



**Молекулярная
дифференциация изолятов
Phytophthora infestans
методом RAPD ПЦР**

**Магистерская диссертация
Викторовича В.Н.
Научный руководитель:
д. б. н., профессор
Евтушенков А.Н.**





Целями данной работы были:

- молекулярная дифференциация природных изолятов *P. infestans* методом RAPD ПЦР
- Расчёт коэффициентов генетического сходства между различными штаммами патогена





Phytophthora infestans – экономически значимый патоген

картофеля во всём мире

- Оомицет *P. infestans* является патогеном, вызывающим фитофтороз растений семейства паслёновых; его считают одним из наиболее важных патогенов картофеля во всём мире. Патоген отличается способностью быстро уничтожать целые поля томатов и картофеля.**





Генетический полиморфизм *Phytophthora infestans*

- Изучение генетического полиморфизма *P. infestans* имеет важное прикладное значение, поскольку определение различных генетических особенностей патогена на той или иной территории позволяет выбрать наиболее оптимальный метод контроля заболевания, а также спрогнозировать его распространение





Методы, применяемые в изучении генетического полиморфизма *P. infestans*

- AFLP анализ
- RAPD анализ
- RFLP анализ
- Изучение гаплотипов митохондриальной ДНК





Штаммы микроорганизмов, использованных в работе

- В работе были использованы следующие штаммы; *P. infestans* 3/032, 3/033, ДК1, ДаСК4 11.01, ДаСК4 26.01, ЗарСК1. Штаммы любезно предоставлены научно-исследовательским институтом картофелеводства НАНБ.





Методы, использованные в работе

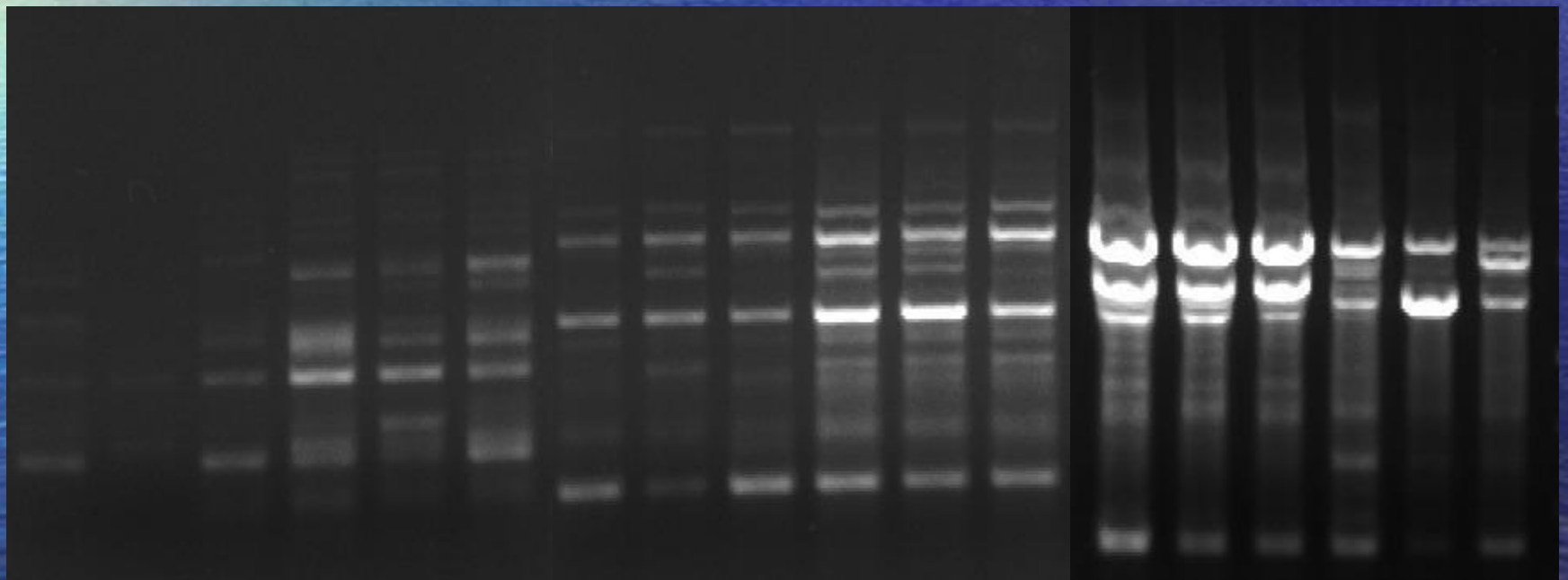


- Выделение тотальной ДНК из *P. infestans*
- Электрофорез молекулярной ДНК в агарозном геле
- Полимеразная цепная реакция (RAPD анализ)





RAPD – паттерны штаммов *P. infestans*, полученные с праймерами С12 (А), С13(Б), С5(В)





А



Б



В

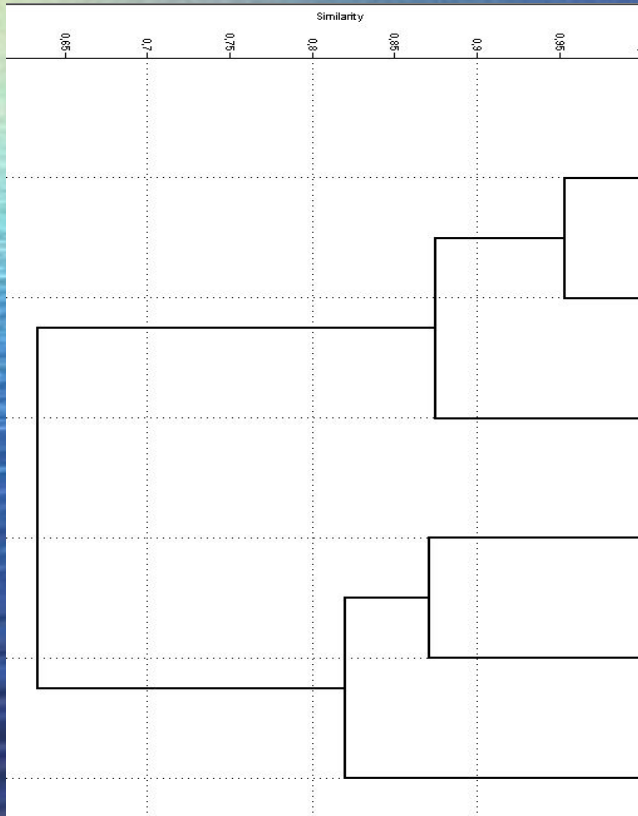

**Коэффициенты генетического сходства,,
 (нижний треугольник) и количество
 полиморфных фрагментов (верхний
 треугольник) между
 проанализированными штаммами *P.
 infestans***


	3/032	3/033	ДК1	ДаСК4 11.01	ДаСК4 26.01	ЗарСК1
3/032	1,000000	7	6	23	18	20
3/033	0,837209	1,000000	9	20	19	19
ДК1	0,869565	0,800000	1,000000	19	18	18
ДаСК4 11.1	0,566038	0,615385	0,654545	1,000000	7	3
ДаСК4 26.01	0,640000	0,612245	0,653846	0,881356	1,000000	8
ЗарСК1	0,629630	0,641509	0,678571	0,952381	0,866667	1,000000





Дендрограмма, отражающая филогенетические отношения между штаммами *P. infestans*



ДаСК4 11. 01

ЗарСК1

ДаСК4 26.01

ДК1

3/032

3/033





Выводы, сделанные в работе

- Компьютерная программа PAST при изучении филогенетического родства штаммов *P. infestans* позволяет получать корректные данные, которые подтверждаются данными географического распределения.
- Проанализированные штаммы *P. infestans* характеризуются высоким уровнем генетического полиморфизма (27,2 – 93,9 %), а также обнаруживают достаточно высокую генетическую разнородность (коэффициенты генетического сходства варьируют от 0,566038 - 0,881356).
- На основании коэффициентов генетического сходства, и построенной дендрограммы штаммы можно разделить на две группы, в группу 1 включены штаммы *P. infestans* 3/032, 3/033, ДК1; в группу 2 штаммы ДаСК4 11. 01, ЗарСК1, ДаСК4 26.01.





**Спасибо
за
внимание!**

