

УДК 633.111.11:575.116

DOI 10.37000/abbsl.2026.120.22

Іван Моцний,

кандидат біологічних наук, старший науковий співробітник,
провідний науковий співробітник відділу загальної та молекулярної генетики,
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та
сортівивчення, м. Одеса, Україна
ORCID ID 0000-0002-1812-9481
e-mail: motsnyyii@gmail.com

Ольга Молодченкова,

доктор біологічних наук, старший науковий співробітник,
завідувач лабораторії біохімії рослин,
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та
сортівивчення, м. Одеса, Україна
ORCID ID 0000-0003-2511-0866
e-mail: olgamolod@ukr.net

Микола Литвиненко,

доктор сільськогосподарських наук, професор, академік НААН,
головний науковий співробітник відділу селекції та насінництва пшениці,
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та
сортівивчення, м. Одеса, Україна
ORCID ID 0000-0002-8605-6587
e-mail: dr_litvin@ukr.net

Євгенія Голуб,

кандидат сільськогосподарських наук,
в.о. завідувача відділу селекції та насінництва пшениці,
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та
сортівивчення, м. Одеса, Україна
ORCID ID 0000-0002-3415-4193
e-mail: eva.golub.1979@ukr.net

Тетяна Нарган,

кандидат сільськогосподарських наук, старший дослідник,
провідний науковий співробітник лабораторії інтенсивних сортів пшениці,
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та
сортівивчення, м. Одеса, Україна
ORCID ID 0000-0002-8134-7975
e-mail: labinsort@ukr.net

Марина Бальвінська,

кандидат біологічних наук, старший дослідник,
завідувач відділу загальної та молекулярної генетики,
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та
сортівивчення, м. Одеса, Україна
ORCID ID 0000-0003-0404-9787
e-mail: balvinska@yahoo.com

Раїса Вожегова,

доктор сільськогосподарських наук, професор, академік НААН, в.о. директора,
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та
сортівивчення, м. Одеса, Україна
ORCID ID 0000-0002-3895-5633
e-mail: vozhegova57@ukr.net

Зоя Щербина,

кандидат сільськогосподарських наук, старший науковий співробітник,
вчений секретар,
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та
сортівивчення, м. Одеса, Україна
ORCID ID 0000-0002-4630-8372
e-mail: zoyasgi09@ukr.net

ІНТРОГРЕСИВНІ ЛІНІЇ – ЦІННИЙ ВИХІДНИЙ МАТЕРІАЛ ДЛЯ СЕЛЕКЦІЇ ОЗИМОЇ М'ЯКОЇ ПШЕНИЦІ (*TRITICUM AESTIVUM* L.)

Анотація

Тривала селекція озимої пшениці на підвищення урожайності призвела до використання у виробництві генетично однорідних сортів, що спричинило появу нових агресивних рас, частіше виникнення епіфітотій, і, як наслідок – втрату сортами стійкості, погіршення їх урожайних та якісних показників. Розширення генетичної мінливості – запорука подолання цієї ситуації. Одним з ефективних інструментів є інтрогресія у пшеничний геном чужинної генетичної плазми. У СГІ – НЦНС методом віддаленої гібридизації створено низку інтрогресивних ліній пшениці м'якої озимої, оцінка яких за стійкістю до поширених хвороб, продуктивністю, вмістом білка в зерні та створення оригінального вихідного матеріалу для використання в селекційних програмах, є метою даної роботи.

Матеріалом слугували 436 ліній озимої м'якої пшениці переважно з інтрогресіями від жита та *Ae. tauschii*, а також *T. timopheevii*, *T. dicoccum*, *T. militinae*, *Elymus sibiricus* L.

Виявлено максимальний рівень стійкості до стеблової іржі серед похідних зразка Н74/90-245 та лінії МА1, що пов'язано з наявністю пшенично-житньої транслокації 1BL.1RS. Серед похідних амфіплоїдів за участю *Aegilops tauschii* такі генотипи майже не траплялись. Визначено, що толерантність інтрогресивних ліній до септоріозу та борошнистої роси має полігенну (комплементарну) природу і є наслідком позитивної трансгресії та походить від мінорних джерел стійкості.

Встановлено високу варіабельність показників продуктивності та вмісту білка в зерні інтрогресивних ліній. Достовірний позитивний зв'язок між урожайністю та стійкістю виявлено у похідних лінії МА1 – зі стійкістю до жовтої ($R_{sp} = 0,54$) і стеблової іржі ($R_{sp} =$

0,42), у ліній з групи «Інші» – до борошнистої роси ($R_{sp} = 0,70$) та жовтої іржі ($R_{sp} = 0,46$). Наявність позитивного зв'язку стійкості до видів іржі з накопиченням білка пояснюється наявністю генетичного зчеплення чужинних генів стійкості з детермінантами підвищеного вмісту білка в зерні.

Виділено інтрогресивні лінії з комплексом господарсько цінних ознак (AIL125/03, E212/09, E2792/14-2, AIL341/18, AIL35PH20), які є перспективним вихідним матеріалом для селекції озимої м'якої пшениці на стійкість до хвороб, продуктивність, якісні показники.

Ключові слова: *Triticum aestivum* L., інтрогресивні лінії, *Aegilops tauschii* Coss., стійкість до хвороб, продуктивність, вміст білка.

Вступ. Пшениця м'яка озима (*Triticum aestivum* L.) – одна з найважливіших продовольчих культур світу, яка становить основу харчування значної частини людства. Водночас сучасні тенденції, пов'язані зі зростанням чисельності населення планети та скороченням площ, придатних для землеробства земель через ерозію, опустелювання, кліматичні зміни, поширення технічних культур, індустріалізацію, а також воєнні дії, суттєво загострюють проблему забезпечення продовольством. У цьому сенсі особливого значення набуває підвищення ефективності сільськогосподарського виробництва, ключову роль у якому відіграє селекція високопродуктивних сортів пшениці, які здатні істотно підвищити врожайність [1]. Але зараз у пріоритеті не зростання врожайності як такої, а створення принципово нових генотипів зі спадково адаптивними генетичними системами контролю стійкості до окремих чи комплексних біотичних і абіотичних факторів.

Аналіз останніх досліджень та публікацій. Методом внутрішньовидової гібридизації та цілеспрямованого добору за продуктивністю протягом останніх десятиліть вдалося істотно збільшити потенційну врожайність пшениці і, таким чином, значно перевершити межу 10,0 т/га [2, 3]. Зафіксовані у світовій практиці рекордні врожаї пшениці (17,4 т/га) свідчать про майже повну реалізацію генетичного потенціалу культури [4]. При цьому українські сорти практично не поступаються іноземним за потенційною продуктивністю [1, 2]. Проте, висока врожайність сучасних сортів пшениці супроводжується зростанням їх вимогливості до умов вирощування та агротехнічного забезпечення. Зокрема, короткостеблові високоінтенсивні генотипи є більш чутливими до ураження грибними хворобами, оскільки скорочені міжвузля і піхви не спроможні компенсувати фотосинтетичну і асиміляційну функцію уражених листків [5]. Крім того такі сорти часто потерпають від дефіциту азотних добрив, який притаманний умовам сьогодення внаслідок воєнних дій.

У зв'язку з цим одним з пріоритетних напрямів сучасної селекції є створення сортів, які поєднують високий потенціал урожайності з підвищеною адаптивністю до несприятливих факторів середовища. Такі генотипи повинні забезпечувати стабільний рівень продуктивності навіть за низького агрофону та екстремальних умов вирощування, що особливо актуально в умовах кліматичних змін і нестабільного ресурсного забезпечення аграрного виробництва [6, 7].

Для створення таких сортів у селекційні програми необхідно залучати вихідний матеріал з широким спектром мінливості за господарсько-цінними ознаками. Зокрема, генетичні ресурси споріднених дикорослих видів, у яких адаптивні ознаки, в тому числі, стійкість до збудників хвороб найбільш виражені [8–14]. Перспективними вважаються схрещування з видами, які мають спільні з пшеницею геноми, оскільки це забезпечує ефективне перенесення нових генетичних варіантів завдяки гомологічній кон'югації хромосом [8, 15]. У результаті стає можливим інтегрувати до геному пшениці не лише окремі гени, а й полігенні комплекси, що визначають низку господарсько цінних ознак [16]. Проте, ця перевага не означає, що таким чином можна відразу отримати новий сорт, оскільки подібне втручання завжди порушує унікальність асоціації генів, змінює загальний генний баланс і зменшує життєздатність і продуктивність рослин. Крім того, перенесений чужинний ген у пшеничному генетичному середовищі може зовсім не функціонувати або проявлятися слабше, ніж у вихідного виду. Саме тому новостворений селекційний матеріал потребує всебічного вивчення та подальшого вдосконалення шляхом тривалого селекційного добору, перш ніж він може бути використаний для створення нових високопродуктивних сортів [14].

У Селекційно-генетичному інституті – Національному центрі насіннєзнавства та сортовивчення (СГІ – НЦНС) методом віддаленої гібридизації, із залученням сучасних сортів пшениці, колекційних зразків, штучних видів, амфіплоїдів і мексиканських синтетиків, створено низку інтрогресивних ліній пшениці м'якої озимої, які є носіями цінних генів чужорідного походження та характеризуються підвищеною стійкістю до біотичних і абіотичних чинників, адаптивністю та високим потенціалом продуктивності.

Мета – оцінити новостворені інтрогресивні лінії озимої м'якої пшениці за стійкістю до поширених хвороб, продуктивністю, вмістом білка в зерні, встановити взаємозв'язки між цими ознаками, виділити оригінальний вихідний матеріал для використання в селекційних програмах.

Виклад основного матеріалу дослідження. Матеріалом слугували 436 інтрогресивних ліній пшениці м'якої озимої, отриманих шляхом насичувальних або ступінчатих схрещувань сучасних сортів селекції СГІ – НЦНС (Одеська 267, Альбатрос одеський, Селянка, Куяльник, Ніконія та ін.) з похідними різних джерел чужинних ознак [17-19], а також 6 сортів-стандартів для посушливої кліматичної зони України (Антонівка, Куяльник, Мудрість одеська, Ветеран, Оптима одеська і Наснага). Дослідні лінії характеризуються різним походженням та ступенем насиченості генетичним матеріалом сучасних сортів, а похідні джерел чужинних ознак представлені 3 рекомбінантними первинними та 1 покращеною інтрогресивними лініями, 1 сортом, 1 колекційним зразком та 1 транслокаційною лінією, 2 оригінальними амфіплоїдами за участі *Elymus sibiricus* L. та 6 амфіплоїдами за участі *Aegilops tauschii* Coss. При цьому колекційні зразки та амфіплоїди отримані з робочих колекцій дикорослих видів

і амфіплоїдів відділу загальної та молекулярної генетики і відділу генетичних основ селекції СГІ – НЦНС. Усе різноманіття вихідних форм, залучених у схрещування з сортами СГІ – НЦНС, класифіковано в залежності від джерела стійкості (табл. 1).

Таблиця 1

**Класифікація вихідних компонентів схрещування
відповідно до джерел стійкості**

Джерело стійкості	Батьківські форми, залучені у схрещування для одержання інтрогресивних ліній
H74/90-245	H74/90-245; E200/97-2; H242/97-1; E125/03; E214/09-1
Амфіплоїди	ПЕАГ (<i>T. dicoccum</i> / <i>Ae. tauschii</i>); АД Жирова (<i>T. militinae</i> / <i>Ae. tauschii</i>)
SHW	ES4 (CIGM87.2775, WX193); ES17 (CIGM87.2760, WX220); ES20 (CIGM87.2761, WX221); ES25 (CIGM86.942, WX224) ¹⁾
MA1	MA1
Інші	ЧЕ1342/98 та ЧЕ1345/98 (<i>T. durum</i> Чорномор / <i>Elytricum fertile</i>); Віген

Примітка.

¹⁾ Пропис комбінації схрещування та № зразка *Ae. tauschii* по каталогу Wheat Wide Crosses (CIMMYT, Мексика) [<http://www.KSU.edu/wgre/germplasm/synthetics.html>]

Цей розподіл умовний, оскільки у родоводі зразка H74/90-245, як і амфіплоїдів ПЕАГ і АД Жирова, присутній *Ae. tauschii*. Проте лише похідні зразка H74/90-245 мають пшенично-житню транслокацію (ПЖТ) 1BL.1RS та *T. timopheevii* в родоводі. Синтетична гексаплоїдна пшениця (амфіплоїди *T. durum* Desf. сорт Altar 84 / зразки *Ae. tauschii* Coss., <http://www.KSU.edu/wgre/germplasm/synthetics.html>), що віднесена до джерела «SHW» – synthetic hexaploid wheat, не має в родоводі інших чужинних джерел стійкості, крім різних зразків егілопса [20]. Досить багато матеріалу походить від схрещувань зі створеною проф. А. Лукашевським лінією MA1, яка має модифіковану шляхом заміни методом хромосомної інженерії двох сегментів жита інтеркалярними сегментами пшеничного хроматину ПЖТ 1BL.1RS_m [21]. ПЖТ зберігає генний кластер стійкості до хвороб *Pm8/Yr9/Lr26/Sr31* при відсутності локуса *Sec-1*, відомого негативним впливом на якість хліба. До класу «Інші» віднесено батьківські форми, які не мають спільного походження, а об'єднані через малу кількість та статистичну незначущість їхніх похідних.

Оцінювання дослідного матеріалу проводили у 2020–2025 рр. в контрольному розсаднику (КР-1) відділу селекції та насінництва пшениці СГІ – НЦНС відповідно до методики селекційного процесу самозапильних культур [22]. Попередником у дослідах був чорний пар. Ранньовесняне підживлення здійснювали шляхом внесення азотних добрив по таломерзлому ґрунту з розрахунку 35 кг/га д. р. Сорти-стандарти (Антонівка, Куяльник, Октава,

Мудрість, Житниця, Наснага та ін.) і рекурентну форму Одеська 267 висівали через кожні 10 селекційних номерів у трьох-чотирьох повтореннях. Оскільки пріоритетом дослідження була стійкість до хвороб, хімічний захист посівів від хвороб не застосовували.

Погодні умови в роки досліджень істотно варіювали, що дало можливість об'єктивної оцінки генотипів за досліджуваними ознаками. Зокрема, осінній період 2020-2021, 2021-2022 та 2023-2024 рр. характеризувався гострою ґрунтовою посухою, яка призвела до затримки появи сходів, ослаблення рослин і зниженню продуктивного стеблостою, що негативно вплинуло на їх подальший розвиток. У сезонах 2022–2023 та 2024–2025 рр. завдяки достатньому зволоженню ґрунту восени й навесні склалися сприятливі умови для своєчасної появи сходів, тривалої осінньої вегетації та формування високопродуктивного стеблостою.

Стійкість до поширених захворювань (борошниста роса (*Blumeria graminis* (DC.) Speer f. sp. *tritici* March. = syn. *Erysiphe graminis* DC. f. sp. *tritici* March.), листкова (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici* Rob. ex Desm. = syn. *P. triticina* Erikss. & Henn.) та жовта (*Puccinia striiformis* West.) іржа, септоріоз листя (*Zymoseptoria tritici* (Desm.) = syn. *Septoria tritici* Rob. ex Desm.)) досліджувалась на природному інфекційному фоні. Стійкість генотипів до стеблової іржі (*Puccinia graminis* sp. *tritici* Erikss. & Henn.) оцінювали в інфекційному розсаднику відділу фітопатології та ентомології СГІ–НЦНС на штучно створеному провокаційному фоні з обсівом накопичувача. Ступінь ураження дорослих рослин визначали у фазі максимального розвитку хвороби за 9-бальною інтегрованою шкалою, розробленою на основі модифікованої шкали Саарі і Прескотта і уніфікованою для усіх хвороб [23]. Її перевагою є пряма пропорційність посилення стійкості рослин до хвороб збільшенню поділок шкали, що спрощує інтерпретацію кореляційних зв'язків.

Матеріал також оцінювався за датою колосіння, висотою рослин, урожайністю. Вмістом білка визначали у цільнозмеленому борошні за методом К'ельдаля [24], на приладі Kjeltex-Auto 1030 («FOSS», Швеція), масу 1000 зерен (МТЗ) – за ДСТУ 4138-2002 [25]. Для вивчення білковості ліній розраховували додаткові її критерії: «Збір білка з одиниці площі» [ц/га] = («Урожайність сухого зерна», ц/га × «Вміст білка в зерні», %) / 100 % і «Абсолютний вміст білка в перерахунку на 1000 зернин» [г] = («МТЗ", г × «Вміст білка», %) / 100%. Це дозволило частково нівелювати негативну кореляцію між білковістю і продуктивністю ліній та усунути дисперсію ознаки вміст білка, обумовлену зморшкуватістю зерна. Генотипи, що мали найвищі показники стійкості до більшості хвороб вважались ефективними для добору на групову стійкість.

Дані опрацьовували за допомогою кореляційного, дисперсійного та статистичного аналізу. Перед аналізом значення кількісних приводили до середніх значень всього дисперсійного комплексу шляхом внесення факторіальних поправок по фактору «Рік». Кореляційний аналіз виконували, розраховуючи непараметричний коефіцієнт кореляції Спірмена (R_{sp}), який не

вимагає нормальності розподілу даних [26]. Для порівняння варіантів досліду та опису розподілів визначали медіану розподілу (Me), середнє арифметичне (M), стандартне відхилення (SD), ліміти варіації (LV), найменшу істотну різницю (HP) та ступінь значущості того чи іншого показника, критерію або коефіцієнта (p). Визначені нами або взяті з літератури показники наводяться в таблицях і тексті з уніфікованими позначеннями їхньої вірогідності: *, ** і *** – вірогідні при $p < 0,05$, $0,01$, і $0,001$ рівні значущості, відповідно. Позначення хвороб і морфологічних ознак в таблицях і тексті статті наведені у відповідності з міжнародним каталогом генних символів [27].

Досліджувані лінії суттєво різнилися за реакцією на ураження борошнистою росою, причому саме для цієї хвороби відзначено найбільшу мінливість за роками. Кількість стійких генотипів була невеликою, а рівень їх стійкості значно залежав від погодних умов. Суттєву частку становили лінії, стійкі до бурої та жовтої іржі, що підтверджується вищими середніми значеннями та медіанами бальних оцінок (табл. 2), що є результатом успішного перенесення чужорідних генів стійкості *Lr* і *Yr*.

Максимальний рівень стійкості до стеблової іржі було виявлено серед похідних зразка Н74/90-245 та лінії МА1, що пов'язано з наявністю пшенично-житньої транслокації 1BL.1RS. Водночас серед похідних амфіплоїдів за участю *Aegilops tauschii* такі генотипи траплялися доволі рідко. Для більшості з них характерним було зниження рівня стійкості у процесі вегетації: у фазі цвітіння вони оцінювалися на 7–8 балів, тоді як перед збиранням урожаю показники знижувалися до 2–4 балів.

Ліній високостійких до септоріозу не виявлено. Найкращі зразки характеризувалися помірною сприйнятливістю (4–5 балів), що відповідало рівню стандартів. Лише 8 з 436 досліджених ліній (1,8%), переважно майже ізогенні лінії на генетичній основі сорту Одеська 267, та лінія P1L225PH20, перевищили стандарти за цією ознакою. Імовірно, така реакція пов'язана не з генетичною стійкістю, а з фізіологічними особливостями, насамперед пізньостиглістю, тому вона проявлялася не в усі роки досліджень. Це також підтверджується низькими значеннями медіани, середнього та стандартного відхилення (табл. 2, 4).

Варто зазначити, що характер розподілу ліній за реакцією на ту чи іншу хворобу дозволяє припустити, що стійкість до видів іржі, а в деяких варіантах і до борошнистої роси, контролюється головними генами, оскільки вся сукупність ліній незалежно від джерела стійкості чітко розподіляється на дві основні групи (стійкі та сприйнятливі), з відносно невисокою часткою проміжних форм і характеризується високими значеннями SD і значним розмахом лімітів варіації. При цьому, за виключенням ліній з джерела «Інші», реакція ліній на стеблову іржу була максимально варіабельною, порівняно з іншими хворобами, що свідчить про низьку кількість генетичних детермінант стійкості до збудника.

Інша картина спостерігається стосовно септоріозу і борошнистої роси, зокрема, у комбінаціях МА1, де більшість ліній відносилася до сприйнятливих (3-4 бали). Розподіл ліній характеризується високою часткою проміжних форм,

низькими значеннями SD і вузьким розмахом лімітів варіації (табл. 2). Це свідчить, що толерантність до септоріозу та борошнистої роси, ймовірно, має полігенну (комплементарну) природу, є наслідком позитивної трансгресії та походить від мінорних джерел стійкості. На відміну від генетично детермінованої стійкості до іржастих хвороб, такі ознаки значно складніше закріплюються і передаються потомству при схрещуванні.

Таблиця 2

Розподіл інтрогресивних ліній, переданих в контрольний розсадник, за стійкістю до поширених захворювань, в залежності від джерела стійкості

Джерело стійкості	Хво-ро-ба ¹⁾	% ліній з реакцією (бали)					Статистичні показники ³⁾			
		сприйнятливих			стійких		Me	M	SD	LV
		1-2	3-4	5	6-7	8-9				
Н74/90-245 ($N = 161$) ²⁾	PM	-	47,2	18,6	26,8	9,3	5	5,1	1,51	3–8
	LR	0,6	29,8	17,4	47,2	5,0	6	5,7	1,41	2–9
	YR	-	37,3	9,9	52,2	0,6	6	5,5	1,45	3–8
	SR	1,9	11,8	5,0	50,3	31,1	7	6,6	1,53	1–8
	STB	0,8	80,8	16,0	2,4	-	4	3,9	0,76	2–6
Амфіплоїди ($N = 54$)	PM	1,9	61,1	11,1	18,5	7,4	4	4,5	1,48	2–8
	LR	-	13,0	9,3	35,2	42,6	7	6,7	1,47	3–8
	YR	-	42,6	18,5	38,9	-	5	5,1	1,36	3–7
	SR	20,4	40,7	20,4	14,8	3,7	4	4,1	1,89	1–8
	STB	19,2	65,4	5,8	9,6	-	4	3,7	1,14	2–6
SHW ($N = 167$)	PM	2,4	36,9	19,2	34,7	7,8	5	5,1	1,51	2–8
	LR	3,0	24,0	15,0	48,5	9,6	6	5,7	1,60	1–8
	YR	6,0	42,5	1,8	47,3	2,4	5	5,2	1,68	2–8
	SR	32,9	19,7	9,6	36,5	1,2	4	4,2	2,20	1–8
	STB	1,8	86,6	10,7	0,9	-	4	3,8	0,69	2–6
MA1 ($N = 32$)	PM	3,1	78,1	12,5	-	6,3	4	4,2	1,19	2–8
	LR	3,1	34,4	18,7	43,7	-	5	4,9	1,44	2–7
	YR	-	43,7	43,7	12,5	-	5	4,5	1,11	3–7
	SR	18,7	6,2	28,1	18,7	28,1	5	5,4	2,15	2–8
	STB	-	90,6	6,2	3,1	-	4	3,7	0,49	3–6
Інші ($N = 22$)	PM	-	45,4	18,2	13,6	22,7	5	5,2	1,77	3–8
	LR	-	50,0	36,4	9,1	-	4	4,5	0,86	3–7
	YR	4,5	63,6	4,5	27,3	-	4	4,5	1,37	2–7
	SR	31,8	50,0	13,6	4,5	-	3	3,1	1,38	1–6
	STB	4,5	86,4	9,1	-	-	4	3,9	0,61	2–5

Примітки:

¹⁾ PM, LR, YR, SR, STB – умовні позначення борошнистої роси, листової, жовтої і стеблової іржі та септоріозу, відповідно.

²⁾ N – кількість досліджених інтрогресивних ліній.

³⁾ Me – медіана розподілу; M – середня арифметична ознаки по лініям; SD – стандартне відхилення; LV – ліміти варіації (min-max).

Інтрогресивні лінії характеризувалися широким розмахом мінливості за показниками продуктивності та якості зерна. Аналіз агрономічних ознак у контрольному розсаднику показав, що їх прояв залежав як від походження вихідного матеріалу, так і від рівня стійкості до хвороб. За результатами кореляційного аналізу (табл. 3) достовірний позитивний зв'язок між урожайністю та стійкістю виявлено лише у окремих групах: у похідних лінії МА1 – зі стійкістю до жовтої ($R_{sp} = 0,54^{**}$) і стеблової ($R_{sp} = 0,42^{*}$) іржі, а в групі «Інші» – до борошнистої роси ($R_{sp} = 0,70^{***}$) та жовтої іржі ($R_{sp} = 0,46^{*}$). Для цієї ж групи встановлено слабкий негативний зв'язок між урожайністю і толерантністю до септоріозу ($R_{sp} = -0,47^{*}$).

Таблиця 3

Результати кореляційного аналізу ознак стійкості у інтрогресивних ліній

Джерело стійкості	Пари ознак (R_{sp})							
	стій-кість ¹⁾	дата ко-лосіння	висота рослин	урожай-ність	вміст білка	збір білка	МТЗ ³⁾	АВБ ³⁾
Н74/90-245 ($N=161$) ²⁾	PM	-0,03	0,00	0,05	-0,26*	0,17	0,10	-0,17
	LR	0,12	-0,11	0,02	0,10	0,13	0,17	0,13
	YR	-0,04	0,05	0,09	-0,18*	0,25*	0,18*	-0,03
	SR	0,02	-0,14	0,01	0,14	-0,09	0,01	-0,03
	STB	0,22*	0,18*	0,00	-0,11	-0,09	0,26*	0,16
Амфіплоїди ($N = 54$)	PM	0,15	0,21	0,03	0,10	0,01	0,33*	0,48*
	LR	-0,16	-0,04	-0,04	0,63***	0,20	0,08	0,59**
	YR	0,19	-0,07	-0,09	0,15	-0,10	0,30	0,52**
	SR	0,01	-0,28*	-0,12	-0,28	-0,05	0,00	-0,33*
	STB	0,35*	0,33*	-0,18	-0,09	-0,59**	0,06	-0,03
SHW ($N = 167$)	PM	0,14	0,07	0,02	-0,14	-0,11	-0,01	-0,14
	LR	-0,02	0,11	-0,06	-0,12	-0,15	0,14	0,10
	YR	-0,01	0,03	0,05	0,10	0,27**	0,16*	0,36***
	SR	0,22**	-0,20*	0,00	0,24**	0,15	-0,17*	0,06
	STB	-0,08	-0,03	0,13	0,08	-0,08	0,15	0,15
МА1 ($N = 32$)	PM	0,27	0,03	-0,08	-0,18	0,59***	-0,17	-0,35
	LR	-0,08	-0,20	0,13	0,18	-0,06	0,34	-0,28
	YR	0,20	-0,10	0,54**	-0,39*	-0,16	-0,08	-0,54**
	SR	-0,08	-0,45*	0,42*	0,10	-0,57**	0,59***	0,07
	STB	0,57	-0,15	0,00	-0,06	0,00	0,51**	-0,60***
Інші ($N = 22$)	PM	0,15	-0,33	0,70***	0,10	0,50*	0,24	-0,13
	LR	-0,21	-0,50*	0,08	0,29	-0,09	0,01	0,07
	YR	0,18	-0,30	0,46*	0,27	0,39	0,32	0,27
	SR	0,06	-0,43*	0,01	0,34	0,22	-0,21	0,13
	STB	-0,22	0,14	-0,47*	-0,22	0,14	-0,28	-0,47*

Примітки:

* – вірогідно при $p < 0,05$; ** – вірогідно при $p < 0,01$; *** – вірогідно при $p < 0,001$.

¹⁾ PM, LR, YR, SR, STB – стійкість, відповідно, до борошнистої роси, листової, жовтої і стеблової іржі та септоріозу.

²⁾ N – кількість інтрогресивних ліній.

³⁾ МТЗ – маса 1000 зернин, АВБ – абсолютний вміст білка в 1000 зернин.

У більш чисельних групах ліній достовірної кореляції урожайності зі стійкістю не було виявлено. Не спостерігалось також кореляції між урожайністю і стійкістю до листової іржі у будь-якому варіанті досліду. Висока кореляційна залежність між урожайністю і стійкістю до борошнистої роси спостерігалася в групі «Інші».

Варто зазначити, що відсутність негативної кореляції між урожайністю та стійкістю до бурої листової і стеблової іржі (табл. 3) за умов слабого природного інфекційного фону є позитивним результатом, оскільки свідчить про відсутність небажаного впливу чужорідних генів стійкості на продуктивність.

Наявність позитивного зв'язку стійкості до листової (в групі «Амфіплоїди») або стеблової (в групі «SHW») іржі з вмістом білка (табл. 3) пояснюється погіршенням умов наливу зерна внаслідок ураження патогенами або можливістю генетичного зчеплення чужинних генів стійкості з детермінантами підвищеного вмісту білка в зерні. Натомість, негативна кореляція ($R_{sp} = -0,26^*$) між стійкістю до борошнистої роси і вмістом білка у групі «Н74/90-245» як і між стійкістю до жовтої іржі і вмістом білка у групах «Н74/90-245» ($R_{sp} = -0,18^*$) і «МА1» ($R_{sp} = -0,39^*$), можливо викликана щуплістю зерна у сильно уражених ліній. Цим же пояснюється слабка позитивна кореляція стійкості до хвороб і МТЗ у окремих варіантах досліду (табл. 3).

Умови проведення досліджень у контрольному розсаднику істотно різнились за роками, однак загалом були несприятливими для формування високої продуктивності. Це підтверджується відносно низькою урожайністю стандартів ($M = 4,70$ т/га; $LV = 3,98-5,84$ т/га) та достовірним впливом умов року на рівень урожайності ($F_{5:35} = 2,47^{**}$). При цьому лінії з високою стійкістю до кількох хвороб, як правило, характеризувались низькою врожайністю, вмістом білка або дрібним зерном. Проте, виділено лінії з досить високими показниками урожайності, МТЗ або вмісту білка, які зберегли набір цільових ознак стійкості проти кількох збудників одночасно (E125/03, E212/09, P1L692/18, A1L341/18), а тому мають особливу цінність як джерела групової стійкості (табл. 4).

Взагалі, внаслідок відновлення у інтрогресивного матеріалу генетичного середовища сучасних високопродуктивних сортів шляхом ступінчастих схрещувань, спостерігається підвищення продуктивності покращених ліній, порівняно з колекційним зразком Н74/90-245, урожайність якого в умовах років дослідження була вкрай низькою – 1,90 т/га (табл. 4).

При цьому кожного року виділялись лінії, які в даних умовах перевершували стандарти за окремими ознаками або їх комплексом. Як правило, такі лінії відрізнялись помірною стійкістю до однієї-двох хвороб і помірною сприйнятливістю до інших. Так, за урожайністю середні значення стандартів перевищували наступні лінії: E125/03 – 5,68 т/га, P1L906/16 – 5,60 т/га, A1L236P118 – 5,50 т/га. За абсолютними значеннями комплексу ознак (урожайність, вміст білка, збір білка, МТЗ), відповідно, виділились лінії: E2792/14-2 – 5,37 т/га, 11,5 %, 0,62 т/га, 41,2 г; E212/09 – 4,89 т/га, 11,6 %, 0,57 т/га, 42,4 г; A1L391/18 – 5,39 т/га, 11,7 %, 0,65 т/га, 38,9 г. За абсолютним вмістом

білка в 1000 зернин виділились найбільш крупнозерні та високобілкові лінії: PIL692/18 – 5,35 г, PIL626/18 – 5,32 г, AIL471/18 – 5,26 г, які, проте, не характеризувались високою урожайністю (табл. 4).

Таблиця 4

Характеристика ліній з груповою стійкістю до хвороб

Лінія	Стійкість до (балл)				ДК, ³⁾ .05	ВР, см	Ур., т/га	ВБ, %	ЗБ, т/га	МТЗ, г	АВБ, г
	PM ¹⁾	LR	YR	SR							
H74/90-245	8	9	6	8	18,6	79,2	1,90	10,8	0,21	42,4	4,58
E125/03	7	8	7	8	19,5	106,7	5,68	10,9	0,62	42,1	4,59
E212/09	7-8 ²⁾	7	7	5-7	15,0	82,2	4,89	11,6	0,57	42,4	4,92
E214/09-7	5-7	4-7	7-8	6-7	16,6	86,5	4,42	10,3	0,45	42,1	4,33
E2792/14-2	4	7	7	7	14,5	80,4	5,37	11,5	0,62	41,2	4,74
PIL396/16	8	7	8	3	13,5	80,8	4,03	10,9	0,46	38,8	4,16
PIL816/16	8	7	7	4	12,5	90,8	4,22	11,4	0,50	39,5	4,41
PIL839/16	8	8	7	4	16,5	98,8	3,32	11,0	0,39	46,4	5,01
PIL906/16	8	8	7	2	18,5	73,8	5,60	11,0	0,64	43,5	4,69
AIL341/18	8	6-7	7	7	16,5	98,8	5,27	11,5	0,63	36,3	4,10
AIL387/18	8	4	7	7	17,5	83,6	5,07	10,4	0,55	38,6	3,93
AIL391/18	8	5	7	7	19,5	83,8	5,39	11,7	0,65	38,9	4,46
AIL407/18	7	6	4	8	16,5	83,8	3,44	11,9	0,43	37,2	4,35
AIL423/18	8	5	7	7	15,5	93,8	4,76	10,8	0,54	38,0	4,02
AIL465/18	7	8	7	3	13,5	83,8	3,75	10,4	0,41	46,2	4,72
AIL471/18	6	8	7	4	16,5	98,8	4,51	12,3	0,58	43,5	5,26
PIL626/18	8	7	3	7	14,5	91,8	3,90	12,1	0,50	44,7	5,32
PIL628/18	8	7	3	7	16,5	88,8	3,19	11,5	0,39	39,2	4,41
PIL692/18	4	8	7	7	12,5	78,8	4,57	12,4	0,59	43,8	5,35
AIL14PH18	8	8	7	4	16,5	95,8	4,76	11,3	0,56	42,5	4,73
AIL84PH18	5	6	7	7	13,5	83,8	4,49	10,6	0,50	36,6	3,80
AIL103PH18	6	7	5	7	13,5	88,8	4,50	11,6	0,54	43,7	4,96
AIL236PH18	5	7	6	8	13,5	76,8	5,50	10,7	0,61	39,0	4,09
AIL35PH20	7	8	7	8	11,6	81,2	3,93	11,9	0,47	40,4	4,81
578PH16	6-8	7-8	6-7	7	17,5	90,8	2,13	15,9	0,37	23,9	3,67
<i>M (Me)</i> ⁴⁾	(5)	(6)	(5)	(6)	14,5	87,6	4,10	11,5	0,43	39,4	4,43
St ⁴⁾	3–6	3–5	3–7	1–4	13,6	90,7	4,70	10,6	0,44	39,5	4,03
HIP _{0.05}	–	–	–	–	3,5	15,1	1,69	1,5	0,28	6,2	0,70

Примітки:

¹⁾ PM, LR, YR, SR – стійкість, відповідно, до борошнистої роси, листової, жовтої і стеблової іржі. До септоріозу всі лінії мали сприйнятливості на рівні 3-4 балів.

²⁾ Позначення 7-8 означає розмах варіації бальних оцінок за роки дослідження. Ураження накопичувачів інфекції та індикатора високої сприйнятливості до хвороб (Одеська напівкарликова) – 1-2 бали кожного року.

³⁾ ДК – дата колосіння, ВР – висота рослин, Ур. – урожайність, ВБ – загальний вміст білка, ЗБ – збір білка, МТЗ – маса 1000 зернин, АВБ – абсолютний вміст білка в 1000 зернин.

⁴⁾ *M* і *Me* – середнє значення ознаки та медіана розподілу бальних оцінок стійкості у всієї сукупності інтрогресивних ліній, *St* – значення стандартів, HIP_{0.05} – найменша істотна різниця при $p < 0,05$.

Взагалі, суттєвим недоліком високопродуктивних інтрогресивних ліній є відсутність стабільності урожайності в різних умовах. Це, як правило, притаманне похідним екологічно віддалених гібридів. Вочевидь, ця

закономірність стосується і міжвидової гібридизації, яка, в певній мірі, також є екологічно віддаленою.

Як правило, генотипи, отримані безпосередньо від міжвидових схрещувань не завжди є достатньо продуктивними у вищих ланках селекційного процесу (попередньому та конкурсному сортовипробуваннях), мають інші негативні характеристики, навіть якщо вони перевершували стандарти в КР-1. Проте, завдяки додатковим схрещуванням та цілеспрямованому добору, створені удосконалені лінії, які за продуктивністю перевершують найкращі стандартні сорти Зиск та Наснагу. Виділено низку селекційних ліній пшениці м'якої озимої з високою стійкістю до видів іржі та септоріозу листя, підвищеним вмістом білка в зерні.

За результатами випробувань в КР-1 протягом 2020-2025 рр. виділено перспективні інтрогресивні лінії E2792/14-2, E212/09, AIL341/18 і AIL35PH20 – джерела продуктивності та стійкості до збудників поширених хвороб.

Висновки та перспективи подальших досліджень.

Визначено, що стійкість інтрогресивних ліній до видів іржі, контролюється головними генами, толерантність до септоріозу та борошнистої роси має полігенну (комплементарну) природу і є наслідком позитивної трансгресії та походить від мінорних джерел стійкості. Встановлено високу варіабельність показників продуктивності та вмісту білка в зерні інтрогресивних ліній. Достовірний позитивний зв'язок між урожайністю та стійкістю виявлено у похідних лінії МА1 – зі стійкістю до жовтої ($R_{sp} = 0,54$) і стеблової іржі ($R_{sp} = 0,42$), у ліній з групи «Інші» – до борошнистої роси ($R_{sp} = 0,70$) та жовтої іржі ($R_{sp} = 0,46$). Наявність позитивного зв'язку стійкості до видів іржі з вмістом білка пояснюється погіршенням умов наливу зерна внаслідок ураження патогенами або можливістю генетичного зчеплення чужинних генів стійкості з детермінантами підвищеного вмісту білка в зерні. Негативна кореляція ($R_{sp} = -0,26^*$) між стійкістю до борошнистої роси і вмістом білка у групі «Н74/90-245» як і між стійкістю до жовтої іржі і вмістом білка у групах «Н74/90-245» ($R_{sp} = -0,18^*$) і «МА1» ($R_{sp} = -0,39^*$) викликана щуплістю зерна у сильно уражених ліній.

За результатами вивчення у контрольному розсаднику виділено інтрогресивні лінії з комплексом господарсько цінних ознак (AIL125/03, E212/09, E2792/14-2, AIL341/18, AIL35PH20), які є перспективним вихідним матеріалом для селекції озимої м'якої пшениці на стійкість до хвороб, продуктивність, якісні показники.

Автори підтверджують відсутність потенційного чи наявного конфлікту інтересів, який міг би вплинути на результати дослідження та публікації

Список використаної літератури

1. Лифенко С.П., Наконечний М.Ю., Нарган Т.П. Особливості селекції сортів пшениці м'якої озимої степового екотипу у зв'язку зі змінами клімату в умовах півдня України. *Вісник аграрної науки*. 2021. № 3 (816). С. 53–62. doi: 0.31073/agrovisnyk202103-07.

2. Литвиненко М. А. 100 років розвитку селекційних програм пшениці м'якої озимої. *Сортовивчення та охорона прав на сорти рослин*. 2016. Т. 31, № 2. С. 75–82. https://nbuv.gov.ua/UJRN/stopnsr_2016_2_14.
3. Моргун Б. В. Стан та перспективи використання пшенично-житніх транслокацій у селекції озимої м'якої пшениці. *Фізіологія рослин і генетика*. 2016. Т. 48, № 4. С. 324–343. <https://www.researchgate.net/publication/331608635>.
4. Highest-wheat-yield. [Електронний ресурс] – Режим доступу: (<https://www.guinnessworldrecords.com/world-records/highest-wheat-yield>).
5. Лифенко С.П., Єриняк М.І., Наконечний М.Ю. Методи та результати селекції високоінтенсивних сортів пшениці м'якої озимої у умовах Півдня України. *України. Збірник наукових праць СГП–НЦНС*. 2016. Вип.27(67). С. 23–35. Режим доступу: https://old.sgi.in.ua/images/Vidanna_instityty/Zbirnik_naykovih_prac/Arhiv/Zb27672016.pdf
6. Литвиненко Н.А. Створення сортів пшениці м'якої озимої (*Triticum aestivum* L.), адаптованих до змін клімату на півдні України. *Збірник наукових праць СГП – НЦНС*. 2016. Вип.27(67). С. 36–53. Режим доступу: https://old.sgi.in.ua/images/Vidanna_instityty/Zbirnik_naykovih_prac/Arhiv/Zb27672016.pdf
7. Cucu M.A., Choudhary R., Trkulja V., Garg S., Mati'c S. Utilizing Environmentally Friendly Techniques for the Sustainable Control of Plant Pathogens: A Review. *Agronomy*. 2025. 15(1551). P. 1–47. <https://doi.org/10.3390/agronomy15071551>
8. Warburton M., Crossa J., Franco J., Kazi M., Trethowan R., Rajaram S., Wolfgang H., Zhang P., Dresigaker S., Ginkel M. Bringing wild relatives back into the family: recovering genetic diversity in CIMMYT improved wheat germplasm. *Euphytica*. 2006. Vol. 149, Iss. 3. P. 289–301. doi: 10.1007/s10681-005-9077-0
9. Моргун В. В., Топчий Т. В. Пошук нових джерел стійкості пшениці озимої до основних збудників грибних хвороб. *Фізіологія рослин і генетика*. 2016. Т. 48, № 5. С. 393–400. doi: 10.15407/frg2016.05.393
10. Sharma S., Schulthess A. W., Bassi F.M., Badaeva, E.D., Neumann K., Graner A., Özkan H., Werner P., Knüpfner H, Kilian, B. Introducing beneficial alleles from plant genetic resources into the wheat germplasm. *Biology*. 2021. Vol. 10(982). P. 1–38. doi: 10.3390/biology10100982.
11. Pirkó Ya. V., Kozub N. O., Rabokon A. M., Shysha O.M., Karelov A.V., Yemets A., Sozinov A.O., Sozinova O.I., Blume Ya. Markers linked to stem rust resistance genes *Sr39* and *Sr40* for selecting wheat breeding lines. *Cytology and Genetics*. 2024. Vol. 58 (6). P. 525–535. doi: 10.3103/S0095452724060069.
12. Dvorak J., Deal K. R., McGuire P. E., McGuire P. E., Conley E. J., Anderson J.A., Fedak G., Malvick J. A., Chen H., Müller H.-G. High levels of type II Fusarium head blight resistance conferred in wheat by combining wheat gene *Fhb1* with *Lophopyrum elongatum* gene *Fhb7^{The2}*. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2025. Vol. 61 (1). P. 31–42. doi: 10.17221/104/2024-CJGPB.
13. Kruppa K., Türkösi E., Holušová K., Kalapos B., Szakacs E., Cséplő M., Farkas A., Ivanizs L., Szőke-Pázsik K., Mikó P., Kovács P., Gulyás A., Hidvégi N., Molnár-Láng M., Darko E., Bartoš J., Gaál E., Molnár I. Genotyping-by-sequencing uncovers a *Thinopyrum* 4StS·1J^{VS} Robertsonian translocation linked to multiple stress tolerances in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*. 2025. Vol.138 (1), art. 13. P. 1–19. doi: 10.1007/s00122-024-04791-x.
14. Holub Ye. A., Sauliak N. I., Vasyliiev O.A., Lytvynenko M.A., Traskovetska V.A., Shcherbyna Z.V., Bushulian M.A., Kirchuk Ye.I. Characteristics of the source material for breeding winter wheat for group resistance to leaf and stem pathogens. *Plant Varieties Studying and protection*. 2025. Vol. 21(1). P. 17–24. doi: 10.21498/2518-1017.21.1.2025.327497.
15. Bhatta, M., Morgounov, A., Belamkar, V., Poland, J., Baenziger, S. Unlocking the novel genetic diversity and population structure of synthetic hexaploid wheat, *BMC Genomics*. 2018. Vol. 19, art. 591. P. 1–12. doi.org/10.1186/s12864-018-4969-2.



16. Mujeeb-Kazi A., Gul A., Farooq M., Rizwan S., Ahmad I. Rebirth of synthetic hexaploids with global implications for wheat improvement, *Aust. J. Agric. Res.*, 2008, Vol. 59, no. 10, P. 391–398, doi.org/10.1071/AR07226.
17. Моцний І.І., Молодченкова О.О., Смертенко А.П., Литвиненко М.А., Голуб Є.А., Міщенко Л.Т. Створення інтрогресивних ліній пшениці м'якої озимої з ознаками стійкості до фітопатогенів. Вісник ОНУ. Сер.: Біологія. 2020. Т. 25, вип. 2 (47). С. 59–82.
18. Моцний І. І., Молодченкова О. О., Нарган Т. П., Наконечний М.Ю., Лифенко С.П., Фанін Я.С., Міщенко Л.Т. Оцінка похідних віддаленої гібридизації пшениці за агрономічними ознаками в посушливих умовах півдня України. *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2022. Т. 31. С. 71–76. <https://doi.org/10.7124/FEEО.v31.1487>.
19. Моцний І. І., Нарган Т. П., Наконечний М. Ю., Лифенко С.П., Молодченкова О.О., Щербина З.В. Вплив чужинних генів стійкості до поширених хвороб на агрономічні ознаки пшениці м'якої озимої у посушливих умовах півдня України. *Вісник ОНУ. Сер.: Біологія*. 2022. Т. 27, Вип. 2(51). С. 9–29. [https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268652](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268652).
20. Rosyara U., Kishii M., Payne T., Sansaloni C. P., Singh R. P., Braun H. J., Dreisigacker S. Genetic contribution of synthetic hexaploid wheat to CIMMYT's spring bread wheat breeding germplasm. *Scientific reports*. 2019. 9(1), Art. number: 12355. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47936-5>.
21. Lukaszewski A. Manipulation of the 1BL.1RS translocation in wheat by induced homoeologous recombination. *Crop Sci*. 2000. V. 40, № 1. P. 216–225. doi: 10.2135/cropsci2000.401216x.
22. Ермантраут Е.Р., Гопцій Т.І., Каленська С.М., Криворучко Р.В. Методика селекційного експерименту (у рослинництві). Харків. 2014. 225 с. <https://www.twirpx.com/file/3660864/>
23. Бабаянц О. В., Бабаянц Л. Т. Основи селекції і методологія оцінок стійкості пшениці до збудників хвороб. Одеса: ВМВ, 2014. 401 с.
24. Kjeldahl J. Neue Methode zur Bestimmung des Stickstoffs in organischen Körpern (New method for the determination of nitrogen in organic substances). *Zeitschrift für analytische Chemie*. 1983. Vol. 22. Iss. 1. P. 366–383. doi: 10.1007/BF01338151.
25. ДСТУ 4138-2002 Насіння сільськогосподарських культур. Методи визначення якості / за ред. Кіндрук М. О. та ін. Держспоживстандарт України. Київ. 2003. С. 17–18. URL: <https://www.studmed.ru/dstu-4138-2002-nasnnya-slskogospodarskih-kultur-metodi-viznachennya-yakost/e073265435f.html>.
26. Соколов І. Д., Чеченєва Т. М., Соколова О. І., Наумов С.Ю., Мостовий О.А. Вступ до біометрії. Луганськ : Елтон-2. 2011. 190 с.
27. McIntosh R.A., Dubcovsky J., Rogers W.J., Morris C., Xia X.C. *Catalogue of gene symbols for wheat: 2017 Supplement*. Retrieved from: https://shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene_supplement2017.pdf

Ivan Motsnyi,

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, Leading Researcher at the Department of General and Molecular Genetics,
Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation, Odesa, Ukraine

ORCID ID 0000-0002-1812-9481

e-mail: motsnyii@gmail.com

Olga Molodchenkova,

Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher, Head of the Plant Biochemistry Laboratory,
Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation, Odesa, Ukraine

ORCID ID 0000-0003-2511-0866



e-mail:olgamolod@ukr.net

Mykola Lytvynenko,

Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Academician of the NAAS, Chief Researcher of the Department of Wheat Breeding and Seed Production,
Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation,
Odesa, Ukraine
ORCID ID 0000-0002-8605-6587
e-mail: dr_litvin@ukr.net

Evheniia Holub,

Candidate of Agricultural Sciences, Acting Head of the Wheat Breeding and Seed Production Department,
Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation,
Odesa, Ukraine
ORCID ID 0000-0002-3415-4193
e-mail: eva.golub.1979@ukr.net

Tetiana Nagran,

Candidate of Agricultural Sciences, Senior Researcher, Leading Researcher of the Laboratory of Breeding of Intensive Wheat Varieties,
Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation,
Odesa, Ukraine
ORCID ID 0000-0002-8134-7975
e-mail: labinsort@ukr.net

Maryna Balvinska,

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, Head of the Department of General and Molecular Genetics,
Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation,
Odesa, Ukraine
ORCID ID 0000-0003-0404-9787
e-mail: balvinska@yahoo.com

Rayisa Vozhehova,

Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Academician of the NAAS, Acting Director,
Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation,
Odesa, Ukraine
ORCID ID 0000-0002-3895-5633
e-mail: vozhegova57@ukr.net

Zoya Shcherbyna,

Candidate of Agricultural Sciences, Senior Researcher, Scientific secretary,
Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation,
Odesa, Ukraine
ORCID ID 0000-0002-4630-8372
e-mail: zoyasgi09@ukr.net

**INTROGRESSIVE LINES – VALUABLE STARTING MATERIAL FOR
BREEDING OF WINTER BREAD WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM* L.)**



Abstract

Long-term breeding of winter wheat to increase yield has led to the use of genetically homogeneous varieties in production, which has caused the emergence of new aggressive races, the more frequent occurrence of epiphytobia, and, as a result, the loss of resistance of varieties, deterioration of their yield and quality indicators. Expansion of genetic variability is the key to overcoming this situation. One of the effective tools is the introgression into the wheat genome of foreign genetic plasma. In the PBGI – NCSCI, a number of introgressive lines of winter bread wheat were created by the method of distant hybridization, the evaluation of which for resistance to common diseases, productivity, protein content in grain and the creation of original source material based on them for use in breeding programs is the aim of this work.

*The material used was 436 lines of winter bread wheat, mainly with introgressions from rye and *Ae. tauschii*, as well as *T. timopheevii*, *T. dicoccum*, *T. militinae*, *Elymus sibiricus* L.*

*The maximum level of resistance to stem rust was found among the derivatives of the sample H74/90-245 and the line MA1, which is associated with the presence of the wheat-rye translocation 1BL.1RS. Among the derivatives of amphiploids with the participation of *Aegilops tauschii*, such genotypes were almost not found. It was determined that the tolerance of introgressive lines to septoria and powdery mildew has a polygenic (complementary) nature and is a consequence of positive transgression and comes from minor sources of resistance.*

High variability of productivity and protein content in grain of introgressive lines was established. A significant positive relationship between yield and resistance was found in the derived line MA1 – with resistance to yellow ($R_{sp} = 0.54$) and stem rust ($R_{sp} = 0.42$), in lines from the "Other" group – to powdery mildew ($R_{sp} = 0.70$) and yellow rust ($R_{sp} = 0.46$). The positive correlation between resistance to rust types and protein accumulation is attributed to the genetic linkage of alien resistance genes with determinants of elevated grain protein content.

Introgressive lines with a complex of economically valuable traits (AIL125/03, E212/09, E2792/14-2, AIL341/18, AIL35PH20) were identified, which are promising starting material for breeding winter bread wheat for disease resistance, productivity, and quality indicators.

Keywords: *Triticum aestivum* L., introgression lines, *Aegilops tauschii* Coss., resistance, productivity.

Reference

1. Lyfenko, S.Ph., Nakonechnyi, M.Yu. & Nargan, T. P. (2021). Peculiarities of the breeding of bread winter steppe ecotype wheat varieties in connection with climate change in the conditions of Southern Ukraine. *Visnyk agrarnoi nauky*, 99(3), 53–62. doi: 0.31073/agrovisnyk202103-07 [in Ukrainian].
2. Lytvynenko, M.A. (2016) 100-year history of the development of bread winter wheat breeding programs. *Plant varieties studying and protection*, 31(2), 75–82. Retrieved from http://nbuv.gov.ua/UJRN/stopnsr_2016_2_14 [in Ukrainian].
3. Morgun, B.V. (2016). State and perspectives of wheat-rye translocations use in winter wheat breeding. *Plant Physiology and Genetics*, 48(4), 324–343. <https://www.researchgate.net/publication/331608635> [In Ukrainian].
4. Highest-wheat-yield. [Electronic resource] – Retrieved from: <https://www.guinnessworldrecords.com/world-records/highest-wheat-yield>.
5. Lyfenko, S.Ph., Yerynyak, M.I. & Nakonechnyi M.Yu. (2016). Methods and results of high-intensive varieties breeding of bread winter wheat in South Ukraine environmental. *Zbirnyk naukovykh prats' Seleksiyno-genetychnoho instytutu –Natsional'noho tsentru nasinnyeznavstva ta sortovyvchennya*. 27(67). 23–35 [in Ukrainian].
6. Lytvynenko, M. A. (2016). Creation of varieties of winter bread wheat (*Triticum aestivum* L.) adapted to climate changes in the south of Ukraine. *Zbirnyk naukovykh prats' Seleksiyno-*

genetychnoho instytutu – Natsional'noho tsentru nasinnyeznavstva ta sortovyvchennya, 27(67), 36–53. Retrieved from:
https://old.sgi.in.ua/images/Vidanna_instyuty/Zbirnik_naykovih_prac/Arhiv/Zb27672016.pdf [In Ukrainian].

7. Cucu, M.A., Choudhary, R., Trkulja, V., Garg, S. & Mati'c, S. (2025). Utilizing Environmentally Friendly Techniques for the Sustainable Control of Plant Pathogens: A Review. *Agronomy*, 15 (1551), 1–47. <https://doi.org/10.3390/agronomy15071551>

8. Warburton, M.L., Crossa, L., Franco, J., Kazi, M., Trethowan, R., Rajaram, S., Pfeiffer, W., Zhang, P., Dreisigacker, S. & van Ginkel, M. (2006). Bringing wild relatives back into the family: recovering genetic diversity in CIMMYT improved wheat germplasm. *Euphytica*, 149(3), 289–301. doi: 10.1007/s10681-005-9077-0

9. Morgun, V. V. & Topchij, T. V. (2016). The search for new sources of winter wheat resistance to the main pathogens of fungal diseases. *Plant physiology and genetics*, 48(5), 393–400. doi: <https://doi.org/10.15407/frg.2016.05.393> [In Ukrainian].

10. Sharma, S., Schulthess, A. W., Bassi, F.M., Badaeva, E.D., Neumann, K., Graner, A., Özkan, H., Werner, P., Knüpfner, H. & Kilian, B. (2021). Introducing beneficial alleles from plant genetic resources into the wheat germplasm. *Biology*, 10 (982), 1–38. doi: 10.3390/biology10100982.

11. Pirko, Ya. V., Kozub, N. O., Rabokon, A. M., Shysha, O.M., Karelov, A.V., Yemets, A., Sozinov, A.O., Sozinova, O.I., Blume Ya. (2024). Markers linked to stem rust resistance genes *Sr39* and *Sr40* for selecting wheat breeding lines. *Cytology and Genetics*, 58(6), 525–535. doi: 10.3103/S0095452724060069.

12. Pirko, Ya. V., Kozub, N. O., Rabokon, A. M., Shysha, O.M., Karelov, A.V., Yemets, A., Sozinov, A.O., Sozinova, O.I. & Blume, Ya. (2024). Markers linked to stem rust resistance genes *Sr39* and *Sr40* for selecting wheat breeding lines. *Cytology and Genetics*, 58 (6), 525–535. doi: 10.3103/S0095452724060069.

13. Kruppa, K., Türkösi, E., Holušová, K., Kalapos, B., Szakacs, E., Cséplő, M., Farkas, A., Ivanizs, L., Szőke-Pázsik, K., Mikó, P., Kovács, P., Gulyás, A., Hidvégi, N., Molnár-Láng, M., Darko, E., Bartoš, J., Gaál, E. & Molnár, I. (2025). Genotyping-by-sequencing uncovers a *Thinopyrum* 4StS·1J^{VS} Robertsonian translocation linked to multiple stress tolerances in bread wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 138(1), art. 13, 1–19. doi: 10.1007/s00122-024-04791-x.

14. Holub, Ye. A., Sauliak, N. I., Vasyliiev, O. A., Lytvynenko, M.A., Traskovetska, V.A., Shcherbyna, Z.V., Bushulian, M.A. & Kirchuk Ye.I. (2025). Characteristics of the source material for breeding winter wheat for group resistance to leaf and stem pathogens. *Plant Varieties Studying and Protection*, 21(1), 17–24. doi: 10.21498/2518-1017.21.1.2025.327497.

15. Bhatta, M., Morgounov, A., Belamkar, V., Poland, J. & Baenziger, S. (2018). Unlocking the novel genetic diversity and population structure of synthetic hexaploid wheat, *BMC Genomics*, 19, art. 591, 1–12, doi.org/10.1186/s12864-018-4969-2.

16. Mujeeb-Kazi, A., Gul, A., Farooq, M., Rizwan, S., & Ahmad, I. (2008). Rebirth of synthetic hexaploids with global implications for wheat improvement, *Aust. J. Agric. Res.*, 59(10), 391–398, doi.org/10.1071/AR07226.

17. Motsnyi I.I., Molodchenkova O.O., Smertenko A.P., Lytvynenko M.A., Holub Ye.A., Mishchenko L.T. (2020). Development of introgression lines of winter bread wheat with traits of resistance to phytopathogens. *Odesa National University Herald. Biology*, 25, 2(47), 59–82. [https://doi.org/10.18524/2077-1746.2020.2\(47\).218058](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2020.2(47).218058) [In Ukrainian].

18. Motsnyi I. I., Molodchenkova O. O., Nargan T. P., Nakonechnyi M.Yu., Lyfenko S.P., Fanin J.S., Mishchenko L.T. (2022). Assessment of wheat wide hybridization derivatives for agronomic traits and disease resistance in drought conditions. *Factors in experimental evolution of organisms*. 31, 71–76. <https://doi.org/10.7124/FEEO.v31.1487> [In Ukrainian].



19. Motsnyi I. I., Nargan T. P., Nakonechnyi M. Yu., Lyfenko S. Ph., Molodchenkova O. O., Shcherbyna Z. V. (2022). The influence of alien genes of resistance to common diseases on agronomic characters of winter bread wheat in the dry conditions of southern Ukraine. *Odesa National University Herald. Biology*, 27(2), 9–29. doi: 10.18524/2077–1746.2022.2(51).268652 [In Ukrainian].
20. Rosyara, U., Kishii, M., Payne, T., Sansaloni, C. P., Singh, R. P., Braun, H. J. & Dreisigacker, S. (2019). Genetic contribution of synthetic hexaploid wheat to CIMMYT's spring bread wheat breeding germplasm. *Scientific reports*. 9(1), Art. No 12355. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47936-5>.
21. Lukaszewski, A. (2000). Manipulation of the 1BL.1RS translocation in wheat by induced homoelogous recombination. *Crop Sci.*, 40(1), 216–225. doi: 10.2135/cropsci2000.401216x.
22. Ermantraut, E.R., Hoptsi, T.I., Kalenska, S.M., & Kryvoruchko, R.V. (2014). *Methodology of breeding experiment (in crop production)*. Kharkiv. 225 p. [In Ukrainian].
23. Babayants, O. V. & Babayants, L. T. (2014). *Bases of breeding and methodology of assessments of wheat resistance to pathogens*. Odesa : VMV. 401 p. [In Ukrainian].
24. Kjeldahl, J. (1983). Neue Methode zur Bestimmung des Stickstoffs in organischen Körpern (New method for the determination of nitrogen in organic substances). *Zeitschrift für analytische Chemie*, 22(1), 366–383. doi: 10.1007/BF01338151.
25. DSTU 4138-2002 (2003). Crop seeds. Methods of quality determination / Kindruk, M.O., et al., *Derzhspozhyvstandart of Ukraine*. Kyiv, 17–18. Retrieved from: <https://www.studmed.ru/dstu-4138-2002-nasnnya-slskogospodarskih-kultur-metodi-viznachennya-yakost/e073265435f.html> [In Ukrainian].
26. Sokolov, I. D., Checheneva, T. M., Sokolova, O. I., Naumov, S. Yu., & Mostovyi, O.A. (2011). *Introduction to biometrics*. Luhansk: Elton-2. [In Ukrainian].
27. McIntosh R.A., Dubcovsky J., Rogers W.J., Morris C. & Xia X.C. *Catalogue of gene symbols for wheat: 2017 Supplement*. Retrieved from: https://shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene_supplement2017.pdf

Стаття надійшла до редакції 29.07.2026
Стаття пройшла рецензування 28.08.2026
Стаття опублікована 30.09.2026