

PR-104**ПОИСК ОТЛИЧИТЕЛЬНЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИК ВОЗБУДИТЕЛЯ
БАКТЕРИАЛЬНОЙ ПЯТНИСТОСТИ ЦВЕТНОЙ КАПУСТЫ *PSEUDOMONAS SYRINGAE*
PV. *MACULICOLA* (MCCULLOCH) YOUNG ET AL.
ОТ ДРУГИХ ПАТОВАРОВ ВИДА**

Приходько С. И., Яремко А. Б., Корнев К. П., Старикова Е. В.
*Всероссийский центр карантина растений (ФГБУ «ВНИИКР»),
140150, Россия, Москва, р-н Быково, ул. Пограничная, 32
E-mail: svetlana.prik@yandex.ru*

Pseudomonas syringae pv. *maculicola* поражает растения сем. Капустные и является причиной спорадических эпифитотий бактериальной пятнистости в посевах различных крестоцветных культур во всем мире. При проведении диагностики в лаборатории особый интерес представляет необходимость отличить патовар *maculicola* от *tomato*. Так как данные бактерии могут одновременно присутствовать на растениях и вызывать бактериоз¹. Известно, что *P. cannabina* pv. *alisalensis* (ранее *P. syringae* pv. *alisalensis*) имеет довольно широкий круг растений-хозяев, включая крестоцветные, и была изолирована из растений с симптомами пятнистости во время вспышки на полях крестоцветных культур в США². Ареалы хозяев *P. s.* pv. *maculicola* и *P. s.* pv. *alisalensis* также совпадают, что может привести к путанице в определении возбудителя только классическими и биохимическими методами. На сегодня по патогенезу и кругу поражаемых растений вид *P. syringae* разделяют на несколько десятков патоваров, а на основе гомологии ДНК выделяют девять геномовидов³.

Мы провели поиск предположительной мишени с целью разработки специфичных генетических маркеров для идентификации *P. s.* pv. *maculicola* путем анализа аннотированных белков, соответствующих 293 общедоступным геномным сборкам некоторых патоваров вида *P. syringae* (включая 12 штаммов патовара *P. s.* pv. *maculicola*), а также 43 геномным сборкам близкородственных видов *P. cannabina* и *P. savastanoi*. Наборы аннотированных белковых последовательностей для каждой из геномныхборок были загружены из NCBI RefSeq.

В ходе анализа белковых последовательностей различных патоваров бактерии вида *P. syringae* было отобрано 12 белковых кластеров, содержащих наибольшее количество белковых последовательностей патовара *P. s.* pv. *maculicola*. При анализе результатов выравнивания последовательностей этих кластеров было установлено высокое сходство большинства анализируемых последовательностей с последовательностями патовара *P. s.* pv. *alisalensis*, а также некорректность аннотации последовательностей патоваров использованных геномныхборок, депонированных в NCBI RefSeq. В связи с высокой гетерогенностью вида *P. syringae* остается открытым вопрос о разработке высокоспецифичного ПЦР-теста, позволяющего идентифицировать *P. s.* pv. *maculicola*.

Библиографический список

1. Gironde S., Manceau C. Housekeeping Gene Sequencing and Multilocus Variable-Number Tandem-Repeat Analysis to Identify Subpopulations within *Pseudomonas syringae* pv. *maculicola* and *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* that correlate with host specificity/ S. Gironde, Manceau C. // Applied and Environmental Microbiology. – 2012. – V. 78 (9) – P. 3266-3279
2. Bull C.T., du Toit L.J. First report of bacterial blight on conventionally and organically grown arugula in Nevada caused by *Pseudomonas syringae* pv. *alisalensis*/ C.T. Bull, L.J. du Toit // Plant Dis. V.93. – 2009. – p. 109.
3. Ilicic R., Balaz J., Stojšin V., Bagi F., Pivic R., Stanojkovic-Sebic A., Josic D. Molecular characterization of *Pseudomonas syringae* pvs. from different host plants by repetitive sequence-based PCR and multiplex-PCR/ R. Ilicic, J. Balaz, V. Stojšin, F. R. Bagi, Pivic, A. Stanojkovic-Sebic, D. Josic // Zemdirbyste-Agriculture. – 2016. – Vol. 103 (2). – P. 199-206