

СТРУКТУРА РОССИЙСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ ВОЗБУДИТЕЛЯ БУРОЙ РЖАВЧИНЫ ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ МАРКЕРАМ

Гультяева Е.И., Аристова М.К., Шайдаюк Е.Л., Казарцев И.А.

ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений»,
Санкт-Петербург, Россия

В результате анализа вирулентности, проводимого в ВИЗР в 2002-2015 гг., охарактеризована структура популяций возбудителя бурой ржавчины пшеницы в основных зернопроизводящих регионах России. Показана дифференциация между азиатскими (уральские, западносибирские), европейскими (центрально-европейские, северо-западные, волжские) и кавказскими (дагестанские) популяциями *Puccinia triticina* Erikss. (Гультяева, Баранова, 2010; Гультяева и др., 2015). Цель данного исследования охарактеризовать структуру популяций *P. triticina* на территории России по микросателлитным локусам и уточнить наличие или отсутствие дифференцированных географических популяций.

Материалом исследования служили монопустульные изоляты гриба *P. triticina*, полученные из листьев пшеницы, собранных в Северо-Кавказском, Центральном-Черноземном, Центральном, Северо-Западном, Волго-Вятском, Средневожском, Уральском, Западносибирском регионах РФ и Казахстане в 2006-2015 гг. Все изоляты охарактеризованы по признаку вирулентности на 20 почти моногенных *TcLr*-линиях.

Для SSR-анализа использовали 18 микросателлитных маркеров (PtSSR13, 50, 55, 61, 68, 76, 91, 92, 151, 152, 158, 161, 164, 173, 186 (Szabo, Kolmer, 2007), RB8, 26, 35 (Duan et al., 2003). Фрагментный анализ выполнен на генетическом анализаторе ABI3500. Определение размеров SSR-аллелей осуществляли в программе GeneMapper v4.1. Статистическая обработка выполнена с помощью пакета программ GeneAIEx.

226 изученных изолятов были представлены 65 фенотипами вирулентности, из них 18 встречались в двух и более регионах. С использованием 18 микросателлитных маркеров определено 69 генотипов, из них 31 отмечен в двух и более регионах. Среди 28 волжских изолятов выявлено 18 SSR-генотипов, среди 53 центрально-европейских – 22, среди 32 северо-западных – 13, среди 31 западносибирского – 16, среди 20 уральских – 9, среди 18 казахстанских – 10, среди 40 северокавказских – 24 (из них, среди 24 дагестанских (СК_Д) – 16, среди 16 краснодарских и ставропольских (СК_СтКр) – 11). Всего идентифицировано 48 полиморфных аллелей. Для всех популяций уровень наблюдаемой гетерозиготности (H_o) был выше ожидаемой (H_e). Число аллелей на локус (N_a) варьировало от 2 до 4; среднее значение (N_a) составило 2.1 ± 0.06 . Число эффективных аллелей (N_e) незначительно колебалось между популяциями (от 1,44 до 1,62). Согласно индексам генетических дистанций Нея (N) и F_{st} выявлено высокое сходство по микросателлитным локусам между образцами западносибирских, уральских и казахстанских популяций, а также между образцами волжских, центрально-европейских и северо-западных. При этом эти две группы существенно различались между собой. Образцы северокавказских популяций СК_Д и СК_СтКр характеризовались высоким сходством между собой ($N=0.01$, $F_{st}=0.02$). При этом популяция СК_Д имела более высокие различия с волжскими ($N=0.04$, $F_{st}=0.08$), центрально-европейскими ($N=0.06$, $F_{st}=0.12$) и северо-западными ($N=0.07$, $F_{st}=0.14$), по сравнению с СК_СтКр ($N=0.01$, $F_{st}=0.02$; $N=0.03$, $F_{st}=0.06$; $N=0.04$, $F_{st}=0.08$ соответственно).

В целом, результаты проведенных исследований популяций *P. triticina* по полиморфизму микросателлитных последовательностей подтверждают географическую дифференциацию российских популяций. Полученные сведения согласуются с ранее выдвинутым Л.А. Михаловой (1996) предположением о существовании на территории РФ европейской, азиатской и кавказской популяций возбудителя бурой ржавчины пшеницы. Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ №14-04-00464а.