

**Анализ разнообразия фитопатогенов группы Soft Rot Pectobacteriaceae
методом геномного BOX-фингерпринтинга**

Научный руководитель – Мирошников Константин Анатольевич

Токмакова Анна Дмитриевна

Выпускник (бакалавр)

Московская государственная академия ветеринарной медицины и биотехнологии имени
К.И.Скрябина, Москва, Россия
E-mail: anna.zem@mail.ru

Одна из важнейших причин экономических потерь в сельском хозяйстве - заболевания растений, вызванные бактериальными фитопатогенами. В частности, картофеля, который является важной и неотъемлемой культурой для пищевой, технической и кормовой сфер.

Из-за бактериозов ежегодные потери урожая картофеля могут достигать до 30-50%, несмотря на многочисленные меры по обработке складов и соблюдение температурного режима при хранении и транспортировке. Значительный вклад вносят представители группы *Soft Rot Pectobacteriaceae* (SRP) - бактерии мягкой гнили. Бактерии этой категории признаны одними из наиболее вредоносных патогенов картофеля. В неё включены представители двух родов: *Pectobacterium* и *Dickeya*, оба из которых вызывают мягкую клубневую и стеблевую гниль картофеля.

Решением проблемы бактериозов может стать использование фаговых препаратов. Это не только сможет снизить ежегодный экономический ущерб, но и позволит обеспечить более длительное хранение картофеля на складах. Данный метод был неоднократно и успешно применен на полевых испытаниях, и доказал свою эффективность.

Однако, для SRP характерно огромное разнообразие штаммовых групп, а фаговые препараты требуют точной идентификации видового состава патогена. Из-за этого возникает необходимость в экспресс-диагностике.

Для оптимизации процесса определения таксономической принадлежности бактерий можно предложить использование одного из вариантов фингерпринтинга, а именно - BOX-PCR. Эта система позволит решить задачу геномного определения целевых патогенов, благодаря возможности определения бактерий на уровне штаммов. Последнее достигается вследствие уникального для каждого образца распределения амплифицированных фрагментов в геле.

Целью исследования была разработка системы дифференциации различных видов SRP на базе BOX-PCR и определение видоспецифичных паттернов распределения ПЦР продуктов BOX-фингерпринтинга для каждой группы.

В ходе работы был проведен анализ фингерпринтов более двух сотен штаммов бактерий, имеющих в лабораторной коллекции. Благодаря этому удалось определить паттерны размеров амплифицированных фрагментов ДНК для нескольких основных групп SRP, в частности для наиболее распространенных на территории РФ видов *P.versatile*, *P.carotovorum*, *P.polaris* и *D.solani*.

Резюмируя вышесказанное, представленный метод является подходящим для определения различных штаммов мягкогнилостных бактерий, а так же является более экономически выгодным и менее ресурсозатратным относительно секвенирования.