

УДК 577.21:575.22:632.4:581.2

ПОЛІМОРФІЗМ У КОРОТКОМУ ПЛЕЧІ 1R ХРОМОСОМИ ЖИТА В ЛІНІЯХ ПШЕНИЦІ, ЩО МАЮТЬ 1RS.1BL ТРАНСЛОКАЦІЮ ТА 1R(1B) ЗАМІЩЕННЯ З РІЗНИХ ДЖЕРЕЛ

М. К. ТОПОРАШ¹, І. І. МОЦНИЙ², А. БЬОРНЕР³, П. СУРДІЛЛЬ⁴, С. В. ЧЕБОТАР^{1,2}

¹ Одеський національний університет імені І. І. Мечникова
Україна, 65082, Одеса, Дворянська, 2

² Селекційно-генетичний інститут — Національний центр насіннезнавства та сортовивчення
Україна, 65036, Одеса, Овідіопольська дор., 3

³ Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research
Germany, D-06466, Gatersleben, Corrensstrasse, 3

⁴ UMR 1095 INRA-UBP Génétique, Diversité & Ecophysologie des Céréales
France, 63039 Clermont-Ferrand, Chemin de Beaulieu, 5
e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

Мета. Коротке плече хромосоми жита (*Secale cereale* L.) 1R широко застосовується у селекції м'якої пшениці (*Triticum aestivum* L.), зокрема 1RS.1BL транслокація, для інтрогресії генів стійкості до листової (*Lr26*), стеблової (*Sr31*), жовтої (*Yr9*) іржі, а також борошністої роси (*Pm8*); 1RS.1AL транслокація несе гени резистентності *Gb2/Gb6* до тлі (*Schizaphis graminum* Rondani), борошністої роси (*Pm17*) і ген резистентності *Stm4* до кліща *Aceria tosichella* Koifer, що є переносником вірусу смугастої мозаїки пшениці. **Метою** нашого дослідження є виявлення молекулярно-генетичного поліморфізму за короткими плечами хромосоми 1R різного походження в лініях м'якої пшениці, що несуть 1RS.1BL транслокацію або 1R(1B) заміщення з різних джерел. **Методи.** Генетичний поліморфізм ліній аналізували за допомогою ПЛР з рядом мікросателітних маркерів до хромосом жита та пшениці. **Результати.** Було показано, що лінія CWX має рекомбінантне коротке плече хромосоми 1RS жита, яка отримала частини хромосом 1RS від батьківських ліній H242/97-2 та H273/97, у результаті кросингверу, що привів до рекомбінації локусів. **Висновки.** Молекулярно-генетичний поліморфізм було виявлено в 1RS.1BL транслокаціях та 1R(1B) заміщеній хромосомі, що мають різне походження у лінії H242/97-2, CWXs, H273/97, PavonMA1 та Salmon, де було детектовано різні алелі за локусами *Xscm9*, *Xtsm422*, *Xgwm752*, *Xgwm18*, *Taglap*.

Ключові слова: поліморфізм, 1RS.1BL транслокація, ПЛР-аналіз, мікросателітні маркери.

Вступ. Транслокації з коротким плечем 1RS хромосоми жита (*Secale cereale* L.) широко застосовуються в селекції м'якої пшениці (*Triticum aestivum* L.), зокрема 1RS.1BL для інтрогресії генів стійкості до листової (*Lr26*), стеблової (*Sr31*), смугастої (*Yr9*) іржі, а також борошністої роси (*Pm8*) (Graybosch et al., 2001; Merker et al., 2000); 1RS.1AL несе гени стійкості *Gb2/Gb6* до злакової тлі (*Schizaphis graminum* Rondani) (Weng et al., 2007), борошністої роси (*Pm17*) та ген резистентності *Stm4* до кліща *Aceria tosichella* Koifer, що є переносником вірусу смугастої мозаїки пшениці (Crespo-Herrera et al., 2007); 1RS.1DL має ген стійкості до стеблової іржі *SrR* від сорту жита Imperial (Mago et al., 2007). Доведено підвищення врожайності пшениці та толерантності до несприятливих погодних умов у ліній/сортів пшениці, що мають 1RS.1BL транслокацію (Zarco-Hernandez et al., 2005; Howell et al., 2014). Разом з цим, Karki et al. (2014) визначили, що лінії з 1RS.1BL транслокацією краще витримують дефіцит вологи у порівнянні з лініями, що мають 1RS.1AL та 1RS.1DL.

Разом із позитивними ознаками, що привносить хромосома 1RS, у сортах та лініях м'якої пшениці з транслокацією спостерігається погіршення якості борошна. Цей ефект обумовлений кластером генів *Sec-1*, що кодує запасні білки жита (ω -секаліни) та втрачено локусів гліадинів/глютенінів на хромосомах пшениці першої гомеологічної групи (Dhaliwal et al., 1990).

Попри це, лінії з 1RS.1BL/1RS.1AL транслокаціями вважаються надзвичайно цінним генетичним матеріалом для поліпшення м'якої пшениці. Згідно з базою даних R. Schlegel (2016) більше тисячі сортів пшениці у світі містять коротке плече 1R хромосоми жита.

При цьому, більшість сортів пшениці, що містять житній хроматин, є потомством одного з чотирьох батьківських сортів, два з яких були розроблені Г. Рібезелем та Г. Каттерманом у Німеччині в 1920–1930 рр., третій створений в Японії Т. Цуневакі у 1960-ті роки, і четвертий в США в 1970-х роках (Rabinovich et al., 1998). Як джерело 1RS хромосоми для лінії Riebesel 47-51, від якої 1RS.1BL транслокація розповсюдилась в інші сорти (в тому числі в сорти Аврора і Кавказ), Г. Рібезель використав сорт жита Petkus (Lein et al., 1975). Г. Каттерман, в свою чергу, для отримання сортів з житніми транслокаціями Zobra та Markus проводив гібридизацію м'якої пшениці з октоплоїдним тритикале (8x) (Kattermann, 1938). Японська лінія Salmon була отримана внаслідок схрещування двох октоплоїдних тритикале (Tsunewaki, 1964). Американським вченим за допомогою гібридизації м'якої пшениці та октоплоїдного тритикале, що походить від сорту жита 2x Insave F.A, було створено сорт Amigo з 1RS.1AL транслокацією (Sebesta et al., 1994).

Метою нашого дослідження є виявлення молекулярно-генетичного поліморфізму за короткими плечами хромосоми 1R різного походження в лініях м'якої пшениці, що несуть 1RS.1BL транслокацію або 1R(1B) заміщення з різних джерел.

Матеріали і методи

За допомогою ПЛР досліджували японську лінію озимої м'якої пшениці Salmon з 1RS.1BL транслокацією, створену, як вже сказано, при гібридизації двох ліній октоплоїдного тритикале (Tsunewaki, 1964); лінію PavonMA1 з модифікованою 1RS.1BL транслокацією, де в коротке плече 1R хромосоми жита було вбудовано два фрагменти 1BS пшеничної хромосоми — перший фрагмент містив *Gli-B1/Glu-B3* локус, а другий — замістив секалін-кодуючий локус жита *Sec1* (Lukaszewski, 2000). Також вивчали лінію H273/97, що мала 1R(1B) заміщення від сорту жита Воронежське СГІ та лінію H242/97-2 з 1RS.1BL транслокацією від сорту пшениці Аврора. Внаслідок схрещування ліній H273/97 та H242/97-2 була створена лінія CWXs (Козуб та ін., 2018), яку ми також аналізували у роботі. При проведенні ПЛР контролем присутності 1B хромосоми м'якої пшениці слугували сорти Chinese Spring, Prince та, у якості контролю на 1R хромосому, два зразки

жита DW177 та DW178 з Генбанка IPK (м. Гатерслебен, Німеччина).

ДНК виділяли з 5–7 етіолованих проростків кожної лінії згідно з (Doyle et al., 1990). ПЛР проводили на приладі «CreaCont» (Нідерланди). Ампліфікацію проводили за наступним алгоритмом: денатурація при 95 °С — 7 хв; 40 циклів: денатурація — 95 °С (1 хв), відпал праймерів — 55–60 °С (в залежності від рекомендації розробників праймерів) — 1 хв, елонгація — 72 °С (1 хв); заключна елонгація 72 °С — 10 хв.

Для ПЛР аналізу застосовували молекулярні маркери специфічні до локусів *Sec-1* (Vosman et al., 2001) і *Xscm9* (Saal et al., 1999), також маркер локалізований на дистальній ділянці 1RS хромосоми жита *Xtsm422* (Kofler et al., 2008). Додатково використовували мікросателітні маркери з геному пшениці *Xgwm1223* та *Xgwm752*, які також були кратовані Хльосткіною із співавторами (Khlestkina et al., 2004) на 1RS хромосомі жита. Для контролю наявності короткого плеча хромосоми 1B м'якої пшениці або його фрагментів залучили мікросателітні маркери до локусів *Xgwm18* (Röder et al., 1998) та *Taglgap* (Devos et al., 1995). Продукти ампліфікації фракціонували в поліакриламідному гелі на генетичному аналізаторі «ALF-express II». Обчислення результатів проводили за допомогою комп'ютерної програми «ALFwin Fragment Analyser 1.00», шляхом порівняння визначених ампліконів з внутрішніми стандартами молекулярної маси та маркером молекулярної маси.

Результати та обговорення

Визначили, що за локусом *Sec-1* досліджувані лінії з 1RS не відрізнялися за розміром ампліконів (100 п.н.), окрім лінії PavonMA1, у якої фрагменти з цим маркером не детектовані, у зв'язку з відсутністю локусу *Sec-1* у цієї лінії (Рис. 1).

Визначили, що за використання маркера *Xscm9* амплікони розміром 208 п.н. наявні у лінії PavonMA1, H242/97-2 та CWXs, в свою чергу лінія H273/97 характеризувалася ампліконами розміром 210 п.н., а для лінії Salmon, за цим маркером не визначено фрагментів ПЛР. У зразків жита із застосуванням маркера *Xscm9* детектовано фрагмент 223 п.н. та показана відсутність продуктів ПЛР для контрольних сортів пшениці. Цікаво відмітити, що за цим маркером лінія CWXs успадкувала алель 208 п.н. від материнської лінії H242/97-2 (Рис. 1).

Амплікони розміром 144, 147 та 150 п.н. спостерігалися при застосуванні молекулярного маркера *Xtsm422* у аналізованих лініях, що мають коротке плече 1R хромосоми жита. Причому лінія CWXs, що походить від схрещування

H242/97-2 x H273/97 успадкувала алель 144 п.н. за маркером *Xtms422* від батьківської лінії H273/97 (Рис. 1).

За результатами ПЛР аналізу локусу *Xgwm18* встановлено, що лінія Salmon характеризується фрагментом розміром 186 п.н., який також визначається у зразків м'якої пшениці без транслокацій (Röder et al., 1998). Це може свідчити про наявність пшеничного хроматину в прицентромній області хромосоми 1RS у Salmon. Водночас, амплікони за локусом *Xgwm18* у ліній H242/97-2 та CWXs мали розмір 145 п.н., що співпадало за розміром із фрагмен-

тами в контрольних зразках жита. Слід відмітити, що Röder із співавторами (Röder et al., 2002) за локусом *Xgwm18* проаналізували вибірку з 502 Європейських сортів і показали діапазон варіювання розмірів ампліконів від 178 п.н. до 194 п.н., виключаючи нуль алель, тобто алель 145 п.н. у такій представницькій вибірці не спостерігався, а алель 186 п.н. був віднесений до найпоширеніших серед сортів Південно-Східної Європи. В наших дослідженнях, для ліній RavonMA1 та H273/97 продуктів ПЛР за локусом *Xgwm18* не визначено.

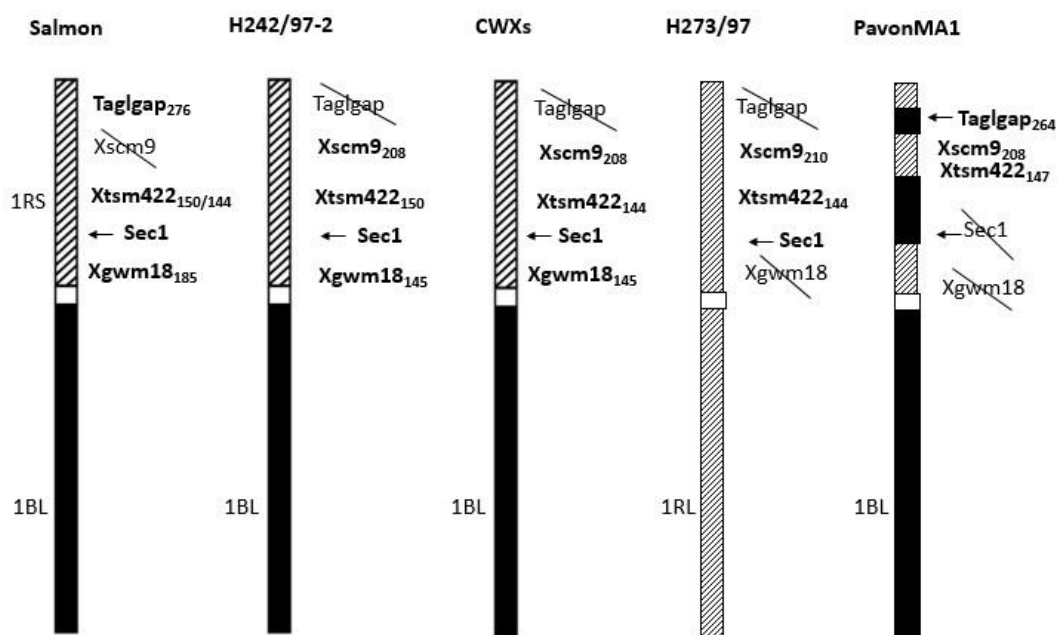


Рис 1. Схематичне зображення поліморфізму за мікросателітними локусами в коротких плечах 1R хромосоми жита у низці досліджуваних ліній.

За мікросателітним локусом *Taglgap*, в лінії RavonMA1 детектується фрагмент розміром 264 (265) п.н. Це підтверджує, що в лінію RavonMA1 перенесено гліадинокодуючий локус *Gli-B1*, у якому міститься цей мікросателіт (Devos et al., 1995). У ліній H242/97-2, H273/97 та CWXs ампліконів за локусом *Taglgap* не визначено; при аналізі лінії Salmon детектували присутність фрагменту розміром 276 п.н., що можливо вказує на рекомбінантну 1RS.1BL хромосому, а можливо на гетерогенність зразка насіння лінії Salmon.

За використання мікросателітного маркера *Xgwm752* спостерігали складний спектр ампліконів у досліджуваних лініях. Контрольні зразки жита характеризувалися фрагментом ПЛР роз-

міром 88 п.н., Chinese Spring — фрагментами 97 та 135 п.н., Prince — 92, 112 та 134 п.н., RavonMA1 — «житнім» фрагментом 88 п.н., який також визначили у сортів жита та фрагментом 133 (134) п.н., який зустрічається у пшениці. Лінія H242/97-2 мала спектр з трьох фрагментів 88, 92 та 133 п.н., лінія H273/97 характеризувалася фрагментами 88, 92 та 118 п.н. Для лінії CWXs визначено продукти ПЛР 88, 92 та 133 п.н. У ДНК з деяких зерен Salmon детектували фрагменти ПЛР розміром 92 та 118 п.н., але були також зерна, в яких за допомогою ПЛР детектовано 88, 92 та 118 п.н., тобто зразок насіння Salmon був гетерогенним. Отже, даний маркер дозволяє детектувати як амплікон розміром 88 п.н., що за нашим припущенням відпо-

відає хромосомі 1R, так і амплікони, що синтезуються за локусами з хромосом пшениці.

За використання мікросателітного маркера *Xgwm1223* також спостерігали складний спектр ампліконів, що налічував чотири фрагменти для контрольних сортів пшениці, по два й три фрагменти для зразків жита та по два фрагменти для *Salmon*, *H242/97-2*, *H273/97*, *CWXs*, за якими ці лінії не диференціювалися. Але спектр ампліфікації лінії *RavonMA1*, був подібним до спектрів контрольних сортів пшениці і налічував чотири фрагменти. Очевидно, праймери до локусу *Xgwm1223* гібридизуються з фрагментами пшеничної хромосоми 1BS, присутніми в складі рекомбінантної хромосоми 1RS в дистальній області у лінії *RavonMA1*. Варто зазначити, що ця пара праймерів, розроблених для локусу *Xgwm1223*, не є зручним інструментом для вивчення поліморфізму за житніми 1RS транслокаціями і 1R заміщенням у пшеничному геномі, через занадто складний спектр ампліфікації.

За результатом проведених досліджень, визначили, що лінія *CWXs* має рекомбінантне 1RS плече, яке містить ділянки хромосоми від батьківських ліній: *H242/97-2* та *H273/97*. Так, *CWXs* має однакові алелі з лінією *H273/97* за локусом *Xscm9* (208 п.н.) та *Xgwm18* (145 п.н.), останній розташований у прицентромірній ділянці, але за локусом *Xtsm422*, що розташований на дистальній ділянці 1RS, лінія *CWXs* має алель 144 п.н., як і батьківська лінія *H273/97*. Тобто, ми припускаємо, що в 1RS плечі лінії *CWXs* відбувся кросинговер, що призвело до перекомбінації алелів маркерних локусів.

Висновки

Визначено молекулярно-генетичний поліморфізм в різних за походженням 1RS.1BL транслокаціях і 1R заміщеній хромосомі жита, зокрема в лініях пшениці *H242/97-2*, *CWXs*, *H273/97*, *RavonMA1*, *Salmon*. Показано, що лінія *CWXs* за алельним станом локусів 1RS має рекомбінантну 1RS хромосому, яка містить як ділянки хромосоми від вихідної материнської *H242/97-2* так і батьківської лінії *H273/97*. За нашими дослідженнями зразок *Salmon* — визначився як гетерогенний.

Перелік літератури

1. Crespo-Herrera L. A., Garkava-Gustavsson L., Ahman I. A systematic review of rye (*Secale cereale* L.) as a source of resistance to pathogens and pests in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Hereditas*. 2017. Vol. 154, No 154. P. 14–23. doi: 10.1186/s41065-017-0033-5.
2. Devos K. M., Bryan G. J., Collins A. J., Stephens n P., Gale M. D. Application of two microsatellite

sequences in wheat storage proteins as molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics*. 1995. Vol. 90, No 2. P. 247–252.

3. Dhaliwal, A. S., and MacRitchie F. Contributions of protein fractions to dough handling properties of wheat-rye translocation cultivars. *J. Cereal Sci*. 1990. Vol. 12, No 2. P. 113–122. doi: 10.1016/S0733-5210(09)80093-3.
4. Doyle J. J., Doyle J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*. 1990. Vol. 12, No. 1. P. 13–15.
5. Graybosch R. A. Uneasy unions: Quality effects of rye chromatin transfers to wheat. *J. Cereal Sci*. 2001. Vol. 33, No. 1. P. 3–16. doi: 10.1006/jcrs.2000.0336.
6. Howell T., Hale I., Jankuloski L., Bonafede M., Gilbert M., Dubcovsky J. Mapping a region within the 1RS.1BL translocation in common wheat affecting grain yield and canopy water status. *Theoretical and Applied Genetics*. 2014. Vol. 127, No. 12. P. 695–2709. doi: 10.1007/s00122-014-2408-6.
7. Karki D., Wyant III W., Berzonsky W. A., Glover K. D. Investigating physiological and morphological mechanisms of drought tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.) lines with 1RS translocation. *Am J Plant Sci*. 2014. Vol. 5, No.13. P. 1936–1944. doi: 10.4236/ajps.2014.513207.
8. Kattermann G. Über konstante, halmbehaarte Stämme aus weizenroggenbastardierung mit 2n = 42 Chromosome. *MGG*. 1938. No. 74 — P. 354–375.
9. Khlestkina E. K., Than M. H. M., Pestsova E. G., Röder M. S., Malyshev S. V., Korzun V., Börner A. Mapping of 99 new microsatellite-derived loci in rye (*Secale cereale* L.) including 39 expressed sequence tags. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004. Vol. 109, No. 4. P. 725–732. doi: 10.1007/s00122-004-1659-z
10. Kofler R., Bartoš J., Gong L., Stift G., Suchánková P., Šimková H., Berenyi M., Burg K., Doležel J., Lelley T. Development of microsatellite markers specific for the short arm of rye (*Secale cereale* L.) chromosome 1. *Theoretical and Applied Genetics*. 2008. Vol. 117, No. 6. P. 915–926. doi: 10.1007/s00122-008-0831-2.
11. Kozub N. A., Sozinov I. A., Karelov A. V., Bidnyk H. Ya., Demianova N. A., Sozinova O. I., Blume Ya. B., Sozinov A. A. Studying recombination between the 1RS arms from the rye Petkus and Insave involved in the 1BL.1RS and 1AL.1RS translocations using storage protein loci as genetic markers. *Cytology and Genetics*. 2018. Vol. 52, No. 6. P. 440–447. doi: 10.3103/S0095452718060063.
12. Lein A. Introgression of a rye chromosome to wheat strains by Georg Riebesel — Salzmünde after 1926. *Proc. EUCARPIA Symp. on Triticale, Leningrad*. 1973. 158–167.
13. Lukaszewski A. J. Manipulation of the 1RS.1BL translocation in wheat by induced homoeologous recombination. *Crop Sci*. 2000. Vol. 40, No. 40. P. 216–225. doi: 10.2135/cropsci2000.401216x.
14. Mago R., Spielmeier W., Lawrence G. J., Lagudah E. S., Ellis J. G., Pryor A. Identification and mapping of molecular markers linked to rust resi-

- stance genes located on chromosome 1RS of rye using wheat-rye translocation lines. *Theoretical and Applied Genetics*. 2002. Vol.104, No. 8. P. 1317–1324. doi: 10.1007/s00122-002-0879-3.
15. Merker A., Forsstrom P. Isolation of mildew resistant wheat-rye translocation lines from a double substitution line. *Euphytica*. 2000. Vol. 15, No. 3. P. 167–172. doi: 10.1023/A:1004018500970.
 16. Rabinovich S. V. Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivar of *Triticum aestivum* L. *Euphytica*. 1998. Vol. 100, No. 1. P. 323–340.
 17. Röder M. S., Wendehake K., Korzun V., Bredemeier G., Laborie D., Bertrand L., Isaac P., Rendell S., Jackson J., Cooke R. J., Vosman B., Ganai M. W. Construction and analysis of a microsatellite-based database of European wheat varieties. *Theoretical and Applied Genetics*. 2002. Vol. 106, No. 1. P. 67–73. doi: 10.1007/s00122-002-1061-7.
 18. Röder M. S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M., Philippe L., and Ganai M. W. A microsatellite map of wheat. *Genetics*. 1998. Vol. 149, No. 4. P. 2007–2023.
 19. Saal B. and Wricke G. Development of simple sequence repeat markers in rye (*Secale cereale* L.) *Genome*. 1999. Vol. 42, No. 5. P. 964–972.
 20. Schlegel R. Current list of wheats with rye and alien introgression. 2016. Vol. 5–16, P. 1–18. URL: <http://www.rye-gene-map.de/rye-introgression>.
 21. Sebesta E. E., Wood E. A., Porter D. R., Webster J. A., Smith E. L. Registration of gaucho greenbug-resistant triticale germplasm. *Crop Sci*. 1994. Vol. 34, No. 5. P. 1428–1428.
 22. Tsunewaki K. Genetic studies of a 6x-derivative from an 8x Triticale. *Canad. J. Genet. Cytol.* 1964. Vol. 6, No. 1. P. 1–11.
 23. Vosman B., Cooke R., Ganai M., Peeters R., Isaac P., Bredemeijer G. Standardization and application of microsatellite markers for variety identification in tomato and wheat. *Acta Hort*. 2001. Vol. 546. P. 307–316.
 24. Weng Y., Azhaguvel P., Devkota R. N. and Rudd J. C. PCR-based markers for detection of different sources of 1AL.1RS and 1BL.1RS wheat-rye translocations in wheat background. *Plant Breeding*. 2007. Vol. 126, No. 5. P. 482–486. doi: 10.1111/j.1439-0523.2007.01331.x.
 25. Zarco-Hernandez J. A., Santiveri F., Michelena A., Javier Peña R. Durum wheat (*Triticum turgidum*, L.) carrying the 1BL/1RS chromosomal translocation: agronomic performance and quality characteristics under Mediterranean conditions. *Eur J. Agron*. 2005. Vol. 22, No. 1. P. 33–43. doi: 10.1016/j.eja.2003.12.001.

Представлено О. В. Дубровною
Надійшла 06.12.2018

POLYMORPHISM IN THE SHORT ARM OF 1R RYE CHROMOSOMES IN WHEAT LINES WITH 1RS.1BL TRANSLOCATION AND 1R(1B) SUBSTITUTION FROM DIFFERENT SOURCES

M. K. Toporash¹, I. I. Motsnyy², A. Börner³,
P. Sourdille⁴, S. V. Chebotar^{1,2}

¹ Odessa I.I. Mechnikov National University
Ukraine, 65082, Odessa, Dvoryanskaya str., 2

² Plant Breeding and Genetics Institute —
National Center of Seed and Cultivar Investigations
Ukraine, 65036, Odessa, Ovidiopol'skaya dor., 3

³ Leibniz Institute
of Plant Genetics and Crop Plant Research
Germany, D-06466, Gatersleben, Corrensstrasse, 3

⁴ UMR 1095 INRA-UBP Génétique,
Diversité & Ecophysiologie des Céréales
France, 63039, Clermont-Ferrand
Chemin de Beaulieu, 5
e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

Aim. The short arm of 1R rye (*Secale cereale* L.) chromosome is widely used in the breeding of bread wheat (*Triticum aestivum* L.), in particular 1RS.1BL, to introgress genes of resistance to leaf (*Lr26*), stem (*Sr31*), striped (*Yr9*) rusts, as well as powdery mildew (*Pm8*); 1RS.1AL carries *Gb2/Gb6* resistance genes to the wheat aphid (*Schizaphis graminum* Rondani), powdery mildew (*Pm17*), and the *Cmc4* resistance gene to the *Aceria tosichella* Koifer mite, which is a vector for spreading of wheat mosaic virus. **The aim** of the research is to reveal molecular genetic polymorphisms of short arm rye 1RS chromosomes of different origins in bread wheat lines with 1RS.1BL translocation or 1R(1B) substitution from different sources. **Methods.** Genetic polymorphism of lines was analyzed by using PCR with a number of rye and wheat microsatellite markers. **Results.** It was shown that the CWXs line has a recombinant 1RS arm that contains the chromosomes parts of 1RS of the parental lines H242/97-2 and H273/97, due to crossover event, which led to the recombination of marked loci. **Conclusions.** Molecular genetic polymorphism has been revealed in 1RS.1BL translocations and 1R substituted rye chromosomes of different origins in H242/97-2, CWXs, H273/97, PavonMA1, Salmon lines, as there are different alleles present at loci: *Xscm9*, *Xtsm422*, *Xgwm752*, *Xgwm18*, *Taglgap*.

Keywords: polymorphism, 1RS.1BL translocation, PCR analysis, microsatellites markers.