

Балахметова А.Т., магистр технических наук, **основной автор**, <https://orcid.org/0000-0001-9916-4117>

НАО "Северо-Казахстанский университет имени Манаша Козыбаева", г. Петропавловск, ул. Пушкина 86, 150000, Казахстан, balakhmetova.ainura@mail.ru

Конкарова М.Б., магистр сельскохозяйственных наук, <https://orcid.org/0009-0008-1351-674X>

НАО "Северо-Казахстанский университет имени Манаша Козыбаева", г. Петропавловск, ул. Пушкина 86, 150000, Казахстан, konkarova_madina@mail.ru

Байсеит Г.А., магистр технических наук, <https://orcid.org/0000-0002-9744-3179>

НАО "Северо-Казахстанский университет имени Манаша Козыбаева", г. Петропавловск, ул. Пушкина 86, 150000, Казахстан, Gul_94@bk.ru

Balakhmetova A.T., Master of Technical Sciences, **the main author**, <https://orcid.org/0000-0001-9916-4117>

NJSC "Manash Kozybayev North Kazakhstan university", Petropavlovsk, st.Pushkina 86, 150000, Kazakhstan, balakhmetova.ainura@mail.ru

Konkarova M.B., Master of Agricultural Sciences, <https://orcid.org/0009-0008-1351-674X>

NJSC "Manash Kozybayev North Kazakhstan university", Petropavlovsk, st.Pushkina 86, 150000, Kazakhstan, konkarova_madina@mail.ru

Bayseit G.A., Master of Technical Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-9744-3179>

NJSC "Manash Kozybayev North Kazakhstan university", Petropavlovsk, st.Pushkina 86, 150000, Kazakhstan, Gul_94@bk.ru

**ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ И МОЛЕКУЛЯРНАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ
PHYTOPHTHORA INFESTANS - ВОЗБУДИТЕЛЯ ФИТОФТОРОЗА КАРТОФЕЛЯ В
СЕВЕРНОМ КАЗАХСТАНЕ: ПОПУЛЯЦИОННАЯ СТРУКТУРА И МЕТОДЫ
УПРАВЛЕНИЯ**

**PHYLOGENETIC ANALYSIS AND MOLECULAR IDENTIFICATION OF PHYTOPHTHORA
INFESTANS, THE CAUSATIVE AGENT OF POTATO BLIGHT IN NORTHERN
KAZAKHSTAN: POPULATION STRUCTURE AND MANAGEMENT METHODS**

АННОТАЦИЯ

В настоящей работе представлено комплексное исследование популяционной структуры *Phytophthora infestans* - возбудителя фитофтороза картофеля, одного из самых разрушительных фитопатогенов, ответственного за ирландский картофельный голод и ежегодные потери до 15 % мирового урожая при прохладных и влажных условиях. Цель исследования - оценить генетическое разнообразие локальных изолятов и установить их филогенетические связи для обоснования селекционных и фитосанитарных мероприятий в Северном Казахстане.

Материалы исследования включали случайно отобранные образцы поражённых листьев и клубней картофеля из различных агроэкологических зон региона. Морфологическая идентификация *P. infestans* проводилась на питательных средах различной текстуры с подробным описанием характеристик мицелия и спорангиев размером 14,94 – 47,89 × 10,44 – 23,67 мкм по методике DUS. Молекулярная идентификация включала экстракцию ДНК методом СТАВ, амплификацию ITS и соx1-маркёров, секвенирование продуктов и сравнение полученных последовательностей с базой GenBank через BLAST.

Филогенетический анализ выполняли после выравнивания в ClustalW: в MEGA 11 строили деревья методами Neighbor-Joining с коррекцией по Пуассону и Maximum Likelihood; надёжность узлов оценивалась 1000-кратным бутстрэппингом (> 90 %) . Результаты показали формирование нескольких чётко дифференцированных клад, отражающих внутривидовую изменчивость и родство с европейскими и азиатскими популяциями, что указывает на миграционно-адаптационные процессы.

Практическая значимость работы заключается в обосновании маркерно-ассистированного отбора устойчивых сортов картофеля и организации эпидемиологического мониторинга *P. infestans* для своевременного выявления агрессивных штаммов. Полученные данные могут быть использованы при разработке интегрированных систем защиты растений, корректировке фитосанитарных протоколов и повышении устойчивости агроценозов Северо-Казахстанской области.

ANNOTATION

In the present study, a comprehensive investigation of the population structure of *Phytophthora infestans* - the causal agent of potato late blight, one of the most destructive phytopathogens responsible for the Irish potato famine and annual yield losses of up to 15 % under cool, humid conditions - is presented. The objective was to assess the genetic diversity of local isolates and to establish their phylogenetic relationships to support breeding and phytosanitary measures in Northern Kazakhstan.

Research materials consisted of symptomatic potato leaf and tuber samples randomly collected from various agro-ecological zones of the region. Morphological identification of *P. infestans* was performed on nutrient media of differing texture, with detailed characterization of mycelial morphology and sporangium dimensions (14.94-47.89 × 10.44-23.67 μm) according to DUS guidelines. Molecular identification involved CTAB-based DNA extraction, PCR amplification of ITS and cox1 markers, sequencing of the resulting amplicons, and comparison of sequences with GenBank entries via BLAST. Phylogenetic analysis was carried out after sequence alignment in ClustalW: phylogenetic trees were constructed in MEGA 11 using the Neighbor-Joining method with Poisson correction and Maximum Likelihood; node support was assessed by 1000-replicate bootstrap (> 90 %).

The results revealed the formation of several clearly differentiated clades reflecting intrapopulation variability and relatedness to European and Asian populations, indicating migration-adaptation processes. The practical significance of this work lies in justifying marker-assisted selection of resistant potato cultivars and establishing an epidemiological monitoring system for *P. infestans* to enable timely detection of aggressive strains. The obtained data can be used to develop integrated plant protection systems, adjust phytosanitary protocols, and enhance the resilience of agrocenoses in the North Kazakhstan region.

Ключевые слова: *Phytophthora infestans*, фитофтороз картофеля, филогенетический анализ, Северный Казахстан, идентификация заболеваний; маркеры на основе ПЦР.

Keywords: *Phytophthora infestans*, potato late blight, phylogenetic analysis, North Kazakhstan, disease identification; PCR-based markers.

Введение. Возбудитель фитофтороза картофеля, *Phytophthora infestans*, является одним из самых разрушительных фитопатогенов во всем мире. Этот патоген хорошо известен как виновник ирландского картофельного голода 150 лет назад и до сих пор остается серьезной проблемой для мировой продовольственной безопасности. Картофель и томаты являются основными растениями – хозяевами патогена *P. infestans*, и при наличии идеальных условий для роста (надлежащей температуры, относительной влажности) растения, и, в частности, клубни очень быстро гниют. Фитофтороз — заболевание, характеризующееся темными угловатыми поражениями на листьях, стеблях и клубнях картофеля и томатов — быстро распространяется в прохладную, влажную погоду, поэтому с ними очень тяжело бороться во время урожая, после того как патоген укоренился. Таким образом, *P. infestans* — это глобально значимый патоген, который способен вызывать большие потери урожая картофеля, ежегодно из-за этой болезни теряется до 15% от общего мирового урожая картофеля. Стратегии борьбы, основанные на фунгицидах и устойчивых сортах картофеля, постоянно обновляются, однако высокая генетическая изменчивость патогена и его адаптивность часто способствуют снижению устойчивости, что со временем снижает эффективность этих мер.

Северный Казахстан имеет большое продовольственное и сельскохозяйственное значение для производства картофеля, составляющего одну треть всего урожая в данном регионе. Тем не менее, прохладные, влажные вегетационные сезоны этой области были благоприятными для быстрого распространения *P. infestans*. Фитофтороз является основным экономическим ограничением в сельском хозяйстве, вызывает серьезные потери урожая и увеличивает производственные затраты из-за повторного применения фунгицидов для эффективного контроля. Таким образом, изучение структуры местной популяции патогена и способность разрабатывать эффективные стратегии контроля штаммов *P. infestans* в Северном Казахстане основана на четком понимании структуры местной популяции.

Одним из важнейших открытий в истории исследований *Phytophthora infestans*, является то, что этот патоген обладает большой приспособляемостью и изменчивостью, что делает его одной из самых больших проблем, с которыми приходится

сталкиваться при борьбе с сельскохозяйственными вредителями. Бентам и др. (2024) предлагает ключевые биологические идеи биологии *P. infestans*, в основном касающиеся их эффекторных белков и, в частности, тех эффекторов с мотивом RxLR, которые сыграли важную роль

в том, чтобы позволить им изменять ткани хозяина для облегчения заражения. В частности, их исследование показало, что патоген *P. infestans* использовал эти эффекторы для подавления иммунной системы хозяина и защиты себя, а также для содействия прогрессированию заболевания [1].

Из них было обнаружено, что домен WY эффектора RxLR Pi04314 опосредует взаимодействие с фосфатазой белка хозяина (PP1c), что было протестировано Бентамом и коллегами. Эти данные свидетельствуют о том, что бактерия может манипулировать компонентами своих клеточных хозяев, имитируя регуляторные белки, демонстрируя пример того, как этот патоген стратегически взаимодействует со средой хозяина, и расширяет наше понимание его глобальных механизмов заражения. Более того, данные о том, что мутации в мотивах WY или KVxF эффектора снижают их связывающую активность PP1c и способствуют снижению вирулентности, согласуются с анализами на инфекцию, в которых макроскопический размер поражения заметно меньше. Результаты этого исследования подчеркивают, что молекулярные стратегии, используемые эффекторами *P. infestans*, являются прямым отражением его адаптивности и способности уходить от защиты хозяина.

Кроме того, одной из важнейших характеристик *Phytophthora infestans* является способность контролировать пути процесса аутофагии и рибосомального биогенеза. Исследование Чжана и др. (2023) показало, что салициловая кислота (SA) вызывает аутофагию, воздействуя на сигнальный путь TOR подавляя активность патогена *P. infestans*. Таким образом, это показывает способность патогена перепрограммировать свой метаболический аппарат в ответ на внешние сигналы, обеспечивая постоянное процветание и приспособляемость в различных условиях окружающей среды [2].

Согласно Moreira et al. в статье «Breaking the Mould: Development of Innovative Strategies for the Control of Pests and Pathogens Through Reflexive Interactive Design», рассматривает альтернативные способы борьбы с вредителями и патогенами, такими как *Phytophthora infestans*, без использования традиционных средств защиты растений (СЗР). Учитывая неблагоприятные последствия СЗР для окружающей среды и здоровья, в этом исследовании был разработан инновационный подход к систематическому управлению болезнями с использованием методологического рефлексивного интерактивного дизайна (RID). RID — это структура, разработанная в качестве инструмента для стратегий профилактики, которая учитывает эти жизненно важные элементы самого патогена и желаемые результаты для заинтересованных сторон. Например, когда *P. infestans* поражает картофель, исследователи рекомендуют сочетать устойчивые к болезням сорта растений от коммерческих селекционеров и незараженные полевые посадки (хронические хозяева) с инновационными подходами к управлению фермерским хозяйством, такими как конфигурации посадки, которые позволят улучшить циркуляцию воздуха в пологе урожая, тем самым снижая накопление влаги, что способствует колонизации патогена, в сочетании с эффектом разбавления хозяина для ограничения распространения. С акцентом на профилактику, а не на подход после выявления заражения, который дает нам новый способ линейного мышления о том, что на самом деле означает устойчивая сельскохозяйственная практика. Хотя концептуальный дизайн Moreira et al. звучит захватывающе, его эффективность должна быть оценена на практике, как утверждают авторы [3].

Итак, фитофтороз, вызываемый *Phytophthora infestans*, является серьезным заболеванием, которое влияет на производство картофеля и играет важную роль в сельском хозяйстве Северного Казахстана. Согласно данным Костина и Косарева (2019), данный патоген привело к огромным потерям урожая по всему региону, а также недавно подтвердили актуальность скрининга сортов картофеля на устойчивость к фитофторозу, предложив ряд сортов, которые демонстрируют благоприятные черты устойчивости. Так как, в районах с высокой влажностью и обилием влажных сезонов, таких как Северный Казахстан, риск вспышек заболеваний увеличивается [4].

Таким образом, в совокупности все вышеперечисленные исследования подчеркивают важность жизненного цикла *P. infestans* и его особую фенотипическую пластичность, позволяющую ему подрывать иммунитет хозяина и характеристики устойчивости, разработанные против данного патогена.

Следует также отметить, что химические фунгициды являются наиболее распространенными средствами борьбы с фитофторозом. Тем не менее, из-за соображений, касающихся экологического вреда и устойчивых к фунгицидам фенотипов патогена, были начаты исследования альтернативных экологических устойчивых методов. Например, Пожарский и др. демонстрируют возможности селекционных программ для улучшения генетической устойчивости к патогенам, такие как *Phytophthora infestans* and *Fusarium oxysporum* — грибковые патогены, также поражающей

картофельные культуры. Их исследования показали, что некоторые из сортов пшеницы, такие как «Меруерт», ищут маркеры устойчивости к обоим патогенам и могли бы использоваться в селекционной программе в Казахстане.

Кроме того, Костина и Косарева сообщили, что казахстанские устойчивые сорта, такие как «Журавинка» и «Аня», также сочетают в себе устойчивость к болезням с другими полезными характеристиками, такими как высокая урожайность, устойчивость к нематодам и вирусным заболеваниям. Их результаты исследования показывают, что разведение и использование этих сортов может существенно улучшить стратегии борьбы с болезнями растений в Северном Казахстане.

Таким образом, данные исследования подчеркивают необходимость введения генетической устойчивости в программу скрининга и селекции, поскольку растущие уровни заражения фитофторозом продолжают представлять значительные риски в рамках производства картофеля в Северном Казахстане, обеспечивая экологически чистую альтернативу традиционным стратегиям химического контроля [5].

Итак, целью данного исследования было определение генетического разнообразия популяций *Phytophthora infestans* в Северном Казахстане путем построения филогенетического дерева на основе секвенирования ДНК. Данное исследование изучает генетические связи между выборкой различных изолятов в надежде лучше охарактеризовать структуру популяции патогена, его эволюцию и распространение. Эти результаты имеют решающее значение для будущей разработки стратегий контроля, а также для внедрения устойчивых сортов картофеля и для разработки комплексной борьбы с вредителями (IPM).

Материалы и методы исследования. Современные методы идентификации фитофтороза картофеля включают комбинацию морфологических, патологических и молекулярных инструментов, в частности - морфологическая идентификация, методы на основе ПЦР и молекулярных маркеров для их обнаружения.

В частности, характеристика морфологии *P. infestans* важна для разработки стратегий управления болезнями на основе моделей роста и характеристик заражения патогенами. Согласно Raza et al. на питательных средах с различной текстурой патоген демонстрирует типичные морфологические признаки, сложный рост более белый, пушистый, хлопчатобумажный с полосатым рисунком (размер спорангиев (14,94–47,89 × 10,44–23,67 мкм) является важным критерием в морфотаксономии вида. Интересно, что результаты исследований на среде с ржаным агаром также показали, что рожь более благоприятствует росту и спорообразованию *P. infestans*, чем морковный агар, что привело к меньшему развитию мицелия с обеих сторон, а также к меньшему количеству пикнид. В сельскохозяйственном контексте эти морфологические признаки имеют важное значение для идентификации и контроля фитофтороза картофеля *P. Infestans* [6].

Более того, Рачаппанавар и др. сосредоточились на использовании метода Distinctness, Uniformity, and Stability (DUS) (признаки отчетливости, однородности и стабильности) для оценки устойчивости генотипов картофеля к *Phytophthora infestans*. Было обнаружено, что морфологические маркеры, включающие полукомпактную листву, твердые стебли и характеристики клубней (гладкая кожица с белой или кремовой мякотью), связаны с устойчивостью у различных сортов картофеля. Описанные фенотипические признаки предоставляют селекционерам полезный метод для проведения отбора, направленного на устойчивость к фитофторозу, без потери хороших агрономических показателей [7].

Проблема с морфологическим анализом заключается в том, что традиционные морфологические методы требуют много времени и менее чувствительны, чем молекулярные методы на ранних стадиях заболевания или латентной заражений. Чтобы обойти этот недостаток, Хуссейн и др. (2019) разработали дуплексный ПЦР-анализ, который позволил одновременно обнаружить *P. infestans* и *Alternaria solani* (раннюю фитофтору), что является альтернативой последовательной диагностике, используемой до сих пор, экономя время и деньги. Этот подход особенно ценен для отслеживания низких уровней инокулята в тканях картофеля для раннего вмешательства и улучшения управления болезнями. Дуплексная ПЦР просто амплифицирует определенную серию ДНК для обоих патогенов - *P. infestans* (524 п.н.), *A. solani* (289 п.н.) и в результате специфические сигналы ампликонов указывают исключительно на раннее обнаружение и диагностику [8].

Современные подходы к обнаружению и определению патогена, *Phytophthora infestans*, ответственного за фитофтороз картофеля, в основном используют сложные методы на основе ПЦР из-за его высоких требований к специфичности и чувствительности. QRT-PCR (количественная ПЦР

в реальном времени) является одним из наиболее распространенных методов, которые были успешно реализованы в многочисленных работах для анализа экспрессии генов, связанных с устойчивостью к фитофторозу. Чжан и др. QRT-PCR с использованием EST, обнаруженных (2024) как DEG на разных уровнях устойчивости к *P. infestans* у сортов картофеля. Этот метод важен для оценки уровней экспрессии различных генов, связанных с устойчивостью, таких как StHP1, StHSP3, и факторов транскрипции, таких как StMYB2 и StNAC5, которые связаны с повышенной устойчивостью у сорта Q9 [9].

Кроме того, Ли и др. (2024) исследовали экспрессию генов защитных маркеров в *Nicotiana benthamiana* при заражении *P. infestans* с использованием количественной ПЦР с обратной транскрипцией (RT-qPCR). Этот метод оказался бесценным для выявления сниженной экспрессии генов, связанных с иммунитетом растений, в растениях, аттенуированных для РНК-связывающего белка NbRBP3a, мишени эффектора Pi23014 RXLR *P. infestans*. RT-qPCR имела решающее значение для количественной оценки ослабления экспрессии генов, связанных с защитой хозяина, поскольку по мнению авторов данный эффект давала понимание молекулярных взаимодействий между инокулированной бактерией и растением [10].

Kardile et al. аналогичным образом использовали qRT-PCR для подтверждения экспрессии генов сладкого картофеля, которые облегчают транспорт сахара и действуют как источник питания патогена. Таким образом не только потому, что экспрессия генов положительно коррелирует с биотрофной и некротрофной фазами *P. infestans*, но и путем объединения данных об активации генов (в частности, StSWEET10 и StSWEET12) с активностью SGE, авторы пришли к выводу о прямом участии этих генов в развитии заболевания [11]. Кроме того, согласно исследованию Yang et al. (2024) [12], было показано, что гены семейства NBS-LRR играют ключевую роль в обеспечении устойчивости картофеля к *P. infestans*.

Таким образом, надо отметить, что методы, основанные на ПЦР, позволяют количественно оценить экспрессию генов в режиме реального времени и являются важным инструментом для изучения механизмов устойчивости и взаимодействия патогенов в культурах картофеля, позволяя описывать точные решения. Точность и генетическое разнообразие или взаимодействие патоген-хозяин могут быть выявлены с помощью инструментов на основе молекулярных маркеров, которые считаются неотъемлемым компонентом для идентификации и обнаружения *Phytophthora infestans* (фитофтороза картофеля). С помощью этих методов садоводы могут точно определить точные гены, связанные с иммунным ответом растений или вирулентностью патогена, чтобы разработать сорта картофеля, устойчивые к фитофторозу.

Третий метод основан на использовании молекулярных маркеров. Один из таких методов - анализ простого повтора последовательности (SSR), популярный метод молекулярных маркеров, был использован Рачаппанаваром и др. Для исследования возможного генетического разнообразия устойчивости к *P. infestans* в генотипах картофеля был создан генный пул Adh -1, состоящий из сорока поколений FPLSH pp, за которыми следовала случайная амплификация полиморфной ДНК (RAPD) и полиморфизм длины закрепленного фрагмента с праймером ENA и кодоминантной гибридной популяцией, созданной из двадцати маркеров SSR, оба набора молекулярной популяции. Маркеры SSR полезны для изучения генетической основы доступных сортов картофеля и их устойчивости к этому патогену. В этом исследовании было оценено восемьдесят шесть генотипов, некоторые из которых показали высокую устойчивость к фитофторозу. Приведенные выше результаты другого исследования и регионов RGA могут быть более актуальными для селекции устойчивости к фитофторозу у картофеля, тем самым подтверждая надежность маркеров SSR для скрининга зародышевой плазмы картофеля для получения рецепторных признаков [7].

Кроме того, Ли и др. (2024) провели молекулярные эксперименты, основанные на жидкостной хроматографии-тандемной масс-спектрометрии (LC-MS/MS) и коиммунопреципитационных анализах для анализа взаимодействия между эффекторами *P. infestans* и белками растения-хозяина. Эти подходы выявили эффектор RXLR Pi23014 как прямой супрессор иммунных реакций растений в GTPiSpn, действующий на РНК-связывающий белок *Nicotiana benthamiana* NbRBP3a. Это исследование с обратной транскрипцией и количественной ПЦР (RT-qPCR) показывает на уровне экспрессии генов хозяина во время инфекции и на то, как *P. infestans* манипулирует защитными путями у хозяина. Это исследование иллюстрирует полезность подходов на основе молекулярных маркеров для картирования взаимодействий между эффекторами патогена и генами устойчивости хозяина, которые необходимы для понимания циклов заболеваний и улучшения селекции устойчивости [10].

Кроме того, Монжил и др. (2024) сообщили о генетических доказательствах участия молекулярных паттернов, ассоциированных с микробами (МАМР), в иммунных реакциях патогенных одночастичных белковых маркеров. Монжил и др идентифицировали некоторые молекулярные паттерны *P. infestans*, такие как церамиды и диацилглицерины, которые индуцировали выработку ROS и накопление фитоалексина в растениях картофеля. Обнаружение этих МАМР с помощью высокочувствительных биохимических анализов ясно продемонстрировало использование молекулярных маркеров в изучении взаимодействий растений и патогенов на уровне молекулярной генетики [13].

В целом, устойчивые черты и патогенные эффекторы фитофтороза картофеля можно эффективно идентифицировать с помощью молекулярных маркеров, таких как SSR, ОТ-ПЦР или биохимическая технология. Эти инструменты ценны для селекции устойчивых сортов, а подробное объяснение генетического контроля различных взаимодействий хозяина и патогена имеет важное значение для улучшения стратегий управления болезнями. В целом, в заключение с морфологическим наблюдением, молекулярными маркерами и новыми диагностическими инструментами, такими как результаты дуплексной ПЦР, включая современные методы обнаружения фитофтороза картофеля. Такие методы предлагают полный пакет для быстрой диагностики *P. infestans* для управления заболеванием и содействия селекции устойчивости против патогена в картофеле.

Что касается генетический анализ популяции *Phytophthora infestans*, возбудителя фитофтороза картофеля и томатов, задокументировал значительные уровни генетического разнообразия внутри популяций. Чижик и др. опубликовали масштабное исследование образцов российского *P. infestans* и проанализировали полиморфизмы в генах Avr. Высокое генетическое разнообразие было выявлено среди российских популяций из уникальных аллелей, не обнаруженных в европейских или американских популяциях, без различимой доминирующей клональной линии, что отражает статус популяции с высоким разнообразием [14].

В глобальном масштабе Патарройо и др. (2024) провели некоторые исследования по миграции популяции *P. infestans* и предположили, что она могла возникнуть в Перу, за которой последовали редкие события глобальной колонизации. Анализируя генотипические данные более 1700 образцов, эти авторы обнаружили, что те, которые связаны с регионами Южной Америки, постоянно мигрируют в Северную Америку, Европу и Азию [15].

Между тем, Дей и др. в Индии клональная линия EU_13_A2 *P. infestans*, которая была опубликована 14 лет назад, все еще присутствует с увеличивающейся вариацией субклонов, что предполагает возможность как локальной миграции (внутри стран), так и трансграничного перемещения как одного из возможных способов процесса генерации разнообразия в структуре популяции. Результаты этого исследования подчеркивают важность генетического разнообразия и миграции в борьбе с *P. infestans*, особенно при разработке устойчивых сортов картофеля и стратегий борьбы с болезнями [16].

Анализ популяционной генетики *Phytophthora infestans* из Казахстана предоставил как генетические, так и фенотипические характеристики, связанные с разнообразием и устойчивостью к фитофторозу у местных сортов картофеля. Один из них, проведенный Костиной и Косаревой (2019), показывает обширную оценку образцов картофеля из российской зародышевой плазмы и зарубежных источников для выявления устойчивых сортов к *P. infestans*. Среди других ценных признаков (высокая урожайность, высокое содержание крахмала, устойчивость к картофельным нематодам) устойчивость к фитофторозу была одним из наиболее важных, и было выявлено несколько генотипов с этим признаком, из которых немногие принадлежали Казахстану (например, Сункар, Нур-Алем и Жолбарыс). Помимо проблем с устойчивостью к скручиванию листьев и урожайностью, RNSPP-A042 не обеспечил преимущества с точки зрения устойчивости к парше по сравнению с другими испытанными сортами, что свидетельствует о наличии хорошей базы генетического разнообразия, из которой можно выводить устойчивые линии картофеля в Казахстане. Важно отметить, что многие из этих устойчивых сортов также продемонстрировали устойчивость к другим заболеваниям, таким как вирусы (т. н. горизонтальная устойчивость), что делает их идеальными для устойчивого сельского хозяйства в этом районе. Наконец, это подчеркивает использование местных селекционных программ в Казахстане для использования генетического разнообразия для борьбы с фитофторозом и повышения устойчивости урожая картофеля [4].

Несмотря на глобальное и региональное генетическое разнообразие, было опубликовано несколько исследований о влиянии *Phytophthora infestans* на томатные культуры. *P. infestans* стал широко распространенным из наиболее вредоносных патогенов картофеля и томатов в Казахстане. Пожарский и др. (2023) использовали молекулярные маркеры, такие как SSR (CA/CT), SCAR и CAPS, для изучения генетического разнообразия местных сортов томатов и их устойчивости к различным патогенам, включая *P. infestans*. Хотя местные сорта имели слабую генетическую структуру, которая указывала на них как на одну популяцию, некоторые сорта (например, «Meruert») были устойчивы к *P. infestans*, а также к *Fusarium oxysporum*. Авторы пришли к выводу, что генетическая изменчивость имеет первостепенное значение при разработке селекционных программ, направленных на повышение устойчивости к *P. infestans*, особенно в таком регионе, как Казахстан, где этот патоген из года в год поражает посевы, серьезно влияя на производительность сельского хозяйства. Генетическое разнообразие *P. infestans* является всемирным фактором преодоления устойчивости растений, и, учитывая динамику его популяции, необходимо продолжать мониторинг и изучение этого содержания во всем мире, чтобы методы борьбы с заболеванием могли быть эффективными [5].

Северный Казахстана, это регион где были собраны образцы картофеля, который имеет сухой степной климат и темно-каштановые почвы, что затрудняет выращивание сельскохозяйственных культур из-за низкого уровня осадков и больших температурных градиентов. Это рискованная зона земледелия с большими колебаниями температуры, которая имеет долгосрочные средние значения от -20 до -30 градусов по Цельсию. Среди использованных методов отбора проб сбор листьев и клубней происходил случайным образом, независимо от стадии развития растения, чтобы уменьшить смещение, связанное с внешним видом картофеля и устойчивостью к фитофторозу. Образцы использовались как в морфологическом, так и в молекулярном анализе, чтобы определить наличие *P. infestans* и то, как это связано с его влиянием на местные картофельные культуры.

Стандартные протоколы, в частности метод цетилтриметиламмония бромид (СТАВ) можно использовать для извлечения ДНК из образцов фитофтороза овощей, инфицированных *Phytophthora infestans*. Сначала он пропускает собранные образцы листьев или клубней через измельчитель, а затем клетки лизируются для высвобождения ДНК в раствор для захвата, который очищается с помощью органических экстракций и осаждения спиртом. Затем он амплифицируется для целевых областей в генах мтДНК или нуклеарной ДНК (например, *cox1* или ITS (внутренний транскрибируемый спейсер), активируясь для выполнения секвенатором. Для дальнейшей проверки наличия этих областей используются специальные праймеры, которые включают PINFTH2 для *P. infestans* во время амплификации ПЦР. Последующие продукты ПЦР амплифицируются, очищаются и секвенируются с помощью секвенирования по Сэнгеру или высокопроизводительных платформ.

Филогенетическое дерево создается с помощью файлов специального программного обеспечения, такого как MEGA, ClustalW [17]. Выравнивание последовательностей проводилось для ClustalW для точного сравнения последовательностей в образцах без смещения, например ошибок. Корни дерева определяются методом максимального правдоподобия (ML) или методом объединения соседей (NJ), которые используют оптимизированный статистический метод для расчета степени родства изолятов.

ПЦР используется для амплификации ДНК из определенных регионов, идентифицированных в видах, которые затем секвенируются. Затем эти последовательности сопоставляются с последовательностями в известных справочных базах данных, таких как GenBank, с использованием анализа BLAST. Затем это сравнение используется для успешной идентификации патогена путем сопоставления этих последовательностей с известными генетическими данными, проверяя, что это действительно обнаружение *P. infestans*, и раскрывает любые мутации или штаммы странной формы [18,19].

Результаты исследования. *Phytophthora infestans*: эволюционные связи изолятов на основе метода Neighbor-Joining [20]. Рисунок 1: Филогенетическое дерево связей между 40 аминокислотными последовательностями на основе митохондриальных генов. Эволюционные расстояния были вычислены с использованием метода коррекции Пуассона для измерения количества аминокислотных замен на сайт. Всего было занято 668 позиций в соответствии с опцией попарного удаления для всех отсутствующих последовательностей в неоднозначных частях пар

последовательностей. Анализ показал, что разные клады соответствуют разным штаммам и показывают различия между популяциями *P. infestans* (как географически, так и генетически), которые были проанализированы в этой статье. Эволюционный анализ был выполнен с помощью программного обеспечения MEGA11, а надежность топологии дерева была проверена на основе теста бустрэппинга (1000 повторов) для проверки точности предполагаемых филогенетических связей. Полученное филогенетическое дерево дает представление об эволюционной истории и генетическом разнообразии *P. infestans*, способствуя пониманию как того, как *P. infestans* распространялся по всему миру, так и его патогенности.

Филогенетический анализ дерева, показывающий генетические связи изолятов *Phytophthora infestans*, собранных в Северном Казахстане. Как показано на рисунке 1, этот конкретный штамм грибов не был генетически однородным, обнаруживая несколько уникальных кладов. Кроме того, изоляты из разных локаций группировались вместе в определенные клады, что может указывать на некоторое географическое влияние на генетическое разнообразие. Различные клады соответствуют более тесно связанным популяциям в линиях патогена, населяющего регион, в то время как другие показывают расхождение в значительных масштабах, что указывает на эволюционные процессы, характерные для этого патогена в этом районе. Эти группировки имеют высокие значения бутстрепа (>90%), поэтому они хорошо поддерживаются. Частое обнаружение географически различных линий предполагает, что несколько штаммов *P. infestans* могут циркулировать в этом районе и способствовать длительному присутствию фитофтороза, как показано в этом исследовании.

В большинстве новых изолятов в Северном Казахстане был обнаружен комплекс со средней частотой как генов вирулентности, так и авирулентности, однако все бывшие шведские селекционеры, включая всемирно известный сорт Бзура, потеряли свое значение (на территории Северного Казахстана) из-за миграции с доминированием и появлением новых штаммов. Ряд изолятов показали различные генетические профили, что указывает на внедрение новых штаммов или региональную адаптацию. В то время как некоторые штаммы были распространены в разных местах восстановления, что может указывать на их большую вирулентность и хорошую приспособленность к агроэкологическим условиям в данной местности. Это генетическое разнообразие среди популяций подчеркивает сложность эффективного управления фитофторозом, поскольку разные штаммы могут по-разному реагировать на стратегии борьбы с болезнями, такие как применение фунгицидов или устойчивые к фитофторозу сорта картофеля.

Все методы ПЦР и секвенирования выявили присутствие *Phytophthora infestans* во всех образцах зараженного картофеля. Были секвенированы участки митохондриальной ДНК, в частности, расширенный *cox1* (субъединица 1 цитохром с оксидазы), амплификация которого привела к вариациям длины, обнаружив характерные отпечатки пальцев, похожие на референтные последовательности GenBank, подтверждающие идентификацию видов. Промежуточная морфологическая идентификация изолятов показала характерные морфологические особенности с *P. infestans*, такие как спорангиальные структуры и образование зооспор. В совокупности эти дополнительные методы идентификации предоставили убедительные доказательства того, что *P. infestans* является биотическим агентом фитофтороза в образцах, собранных из всех регионов, где были отобраны образцы.

В данном случае филогенетические результаты указывают на то, что генетическая структура *Phytophthora infestans* в Северном Казахстане регулируется как регионально-специфическими элементами, так и потенциальной миграцией штаммов из других регионов. Хотя изменчивость глобальных генетических групп в этих местах может характеризоваться некоторой тесной связью с известными евразийскими штаммами, различия между рядом сегрегаций в Центральном Казахстане, а также мексиканскими генотипами A2 или US1 могут указывать на распространение *P. infestans* далеко от Евразии. Кроме того, существование генетически различных штаммов указывает на региональную эволюцию, связанную с факторами окружающей среды и устойчивыми сортами картофеля. Мы демонстрируем, что некоторые из наиболее часто встречающихся штаммов, идентифицированных в Северном Казахстане, относятся к высоковирулентным штаммам, описанным в Европе и Азии, что убедительно свидетельствует о важности системы мониторинга популяций патогенов.

Сочетание эпидемического распространения и селективной устойчивости к лечению развилось в различных региональных адаптациях, присутствующих в популяционной структуре *Phytophthora infestans* в Северном Казахстане. Кроме того, определенные клады несли генотипы в (а) специфических генах устойчивости к фунгицидам, которые могли быть связаны с возросшей

сложностью контроля отдельных вспышек. Тот факт, что определенные штаммы группируются в определенных географических регионах, подтверждает идею о том, что факторы окружающей среды, такие как тип почвы или климат, могут способствовать выживанию и размножению патогена, способствуя распространению болезни в локальных масштабах. Структура популяции также предполагает, что существует постоянный потенциал для генетической рекомбинации и, следовательно, возникновения новых вспышек фитофтороза.

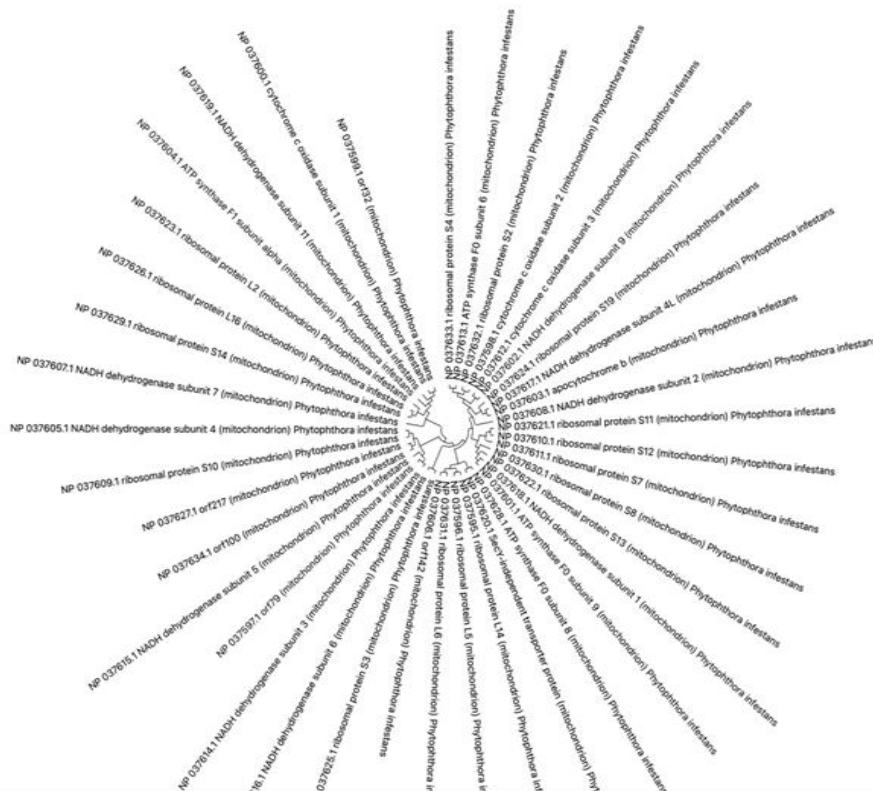


Рисунок 1 - Филогенетическое дерево эволюционных взаимоотношений *Phytophthora infestans*

Заключение. Доминирующие и уникальные генотипы, которые способствуют сохранению и распространению фитофтороза, появляются в Северном Казахстане из-за значительного генетического разнообразия в популяциях *Phytophthora infestans*. Филогенетический анализ продемонстрировал образование клад, то есть регионально адаптированных штаммов, а также возможный импорт штаммов из других регионов. Знание того, откуда возникает это генетическое разнообразие, важно для того, чтобы можно было заложить основу для более эффективных мер по борьбе с болезнью, таких как выращивание устойчивых сортов картофеля и целенаправленное применение фунгицидов.

Однако эволюция этих популяций должна тщательно отслеживаться в будущих исследованиях, чтобы убедиться, как они развиваются с течением времени и в ответ на изменение методов ведения сельского хозяйства и умеренных погодных условий. Кроме того, полевые испытания новых вариантов контроля, включая новые фунгициды и комплексные решения по борьбе с вредителями, имеют первостепенное значение для противодействия локальной адаптации штаммов *P. infestans* и смягчения влияния фитофтороза на производство картофеля в этой области.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- 1 Bentham, A.R. The WY Domain of an RxLR Effector Drives Interactions with a Host Target Phosphatase to Mimic Host Regulatory Proteins and Promote *Phytophthora infestans* Infection [Text] / Bentham, A.R., Wang, W., Trusch, F., Varden, F.A., Birch, P.R.J., Banfield, M.J. // *Mol. Plant-Microbe Interact.* -2024.-Vol.37.-№3.-P.239-249. DOI: <https://doi.org/10.1094/MPMI-08-23-0118-FI>
- 2 Zhang, S. Anti-Oomycete Effect and Mechanism of Salicylic Acid on *Phytophthora infestans* [Text] / Zhang, S., Huang, A., Lv, X., Zhang, J., Zhang, M., Chen, Y., Yang, L., Wang, H., Guo, D., Luo, X., Ren, M., Dong, P. // *J. Agric. Food Chem.* -2023.-Vol.71.-№51.-P.20613-20624. DOI: <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c05748>

- 3 Moreira, T. Breaking the mould: Developing innovative crop protection strategies with Reflexive Interactive Design [Text] / Moreira, T., Groot Koerkamp, P., Janssen, A., Stomph, T.J., van der Werf, W. // *Agric. Syst.* -2023.-Vol.210.-Art.103727. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2023.103727>
- 4 Kostina, L.I. Targeted Sub-collection of potato cultivars specific to late blight resistance [Text] / Kostina, L.I., Kosareva, O.S. // *Proc. Appl. Bot. Genet. Breed.* -2019.-Vol.180.-№3.-P.36-40. DOI: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2019-3-36-40>
- 5 Pozharskiy, A. Genetic diversity of the breeding collection of tomato varieties in Kazakhstan assessed using SSR, SCAR and CAPS markers [Text] / Pozharskiy, A., Kostyukova, V., Khusnitdinova, M., Adilbayeva, K., Nizamdinova, G., Kapytina, A., Kerimbek, N., Taskuzhina, A., Kolchenko, M., Abdrakhmanova, A., Kisselyova, N., Kalendar, R., Gritsenko, D. // *PeerJ.* -2023.-Vol.11.-Art.e15683. DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.15683>
- 6 Raza, W. Morphological Characterization of *Phytophthora infestans* and its Growth on Different Growth Media [Text] / Raza, W., Ghazanfar, M.U., Asif, M., Zakria, M., Al-Ani, L.K.T. // *Sarhad J. Agric.* -2022.-Vol.38.-№4.-P.1189-1202. DOI: <https://doi.org/10.17582/journal.sja/2022/38.4.1189.1202>
- 7 Rachappanavar, V. Assessment and suitability of DUS traits to screen potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes for *Phytophthora* spp. infection resistance by using phenotypic and molecular (SSR) markers [Text] / Rachappanavar, V., Kumar, M., Kumar, V., Gupta, S.K. // *Genet. Resour. Crop Evol.* -2024.-Vol.71.-№1.-P.199-223. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01616-6>
- 8 Hussain, T. Duplex PCR for detection of early and late blight coinfecting potato [Text] / Hussain, T., Singh, B.P., Kaushik, S.K., Lal, M., Gupta, A. // *Indian J. Hortic.* -2019.-Vol.76.-№2.-P.319-323. DOI: <https://doi.org/10.5958/0974-0112.2019.00049.5>
- 9 Zhang, W. Transcriptome analysis reveals various genes involved in the regulation of potato to late blight [Text] / Zhang, W., Ma, Y., Kang, Y., Zhang, R., Wang, Y., Chen, Z., Yang, X., Jiao, S., Wang, X., Qin, S. // *Chem. Biol. Technol. Agric.* -2024.-Vol.11.-№1.-Art.50. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40538-024-00567-z>
- 10 Li, W. *Phytophthora infestans* RXLR effector Pi23014 targets host RNA-binding protein NbRBP3a to suppress plant immunity [Text] / Li, W., Liu, Z., Huang, Y., Zheng, J., Yang, Y., Cao, Y., Ding, L., Meng, Y., Shan, W. // *Mol. Plant Pathol.* -2024.-Vol.25.-№1.-Art.e13416. DOI: <https://doi.org/10.1111/mpp.13416>
- 11 Kardile, H.B. Hemibiotrophic *Phytophthora infestans* Modulates the Expression of SWEET Genes in Potato (*Solanum tuberosum* L.) [Text] / Kardile, H.B., Karkute, S.G., Challam, C., Sharma, N.K., Shelake, R.M., Kavar, P.G., Patil, V.U., Deshmukh, R., Bhardwaj, V., Chourasia, K.N., Valluri, S.D. // *Plants.* -2023.-Vol.12.-№19.-Art.3433. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants12193433>
- 12 Yang, X. Genome-wide characterization and functional analysis of NBS-LRR resistance genes against *Phytophthora infestans* [Text] / Yang, X., Zhang, M., Chen, S., et al. // *Phytopathology.* -2024.-Vol.114.-№5.-P.1257-1269.
- 13 Monjil, M.S. Two structurally different oomycete lipophilic microbe-associated molecular patterns induce distinctive plant immune responses [Text] / Monjil, M.S., Kato, H., Ota, S., Matsuda, K., Suzuki, N., Tenhiro, S., Tatsumi, A., Pring, S., Miura, A., Camagna, M., Suzuki, T., Tanaka, A., Terauchi, R., Sato, I., Chiba, S., Kawakita, K., Ojika, M., Takemoto, D. // *Plant Physiol.* -2024.-Vol.196.-№1.-P.479-494. DOI: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiad255>
- 14 Chizhik, V. Polymorphism of Avr Genes in Russian Populations of *Phytophthora infestans* [Text] / Chizhik, V., Kuznetsova, M., Rogozina, E., Martynov, V. // *J. Phytopathol.* -2024.-Vol.172.-№5.-Art.e13400. DOI: <https://doi.org/10.1111/jph.13400>
- 15 Patarroyo, C. Reconstructing the Global Migration History of *Phytophthora infestans* Toward Colombia [Text] / Patarroyo, C., Lucca, F., Dupas, S., Restrepo, S. // *Phytopathology.* -2024.-Vol.114.-№9.-P.2151-2161. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHTO-05-24-0163-R>
- 16 Dey, T. Understanding the Temporal Dynamics of Invasive Late Blight Populations in India for Improved Management Practices [Text] / Dey, T., Dwivedi, S.K., Datta, S., Cooke, D.E.L., Roy, S.G. // *Phytopathology.* -2024.-Vol.114.-№8.-P.1810-1821. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHTO-03-24-0082-R>
- 17 Tamura, K. MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11 [Text] / Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. // *Mol. Biol. Evol.* -2021.-DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- 18 Stecher, G. Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) for macOS [Text] / Stecher, G., Tamura, K., Kumar, S. // *Mol. Biol. Evol.* -2020.-Vol.37.-P.1237-1239
- 19 Zuckerkandl, E. Evolutionary divergence and convergence in proteins [Text] / Zuckerkandl, E., Pauling, L. // *Evolving Genes and Proteins* / Bryson, V., Vogel, H.J. (Eds.). -1965.-P.97-166

20 Saitou, N. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees [Text] / Saitou, N., Nei, M. // Mol. Biol. Evol. -1987.-Vol.4.-P.406-425

REFERENCES

- 1 Bentham, A.R. The WY Domain of an RxLR Effector Drives Interactions with a Host Target Phosphatase to Mimic Host Regulatory Proteins and Promote *Phytophthora infestans* Infection [Text] / Bentham, A.R., Wang, W., Trusch, F., Varden, F.A., Birch, P.R.J., Banfield, M.J. // Mol. Plant-Microbe Interact. -2024.-Vol.37.-№3.-P.239-249. DOI: <https://doi.org/10.1094/MPMI-08-23-0118-FI>
- 2 Zhang, S. Anti-Oomycete Effect and Mechanism of Salicylic Acid on *Phytophthora infestans* [Text] / Zhang, S., Huang, A., Lv, X., Zhang, J., Zhang, M., Chen, Y., Yang, L., Wang, H., Guo, D., Luo, X., Ren, M., Dong, P. // J. Agric. Food Chem. -2023.-Vol.71.-№51.-P.20613-20624. DOI: <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.3c05748>
- 3 Moreira, T. Breaking the mould: Developing innovative crop protection strategies with Reflexive Interactive Design [Text] / Moreira, T., Groot Koerkamp, P., Janssen, A., Stomph, T.J., van der Werf, W. // Agric. Syst. -2023.-Vol.210.-Art.103727. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2023.103727>
- 4 Kostina, L.I. Targeted Sub-collection of potato cultivars specific to late blight resistance [Text] / Kostina, L.I., Kosareva, O.S. // Proc. Appl. Bot. Genet. Breed. -2019.-Vol.180.-№3.-P.36-40. DOI: <https://doi.org/10.30901/2227-8834-2019-3-36-40>
- 5 Pozharskiy, A. Genetic diversity of the breeding collection of tomato varieties in Kazakhstan assessed using SSR, SCAR and CAPS markers [Text] / Pozharskiy, A., Kostyukova, V., Khusnitdinova, M., Adilbayeva, K., Nizamdinova, G., Kapytina, A., Kerimbek, N., Taskuzhina, A., Kolchenko, M., Abdrakhmanova, A., Kisselyova, N., Kalendar, R., Gritsenko, D. // PeerJ. -2023.-Vol.11.-Art.e15683. DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.15683>
- 6 Raza, W. Morphological Characterization of *Phytophthora infestans* and its Growth on Different Growth Media [Text] / Raza, W., Ghazanfar, M.U., Asif, M., Zakria, M., Al-Ani, L.K.T. // Sarhad J. Agric. -2022.-Vol.38.-№4.-P.1189-1202. DOI: <https://doi.org/10.17582/journal.sja/2022/38.4.1189.1202>
- 7 Rachappanavar, V. Assessment and suitability of DUS traits to screen potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes for *Phytophthora* spp. infection resistance by using phenotypic and molecular (SSR) markers [Text] / Rachappanavar, V., Kumar, M., Kumar, V., Gupta, S.K. // Genet. Resour. Crop Evol. -2024.-Vol.71.-№1.-P.199-223. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01616-6>
- 8 Hussain, T. Duplex PCR for detection of early and late blight co-infecting potato [Text] / Hussain, T., Singh, B.P., Kaushik, S.K., Lal, M., Gupta, A. // Indian J. Hortic. -2019.-Vol.76.-№2.-P.319-323. DOI: <https://doi.org/10.5958/0974-0112.2019.00049.5>
- 9 Zhang, W. Transcriptome analysis reveals various genes involved in the regulation of potato to late blight [Text] / Zhang, W., Ma, Y., Kang, Y., Zhang, R., Wang, Y., Chen, Z., Yang, X., Jiao, S., Wang, X., Qin, S. // Chem. Biol. Technol. Agric. -2024.-Vol.11.-№1.-Art.50. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40538-024-00567-z>
- 10 Li, W. *Phytophthora infestans* RXLR effector Pi23014 targets host RNA-binding protein NbRBP3a to suppress plant immunity [Text] / Li, W., Liu, Z., Huang, Y., Zheng, J., Yang, Y., Cao, Y., Ding, L., Meng, Y., Shan, W. // Mol. Plant Pathol. -2024.-Vol.25.-№1.-Art.e13416. DOI: <https://doi.org/10.1111/mpp.13416>
- 11 Kardile, H.B. Hemibiotrophic *Phytophthora infestans* Modulates the Expression of SWEET Genes in Potato (*Solanum tuberosum* L.) [Text] / Kardile, H.B., Karkute, S.G., Challam, C., Sharma, N.K., Shelake, R.M., Kawar, P.G., Patil, V.U., Deshmukh, R., Bhardwaj, V., Chourasia, K.N., Valluri, S.D. // Plants. -2023.-Vol.12.-№19.-Art.3433. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants12193433>
- 12 Yang, X. Genome-wide characterization and functional analysis of NBS-LRR resistance genes against *Phytophthora infestans* [Text] / Yang, X., Zhang, M., Chen, S., et al. // Phytopathology. -2024.-Vol.114.-№5.-P.1257-1269.
- 13 Monjil, M.S. Two structurally different oomycete lipophilic microbe-associated molecular patterns induce distinctive plant immune responses [Text] / Monjil, M.S., Kato, H., Ota, S., Matsuda, K., Suzuki, N., Tenhiro, S., Tatsumi, A., Pring, S., Miura, A., Camagna, M., Suzuki, T., Tanaka, A., Terauchi, R., Sato, I., Chiba, S., Kawakita, K., Ojika, M., Takemoto, D. // Plant Physiol. -2024.-Vol.196.-№1.-P.479-494. DOI: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiad255>
- 14 Chizhik, V. Polymorphism of Avr Genes in Russian Populations of *Phytophthora infestans* [Text] / Chizhik, V., Kuznetsova, M., Rogozina, E., Martynov, V. // J. Phytopathol. -2024.-Vol.172.-№5.-Art.e13400. DOI: <https://doi.org/10.1111/jph.13400>

15 Patarroyo, C. Reconstructing the Global Migration History of *Phytophthora infestans* Toward Colombia [Text] / Patarroyo, C., Lucca, F., Dupas, S., Restrepo, S. // *Phytopathology*. -2024.-Vol.114.-№9.-P.2151-2161. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-05-24-0163-R>

16 Dey, T. Understanding the Temporal Dynamics of Invasive Late Blight Populations in India for Improved Management Practices [Text] / Dey, T., Dwivedi, S.K., Datta, S., Cooke, D.E.L., Roy, S.G. // *Phytopathology*. -2024.-Vol.114.-№8.-P.1810-1821. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-03-24-0082-R>

17 Tamura, K. MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11 [Text] / Tamura, K., Stecher, G., Kumar, S. // *Mol. Biol. Evol.* -2021.-DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>

18 Stecher, G. Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) for macOS [Text] / Stecher, G., Tamura, K., Kumar, S. // *Mol. Biol. Evol.* -2020.-Vol.37.-P.1237-1239

19 Zuckerkandl, E. Evolutionary divergence and convergence in proteins [Text] / Zuckerkandl, E., Pauling, L. // *Evolving Genes and Proteins* / Bryson, V., Vogel, H.J. (Eds.). -1965.-P.97-166

20 Saitou, N. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees [Text] / Saitou, N., Nei, M. // *Mol. Biol. Evol.* -1987.-Vol.4.-P.406-425

ТҮЙІН

Осы жұмыста салқын және ылғалды жағдайда картоп түсімінің жыл сайын 15 %-ға дейін төмендеуіне себепші болып, Ирландиядағы картоп ашаршылығына тікелей қатысы бар ең зиянды фитопатогендердің бірі-*Phytophthora infestans* популяциясының құрылымын кешенді түрде зерттеу ұсынылады.

Зерттеу мақсаты - Солтүстік Қазақстанда жергілікті изоляттардың генетикалық әртүрлілігін бағалап, олардың филогенетикалық байланыстарын анықтау арқылы селекциялық және фитосанитарлық шараларды негіздеу.

Зерттеу материалдары өңірдің әртүрлі агроэкологиялық аймақтарынан кездейсоқ жиналған зақымдалған картоп жапырақтары мен түйнек үлгілерінен тұрды. *P. infestans*-ты морфологиялық анықтау мицелий құрылымын және спорангийлардың өлшемдерін (14,94–47,89 × 10,44–23,67 μm) DUS әдістемесі бойынша сипаттайтын құрылымды қоректік ортада жүргізілді. Молекулалық анықтау СТАВ әдісімен ДНҚ алу, ITS және *cox1* маркерлерін ПТР-де амплификациялау, өнімдерді секвенирлеу және алынған тізбектерді BLAST арқылы GenBank мәліметтерімен салыстыру арқылы орындалды. Филогенетикалық талдау ClustalW жүйесінде секвенцияларды туралау арқылы жүргізіліп, MEGA 11 бағдарламасында Poisson түзетілімін қолданатын Neighbor-Joining және Maximum Likelihood әдістерімен ағаш салуды қамтыды; бұтақтардың сенімділігі 1000 рет бутстрэппен (> 90 %) бағаланды.

Нәтижелер бірнеше нақты ажыратылған кластерлерді көрсетті, олар ішкі популяциялық өзгергіштікті және еуропалық пен азиялық популяциялармен туыстастықты көрсетіп, миграциялық-адаптациялық процестерді дәлелдейді. Жұмыстың практикалық маңызы-төзімді картоп сорттарын маркерлік талдаумен іріктеу және *P. infestans* агрессивті штаммдарын уақытылы анықтау үшін эпидемиологиялық мониторинг жүйесін ұйымдастыруды негіздеуде. Алынған мәліметтер интеграцияланған өсімдіктерді қорғау жүйелерін әзірлеуге, фитосанитарлық хаттамаларды түзетуге және Солтүстік Қазақстан өңірінің агроценоздарының тұрақтылығын арттыруға мүмкіндік береді.