

## ХРОМОСОМНА ЛОКАЛІЗАЦІЯ ІНТРОГРЕСІЙ У ГЕНОМІ ЛІНІЙ *TRITICUM AESTIVUM/AEGILOPS SPELTOIDES*, СТІЙКИХ ДО БОРОШНИСТОЇ РОСИ

За результатами аналізу електрофоретичних спектрів білків інтрогресивних ліній м'якої пшениці, пов'язаних походженням з видом *Ae. speltoides* та стійких до борошністої роси, встановлено гомеологічну належність притаманних їм геному інтрогресій. Серед 89 вивчених ліній 9 ліній мають інтрогресію від *Ae. speltoides* у складі довгих плечей хромосом шостої гомеологічної групи, 4 лінії – інтрогресію у складі довгих плечей першої гомеологічної групи хромосом, 8 ліній – інтрогресію у складі коротких плечей хромосом цієї ж групи.

**Ключові слова:** *Triticum aestivum/Aegilops speltoides*, інтрогресивні лінії, молекулярно-генетичні маркери, стійкість, борошніста роса.

**Вступ.** М'яка пшениця (*Triticum aestivum* L.) є однією з найважливіших сільськогосподарських культур у світі [1–3]. Борошніста роса, хвороба, яку викликає *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* (синонім – *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*) – одна з головних хвороб пшениці за поширенням та економічними втратами, до яких вона призводить [1, 4, 5]. Хвороба розповсюджена в багатьох районах вирощування пшениці, особливо в умовах помірного вологого клімату [6, 7], та спричинює втрати врожаю понад 30 % [8]. Вирощування стійких сортів пшениці є найбільш ефективним, економічно вигідним та екологічно безпечним методом боротьби з борошністою росю, як і з іншими хворобами та шкідниками пшениці [1, 2, 7]. Але через здатність збудників хвороб мутувати, формувати нові раси, які вражають навіть стійкі сорти, відомі гени стійкості досить швидко втрачають свою ефективність [4, 9, 10]. Таким чином, виникає потреба пошуку та залучення до елітних сортів нових генів стійкості до хвороб та шкідників пшениці, і, зокрема, до борошністої роси.

Важливим джерелом генів стійкості, а також генів, що відповідають за інші корисні агрономічні ознаки (зокрема стійкість до дії несприятливих абіотичних чинників), є дикорослі родичі пшениці [11–15]. Серед них *Aegilops speltoides* посідає особливе місце завдяки деяким своїм особливостям. Геном виду *Aegilops speltoides* (SS) є найближчим до В геному м'якої пшениці (*Ae. speltoides* розглядається як можливий донор В геному) [4, 16, 17]. В геномі *Aegilops speltoides* міститься ген-супресор *Ph1* гена – інгібітора кон'югації гомеологів [18–20]. *Aegilops speltoides* є джерелом багатьох корисних ознак, зокрема, багато генів стійкості було перенесено від цього виду до геномів м'якої та твердої пшениці [21–23].

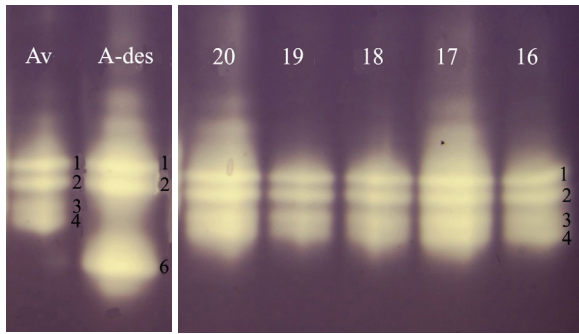
Перенесення чужинних генів до геному м'якої пшениці здійснюється методами хромосомної інженерії, одним з етапів якої є хромосомна локалізація чужинних інтрогресій у геномі створених інтрогресивних ліній. Отже, метою дослідження, результати якого викладено у статті, була хромосомна локалізація фрагментів чужинного хроматину, які входять до складу геному інтрогресивних ліній – похідних виду *Aegilops speltoides*, стійких до борошністої роси.

**Матеріал та методи.** Було використано такий рослинний матеріал: 1) сорт озимої м'якої пшениці *Triticum aestivum* L. (AABBDD) Аврора (2n=42); 2) синтетична геномно-заміщена форма Авродес (AABBSS), амфідиплоїд, у складі геному якого об'єднані тетраплоїдний компонент сорту м'якої пшениці Аврора (AABB) та геном SS диплоїдного виду *Aegilops speltoides* [24]; 3) 89 гексаплоїдних ліній пшениці, одержані від схрещування сорту Аврора з Авродесом [24]. Всі лінії характеризуються стійкістю до борошністої роси від 7 балів (ураження листкової пластинки оцінюється як менше 20 %) до 9 балів (на листкових пластинках ознак ураження немає).

Рослинний матеріал було перевірено за електрофоретичними спектрами глютенинів (хромосоми 1-ої гомологічної групи), гліадинів (1 та 6 групи), бета-амілази (4 та 5 групи), альфа-амілази (6 та 7 групи).

Екстракцію та електрофорез білків, а також візуалізацію компонентів спектрів проводили за методикою, докладно викладеною у [24].

**Результати та обговорення.** Як показано у працях Рибалки, Созинова, 1980; Добровської, 1983 (цит. за: [25]), ізоферменти бета-амілази контролюються генами  $\beta$ -Аму-А1,  $\beta$ -Аму-В1 та  $\beta$ -Аму-Д1, що локалізовані на довгих плечах хромосом. Отже, аналіз електрофоретичних спектрів



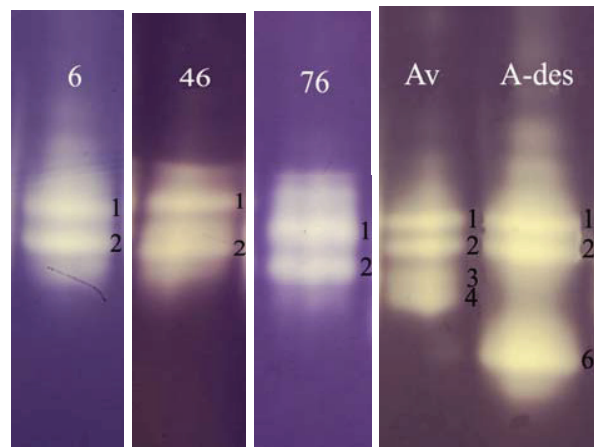
**Рис. 1.** Електрофоретичні спектри ізоферментів бета-амілази, що контролюються генами таких зразків: Av – сорт м'якої пшениці Аврора; A-des – геномно-заміщена форма Авродес; 20, 19, 17, 16 – гексаплоїдні лінії, що мають спектр, ідентичний спектру Аврори; 1, 2, 3, 4, 6 – зони активності ізоферментів (компоненти)

ізоферментів бета-амілази дозволяє виявити локус, що походить від *Aegilops speltoides*, або відсутність пшеничного локусу  $\beta$ -Amy-1 в геномі досліджуваних ліній інтрогресивного походження у складі хромосом 4AL, 5AL і 4DL.

Спектр сорту м'якої пшениці Аврора, яка є однією з батьківських форм досліджуваних ліній, представлений чотирма компонентами (зонами активності) (рис. 1). Два компоненти, що мають найбільшу рухливість (3 і 4), контролюються 4D хромосоною. Компонент з найменшою рухливістю (компонент 1, рис. 1) контролюється 5A хромосоною, а компонент, що розміщується на спектрі під ним (компонент 2, рис. 1) – 4A хромосоною [25].

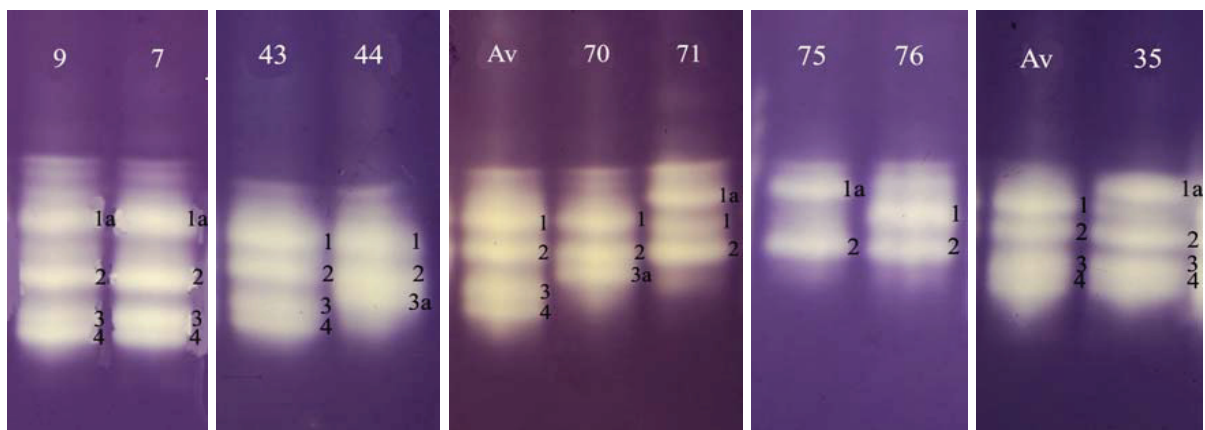
Спектр геномно-заміщеної форми Авродес (другої батьківської форми досліджуваних ліній) представлений трьома компонентами (рис. 1). Компоненти 1 і 2 збігаються з такими у сорту Аврора і присутній ще один компонент, 6, що має рухливість більшу за компонент 4 Аврори. Саме він є маркерним щодо присутності у геномі локусу від *Ae. speltoides* [25].

За електрофоретичними спектрами ізоферментів бета-амілази досліджувані лінії можна поділити на три групи: 1) лінії, спектр яких ідентичний спектру сорту Аврора, таких ліній було 61 серед 89 досліджених. Спектри деяких з них представлені на рис. 1; 2) лінії, які мають у спектрі компоненти, відсутні у спектрі Аврори, але це не компонент 6, притаманний Авродесу. Таких ліній було 19, спектри деяких з них представлені на рис. 2; 3) лінії, що мають неповний спектр Аврори, таких ліній було 6 (рис. 3). У їх спектрі відсутні компоненти 3 і 4, отже, в геномі цих ліній відсутній пшеничний локус  $\beta$ -Amy-D1.

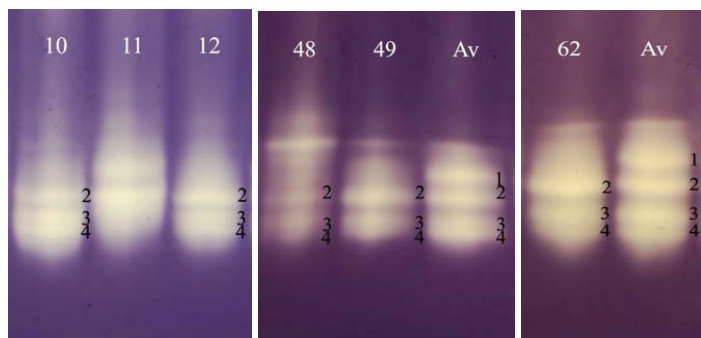


**Рис. 3.** Електрофоретичні спектри ізоферментів бета-амілази ліній, які характеризуються відсутністю компонентів 3 та 4 сорту Аврора. Av – сорт Аврора; A-des – геномно-заміщена форма Авродес; 6, 46, 76 – номер лінії; 1, 2, 3, 4, 6 – зони активності ізоферментів

Шість ліній не мають у спектрі найменш рухливого компонента, який контролюється 5AL хромосоною (рис. 4). Тобто пшеничний локус  $\beta$ -Amy-A1 або відсутній, або має інший алель, походження якого невідоме.

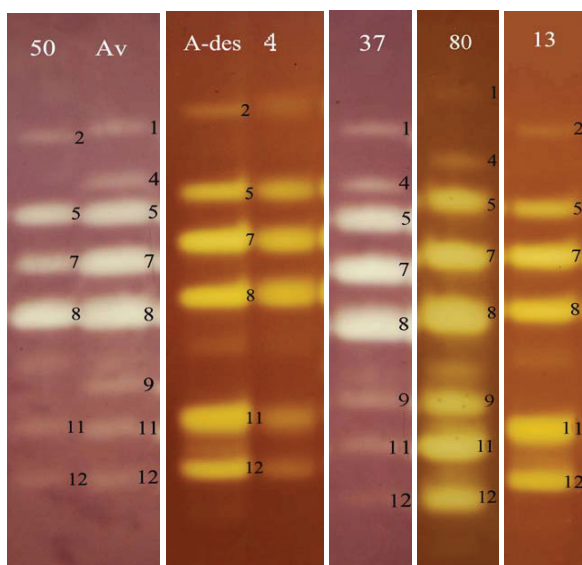


**Рис. 2.** Електрофоретичні спектри ізоферментів бета-амілази. Av – сорт м'якої пшениці Аврора; 9, 7, 43, 44, 70, 71, 75, 76, 35 – номер лінії; 1, 1a, 2, 3, 3a, 4, 6 – зони активності ізоферментів



**Рис. 4.** Електрофоретичні спектри ізоферментів бета-амілази ліній, які характеризуються відсутністю компонента 1 сорту Аврора. Av – сорт Аврора; 10, 11, 12, 48, 49, 62 – номер лінії; 1, 2, 3, 4, 6 – зони активності ізоферментів

Гени  *$\alpha$ -Amy-1*, що контролюють синтез ізоферментів malt-амілази, локалізовані на довгих плечах хромосом шостої гомеологічної групи (6AL, 6BL та 6DL) за дослідженнями Нікішави, Нобугари, 1971; Нікішави та ін. 1975; Ейнсворта та ін., 1985 (цит. за: [25]). У нижній частині електрофоретичного спектра (більш рухливі зони активності) ізоферментів malt-амілази є триплет компонентів (компоненти 5, 7 і 8, рис. 5), який присутній як у спектрі сорту Аврора, так і геномно-заміщеної форми Авродес.



**Рис. 5.** Електрофоретичні спектри ізоферментів альфа-амілази, що контролюються генами таких зразків: Av – сорт м'якої пшениці Аврора; A-des – геномно-заміщена форма Авродес; 37, 80 – спектри ліній, що не відрізняються від Аврори; 50, 4, 13 – спектри ліній, що не відрізняються від Авродесу

У верхній частині спектра malt-амілази сорт Аврора має два компоненти – 1 і 4. Геномно-заміщена форма Авродес у цій частині спектра має один компонент 2, що має трохи більшу рух-

ливість, ніж компонент 1 спектра Аврори (рис. 5). Компонент 1 контролюється хромосоною 6D, а компонент 4 – хромосоною 6A, на думку Іллічівського та ін., 1989, (цит. за: [25]).

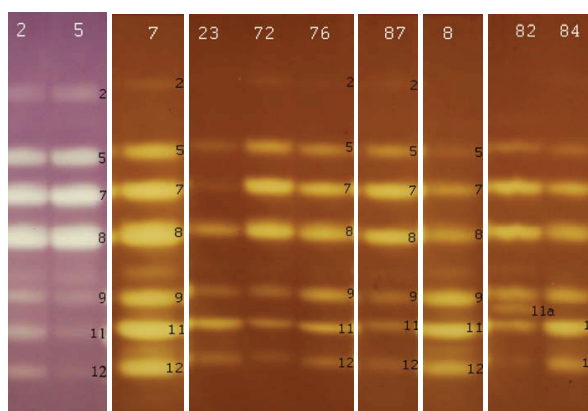
Пізніше при проростанні насіння, а також у перикарпі насіння, що розвивається, виявляється активність green-амілази. Синтез green-амілази контролюють локуси  *$\alpha$ -Amy-2*, що локалізовані на довгих плечах хромосом сьомої гомеологічної групи [25]. В зоні активності green-амілази сорту Аврора присутні три компоненти 9, 11 і 12 (рис. 5).

Спектр ізоферментів green-амілази геномно-заміщеної форми Авродес представлений двома компонентами – 11 і 12. Компонент 9 зони активності green-амілази контролюється 7D хромосоною, компонент 11 – 7A, компонент 12 – 7B (цит. за: [25]).

Через несхожість насіння за спектром альфа-амілази було проаналізовано тільки частину ліній. Спектри двох ліній виявилися повністю ідентичними спектру сорту м'якої пшениці Аврора. Спектри трьох ліній були ідентичні спектру геномно-заміщеної форми Авродес, тобто в них присутній компонент 2 і відсутній компонент 9 (рис. 5). Певна група ліній мали у спектрі альфа-амілази компонент 9 від сорту Аврора і компонент 2 від геномно-заміщеної форми Авродес (рис. 6). Це вказує на те, що є зміна за хромосоною шостої групи, але не за сьомою.

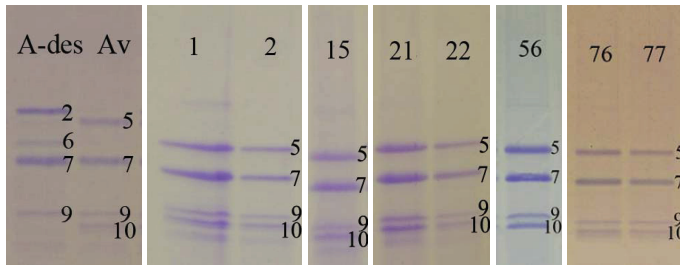
Для певної групи ліній характерний неповний спектр Аврори (рис. 6, лінії 82 і 84). Деякі лінії, наприклад, 82 на рис. 6, мають компоненти, що не присутні у спектрах батьківських форм.

Електрофоретичні спектри високомолекулярних глютенінів, які контролюються генами *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*, локалізованими на довгих плечах



**Рис. 6.** Електрофоретичні спектри ізоферментів альфа-амілази, що контролюються генами таких зразків: 2, 5, 7, 23, 72, 76, 87 – спектри ліній, що мають компоненти від Аврори та Авродесу; 2 – компонент від Авродесу; 9 – компонент спектра Аврори





**Рис. 7.** Електрофоретичні спектри запасних білків глютенінів, що контролюються генами таких зразків: Av – сорт Аврора; A-des – геномно-заміщена форма Авродес; 1, 2, 15, 21, 22, 56, 76, 77 – номери ліній; 5, 7, 9, 10 – номер компонента спектра

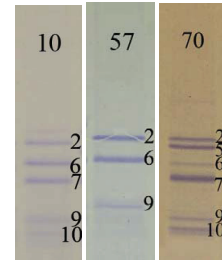
хромосом 1AL, 1BL та 1DL, відповідно [24], наведено на рис. 7. Спектр Аврори представлений чотирма компонентами, геномно-заміщена форма Авродес – також чотирма, проте деякі мають іншу рухливість. Компоненти 7 і 9 контролюються тетраплоїдним компонентом від Аврори (AABB) [25]. Компонент 6 походить від S генома, яким заміщений D геном Аврори. Природа компонента 2 невідома. Отже, маркерним щодо присутності локуса від *Aegilops speltoides* (SS геном) є компонент 6 [25].

Група з 24 ліній має спектр високомолекулярних глютенінів, що не відрізняється від спектра сорту Аврора (рис. 7). Інша група ліній має в спектрі компоненти і від сорту Аврора, і від геномно-заміщеної форми Авродес (компонент 2 та/або компонент 6). Таких ліній було 31. Але оскільки лише компонент 6 пов'язаний з локусом від *Ae. speltoides*, то серед названих вище ліній виділимо групу з чотирьох ліній, яка має у спектрі компонент 6 (рис. 8). Ще одна група ліній має у спектрі компоненти, які відсутні у спектрах батьківських форм (рис. 9).

Інтрогресивні лінії, що нами вивчалися, походять від схрещування Авродес × Аврора з наступними 1–2 бекросами з сортом Аврора та тривалим самозапиленням. Процес формування геномів ліній включає зміни хромосом як за рахунок рекомбінацій, так і транслокацій. Природним є припущення про появу нових, не притаманних вихідним батьківським формам, алелів у геномі ліній.

Основні локуси, що контролюють запасні білки гліadini – *Gli-1* та *Gli-2* [24]. Гени *Gli-1*

**Рис. 8.** Електрофоретичні спектри запасних білків глютенінів, що контролюються генами ліній 10, 57, 70; 2, 5, 6, 7, 9, 10 – номер компонента спектра

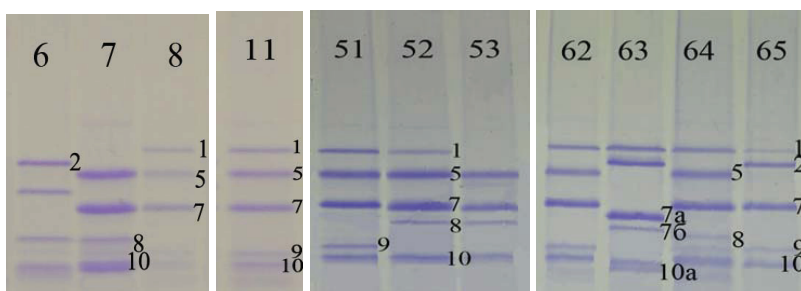


локалізовані на коротких плечах хромосом першої гомеологічної групи (1AS, 1BS та 1DS). Продуктам цих генів відповідають компоненти  $\omega$ - та  $\gamma$ -зони на електрофоретичному спектрі (верхня частина спектра) [24]. Гени *Gli-2* локалізовані на коротких плечах хромосом шостої гомеологічної групи (6AS, 6BS, 6DS). Продуктам цих генів на електрофоретичному спектрі відповідають компоненти  $\beta$ - і  $\alpha$ -зони (нижня частина спектра) [24].

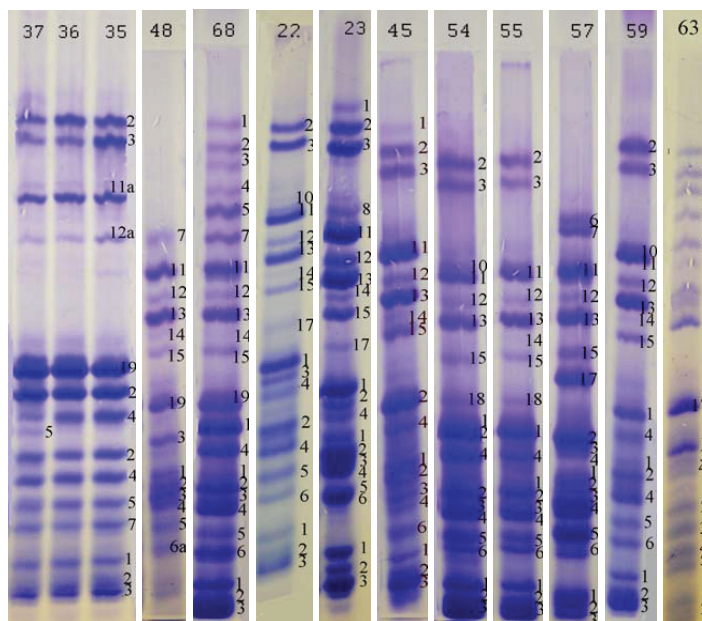
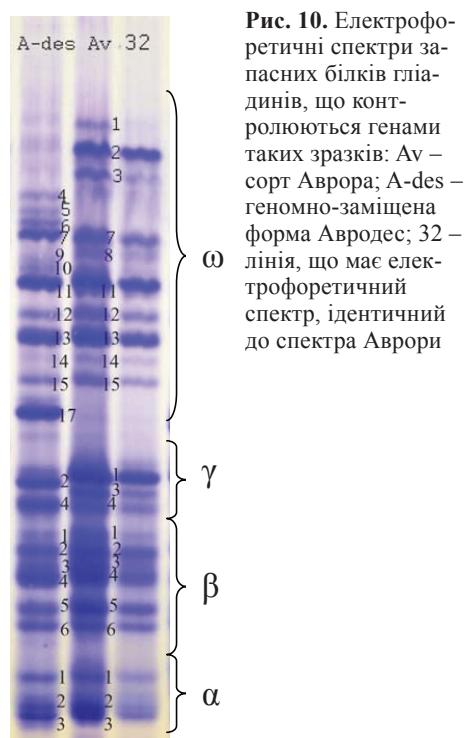
Електрофоретичний спектр гліадинів сорту Аврора в  $\omega$ -зоні складається з 15 компонентів (рис. 10). Триплет компонентів у верхній частині спектра (компоненти 1, 2 і 3, рис. 10) контролюється хромосомою 1D, компоненти 7 і 8 (рис. 10) – хромосомою 1A. Компоненти 11, 12, 13, 14 і 15 (рис. 10) відповідають транслокації 1BL/1RS (короткого плеча житньої хромосоми 1 на довге плече 1В хромосоми пшениці) у сорту м'якої пшениці Аврора [24].

В  $\gamma$ -зоні електрофоретичного спектра гліадинів Аврора має три компоненти (компоненти 1, 3 і 4, рис. 10). Геномно-заміщена форма Авродес в  $\gamma$ -зоні замість компонента 3 має компонент з трохи меншою рухливістю (компонент 2, рис. 10).

Спектри Аврори та Авродеса в  $\alpha$ - та  $\beta$ -зонах не відрізняються. Обидві батьківські форми мають у  $\beta$ -зоні по шість компонентів, а в  $\alpha$ -зоні – по три компоненти (рис. 10). Компоненти цих зон є продуктами генів *Gli-2*, локалізованих на 6AS, 6BS, 6DS. Отже, через відсутність різниці між спектрами Аврори і Авродеса у  $\alpha$ - та  $\beta$ -зонах за електрофоретичними спектрами запасних білків гліадинів можна виявити присутність локуса від *Aegilops speltoides* у складі коротких плечей хромосом лише першої гомеологічної групи хромосом.



**Рис. 9.** Електрофоретичні спектри запасних білків глютенінів, що контролюються генами таких ліній: 6, 7, 8, 11, 51, 52, 53, 62, 63, 64, 65; 1, 8, 7a, 7b, 10a – компоненти, які відсутні у спектрах батьківських форм



**Рис. 11.** Електрофоретичні спектри запасних білків гліадинів, що контролюються генами таких зразків: 35, 36, 37, 48, 68 – спектри ліній, що мають компонент 19; 22, 23, 45, 54, 55, 57, 59, 63 – спектри ліній, що мають компоненти від обох батьківських форм

Спектр 5 ліній не відрізняється від спектра Аврори в усіх зонах. Група ліній, що мають у спектрі компоненти від Аврори і від Авродеса, включає лінії, спектр яких наведено на рис. 11. Велика група ліній мають в  $\omega$ -зоні компонент 19 з великою рухливістю (рис. 11).

Компонент 19 (рис. 11) відсутній у спектрах батьківських форм. Поява цього компонента майже у всіх випадках пов'язана зі зникненням компонентів 11-15  $\omega$ -зони (рис. 11, лінії 35-37). Таке явище спостерігали у 31 лінії. У двох інших ліній поява компонента 19 в  $\omega$ -зоні не супроводжується зникненням компонентів 11-15 (рис. 11, лінії 48 і 68).

За результатами аналізу електрофоретичних спектрів білків можна зробити висновок про присутність у геномі досліджуваних ліній відповідних локусів від *Ae. speltoides*. Лінії 2, 5, 7, 13, 23, 40, 72, 76 і 87 мають у складі довгих плечей хромосом шостої гомеологічної групи локус  $\alpha$ -Amy-1 від *Ae. speltoides* (на електрофоретичному спектрі ізоферментів альфа-амілази присутній компонент 2). Цей локус може перебувати у складі транслокації, заміщення плеча хромосоми, або заміщення цілої хромосоми. Для встановлення останнього необхідне подальше дослідження. Лінії 10, 35, 57, 70 мають локус *Glu-1* від *Ae. speltoides* у складі довгих плечей першої гомеологічної групи хромосом (відповідний компонент 6 на електрофоретичному спектрі запасних білків глютенінів). Лінії 22, 23, 45, 54, 55, 57, 59 і 63 мають гліадин-

кодуєчий локус *Gli-1* від *Ae. speltoides* у складі коротких плечей хромосом першої гомеологічної групи (на електрофоретичному спектрі гліадинів у  $\omega$ - та/або  $\gamma$ -зоні присутні компоненти зі спектра геномно-заміщеної форми Авродес, які відсутні у спектрі Аврори). Лінія 57 має локуси від *Ae. speltoides* на довгому і на короткому плечі хромосоми першої гомеологічної групи (1D): *Glu-1* на довгому плечі і *Gli-1* на короткому плечі. Утворення двох транслокацій на обох плечах однієї хромосоми 1D, кожна з них включає досліджуваний локус (*Glu-1* і *Gli-1*), є подією малоімовірною. Більш імовірним є припущення, що в цьому випадку наявне заміщення всієї хромосоми 1D на 1S.

**Висновки.** Лінії 2, 5, 7, 13, 23, 40, 72, 76 і 87 мають у складі довгих плечей хромосом шостої гомеологічної групи інтрогресію від *Ae. speltoides*. У складі хромосом 4AL, 5AL і 4DL за допомогою використання ізоферментів бета-амілази як біохімічних маркерів не виявлено інтрогресій від *Ae. speltoides*. Лінії 10, 35, 57, 70 мають інтрогресію від *Ae. speltoides* у складі довгих плечей першої гомеологічної групи хромосом. Лінії 22, 23, 45, 54, 55, 57, 59 і 63 мають інтрогресію від *Ae. speltoides* у складі коротких плечей хромосом першої гомеологічної групи. Ген стійкості до борошнистої роси, перенесений від виду *Ae. speltoides*, локалізований на довгому плечі хромосом шостої гомеологічної групи або у складі хромосом першої гомеологічної групи.

1. Huang X.-Q. Molecular mapping of powdery mildew resistance genes in wheat: a review / X.-Q. Huang, S. M. Röder // *Euphytica*. – 2004. – Vol. 137. – P. 203–223.
2. Hysing S.-C. Genetic resources for disease resistance breeding in wheat: characterization and utilization. Doctoral Thesis / S.-C. Hysing // *Acta Universitatis Agriculturae Sueciae*. – 2007. – Vol. 9. – P. 7–18.
3. Song W. A “One-marker-for-two-genes” approach for efficient molecular discrimination of *Pm12* and *Pm21* conferring resistance to powdery mildew in wheat / W. Song, C. Xie, J. Du // *Molecular Breeding*. – 2008. – Vol. 13. – P. 33–45.
4. Stepien L. Resistance genes in wild accessions of triticeae – inoculation test and STS marker analysis / L. Stepien, V. Holubec, J. Chelkowski // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2002. – Vol. 43. – №4. – P. 423–435.
5. Feng G. U. Identification of RAPD marker linked to powdery mildew resistance gene *Pm12* in wheat / G. U. Feng, Q. Zhang, X. Guo // *Journal of Shandong Agricultural University*. – 2004. – Vol. 35. – № 2. – P. 159–163.
6. Hsam S. L. K. Chromosomal location of genes for resistance to powdery mildew in common wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.). 8. Gene *Pm32* in a wheat-*Aegilops speltoides* translocation line / S. L. K. Hsam, I. F. Lapochkina, F. J. Zeller // *Euphytica*. – 2003. – Vol. 133. – P. 367–370.
7. Srnic G. Genetics of resistance to powdery mildew in several wheat germplasm lines / G. Srnic // *Doctoral Thesis – Raleigh*, 2003.
8. Yildirim A. Genetic marker mediated transfer of an alien gene, *Pm21*, into wheat conferring resistance to powdery mildew / A. Yildirim, M. Sakin, Y. Karadag // *Biotechnology and Biotechnological Equipment*. – 2004. – Vol. 18. – № 2. – P. 15–20.
9. Yehuda P. B. Leaf rust on *Aegilops speltoides* caused by new forma specialis of *Puccinia triticina* / P. B. Yehuda, T. Eilam, J. Manisterski // *Phytopathology*. – 2003. – Vol. 94. – №1. – P. 94–101.
10. Cherukuri D. P. Molecular mapping of *Aegilops speltoides* derived leaf rust resistance gene *Lr28* in wheat / D. P. Cherukuri, S. K. Gupta, A. Charpe et al. // *Euphytica*. – 2005. – Vol. 143. – P. 19–26.
11. Valkoun J. J. Wheat pre-breeding using wild progenitors / J. J. Valkoun // *Euphytica*. – 2001. – Vol. 119. – P. 17–23.
12. Bansal U. K. Inheritance of leaf rust resistance in wheat lines carrying *Aegilops speltoides* Tausch. translocation in Chinese Spring background / U. K. Bansal, R. G. Saini, R. Khanna // *Journal of Applied Genetics*. – 2008. – Vol. 49. – № 2. – P. 141–145.
13. Adonina I. G. The study of introgressive lines of *Triticum aestivum* by *in situ* and SSR analysis / I. G. Adonina, E. A. Salina, T. T. Efremova // *Plant Breeding*. – 2004. – Vol. 123. – P. 220–224.
14. He R. Inheritance and mapping of powdery mildew resistance gene *Pm43* introgressed from *Thinopyrum intermedium* into wheat / R. He, Zh. Chang, Z. Yang, et al. // *Theor Appl. Genet.* – 2009. – Vol. 118. – P. 1173–1180.
15. Bhullar N. K. Genetic diversity of the *Pm3* powdery mildew resistance alleles in wheat gene bank accessions as assessed by molecular markers / N. K. Bhullar, M. Mackay, B. Keller // *Diversity*. – 2010. – Vol. 2, N. 5. – P. 768–786.
16. Schneider A. Utilization of *Aegilops* (goatgrass) species to widen the genetic diversity of cultivated wheat / A. Schneider, I. Molnar, M. Molnar-Lang // *Euphytica*. – 2008. – Vol. 163. – P. 1–19.
17. Singh M. Optimum sample size for estimating gene diversity in wheat using AFLP markers / M. Singh, K. Chabane, J. Valkoun // *Genetic Resources and Crop Evolution*. – 2006. – Vol. 53. – P. 23–33.
18. Dvorak J. Discovery and mapping of wheat *Ph1* suppressors / J. Dvorak, K. R. Deal, M.-C. Luo // *Genetics*. – 2006. – Vol. 174. – P. 17–27.
19. Rawat N. Evaluation and utilization of *Aegilops* and wild *Triticum* species for enhancing iron and zinc content in wheat / N. Rawat, V. K. Tiwari, N. Singh // *Genetic Resources and Crop Evolution*. – 2009. – Vol. 56. – P. 53–64.
20. Aghaee-Sarbarzeh M. *Ph1* gene derived from *Aegilops speltoides* induces homoeologous chromosome pairing in wide crosses of *Triticum aestivum* / M. Aghaee-Sarbarzeh, H. Singh, H. S. Dhaliwal // *The Journal of Heredity*. – 2000. – Vol. 91. – № 5. – P. 417–421.
21. Friebe B. Development of a complete set of *Triticum aestivum*-*Aegilops speltoides* chromosome addition lines/ B. Friebe, L. L. Qi, S. Nasuda // *Theoretical and Applied Genetics*. – 2000. – Vol. 101. – P. 51–58.
22. Faris D. J. Molecular and cytogenetic characterization of durum of wheat – *Aegilops speltoides* chromosome translocation conferring resistance to stem rust / D. J. Faris, S. S. Xu, X. Cai // *Chromosome Research*. – 2008. – Vol. 16. – P. 1097–1105.
23. Dundas I. S. Rust Resistance in *Aegilops speltoides* var. *ligustica* / I. S. Dundas, D. C. Verlin, R. F. Park // *Materials from 11<sup>th</sup> International Wheat Genetics Symposium: Sydney University Press*, 2008. – Vol. 3. – P. 235–247.
24. Антонюк М. З. Створення та генетичне маркування ліній пшениці з хромосомами трьох видів егілопу: дис. на здобуття наук. ступеня канд.біол.наук: спец. 03.00.15 / М.З. Антонюк // УААН Інститут агроєкології та біотехнології. – К., 1995. – 163 с.
25. Антонюк М.З. Изоферменты бета- и альфа-амилазы для идентификации генетического материала трех видов *Aegilops*, включенного в геном мягкой пшеницы / М. З. Антонюк, Т. К. Терновская // *Цитология и генетика*. – 1995. – Т. 29. – № 2. – С. 3–8.

T. Yefimenko, M. Antonyuk

## CHROMOSOME LOCALIZATION OF INTROGRESSIONS IN THE GENOME OF LINES *TRITICUM AESTIVUM* / *AEGILOPS SPELTOIDES* RESISTANT TO POWDERY MILDEW

*According to results of analysis of protein electrophoretic spectra of common wheat, which are connected in their origin to the species *Aegilops speltoides* and are resistant to powdery mildew, the homoeology belongings of the introgressions in the genomes of these lines was determined. Among 89 examined lines 9 ones have introgression from *Aegilops speltoides* in the long chromosome arms of the sixth homoeology group, 4 lines have introgression in the long chromosome arms of the first homoeology group of chromosomes, and 8 lines have introgression in the short arms of the chromosomes of the same homoeology group.*

**Keywords:** *Triticum aestivum* / *Aegilops speltoides*, introgressive lines, molecular genetic markers, resistance, powdery mildew.