

Полиморфизм Avr генов в монозооспоровых линиях *Phytophthora infestans*, колонизирующих картофель в полевой коллекции ВИР

Научный руководитель – Мартынов Виктор Викторович

Чижик В.К.¹, Соколова Е.А.¹

1 - Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия

Фитофтороз, возбудителем которого является оомицет *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, представляет собой серьезную проблему картофелеводства. Для понимания механизмов эволюции патогена и поиска способов борьбы с ним необходимо изучение генетического полиморфизма штаммов патогена. SSR (Single Sequence Repeats) маркеры, широко применяемые для оценки полиморфизма генома *P. infestans*, не связаны с такой функциональной характеристикой штаммов как состав генов вирулентности [1]. Гены вирулентности (*Avr* гены) кодируют белки-эффекторы, обеспечивающие преодоление защитной системы растения-хозяина [2]. Поэтому практический интерес представляет изучение полиморфизма именно этих участков генома.

Материалом для исследования послужили 20 монозооспоровых линий *P. infestans*, выделенных во ВНИИ фитопатологии из изолятов, собранных на пораженных фитофторозом листьях картофеля в полевой коллекции Всероссийского института генетических ресурсов растений (ВИР) в Пушкине, С. Петербург в августе 2015 г. [1]. *Avr* гены амплифицировали из тотальной ДНК линий и затем клонировали и секвенировали - или сначала подвергали SSCP (Single-Strand Conformation Polymorphism) анализу [3], а затем клонировали ДНК из отдельных электрофоретических зон. По данным SSCP анализа гены *Avr4* и *ipiO2* оказались мономорфными, для генов *Avr1*, *Avr2*, *Avr3a*, *AvrSm1* (*Avr9*) и *ipiO1* был выявлен полиморфизм зон, представленный в виде характерных паттернов. Удалось выявить связь полиморфизма генов *Avr3a* и *Avr9* с полиморфизмом штаммов *P. infestans* по данным SSR анализа. Несколько монозооспоровых линий, выделенных из одного изолята, отличались по аллельному составу.

Таким образом, при помощи SSCP анализа и секвенирования было показано, что в пределах одной популяции *P. infestans* *Avr* гены обнаруживают заметный структурный полиморфизм.

Работа поддержана грантом РФФИ № 18-016-00144а.

Источники и литература

- 1) Sokolova E.A., Kuznetsova M.A., Ulanova T.I., Rogozhin A.N., Smetanina T.I., Demidova V.N., Beketova M.P., Malyuchenko O.P., Alekseev Ya.I., Rogozina E.V., Khavkin E.E. Pathogenicity of *P. infestans* strains vs. resistance of colonized potato hybrids: can we understand pathogen-host adaptation by appraising the profiles of Avr genes vs. R gene pyramids? // In: Schepers H.T.A.M. (ed.). PAGV-Special Report. Wageningen, DLO Foundation. 2017. No. 18. P. 259-267.
- 2) Vleeshouwers V.G.A.A., Raffaele S., Vossen J., Champouret N., Oliva R., Segretin M.E., Rietman H., Cano L.M., Lokossou A., Kessel G., Pel M.A., Kamoun S. Understanding and exploiting late blight resistance in the age of effectors // Annual Review of Phytopathology. 2011. V. 49. P. 507-531.
- 3) Orita M., Iwahana H., Kanazawa H., Hayashi K., Sekiya T. Detection of polymorphism of human DNA by gel electrophoresis as single-strand conformation polymorphisms // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1989. V. 86. P. 2766-2770.