

## Полиморфизм RXLR эффекторов в линиях возбудителя фитофтороза картофеля *Phytophthora infestans*

Научный руководитель – Мартынов Виктор Викторович

*Чижик Вера Константиновна*

Аспирант

Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия  
E-mail: [chizhikvera@bk.ru](mailto:chizhikvera@bk.ru)

Фитофтороз, возбудителем которого является оомицет *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, представляет собой одно из экономически наиболее важных заболеваний картофеля. При создании новых сортов картофеля с высокой устойчивостью к фитофторозу необходимо получение знаний о взаимодействии полигенной системы защиты растения с детерминантами патогенности *P. infestans*, к которым относятся гены вирулентности (*Avr* гены), кодирующие белки эффекторы. Эффекторы - это молекулы, продуцируемые и секретируемые патогенами для подавления защитных реакций растения. К наиболее изученным и многочисленным эффекторам *P. infestans* относятся цитоплазматические RXLR эффекторы [1]. Определение состава генов вирулентности, определяющих вредоносность патотипов *P. infestans*, позволяет исследовать механизмы быстрой эволюции патогена, приводящей к эпифитотическому развитию болезни. В практическом отношении раннее определение состава *Avr* генов в фитоценозе может сделать более эффективным применение химических средств защиты картофеля.

Материалом для исследования послужили 20 линий *P. infestans*, собранных с гибридов картофеля в полевой коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова в августе 2015 г. (Пушкин). Также было проанализировано 7 линий *P. infestans*, собранных в 2015 г. на территории США и Европы, которые были любезно предоставлены нам проф. Д. Куком (D.E.L. Cooke, The John Hutton Institute, Dundee, UK).

Из образцов выделяли тотальную ДНК, амплифицировали ее со специфическими праймерами и полученные ампликоны подвергали SSCP (single-strand conformation polymorphism) анализу. SSCP позволяет быстро анализировать полиморфизм нуклеотидных последовательностей у большого числа образцов, не прибегая к их клонированию и секвенированию. Метод основан на способности коротких одноцепочечных фрагментов ДНК в результате самокомплементарности образовывать различные конформации, которые отличаются по своей электрофоретической подвижности в неденатурирующем полиакриламидном геле. В результате был получен набор зон (паттерн), характеризующий определенный *Avr* ген. Полиморфные зоны электрофоретической подвижности вырезали из геля, элюировали, а затем клонировали и секвенировали.

Таким образом, нами был изучен полиморфизм десяти *Avr* генов *P. infestans*: *Avr1*, *Avr2*, *Avr3a*, *Avr3b*, *Avr4*, *Avr8*, *Avr9a*, *Avr-blb1*, *Avr-blb2* и *Avr-vnt1*, широко распространенных в популяции данного патогена. Наибольшим полиморфизмом обладали гены *Avr2*, *Avr3a* и *Avr9a*, в то время как *Avr3b*, *Avr4* и *Avr8* оказались мономорфными. Были выявлены аллельные варианты, характерные для восточноевропейской популяции *P. infestans*, и изучено распределение этих аллельных вариантов в исследованных линиях.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ № 18-016-00144а.

**Источники и литература**

- 1) Raffaele S., Kamoun S. Genome evolution in filamentous plant pathogens: why bigger can be better // Nature Reviews Microbiology. 2012. V. 10. № 6. P. 417-430.