

## Популяционно-генетическая оценка инвазивного аскомицета *Hymenoscyphus fraxineus* Baral et al. на территории Беларуси

С.В. Пантелейев<sup>1</sup>, В.Б. Звягинцев<sup>2</sup>, А.В. Ярук<sup>2</sup>, О.Ю. Баранов<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Институт леса НАН Беларуси, Гомель, Беларусь, *stasikdesu@mail.ru*;

<sup>2</sup> Белорусский государственный технологический университет, Минск,  
Беларусь, *mycolog@tut.by*

[S.V. Panteleev, V.B. Zviagintsev, A.V. Yaruk, O.Yu. Baranov. A population genetic assessment of the invasive ascomycete *Hymenoscyphus fraxineus* Baral et al. in Belarus]

Инфекционное заболевание ясения обыкновенного, вызываемое инвазивным аскомицетом *Hymenoscyphus fraxineus*, оказало существенное влияние на состав и структуру ясеневых лесов Беларуси, явилось одной из основных причин выпадения этой ценной породы из состава древостоев и резкого сокращения занятой ясенниками площади в лесном фонде страны. Оценка генетической структуры популяций патогена даёт возможность охарактеризовать статус его инвазивности, установить наиболее вероятные пути проникновения и распространения. С этой целью были исследованы изоляты возбудителя, полученные из растительного материала ясения с признаками инфекционного некроза ветвей.

Изоляты *H. fraxineus* были собраны в 24 географически удалённых ясеневых насаждениях, расположенных в 5 областях страны. Верификация видовой принадлежности изолятов осуществлялась посредством секвенирования внутренних транскрибуемых спайсеров ITS1 и ITS2 рДНК и сравнительным анализом в международной базе данных NCBI GenBank. Для исследования генетической изменчивости изолятов патогена были использованы RAPD-маркеры, получаемые с применением олигонуклеотидных праймеров UBC-268, Oligo 6, UBC-536, Oligo 85 и OPA-09.

В ходе анализа RAPD-спектров были описаны генетические профили исследуемых штаммов *H. fraxineus* по 29 локусам. Расчёт значений основных параметров, описывающих уровень генетического полиморфизма, степень генетической подразделенности и дифференциации производились с помощью программного обеспечения POPGEN v 1.32.

На основании расчёта показателя генетической дистанции Нei был установлен высокий уровень ( $D_N$  усрд. = 0,24) генетического разнообразия среди исследуемых белорусских изолятов *H. fraxineus*, характеризующихся генотипическими различиями в размере 7–47% по изученным RAPD-маркерам.

Согласно полученным данным кластерного анализа (UPGMA), *H. fraxineus* на территории Беларуси представлен множеством метапопуляций, имеющих диффузное пространственное распределение генотипов. Данное явление можно

объяснить гипотезой проникновения на территорию страны путём многократной инвазии широкого спектра изолятов. При этом возможны несколько вариантов происхождения данного события: а) проникновение инвазии различными путями в определенный промежуток времени; б) проникновение инвазии через единый коридор с разделением на несколько временных интервалов; в) оба вышеупомянутых варианта. Учитывая высокую скорость распространения инфекции в природе, достигающую 100 км в год, любой из сценариев проникновения инвазивного организма на основании применения известных фитосанитарных мероприятий предотвратить было невозможно, что обусловлено анемохорным способом миграции и наличием значительного числа популяций восприимчивого растения-хозяина.

**Финансирование.** Работа выполнялась в рамках задания ГНТП «Леса Беларуси» «Разработать и внедрить комплексную программу повышения устойчивости, защиты и восстановления насаждений ясеня обыкновенного в Беларуси»)