

УДК 632.938.1

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ИНФИЦИРОВАННОСТИ ГРИБАМИ *FUSARIUM* ЗЕРНА ДИКИХ ВИДОВ РОДА *AVENA* L. С ПОМОЩЬЮ КОЛИЧЕСТВЕННОЙ ПЦР

Т.Ю. Гагкаева¹, О.П. Гаврилова¹, Е.В. Блинова², И.Г. Лоскутов^{2,3}

¹Всероссийский НИИ защиты растений, Санкт-Петербург, Пушкин, Россия, t.gagkaeva@mail.ru;

²Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

³Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

Впервые в мире были оценены по устойчивости к фузариозу зерна 57 генотипов 17 диких видов рода *Avena* различной пloidности. Методом количественной ПЦР выявили, что, в целом, содержание ДНК грибов *Fusarium* в зерне генотипов диплоидных и гексаплоидных видов овса было в 3–4 раза ниже, чем в зерне тетраплоидных, среди которых наиболее инфицированными являлись виды с геномом С – *A. insularis*, *A. magna* и *A. murphyi*.

Ключевые слова: овес, виды, фузариоз, ДНК, количественная ПЦР.

Род *Avena* кроме культурных видов, наиболее важным из которых является гексаплоидный овес посевной *A. sativa* L., включает дикие виды, характеризующиеся значительным генетическим разнообразием и широким географическим происхождением.

Генотипы культурных видов *Avena* ранее уже были оценены по устойчивости к заражению грибами *Fusarium* и накоплению микотоксинов, и установлено, что пшеница (*A. strigosa* Schreb.) и посевной (*A. sativa*) овес в меньшей степени подвержены заражению фузариозом, чем византийский (*A. byzantina* C. Koch) и абиссинский (*A. abyssinica* Hochst.) [Bjørnstad, Skinnes, 2008; Tekauz et al., 2008; Gagkaeva et al., 2013]. Число научных публикаций по оценке устойчивости генетического разнообразия диких овсов к фузариозу очень ограничено, однако необходимость проведения таких исследований чрезвычайно велика.

В 2015 году для исследования устойчивости к зараженности грибами рода *Fusarium* Link из коллекции ВИР им. Н.И. Вавилова были выбраны 57 генотипов диких видов, из которых 16% относились к диплоидам, 32% к

тетраплоидам и 52% к гексаплоидам (*A. atlantica* Baum et Fedak, *A. canariensis* Baum, *A. clauda* Dur., *A. damascena* Rajh. et Baum, *A. hirtula* Lag., *A. longiglumis* Dur., *A. wiestii* Steud. – диплоиды; *A. agadiriana* Baum et Fed., *A. barbata* Pott., *A. vaviloviana* Mordv., *A. insularis* Ladiz., *A. magna* Murph. et Terr., *A. murphyi* Ladiz. – тетраплоиды; *A. fatua* L., *A. ludoviciana* Dur., *A. occidentalis* Dur., *A. sterilis* L. – гексаплоиды). Оценку проводили на искусственном инфекционном фоне гриба *F. culmorum* (Wm. G. Sm.) Sacc. в условиях Пушкинских лабораторий ВИР. После сбора урожая зерновки овса размалывали до получения муки. Выделение ДНК проводили из 200 мг навески муки с помощью адаптированного СТАВ-метода [European Commission, 2005]. Несмотря на то, что растения инокулировали *F. culmorum*, в условиях экспериментального поля кроме этого вида на зерне встречались и другие фузариевые грибы: *F. poae*, *F. sporotrichioides*, *F. avenaceum*. В связи с этим, оценку инфицированности зерна проводили методом количественной ПЦР, выявляя содержание ДНК всех видов грибов *Fusarium*, способных продуцировать трихотененовые микотоксины [Gagkaeva et al., 2013].

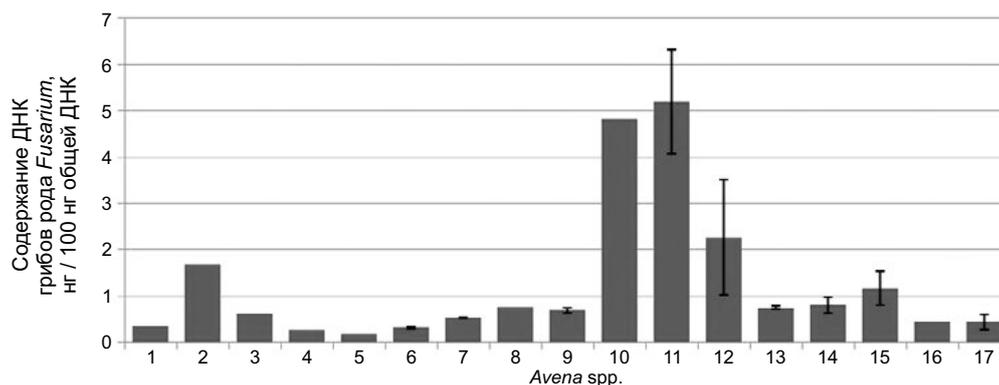


Рисунок. Содержание ДНК грибов *Fusarium* в зерне диких видов *Avena*, инокулированных грибом *F. culmorum*:

1. *A. atlantica* (n=7), 2. *A. canariensis* (n=7), 3. *A. clauda* (n=7), 4. *A. damascena* (n=7), 5. *A. hirtula* (n=7), 6. *A. longiglumis* (n=7), 7. *A. wiestii* (n=7), 8. *A. agadiriana* (n=14), 9. *A. barbata* (n=14), 10. *A. insularis* (n=14), 11. *A. magna* (n=14), 12. *A. murphyi* (n=14), 13. *A. vaviloviana* (n=14), 14. *A. fatua* (n=21), 15. *A. ludoviciana* (n=21), 16. *A. occidentalis* (n=21), 17. *A. sterilis* (n=21)

Количество ДНК трихотененопродуцирующих видов грибов *Fusarium* в исследованных образцах варьировало от 0.19 до 5.19 нг/100 нг общей ДНК. Выявлено, что тетраплоидные виды содержали в среднем в 3.4–4.3 раза больше ДНК фузариевых грибов (2.41±0.77 нг/100 нг общей ДНК), чем диплоидные (0.56±0.18 нг/100 нг общей ДНК) и гексаплоидные виды (0.7±0.15 нг/100 нг общей ДНК) (рис.). Наиболее инфицированные образцы овса, относи-

лись к тетраплоидным видам с геномом С – *A. insularis*, *A. magna* и *A. murphyi*. Приведенные результаты являются первым в мире опытом оценки генетического разнообразия диких видов рода *Avena* с помощью ДНК-тестирования и требуют дальнейших исследований.

Исследование выполнено при поддержке проекта РНФ № 14-16-00072.

Библиографический список (References)

- Björnstad Å., Skinnes H. Resistance to *Fusarium* infection in oats (*Avena sativa* L.) // Cereal Res. Comm., 2008. N 36. P. 57–62.
- European Commission. Community Reference Laboratory for GM Food and Feed, 2005. Event-specific for the quantitation of maize line NK603 using real-time PCR. http://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/summaries/NK603report_mm.pdf
- Gagkaeva T.Yu., Gavrilova O.P., Loskutov I.G., Yli-Mattila T. Sources of resistance to *Fusarium* head blight in VIR oat collection // Euphytica, 2013. N 191. P. 355–364.
- Tekauz A.B., Fetch M.J., Rossnagel B.G., Savard M.E. Progress in assessing the impact of *Fusarium* head blight on oat in western Canada and screening of *Avena* germplasm for resistance // Cereal Res. Comm., 2008. N 36. P. 49–56.

Plant Protection News, 2016, 3(89), p. 46–47

COMPARATIVE ASSESSMENT OF WILD *AVENA* L. SPECIES FOR RESISTANCE TO *FUSARIUM* BY QUANTITATIVE PCR

T.Yu. Gagkaeva¹, O.P. Gavrilova¹, E.V. Blinova², I.G. Loskutov^{2,3}

¹All-Russian Institute of Plant Protection, t.gagkaeva@mail.ru

²N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources,

³Saint Petersburg State University

The resistance of 17 wild *Avena* species (*A. agadiriana*, *A. atlantica*, *A. barbata*, *A. canariensis*, *A. clauda*, *A. damascene*, *A. fatua*, *A. hirtula*, *A. insularis*, *A. longiglumis*, *A. ludoviciana*, *A. magna*, *A. murphyi*, *A. occidentalis*, *A. sterilis*, *A. vaviloviana*, and *A. wiestii*) to *Fusarium* grain infection has been evaluated after artificial inoculation by *F. culmorum*. Quantification of DNA trichothecene producing *Fusarium* species (TriDNA) was performed by TaqMan real-time PCR. The amount of TriDNA showed substantial variation from 0.19 till 5.19 ng/100 ng of total DNA. The tetraploid oats contained considerably more fungal TriDNA (in 3.4–4.3 times), then diploid and hexaploid *Avena* species. The tetraploid oats *A. insularis*, *A. magna* and *A. murphyi* were heavy infected by *Fusarium*. The assessment of large genetic diversity of wild *Avena* species by using DNA testing is one of the first experiences in the world and requires further research.

УДК 632.4

К МИКОБИОТЕ СОРНЫХ И ДИКОРАСТУЩИХ ТРАВЯНИСТЫХ РАСТЕНИЙ СЕВЕРНОЙ ОСЕТИИ

Е.Л. Гасич, Ф.Б. Ганнибал, А.О. Берестецкий, Л.Б. Хлопунова

Всероссийский НИИ защиты растений, Санкт-Петербург, Пушкин, Россия, Elena_gasich@mail.ru

Первоначальным этапом разработки метода биологического контроля сорных растений при помощи фитопатогенных грибов является выявление видового состава микромицетов, поражающих сорняки. Цель наших исследований – определение видового состава микромицетов на сорных и дикорастущих травянистых растениях Республики Северная Осетия-Алания. Большая часть образцов была собрана в августе 2012 года в Пригородном, Алагирском, Ирафском и Ардонском районах. Микромицеты обнаружены на 91 виде растений из 29 семейств. Образцы депонированы в гербарии грибов Всероссийского научно-исследовательского института защиты растений (ВИЗР) – ЛЕР. Всего было идентифицировано 154 вида микромицетов из 47 родов 4 отделов. Среди обнаруженных видов 101 указывается впервые для исследованной территории. На долю Deuteromycota приходится 71% выявленных видов, Basidiomycota – 18%, Ascomycota – 10%, Oomycota – 1%.

Ключевые слова: фитопатогенные микромицеты, сорные растения.

Фитопатогенные грибы способны вызывать эпифитотии в популяциях растений-хозяев и тем самым контролировать их численность. Поэтому фитопатогенные грибы интенсивно исследуются как возможные агенты биоконтроля сорных растений. Базовым этапом разработки метода биологического контроля сорных растений при помощи фитопатогенных грибов является выявление видового состава микромицетов, поражающих сорняки.

Микобиоту Северной Осетии начали изучать с 1924 года. Было выявлено 811 видов грибов, в том числе 12 видов новых для науки [Чернецкая, 1926, 1929, 1952]. В девяностых годах прошлого столетия в рамках создания Кадастра растительного мира Северной Осетии проводилась инвентаризация микобиоты этого региона. В результате был составлен аннотированный список, включающий 604

вида грибов и грибоподобных организмов [Комша, 2000]. Таким образом, изучению микобиоты Северной Осетии уделялось определенное внимание, в том числе фитопатогенным микромицетам. Однако специального изучения микобиоты сорных растений на ее территории ранее не проводилось. Цель наших исследований – определение видового состава микромицетов на сорных и дикорастущих травянистых растениях Северной Осетии.

Сбор пораженных грибами сорных и дикорастущих травянистых растений проводился в августе 2012 года во Владикавказе, Пригородном районе (с. Даргавс, с. Фазикау, ст. Архонская), Алагирском р-не (Цей, с. Верхний Цей, п. Бурон), Ирафском р-не (с. Дзинага), Ардонском р-не (с/п Мичуринское). Небольшая часть образцов была собрана в августе 2004 и 2005 гг. и июле 2007 г.