

## Молекулярные подходы в изучении структуры популяций *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*

Научный руководитель – Гульятеева Елена Ивановна

*Смирнова Регина Евгеньевна*

*Сотрудник*

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: regina.smirnovaa@yandex.ru*

Желтая ржавчина *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) – потенциально опасное заболевание пшеницы. Генетическая защита пшеницы – экологически безопасный метод борьбы. Для ее успешного применения необходима информация о структуре региональных популяций патогена. В отличие от *P. triticina* и *P. graminis*, лабораторный анализ возбудителя желтой ржавчины осложнен быстрой потерей жизнеспособности спор на сухих листьях пшеницы. Это лимитирует лабораторные фитопатологические исследования *Pst* во всем мире и обусловило широкое использование молекулярных методов. Микросателлитный анализ (simple sequence repeats, SSRs) получил наибольшее применение. Международный набор 20 SSR-маркеров подобран в Global Rust Research Centre (GRRC) [1]. Молекулярный анализ российских *Pst* популяций до настоящего времени не проводился. Цель данной работы: оценить эффективность международного набора для характеристики полиморфизма региональных российских популяций *Pst* по микросателлитным локусам.

Материалом исследований служили урединиоспоры монопустульных изолятов, выделенные из образцов популяций из Дагестана, Калмыкии, Краснодарского края и Ленинградской обл. в 2022 г. Выделение ДНК из спорового материала гриба выполнено по методике, описанной А. Justesen и соавторами [2]. В ПЦР анализе использовали 20 микросателлитных маркеров, подобранных в GRRC. Прямые праймеры данных маркеров были помечены флуоресцентными красителями. ПЦР проводили в амплификаторе C1000 BioRad. Генетический анализатор ABI Prism 3500XL (Applied Biosystems) использован для разделения аллелей.

Шесть локусов (RYN3, RYN9, RYN12, WU6, RJO21, RJO24) оказались мономорфными. По три аллели определено в локусах RYN13 и RJO27 и по две в остальных изученных. Всего в SSR анализе определено 20 мультилокусных генотипов (MGs). Дагестанская и северо-западная популяции были представлены одиннадцатью MGs, краснодарская – тремя MGs, калмыцкая – одним MG. Общие MGs отмечены в дагестанской, краснодарской и северо-западной коллекциях (MG\_1); в дагестанской, калмыцкой и северо-западной (MG\_2); в дагестанской и краснодарской (MG\_3, MG\_4). Показатели внутрипопуляционного разнообразия по микросателлитным локусам (среднее число аллелей на локус и число полиморфных аллелей) были близкими для всех проанализированных *Pst* коллекций (дагестанской, Краснодарской, калмыцкой и ленинградской). Значительные отклонения от равновесия Харди-Вайнберга отмечены для большинства локусов. Наблюдаемая гетерозиготность была выше ожидаемой. Коэффициент инбридинга имел отрицательные значения, что указывает на клональное происхождение популяций и отсутствие половой стадии на промежуточном растении-хозяине. Согласно индексу *Fst* региональные коллекции умеренно дифференцировались между собой по микросателлитам, за исключением дагестанской и калмыцкой ( $Fst = 0.12$ ,  $P = 0.05$ ).

Проведенные исследования показали высокую эффективность микросателлитного анализа в оценке полиморфизма популяций возбудителя желтой ржавчины пшеницы в России.

*Исследования выполнены в рамках проекта РНФ № 19-76-30005.*

### **Источники и литература**

- 1) Ali S., Khan M.R., Gautier A., Swati Z.A., Walter, S. Microsatellite genotyping of the wheat yellow rust pathogen *Puccinia striiformis* // In: Periyannan S. (ed.). Wheat Rust Diseases: Methods and Protocols. Methods in Molecular Biology. Humana Press, New York, NY. 2017. V. 1659. P. 59–70.
- 2) Justesen A.F., Ridoutb C.J., Hovmøller M.S. The recent history of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* in Denmark as revealed by disease incidence and AFLP markers // Plant Pathology. 2002. V. 51. No. 1. P. 13–23.