of wheat // Crop Sci. 2008. Vol. 48. P. 253–261. DOI: 10.2135/cropsci2007.04.0204.

22. PCR-based markers for detection of different sources of 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat-rye translocations in wheat background / Weng Y., Azhaguvel P., Devkota R. N., Rudd J. C // Plant Breeding. 2007. Vol. 126. P. 482–486. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2007.01331.x.

INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Olga Baranova, PhD in Biology, Leading Researcher, All-Russian Research Institute of Plant Protection, Pushkin, St. Petersburg; baranova_oa@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9439-2102>

Taisia Rastorgueva, 2nd-year Master's student, Faculty of Biology, St. Petersburg State University, St. Petersburg, Russia; laboratory assistant – researcher, All-Russian Research Institute of Plant Protection, Pushkin, St. Petersburg; rastorguevataya@gmail.com

Nadezhda Kovalenko, PhD in Biology, Leading Researcher, All-Russian Research Institute of Plant Protection, Pushkin, St. Petersburg; nadyakov@mail.ru, <http://orcid.org/0000-0001-9577-8816>

Nina Mironenko, Advanced Doctor of Biology, Leading Researcher, All-Russian Research Institute of Plant Protection, Pushkin, St. Petersburg; nina2601mir@mail.ru, <http://orcid.org/0000-0003-3383-2973>