

# ХАРАКТЕРИСТИКА ПОЛИМОРФИЗМА СЕВЕРО-ЗАПАДНОЙ И СЕВЕРОКАВКАЗСКОЙ ПОПУЛЯЦИЙ *PUCCINIA STRIIFORMIS* F. SP. *TRITICI* ПО ПРИЗНАКУ ВИРУЛЕНТНОСТИ И МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ЛОКУСАМ

Р.Е. Смирнова, Е.Л. Шайдаюк, Е.И. Гультеяева

Желтая ржавчина (возбудитель – *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. **Цель исследований** – охарактеризовать полиморфизм российских популяций *Pst*, собранных в 2022 г. в Северо-Кавказском и Северо-Западном регионах по признаку вирулентности и микросателлитным локусам.

**Анализ вирулентности.** Устойчивость ко всем изолятам показали линии с генами *Yr5*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr24*, *Yr26* и сорта *Moro* (*Yr10*, *YrMor*) и *Nord Desprez* (*Yr3*, *YrND*, *Yr+*). В дагестанской и краснодарской популяциях впервые выделены изоляты, вирулентные к линии *AvYr17*. В северо-западной популяции, как и в предыдущие годы, они были представлены умеренно (13%). Существенное варьирование наблюдали на линиях и сортах с генами *Yr1* и *Yr3*.

74 изученных изолята были представлены 28 фенотипами (расами) (табл. 1). Общий фенотип отмечен в трех северокавказских образцах *Pst*. Большинство фенотипов арактеризовались высоким сходством, за исключением трех дагестанских фенотипов с наименьшим числом аллелей вирулентности (рис.1).

**SSR-анализ.** Шесть локусов (RYN3, RYN9, RYN12, WU6, RJO21, RJO24) оказались мономорфными. Значительные отклонения от равновесия Харди-Вайнберга отмечены для большинства локусов. Наблюдаемая гетерозиготность превышала ожидаемую, что указывает клональное происхождение популяций. Изученная коллекция представлена 20 молекулярными генотипами (MGs) (табл. 1). Оценили генетические дистанции между MGs. На многомерной диаграмме они подразделились в 4 группы. Основная группа включала 80% MGs. Один дагестанский MG, два северо-западных MG и общий для дагестанской и краснодарской коллекций MG\_3 значительно отличались от основной группы и различались между собой (рис. 2).

**Выявлена умеренная корреляция результатов анализа вирулентности и SSR ( $r=0.6$ ), что высокую эффективность обоих анализов для оценки генетического полиморфизма популяций *Pst*.**

Таблица 1| Показатели внутрипопуляционного генетического разнообразия популяций *Puccinia striiformis* по признаку вирулентности и микросателлитным локусам в 2022 г.

Показатель	Д	К	Кр	СЗ
<b>Анализ вирулентности</b>				
Число изолятов	29	5	10	30
Число фенотипов	15	2	2	11
Частота доминантного фенотипа, %	14	80	70	27
Среднее число аллелей вирулентности	14.5	16.2	17.8	12.8
<b>Индексы внутрипопуляционного генетического разнообразия:</b>				
Индекс Нея, <i>Hs</i>	0.21	0.03	0.02	0.18
Индекс Шеннона, <i>Sh</i>	0.79	0.31	0.35	0.66
Индекс Космана, <i>Kw</i>	0.29	0.04	0.03	0.26
<b>Доминирующие фенотипы и их представленность (%)</b>				
№1	7	20	30	0
№2	0	0	70	0
<b>SSR-анализ</b>				
Число изолятов	29	5	10	30
Число мультилокусных генотипов (MG)	11	1	3	11
Частота доминантного MG	27	100	40	17
Среднее число аллелей на локус ( <i>Na</i> )	1.4	1.4	1.6	1.6
Число эффективных аллелей ( <i>Ne</i> )	1.4	1.4	1.4	1.4
Наблюдаемая гетерозиготность ( <i>Ho</i> )	0.34	0.34	0.37	0.32
Ожидаемая гетерозиготность ( <i>He</i> )	0.18	0.2	0.24	0.21
Коэффициент инбридинга ( <i>Fis</i> )	-0.41	-0.41	-0.52	-0.42
Процент полиморфных локусов	61	35	57	61
<b>Доминирующие MG и их представленность (%)</b>				
MG_1	7	0	30	9
MG_2	14	100	0	9
MG_3	7	0	40	0
MG_4	3	0	30	0
MG_5	28	0	0	0
MG_6	0	0	0	17

СК – Северный Кавказ; Д – Дагестан, Кр – Краснодарский край, К – Калмыкия.

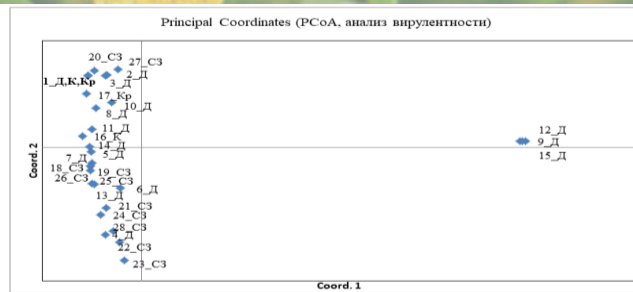


Рис. 1. Генетические расстояния между фенотипами вирулентности *Puccinia striiformis* в 2022 г. (индекс *Fst*).  
Д – Дагестан, Кр – Краснодар, СЗ – Северо-Запад, Ленинградская обл.

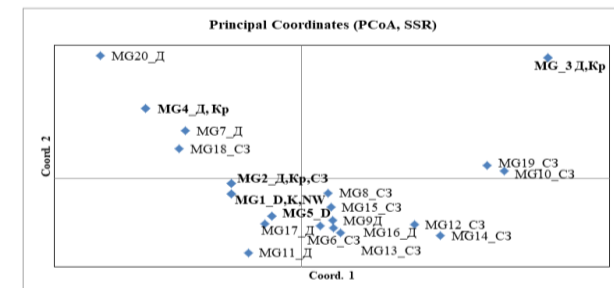


Рис. 2. Генетические расстояния между молекулярными генотипами *Puccinia striiformis* в 2022 г. по SSR-анализу (индекс *Fst*).