

МОЦНИЙ І. І., НАРГАН Т. П., ГОЛУБ Є. А., ФАНІН Я. С., МОЛОДЧЕНКОВА О. О., БАЛЬВІНСЬКА М. С., ЩЕРБИНА З. В.✉

Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення, НААН, Україна, 65036, м. Одеса, Овідіопольська дорога, 3, ORCID: 0000-0002-1812-9481, 0000-0002-8134-7975, 0000-0002-3415-4193, 0000-0003-3129-7583, 0000-0003-2511-0866, 0000-0003-0404-9787, 0000-0002-4630-8372

✉ zoyasgi09@ukr.net

ОЦІНКА ІНТРОГРЕСИВНИХ ЛІНІЙ *TRITICUM AESTIVUM* L. НА СТІЙКІСТЬ ДО ГРИБНИХ ХВОРОБ ТА ІНШІ СЕЛЕКЦІЙНО-ЦІННІ ОЗНАКИ

Мета. Дослідити удосконалені інтрогресивні лінії пшениці м'якої озимої на стійкість до поширених захворювань, визначити їхню селекційну цінність, виділити лінії-донори з максимальним проявом цінних чужинних ознак, адаптовані до умов вирощування на півдні України. **Методи.** Польовий, лабораторний, порівняння, узагальнення, математичної статистики. **Результати.** За вивчення вдосконалених інтрогресивних ліній пшениці, встановлено, що характер розподілу сукупності ліній за реакцією на хвороби може свідчити про генетичну детермінацію їхньої стійкості, а генетична основа окремих ліній є сприятливою для комбінування пшенично-житньої транслокації 1BL.1RS з іншими як чужинними, так і пшеничними генами стійкості. Виділено генотипи, що характеризуються стійкістю до кількох хвороб, високою врожайністю, адаптивністю та хлібопекарською якістю зерна. **Висновки.** У результаті численних схрещувань джерел чужорідного генетичного матеріалу різного походження з сучасними сортами пшениці м'якої озимої отримано селекційні лінії, які є носіями ознак стійкості до хвороб, високих показників маси 1000 зернин, вмісту білка, позбавлені негативних ознак, притаманних дикорослим видам. Це свідчить про складність, але перспективність інтрогресивної селекції пшениці м'якої озимої.

Ключові слова: *Triticum aestivum* L., інтрогресивні лінії, стійкість, продуктивність.

Одним з основних чинників, що заважають реалізації генетичного потенціалу продуктивності сортів пшениці м'якої озимої (*Triticum aestivum* L.), є грибні хвороби, втрати урожаю, від яких можуть сягати порядку 15–30 % [1, 2]. Шкодочинність захворювань поступово зростає внаслідок системних змін клімату [3], коли під-

вищення температури та вологості повітря у зимовий період інтенсифікує еволюцію їх збудників [4], що призводить не лише до зменшення продуктивності, а й до погіршення товарних характеристик зерна [2, 5]. Тому, селекція сортів, стійких до захворювань, – найбільш дієвий та екологічний засіб захисту рослин. Для створення таких сортів потрібно залучати вихідний матеріал з широким спектром мінливості за господарсько-цінними ознаками. Зокрема, генетичні ресурси близькоспоріднених дикорослих видів, у яких певні ознаки у тому числі, стійкість до хвороб виражені більш суттєво [6–8].

У результаті віддаленої гібридизації у Селекційно-генетичному інституті – Національному центрі насіннєзнавства та сортовивчення, м. Одеса (СГІ-НЦНС) шляхом складних ступеневих схрещувань сучасних сортів з оригінальними примітивними інтрогресивними лініями, колекційними зразками, штучними видами пшениці, амфіплоїдами та елітними синтетиками за участі *Aegilops tauschii* Coss. та подальшої серії самозапилення з перманентним індивідуальним добором матеріалу на наявність чужинних ознак стійкості до поширених хвороб та морфології колоса і рослини створено 649 удосконалених інтрогресивних ліній типу пшениці м'якої озимої. Метою дослідження було вивчити стійкість до поширених захворювань новостворених ліній, визначити їх селекційну цінність, виділити лінії-донори, що поєднують високу продуктивність з максимальним проявом цінних чужинних ознак, та адаптовані до умов вирощування на півдні України.

Матеріали і методи

Дослідження проводили протягом 2016–2024 рр. у СГІ-НЦНС, розташованому в Південно-Західному степу України (м. Одеса). Ма-

© МОЦНИЙ І. І., НАРГАН Т. П., ГОЛУБ Є. А., ФАНІН Я. С., МОЛОДЧЕНКОВА О. О., БАЛЬВІНСЬКА М. С., ЩЕРБИНА З. В.

теріалом слугували 649 інтрогресивних ліній різних генерацій, ступенів насичування та походження, досліджених у контрольному розсаднику (КР-1) на фоні зональних стандартів (Антонівка, Куяльник, Наснага). Лінії отримані методом *Pedigree* у результаті багаторазових схрещувань похідних різних першоджерел чужинних ознак (табл. 1) з сучасними високопродуктивними сортами селекції СГІ–НЦНС (Одеська 267, Альбатрос, Селянка, Куяльник, Никонія ін.) [9–11]. Це розподілення досить умовне, оскільки у родоводі колекційного зразка Н74/90-245, як і амфіплоїдів ПЕАГ, АД Жирова і *Triticum kiharae* Dorof. et Migusch, присутній вид *Ae. tauschii*. Проте, лише похідні Н74/90-245 мають в каріотипі пшенично-житню транслокацію (ПЖТ) 1BL.1RS. Амфіплоїди розрізняються як зразками *Ae. tauschii*, так і видами тетраплоїдної пшениці. У той час, як мексиканські елітні синтетики (амфіплоїди *Triticum durum* Desf. сорт Altar 84 / *Ae. tauschii*), що віднесені до джерела «*Ae. tauschii*», відрізняються один від одного лише різними зразками егілопса. До класу «Інші» віднесено батьківські компоненти, які не мають спільного походження, а об'єднані через нечисленність їхніх похідних.

При передачі інтрогресивних ліній у КР-1 особливу увагу звертали на їхню константність як за окремими, головним чином, чужинними ознаками, так і у загальному їх комплексі. У КР-1 добір ліній проводили окомірно за комплексною оцінкою габітусу рослин (загальна селекційна оцінка ≥ 3 бали), продуктивністю та константністю за ознаками інтересу. Кожного сезону виділялися 15–35 інтрогресивних ліній, які переважували у даних умовах найближчі стандарти за врожайністю та мали деякі чужинні ознаки стійкості до хвороб. Ці лінії повторно вивчалися у контрольному розсаднику другого року дослідження (КР-2). Кращі з цих ліній поступали у попереднє (ПСВ) та конкурсне (КСВ) сортопробування. Більш детально матеріал та методи дослідження опубліковані раніше [9–11].

Дослідний матеріал висівали по чорному пару згідно з загальноприйнятою схемою селекційного процесу самозапильних культур. Погодні умови років дослідження відрізнялися від середніх багаторічних показників за температурним режимом, кількістю опадів та їх розподі-

лом в окремі місяці і, у переважній більшості, були посушливими, що дозволило виділити лінії пшениці з підвищеним адаптивним потенціалом. Зокрема, сезони 2016/17, 2017/18, 2018/19 і 2019/20 рр. характеризувалися екстремальною весняно-літньою повітряно-грунтовою посухою (гідротермічний коефіцієнт коливався від 0,1 до 0,3), що спричиняло запал зерна та зниження натурної маси у ліній з низькою жаростійкістю. У вегетаційні сезони 2020/21 і 2023/24 рр. спостерігалась гостра осіння посуха, відсутність продуктивної вологи як у верхньому, так і в метровому шарах ґрунту. Навіть по чистому пару посіяти в оптимальні строки і отримати сходи було неможливо. Надлишок вологи у квітні-червні 2021 р. (45–99 мм опадів), вересні 2022 р. та червні 2024 р. (57,2 мм) суттєво вплинув на швидкість розвитку грибних хвороб. Зокрема, у міжфазний період від виходу у трубку до колосіння проявлялись борошниста роса (*Blumeria graminis* (DC) Speer f. sp. *tritici* March.), листкова (*Puccinia triticina* Erikss. & Henn.) і жовта (*Puccinia striiformis* West.) іржа, у період вичолошування-цвітіння інтенсивно розвивався септоріоз листя (*Septoria tritici* Rob. ex Desm.). Оскільки пріоритетом дослідження була стійкість до означених хвороб, яку вивчали на їхньому природному фоні у весь період дослідження ліній, хімічний захист посівів не проводився. Стійкість до стеблової іржі (*Puccinia graminis* sp. *tritici* Erikss. & Henn.) оцінювали на штучному інфекційному фоні в карантинному розсаднику відділу фітопатології та ентомології СГІ–НЦНС після інокуляції сумішшю рас згідно з загальноприйнятою методикою [14]. Ступінь ураження дорослих рослин визначали уніфіковано для всіх хвороб в період максимального їх розвитку за інтегрованою дев'ятибальною шкалою, розробленою на основі модифікованої шкали Саарі і Прескотта [14].

Отримані дані аналізували за допомогою програми STATISTICA. При цьому кореляційний аналіз за участі бальних оцінок виконували розраховуючи непараметричний коефіцієнт кореляції Спірмена (R_{sp}), який не вимагає нормальності розподілу даних. Ступінь вірогідності R_{sp} наведено згідно з загальноприйнятими позначеннями: *, ** та *** — вірогідно при $p < 0,05$, $0,01$ та $0,001$, відповідно.

Таблиця 1. Класифікація батьківських форм, залучених у схрещування

Першоджерело	Батьківські форми, залучені у схрещування для одержання удосконалених інтрогресивних ліній	Кількість ліній
H74/90-245	H74/90-245 (<i>T. aestivum</i> / AD(<i>Triticum timopheevii</i> Zhuk.- <i>Ae. tauschii</i>)); E200/97-2; H242/97-1; E124/03; E125/03; OH232/03; E214/09-1	221
Амфіплоїди	ПЕАГ (<i>Triticum dicoccum</i> Schrank ex Schübl. / <i>Ae. tauschii</i>); АД Жирова (<i>Triticum militinae</i> Zhuk. et Migusch. / <i>Ae. tauschii</i>); <i>T. kiharae</i> (<i>T. timopheevii</i> / <i>Ae. tauschii</i>)	97
<i>Ae. tauschii</i>	ES4 ¹⁾ (CIGM87.2775-1B-0PR-0B ²⁾ , WX193); ES17 (CIGM87.2760-0B-0PR-0B, WX220, TA2470 ³⁾); ES20 (CIGM87.2761-1B-0PR-0B, WX221, TA2472); ES25 (CIGM86.942-1B-0PR-0B, WX224)	252
Інші	<i>Elytricum fertile</i> (<i>T. aestivum</i> / <i>Elymus sibiricus</i> L.); ЧЕ1342/98 та ЧЕ1345/98 (<i>T. durum</i> Чорномор / <i>Elytricum fertile</i>); Біген; МА1	79

Примітки: ¹⁾ ES – елітний синтетик (*T. durum* Altar 84 / зразки *Ae. tauschii*) та його порядковий номер, наведений оригіном [12, 13]; ²⁾ пропис комбінації схрещування; ³⁾ «WX» і «TA» – номер зразка *Ae. tauschii* в системі Wheat Wide Crosses (CIMMYT, Мексика) та в колекції Wheat Genetic and Genomic Resources Center при Канзаському державному університеті (США), відповідно.

Результати та обговорення

За період з 2016 по 2024 роки у КР-1 були досліджені означені вище параметри у 649 інтрогресивних ліній озимої пшениці. Більшість ліній одержані від колекційного зразка H74/90-245 та його похідних – примітивних низьковрожайних ліній (34,1 %) або від мексиканських елітних синтетиків (38,8 %) (табл. 1). Лінії істотно різнилися за фенотипом, фенологічними ознаками, стійкістю до хвороб. Фітопатологічна оцінка ліній виявила широкий спектр їх реакцій на грибні захворювання пшениці (табл. 2). Рангова кореляція між бальними оцінками стійкості, одержаними в різні роки на одних і тих самих лініях, варіювала у межах $R_{sp}=0,40^{***}$... $R_{sp}=0,45^*$ для борошнистої роси, $R_{sp}=0,49^{***}$... $0,82^{***}$ для листової іржі, $R_{sp}=0,17$... $0,25^*$ для жовтої іржі, $R_{sp}=0,73^{***}$... $0,84^{***}$ для стеблової іржі та $R_{sp}=0,33^{***}$... $0,51^{***}$ для септоріозу. Це обумовлено зміною расового складу популяцій патогенів, що підтверджується свідченнями фітопатологів [14], і наявністю у матеріалі неідентифікованих малоефективних расоспецифічних генів стійкості. Низька кореляція між одержаними у різні роки оцінками реакції ліній на жовту іржу, крім того, може бути пов'язана з нерівномірним проявом хвороби і недозараженням окремих частин поля. Зовсім інша тенденція спостерігалась стосовно стеблової іржі, де бальні оцінки стійкості ліній найменш залежали від умов року, що можливо обумовлено штучним інфекційним фоном хвороби з приблизно однаковим інфекційним навантаженням і расовим складом у різні роки. Варто зазначити, що у даній популяції рас стеблової іржі домінує раса ТККТФ, яка широко розповсюджена в Європі, Західній Азії та Африці і авірулентна до генів

Sr11, *Sr24*, *Sr31* і *Sr36* [Dr. M. Yazdani, особисте повідомлення, 2024].

В усі роки дослідження спостерігалась схожа картина: суттєва частина ліній відзначалась стійкістю до листової іржі (табл. 2). Також, висока масова частка ліній характеризувалась помірною стійкістю (на рівні 6–7 балів) до жовтої іржі, у той час, як високо- (8–9 балів) або помірностійкі (6–7 балів) до стеблової іржі лінії виділялися з високою частотою лише в окремі роки (сезони 2018/19 і 2020/21 рр.). Можливо, це обумовлено успішною інфільтрацією у геном пшениці генів стійкості до листової або жовтої іржі з усіх першоджерел, залучених до гібридизації, у той час, як висока стійкість до стеблової іржі спостерігалась переважно у потомстві колекційного зразка H74/90-245 та його похідних. Відносно висока частка одержаних від H74/90-245 ліній у загальній їхній сукупності і обумовила високу частоту стійкості до стеблової іржі у зазначені роки [9, 10]. І, навпаки, незвично висока частота високо сприйнятливих до стеблової іржі ліній (33,3 %), яка спостерігалась у сезон 2019/20 рр., обумовлена низькою часткою похідних першоджерела «H74/90-245» і високою часткою похідних першоджерела «*Ae. tauschii*» у цьому сезоні [11]. Як правило, інтрогресивні лінії, одержані від схрещування зі складовими першоджерела «*Ae. tauschii*» або характеризувалися сприйнятливістю до стеблової іржі, або були стійкими лише у фазі молочної стиглості і поступово втрачали стійкість у міру дозрівання рослин. Стійкі до борошнистої роси лінії траплялися відносно рідко, їхня стійкість була невисокою і залежала від умов року. Стійких до септоріозу ліній не виявлено, кращі з них мали оцінку (5, зрідка 6 балів) на рівні

стандартів. Всього 7 ліній з усіх перевірених за роки дослідження перевищували показники стандартів, при чому така реакція на септоріоз проявляється не кожного року і, скоріш за все, має не генетичну природу.

Бімодальний характер розподілу сукупності ліній за реакцією на іржасті хвороби (стійкі та сприйнятливі) з відносно низькою часткою проміжних форм (табл. 2) спостерігається у всі роки дослідження, незалежно від першоджерела стійкості. Це свідчить про генетичну детермінацію стійкості до видів іржі головними генами. Стосовно ж борошністої роси і септоріозу спостерігається мономодальний розподіл, де більшість ліній були сприйнятливими (3–4 бали) з досить високою часткою проміжних форм (табл.

2). Імовірно, толерантність до цих хвороб окремих ліній обумовлена позитивною трансгресією і походить з так званих мінорних незначних джерел стійкості і, на відміну від стійкості до видів іржі, не може бути легко передана нащадкам при схрещуванні. Варто зазначити, що за виключенням стеблової іржі в сезон 2019/20 рр. серед переданих до КР-1 ліній, високо сприйнятливих (на рівні накопичувачів) генотипів майже не спостерігалось; в переважній більшості уразливі лінії показали реакцію 3–4 бали до всіх хвороб. Це обумовлено досить значним числом схрещувань з сучасними сортами, а також попереднім добором, проведеним при створенні ліній.

Таблиця 2. Розподіл досліджених інтрогресивних ліній за реакцією на поширені хвороби в КР-1 та кількість ліній, переданих у вищі ланки селекційного процесу

Вегетаційний сезон, рр.	Хвороба ¹⁾	% ліній з реакцією (бали)					Кількість ліній, шт.			
		сприйнятливих			стійких		всього у КР-1 ²⁾	з них, передано до		
		1–2	3–4	5	6–7	8–9		КР-2 ²⁾	ПСВ ²⁾	КСВ ²⁾
2016/17	PM	3,4	37,6	30,9	28,2	0	149	14	5	3
	LR	4,7	12,8	4,7	53,7	24,2				
	YR	4,0	41,6	10,7	39,6	4,0				
	SR	2,7	63,1	5,4	24,2	4,7				
	STB	2,7	91,9	3,4	2,0	0				
2017/18	PM	6,5	35,2	25,9	32,4	0	108	24	3	2
	LR	5,6	33,3	7,4	37,0	16,7				
	YR	2,8	41,7	13,9	36,1	6,5				
	SR	3,7	66,7	8,3	17,6	3,7				
	STB	2,8	91,6	4,6	0,9	0				
2018/19	PM	2,4	46,3	26,8	23,2	1,2	78	15	9	3
	LR	2,4	36,6	12,2	62,2	7,3				
	YR	2,4	50,0	8,5	39,0	0				
	SR	3,7	25,6	6,1	37,8	26,8				
	STB	1,2	93,9	4,9	0	0				
2019/20	PM	1,3	58,2	25,5	13,7	1,3	153	18	9	2
	LR	3,3	37,3	4,6	51,6	3,3				
	YR	4,6	45,8	3,9	44,4	1,3				
	SR	33,3	25,5	10,5	27,5	3,3				
	STB	3,9	88,2	7,8	0	0				
2020/21	PM	2,5	64,0	16,1	15,5	1,9	161	35	8	4
	LR	1,2	24,8	18,0	45,3	10,6				
	YR	1,9	46,6	14,3	36,6	0,6				
	SR	7,5	19,9	10,6	43,5	20,5				
	STB	5,0	76,4	16,1	2,5	0				

Примітки: ¹⁾ PM, LR, YR, SR, STB — стійкість, відповідно, до борошністої роси, листової, жовтої і стеблової іржі та септоріозу. Ураження накопичувачів інфекції та індикаторів високої сприйнятливості до означених хвороб — 1–2 бали кожного року; ²⁾ КР-1 — контрольний розсадник першого року, КР-2 — контрольний розсадник другого року, ПСВ — попереднє сортовипробування, КСВ — конкурсне сортовипробування.

Варто зазначити, що присутність у родоводі зазначених ліній генетичного матеріалу інших видів мало негативний вплив на такі господарсько-цінні ознаки як висота рослин, стійкість до вилягання, тривалість вегетації, продуктивність. У випадку короткої селекційної історії ліній (2–3 схрещування з сучасними сортами) матеріал, в основному, зберігав високу стійкість до хвороб та наявність чужинних морфологічних ознак, але характеризувався непривабливим габітусом (загальна оцінка 2–3 бали) та низькою продуктивністю. Подальше насичення матеріалу сучасними сортами вело до часткової втрати стійкості до хвороб, проте зовнішній вигляд (загальна оцінка 3–4 бали) та продуктивність ліній дещо покращувалися. Отримання високопродуктивних генотипів, які за морфотипом відповідають вимогам сучасного виробництва можливе лише після 5–6 схрещувань з сучасними сортами. При цьому спостерігається тенденція до збереження лише тих чужинних ознак, що контролюються одним домінантним геном.

З низькою частотою (загалом за роки дослідження 16,3 %) виділялися лінії, які в даних умовах перевершували стандарти за окремими агрономічними ознаками (урожайністю, масою 1000 зернин, вмістом білка) або їх комплексом (табл. 2) і при цьому зберегли деякі цільові чужинні ознаки, головним чином, стійкість до хвороб. Кращі з них (7,4 % від загальної кількості) були передані у вищі ланки селекційного процесу (ПСВ та КСВ). Інтрогресивні лінії з високою стійкістю до кількох захворювань та зразки з морфологічними ознаками інших видів (опушення або забарвлення органів рослини, відсутність воскового нальоту та ін.) загалом характеризувались низькою продуктивністю і не увійшли до переліку кращих. Виділено 11 селекційних ліній, які за врожайністю суттєво переважали стандарт Антонівку. Дві з них — високобілкові, а інші дев'ять — короткостеблові (82–92 см) з високою стійкістю до вилягання, крупним колосом та високою продуктивною кущистістю.

Висновки

Внаслідок віддаленої гібридизації адаптованих до місцевих умов інтенсивних сортів пшениці м'якої озимої з джерелами чужинних

ознак, рекомбінаційного процесу, скринінгу на штучно створеному і природному інфекційному фоні та індивідуального добору за цими ознаками істотно розширено різноманіття селекційного матеріалу пшениці, зокрема спектр генетично детермінованих ознак стійкості до поширених захворювань, окремих показників продуктивності, якості зерна та морфологічних ознак. Застосовані алгоритми інтрогресивної селекції, ймовірно, забезпечують в гібридних популяціях процеси, подібні до природних, як то інфільтрація та спрямований дрейф генів, у даному випадку чужинних, сортують детерміноване ними різноманіття та забезпечують експресію нових ознак і властивостей у послідовних генераціях гібридів, постачаючи, таким чином, нові генетичні варіанти для селекції.

Досліджені лінії несуть обумовлену чужинним походженням генетично детерміновану стійкість, яку підтверджено специфічним характером розподілу сукупності ліній за реакцією на кожну хворобу. Стійкість до видів іржі контролюється головними генами, а толерантність до борошнистої роси і септоріозу обумовлена позитивною трансгресією мінорних детермінант стійкості.

Продуктивність та зовнішні характеристики привабливості інтрогресивних ліній для селекції значною мірою знаходяться під впливом їх селекційної історії та суттєво залежать від її тривалості, що становить не менш ніж 5–6 схрещувань з культурними сортами. Генотипи з чужинними морфологічними ознаками та високою груповою стійкістю характеризувались низькою продуктивністю. Показана ефективність використання похідних колекційного зразка Н74/90-245 для отримання удосконалених інтрогресивних ліній, що поєднують гени стійкості до грибних патогенів, локалізовані в пшенично-житній транслокації 1BL.1RS, з комплексами ефективних генів стійкості від інших джерел.

Отримано вдосконалені за комплексом цінних ознак селекційні лінії з груповою стійкістю до борошнистої роси та видів іржі, високими значеннями маси 1000 зернин, вмісту білка і врожайності, які позбавлені негативних якостей дикорослих видів, пристосовані до вирощування на півдні України і є цінним вихідним матеріалом для селекції озимої пшениці.

References

1. Savary S., Willocquet L., Pethybridge S. J., Esker P., McRoberts N., Nelson A. The global burden of pathogens and pests on major food crops. *Nature Ecology & Evolution*. 2019. Vol. 3. P. 430–439. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0793-y>.
2. Simon M. R., Borner A., Struik P. C. Editorial: fungal wheat diseases: etiology, breeding, and integrated management. *Front. Plant Sci.*, 2021. Vol. 12, art. 671060. P. 1–5. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.671060>.
3. Lytvynenko M. A. Creation of varieties of soft winter wheat (*Triticum aestivum* L.) adapted to climate changes in the south of Ukraine. *Collection of scientific works PBGI – NCSCI*. 2016. Iss. 27 (67). P. 36–53. Retrieved from: https://old.sgi.in.ua/images/Vidanna_instytutu/Zbirnik_naykovih_prac/Arhiv/Zb27672016.pdf. [in Ukrainian]
4. Miedaner T., Juroszek P. Climate change will influence disease resistance breeding in wheat in Northwestern Europe. *Theor. Appl. Genet.* 2021. Vol. 134 (6). P. 1771–1785. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03807-0>.
5. Topchij T. V., Sandetska N. V. Formation of the productivity of winter wheat varieties with various degree of resistance under the influence of fungal diseases. *Plant Varieties Studying and Protection*. 2017. Vol. 13 (4). P. 416–422. <https://doi.org/10.21498/2518-1017.13.4.2017.117751> [in Ukrainian]
6. Morgun V. V., Topchij T. V. The search for new sources of winter wheat resistance to the main pathogens of fungal diseases. *Pl. Physiol. Genet.* 2016. Vol. 48 (5). P. 393–400. <https://doi.org/10.15407/frg.2016.05.393>. [in Ukrainian]
7. 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. <https://doi.org/10.3390/biology10100982>.
8. Kruppa K., Türkösi E., Holušová K., Kalapos B., Szakács E., Cséplő M., Farkas A., Ivanizs L., Szőke-Pácsi K., Mikó P., Kovács P., Gulyás A., Hidvégi N., Molnár-Láng M., Darkó É., Bartoš J., Gaál E. Genotyping-by-sequencing uncovers a *Thinopyrum* 4StS·1J^{VS} Robertsonian translocation linked to multiple stress tolerances in bread wheat. *Theor. Appl. Genet.* 2025. Vol. 138 (1), art. 13. P. 1–19. <https://doi.org/10.1007/s00122-024-04791-x>.
9. Motsnyi I. I., Molodchenkova O. O., Smertenko A. P., Lytvynenko M. A., Holub Ye. A., Mishchenko L. T. Development of introgression lines of winter bread wheat with traits of resistance to phytopathogens. *Odesa National University Herald. Ser.: Biology (Odesa, Ukraine)*. 2020. 25 (2). P. 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]
10. Motsnyi I. I., Nargan T. P., Nakonechnyi M. Yu., Lyfenko S. Ph., Molodchenkova O. O., Mishchenko L. T. Diversity of wide hybridization derivatives of winter wheat for resistance to diseases and other alien characters. *Odesa National University Herald. Ser.: Biology (Odesa, Ukraine)*. 2021. Vol. 26 (2). P. 51–72. [https://doi.org/10.18524/2077-1746.2021.2\(49\).246884](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2021.2(49).246884). [in Ukrainian]
11. Motsnyi I. I., Nargan T. P., Nakonechnyi M. Yu., Lyfenko S. Ph., Molodchenkova O. O., Shcherbyna Z. V. The influence of alien genes of resistance to common diseases on agronomic characters of bread winter wheat in the dry conditions of southern Ukraine. *Odesa National University Herald. Ser.: Biology (Odesa, Ukraine)*. 2022. Vol. 27 (2). P. 9–29. [https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268652](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268652). [in Ukrainian]
12. Mujeeb-Kazi A., Hettel G. P. Utilizing wild grass biodiversity in wheat improvement: 15 years of wide cross research at CIMMYT. *Research Report*. Mexico : D. F., CIMMYT, 1995. No. 2.
13. Mujeeb-Kazi A., Rosas V., Roldan S. Conservation of the genetic variation of *Triticum tauschii* (Coss.) Schmalh. (*Aegilops squarrosa* auct. non L.) in synthetic hexaploid wheat (*T. turgidum* L. s. lat. $\times T. tauschii$; $2n = 6x = 42$, AABBDD) and its potential utilization for wheat improvement. *Genet. Res. Crop Evol.* 1996. Vol. 39. P. 129–134. Retrieved from: <https://link.springer.com/article/10.1007%2FBF00126756#page-1>.
14. Babayants O. V., Babayants L. T. Bases of breeding and methodology of assessments of wheat resistance to pathogens. *Odessa : VMV*, 2014. 401 p. [in Russian]

MOTSNYI I. I., NARGAN T. P., HOLUB Ye. A., FANIN Ya. S., MOLODCHENKOVA O. O., BALVINSKA M. S., SHCHERBYNA Z. V.

Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation, Ukraine, 65036, Odesa, Ovidiopska doroga, 3

EVALUATION OF INTROGRESSION LINES OF *TRITICUM AESTIVUM* L. FOR RESISTANCE TO FUNGAL DISEASES AND OTHER BREEDING-VALUABLE TRAITS

Aim. To investigate advanced introgression lines of bread winter wheat for resistance to common diseases, to determine their breeding value, to identify donor lines with the maximum manifestation of valuable alien traits, adapted to growing conditions in southern Ukraine. **Methods.** Field, laboratory, comparison, generalization, mathematical statistics. **Results.** In the study of advanced introgression wheat lines, it was found that the trend of the distribution of lines for reaction to the diseases may indicate the genetic determination of their resistance, and the genetic basis of individual lines was favorable for combining the wheat-rye translocation 1BL.1RS with other both alien and wheat resistance genes. The lines carrying resistance to several diseases, high yield, adaptability and baking grain quality were identified. **Conclusions.** As a result of numerous crosses of sources of alien genetic material of various origins with modern bread winter wheat cultivars, a few breeding lines were obtained that were carriers of the traits of resistance to diseases, high parameters of 1000-kernel weight, protein content, devoid of the negative traits inherent in wild species. This indicates the complexity, but the prospects of introgression breeding of bread winter wheat.

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