

© Т.Ю. Гагкаева<sup>1</sup>, О.П. Гаврилова<sup>1</sup>, А.С. Орина<sup>1</sup>, Е.В. Блинова<sup>2</sup>, И.Г. Лоскутов<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург, Пушкин;

<sup>2</sup> Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург

По устойчивости к фузариозу зерна проанализированы 66 генотипов 19 видов рода *Avena* различной плоидности из коллекции ВИР. Растения выращивали в поле на инфекционном фоне гриба *F. culmorum*. Оценка представительного набора диких видов *Avena* выполнена впервые в мире. Методом количественной ПЦР выявляли содержание ДНК трихотеценпродуцирующих грибов *Fusarium*. Количество микотоксинов в зерне определяли иммуноферментным методом. Наименьшие количества ДНК *Fusarium* и дезоксиниваленола (ДОН) выявлены в 7 генотипах гексаплоидных видов *A. byzantina*, *A. sterilis*, *A. sativa*, *A. fatua* и одном диплоидного вида *A. wiestii*. Показаны статистически достоверные связи между морфологическими характеристиками генотипов, содержанием ДНК *Fusarium*, различающихся по патогенным свойствам и количеству ДОН.

✪ **Ключевые слова:** виды *Avena*; плоидность; ДНК грибов; *Fusarium*; микотоксины; количественная ПЦР; ИФА.

## РАЗНООБРАЗИЕ ВИДОВ РОДА *AVENA* ПО МОРФОЛОГИЧЕСКИМ ПРИЗНАКАМ И УСТОЙЧИВОСТИ К ФУЗАРИОЗУ ЗЕРНА

Овес — одна из наиболее важных зерновых сельскохозяйственных культур, возделываемых человеком. В связи с этим возрастает необходимость тщательного изучения разнообразия овса по хозяйственно ценным признакам, поиск новых генотипов, которые могут служить основой новых урожайных и устойчивых к вредоносным заболеваниям сортов.

Род *Avena* L. представлен культурными видами, имеющими большое практическое значение, и дикими видами, интересными как объекты таксономических исследований и источники селекционно-ценных признаков. В настоящее время род *Avena* представлен 26 видами и тремя уровнями плоидности, большинство из которых относятся к диким. Культурные виды встречаются в каждой группе плоидности: *A. strigosa* Schreb. ( $2n = 14$ ), *A. abyssinica* Hochst. ( $2n = 28$ ), *A. byzantina* С.К. и наиболее важный среди этой группы — *A. sativa* L. ( $2n = 42$ ) [1, 2].

Дикие виды рода *Avena* в последние годы вызывают повышенный интерес селекционеров, чему немало способствовало развитие цитологических, иммунологических, биохимических и других методов исследований. Дикие виды, которые часто обитают в разнообразных биоэкологических условиях, характеризуются значительным генетическим разнообразием и могут нести гены, позволяющие им выживать в неблагоприятных условиях. Адаптация диких видов к неблагоприятным факторам внешней среды, устойчивость к патогенным организмам, ряд признаков повышенной продуктивности и качества предполагают наличие среди них уникальных источников исходного материала для селекции [3]. В ВИР поддерживается богатейшая мировая коллекция видов рода *Avena*, образцы которой являются рабочим материалом при создании новых сортов овса.

Фузариоз зерна овса, вызываемый гембиотрофными грибами рода *Fusarium* Link, — вредоносное заболевание, приводящее к снижению урожая и ухудшению качества зерна, однако особенности инфекционного процесса этого заболевания сравнительно мало исследованы. Оно имеет специфическую этиологию — в инфекционном процессе участвуют различные виды грибов рода *Fusarium*, многие из которых могут в процессе жизнедеятельности образовывать токсичные вторичные метаболиты — микотоксины, в результате чего зерно становится непригодным для использования в пищу и на корм.

В регионах возделывания овса типичными возбудителями фузариоза зерна являются высокоагрессивные патогены, такие, например, как, *F. graminearum* Schwabe и *F. culmorum* (W. G. Sm.) Sacc., способные преодолевать активную защиту растений и в процессе колонизации растительной ткани образовывать трихотеценовый микотоксин дезоксиниваленол (ДОН), а также зеараленон (ЗЕН). В то же время в микобиоте зерна овса массово встречаются и другие виды, такие, например, как слабопатогенный вид *F. poae* (Peck) Wollenw., которые способны заселять лишь ослабленные растения и/или поврежденные ткани растений [4]. Доминирование *F. poae* в комплексе фузариевых грибов на зерне овса является одной из удивительных особенностей фузариоза этой зерновой культуры [5, 6]. Этот гриб продуцирует микотоксин ниваленол, так же как и ДОН, относящийся к группе трихотеценовых химических соединений [7]. Ниваленол не относится к числу регламентированных фузариотоксинов в зерне по причине высокой стоимости его выявления.

Поступила в редакцию 24.01.2017  
Принята к публикации 07.03.2017

В отличие от пшеницы для фузариоза овса характерно отсутствие выраженных симптомов заболевания на вегетирующих растениях и на зерновках даже при наличии значительной инфицированности, вследствие чего невозможно визуально оценить степень и тяжесть заболевания. Отсутствие возможности адекватного визуального выявления заболевания в значительной степени тормозит селекционную работу с этой культурой. Для полной характеристики генотипов овса необходимо использовать дорогостоящие, времязатратные методы (например, методы количественного выявления ДНК грибов и микотоксинов в зерне), что значительно затрудняет скрининг генетического материала по устойчивости к фузариозу зерна.

Кроме того, ранее выявленный у пшеницы многокомпонентный характер устойчивости к фузариозу находит подтверждение и при анализе различных сортов овса: уровень инфицирования зерна грибами часто не совпадает с содержанием микотоксинов [8]. Это еще раз подтверждает необходимость использования совокупности количественных параметров оценки, которые более точно отражают взаимодействие между генотипом растения и токсинотрофным грибом.

В связи с актуальностью проблемы загрязнения зерна овса микотоксинами активизировались усилия селекционеров по поиску источников устойчивости к этому заболеванию и созданию современных сортов, не накапливающих микотоксины. Характеристикой по устойчивости к фузариозу сортового разнообразия овса начали активно заниматься во всех странах мира, где эта культура возделывается [9].

Приводится изучение существующего разнообразия возделываемых генотипов овса, относящихся к разным видам, по устойчивости к заражению грибами и накоплению микотоксинов. Установлено, что песчаный (*A. strigosa*) и посевной (*A. sativa*) овес в меньшей степени подвержены фузариозу зерна по сравнению с византийским (*A. byzantina*) и абиссинским (*A. abyssinica* Hochst.) [10–12].

На сегодняшний день не существует опубликованной информации по устойчивости к фузариозу разнообразия диких видов *Avena*. Однако на международной конференции по генетическим ресурсам рода *Avena* обсуждалась острая необходимость в таких исследованиях [11].

Морфологические и физиолого-биохимические особенности видов овса существенным образом влияют на интенсивность протекания инфекционного процесса, вызванного грибами. Уникальное разнообразие этих характеристик у генотипов *Avena* позволяет оценить их значимость при взаимоотношении с различными по патогенности фузариевыми грибами.

Целью исследования являлась оценка генетического разнообразия различных видов *Avena* по заражению грибами *Fusarium* (содержание ДНК грибов в зерне) и накоплению микотоксинов ДОН и ЗЕН.

## МЕТОДЫ

В 2015 году для исследования устойчивости к фузариозу зерна из коллекции ВИР им. Вавилова были выбраны 57 генотипов диких и 9 культурных видов *Avena*: *A. agadiriana* Baum et Fed., *A. atlantica* Baum et Fedak, *A. barbata* Pott., *A. canariensis* Baum, *A. clauda* Durieu., *A. damascena* Rajh. et Baum, *A. fatua* L., *A. hirtula* Lag., *A. insularis* Ladiz., *A. longiglumis* Durieu., *A. ludoviciana* Durieu., *A. magna* Murph. et Terr., *A. murphyi* Ladiz., *A. occidentalis* Durieu., *A. sterilis* L., *A. vaviloviana* Mordv., *A. wiestii* Steud., *A. sativa* и *A. byzantina* (табл. 1). Среди исследованных генотипов 13,6 % относились к диплоидным, 28,8 % — к тетраплоидным и 57,6 % — к гексаплоидным формам овса. Анализируемые генотипы происходили из различных регионов: Израиль ( $n = 11$ ), Марокко ( $n = 9$ ), Россия ( $n = 5$ ), Испания ( $n = 4$ ), Азербайджан, Алжир и Сирия (по  $n = 3$ ), Армения, Китай и Норвегия ( $n = 2$ ), Болгария, Венесуэла, Германия, Грузия, Египет, Италия, Канада, Кения и Ливан (все  $n = 1$ ). В отличие от диких видов *Avena* сорта культурных видов были выбраны с учетом известной характеристики их устойчивости к заболеванию.

Оценку проводили на искусственном инфекционном фоне на полях пушкинского филиала ВИР. Каждый образец выращивали на метровых делянках в двух повторностях согласно методическим указаниям [13]. В дополнение к естественному фону грибов рода *Fusarium*, существующему в агроценозе, создавали повышенный фон гриба *F. culmorum*. В период начала появления метелки у наиболее ранних генотипов овса распределяли зерновой инокулюм по поверхности почвы ( $150 \text{ г/м}^2$ ). Для получения рассыпчатого инокулюма смесь зерна (пшеница и ячмень) увлажняли до 40 % влажности, добавляли по 10 г мела и гипса, автоклавировали под давлением 1 атм в течение часа, затем тщательно перемешивали. После остывания в стерилизованное зерно вносили водную суспензию мицелиальной массы смеси штаммов гриба *F. culmorum*. В течение месяца субстрат, хранящийся при комнатной температуре, постоянно перемешивали для создания благоприятных условий колонизации зерна грибами.

Поскольку в процессе созревания у диких видов овса происходит осыпание колосков, то сбор урожая зерна у них представляет определенную трудность. В процессе вегетации отдельные растения изолировали в марлевые мешки, которые позволили сохранить урожай для последующих анализов.

Все образцы оценивали по высоте растений, массе 1000 зерен, а также по пленчатости зерновки и опушенности цветковых чешуй согласно методическим указаниям [13].

После сбора урожая колоски каждого образца (10 г) гомогенизировали в стерильных размольных стаканах на мельнице Tube Mill Control (ИКА, Германия). Скорость

Таблица 1

Дикие и культурные виды рода *Avena*, исследуемые в этой работе  
Wild and cultivated *Avena* genotypes tested in this study

№	Виды рода <i>Avena</i>	Плоидность (2n)	Геном	Кол-во образцов	Номер каталога ВИР (происхождение)
1	<i>A. atlantica</i> Baum et Fedak	14	As	1	к-2109 (Марокко)
2	<i>A. canariensis</i> Baum	14	Cv	1	к-1914 (Испания, Канарские острова)
3	<i>A. clauda</i> Durieu.	14	Cr	1	к-200 (Азербайджан)
4	<i>A. damascena</i> Rajh. et Baum	14	Ad	1	к-1862 (Сирия)
5	<i>A. hirtula</i> Lag.	14	As	1	к-2 (Израиль)
6	<i>A. longiglumis</i> Durieu.	14	Al	2	к-87 (Израиль), к-1881 (США)
7	<i>A. wiestii</i> Steud.	14	As	2	к-94 (Египет), к-95 (Израиль)
8	<i>A. agadiriana</i> Baum et Fedak	28	AB?	1	к-2122 (Марокко)
9	<i>A. barbata</i> Pott.	28	AB	7	к-9 (Эфиопия), к-230 и к-316 (Азербайджан), к-1848 (Франция, Корсика), к-1925 (Израиль), к-2043 (Иран), к-2070 (Сирия)
10	<i>A. vaviloviana</i> Mordv.	28	AB	3	к-10, к-11, к-755 (Эфиопия)
11	<i>A. insularis</i> Ladiz.	28	CD?	1	к-2067 (Италия, Сицилия)
12	<i>A. magna</i> Murph. et Terr.	28	AC	5	к-145, к-1786, к-1851, к-1896, к-2100 (Марокко)
13	<i>A. murphyi</i> Ladiz.	28	AC	2	к-1986, к-2088 (Испания)
14	<i>A. fatua</i> L.	42	ACD	8	к-30 (Россия, Тыва), к-46 (Грузия), к-49 (Армения), к-65 (Болгария), к-80 (Китай), к-97 (Чехословакия), к-116 (Армения), к-743 (Эфиопия)
15	<i>A. ludoviciana</i> Durieu.	42	ACD	4	к-389 (Венесуэла), к-461 (Сирия), к-547 (Израиль), к-701 (Эфиопия)
16	<i>A. occidentalis</i> Durieu.	42	ACD	1	к-1966 (Испания, Канарские острова)
17	<i>A. sativa</i> L.	42	ACD	6	к-11840 (Воггус, Германия), к-14911 (Belinda, Швеция), к-15068 (Конкур, Россия, Ульяновская обл.), к-15353 (Odal, Норвегия), к-15611 (Bessin, Германия), к-14787 (Привет, Россия, Московская обл.), к-15301 (CDC Danper, Канада)
18	<i>A. byzantina</i> K. Koch	42	ACD	3	к-15494 (Медведь, Россия, Кировская обл.), к-15524 (Вай Ян 7, Китай)
19	<i>A. sterilis</i> L.	42	ACD	16	к-140 и к-146 (Марокко), к-473 (Ливан), к-655, к-931, к-980 (Алжир), к-846 (Кения), к-866 (Тунис), к-1425 и к-1429 (Турция), к-511, к-555, к-2049, к-2052, к-2059, к-2063 (Израиль)

размола составила 25 000 об/мин в течение 25 с для зерна *A. sativa* и *A. byzantina* и 60 с для зерна других видов *Avena*. Размолотую муку хранили при  $-20^{\circ}\text{C}$  до последующей экстракции ДНК и микотоксинов.

Выделение ДНК проводили из 200 мг полученной зерновой муки с помощью адаптированного СТАВ-метода [14]. Типовые штаммы *F. graminearum* и *F. poae* из коллекции микроорганизмов лаборатории микологии

и фитопатологии ВИЗР культивировали на картофельно-сахарозном агаре, а затем из воздушного мицелия грибов выделяли ДНК, используя набор реагентов Genomic DNA Purification Kit (Thermo Fisher Scientific, Литва).

Концентрации полученной ДНК из муки и штаммов грибов *Fusarium* оценивали, используя флуориметр Qubit 2.0 с набором реагентов Quant-iT dsDNA HS Assay Kit (Thermo Fisher Scientific, США). Раствор ДНК штам-

мов *Fusarium* разбавляли до 10 нг/мл и использовали для построения калибровочных кривых в десятикратных последовательных разбавлениях от  $10^{-1}$  до  $10^{-6}$  нг/мл. Концентрацию ДНК, выделенной из зерна, доводили до рабочих значений в диапазоне 2–50 нг/мл.

Определение содержания ДНК грибов проводили методом количественной ПЦР (кПЦР), позволяющим одновременно амплифицировать и измерять количество целевой копии ДНК в образце относительно внесенной специфической последовательности ДНК.

В каждом образце оценивали количество ДНК грибов, измеряемой в процентах от общей выделенной ДНК (нг/мкл, % от общей ДНК). Несмотря на то что инокуляцию растений проводили видом *F. culmorum*, кроме него, на этом поле ежегодно выявляли и другие виды фузариевых грибов [15]. В связи с этим оценку инфицированности зерна проводили по суммарному содержанию ДНК всех видов грибов, имеющих ген *Tri5* в геноме и продуцирующих трихотеценовые микотоксины (*Tri-Fusarium*). Дополнительно выявляли ДНК только одного вида — *F. poae*, как правило доминирующего представителя рода *Fusarium* в зерне овса.

Содержание в зерне ДНК группы грибов *Tri-Fusarium* оценивали с помощью праймеров TMTri,f (CAGCAGMTRCTCAAGGTAGACCC), TMTri,r (AACTGTAYACRACCATGCCAAC) и флуоресцентной пробы (Cy5-AGCTTGGTGTGGGATCTGTCTTACCG-BHQ2) [16, 17]. Содержание в зерне ДНК гриба *F. poae* оценивали с помощью праймеров TMpoae,f (GCTGAGGGTAAGCCGTCCTT) и TMpoae,r (TCTGTCCCCCTACCAAGCT) и флуоресцентной пробы (TET-ATTTCCCAACTTCGACTCTCCGAGGA-BHQ1) [18]. ПЦР-амплификацию проводили с использованием CFX 96 real-time PCR detection system (Bio-Rad, США). Протокол амплификации включал: 1 цикл [95°, 15 с] и 40 циклов [95°, 15 с; 60°, 1 мин].

Экстракцию микотоксинов проводили, добавляя к 1 г муки 5 мл водного раствора ацетонитрила (84 : 16) и оставляя на 14–16 часов в условиях постоянного перемешивания на качалке (орбитальном шейкере ELM1 S-3M, Латвия) при 300 об/мин. Количество микотоксинов ДОН и ЗЕН в полученных экстрактах определяли с помощью иммуноферментного метода с использованием тест-систем «Дезоксиниваленол — ИФА», «Зеараленон — ИФА» (Фарматех, Россия) с нижним пределом определения микотоксинов — 20 мкг/кг. Анализ выполняли в наборных полистироловых планшетах (Медполимер), измерение оптической плотности растворов проводили на спектрофотометре LEDETECT 96 (Biomed, Австрия) при длине волны 492 нм.

Каждый лабораторный эксперимент повторяли как минимум дважды. Статистическую обработку результатов проводили с помощью программ Microsoft Office Excel 2007 и Statistica 10.0 (ANOVA). Различия считались достоверными при уровне значимости  $p < 0,05$ .

## РЕЗУЛЬТАТЫ

Выявлено значительное разнообразие морфологических характеристик исследуемых генотипов. Высота растений варьировала от 50 см (*A. canariensis*, к-1914, Испания, Канарские острова) до 175 см (*A. sterilis*, к-1425, Турция).

Масса 1000 семян анализированных 66 генотипов варьировала в пределах 8,2–76,8 г. Самое мелкое зерно (до 10 г) выявлено у тетраплоидных видов *A. barbata* (к-207, к-316, к-1848) и *A. atlantica* (к-2109) и диплоидного вида *A. clauda* (к-200). Наиболее крупное зерно (более 50 г) характерно для тетраплоидных видов *A. murphyi* (к-1986 и к-2088, Испания), *A. magna* (к-145, к-1786, к-1896 и к-2100, Марокко), *A. insularis* (к-2067, Италия, Сицилия) и гексаплоидного *A. sterilis* (к-511, Израиль).

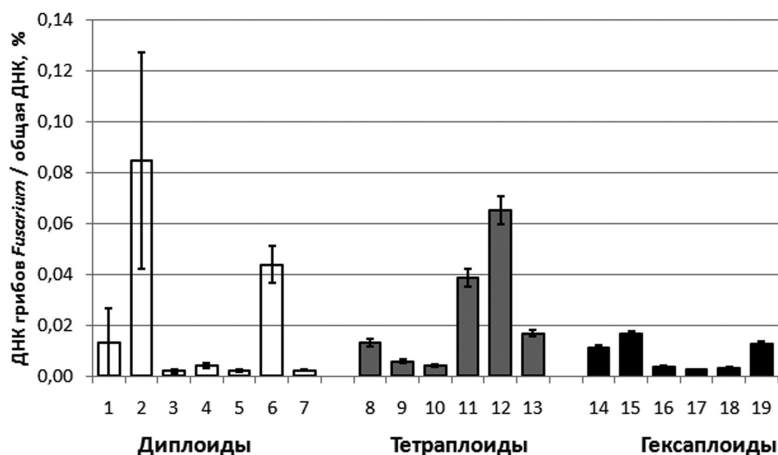
Диапазон содержания цветковых пленок у анализированных генотипов в среднем составил 15–87 %. Пленчатость до 30 % зерновки выявлена у диплоидного вида *A. vaviloviana* (к-755, Эфиопия), у всех гексаплоидных культурных видов овса *A. sativa* и *A. byzantina*, а также образца дикого вида *A. fatua* (к-49, Армения). Наибольшей пленчатостью характеризовался *A. canariensis* (к-1914, Испания, Канарские острова).

Согласно визуальной оценке опушенность цветковых чешуй варьировала значительно. Наиболее опушенные зерновки характерны для видов *A. insularis*, *A. magna*, *A. agadiriana*, в то время как генотипы видов *A. sativa*, *A. vaviloviana*, *A. wiestii* имели голые или слабоопушенные чешуи.

Количество ДНК *Tri-Fusarium* грибов варьировало от  $0,65 \cdot 10^{-3}$  до 0,12 % общей ДНК. ДНК гриба *F. poae* выявлена в образцах в диапазоне  $0,3 \cdot 10^{-3}$ – $23,8 \cdot 10^{-3}$  % общей ДНК (рис. 1). Установлено, что диплоидные и тетраплоидные виды ( $2,2 \cdot 10^{-2}$ – $2,4 \cdot 10^{-2}$  % общей ДНК) содержали в среднем в 2,6–2,8 раза больше ДНК *Tri-Fusarium* грибов, чем гексаплоидные виды ( $0,8 \cdot 10^{-2}$  % общей ДНК). Наиболее инфицированными являлись образцы овса, относящиеся к диплоидному виду *A. canariensis* (к-1914, Испания, Канарские острова), тетраплоидному виду *A. magna* (к-1786 и к-2100, Марокко) и гексаплоидному *A. ludoviciana* (к-701, Эфиопия). Образцы, содержащие в зерне минимальное количество ДНК грибов *Fusarium*, выявлены в гексаплоидных *A. sativa* (к-15611, Норвегия; к-15068, Россия), *A. ludoviciana* (к-461, Сирия), *A. fatua* (к-116, Армения) и тетраплоидном *A. barbata* (к-2070, Сирия).

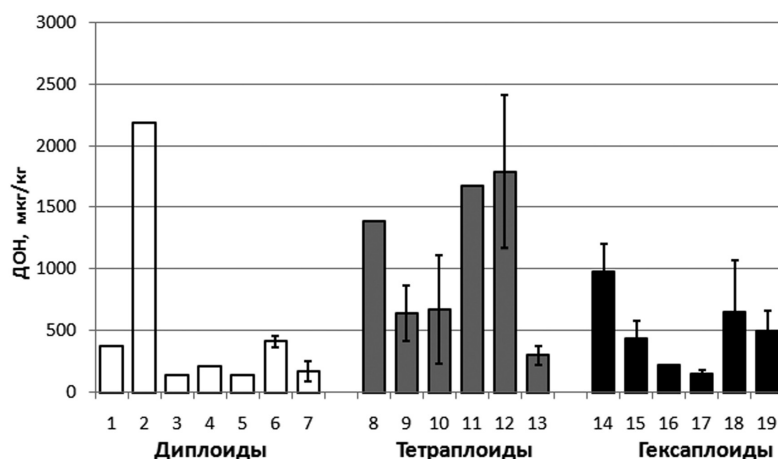
Все проанализированные генотипы накапливали в зерне токсичные метаболиты — частота встречаемости ДОН составила 100 % с диапазоном значений 57–3862 мкг/кг (рис. 2). В среднем количество ДОН в группе тетраплоидных видов *Avena* было в 2,0–2,2 раза больше (в среднем  $1088 \pm 262$  мкг/кг),





**Рис. 1.** Содержание ДНК грибов рода *Fusarium*, образующих трихотеценовые микотоксины (средняя  $\pm$  стандартная ошибка) в зерне генотипов рода *Avena* различной плоидности. Диплоидные виды: 1. *A. atlantica* ( $n = 1$ ), 2. *A. canariensis* ( $n = 1$ ), 3. *A. clauda* ( $n = 1$ ), 4. *A. damascena* ( $n = 1$ ), 5. *A. hirtula* ( $n = 1$ ), 6. *A. longiglumis* ( $n = 2$ ), 7. *A. wiestii* ( $n = 2$ ); тетраплоидные виды: 8. *A. agadiriana* ( $n = 1$ ), 9. *A. barbata* ( $n = 7$ ), 10. *A. vaviloviana* ( $n = 3$ ), 11. *A. insularis* ( $n = 1$ ), 12. *A. magna* ( $n = 5$ ), 13. *A. murphyi* ( $n = 2$ ); гексаплоидные виды: 14. *A. fatua* ( $n = 8$ ), 15. *A. ludoviciana* ( $n = 4$ ), 16. *A. occidentalis* ( $n = 1$ ), 17. *A. sativa* ( $n = 6$ ), 18. *A. byzantina* ( $n = 3$ ), 19. *A. sterilis* ( $n = 16$ )

**Fig. 1.** The abundance of fungal DNA in the genotypes of *Avena* genus represented by di-, tetra-, and hexaploids: 1. *A. atlantica* ( $n = 1$ ), 2. *A. canariensis* ( $n = 1$ ), 3. *A. clauda* ( $n = 1$ ), 4. *A. damascena* ( $n = 1$ ), 5. *A. hirtula* ( $n = 1$ ), 6. *A. longiglumis* ( $n = 2$ ), 7. *A. wiestii* ( $n = 2$ ); тетраплоидные виды: 8. *A. agadiriana* ( $n = 1$ ), 9. *A. barbata* ( $n = 7$ ), 10. *A. vaviloviana* ( $n = 3$ ), 11. *A. insularis* ( $n = 1$ ), 12. *A. magna* ( $n = 5$ ), 13. *A. murphyi* ( $n = 2$ ); гексаплоидные виды: 14. *A. fatua* ( $n = 8$ ), 15. *A. ludoviciana* ( $n = 4$ ), 16. *A. occidentalis* ( $n = 1$ ), 17. *A. sativa* ( $n = 6$ ), 18. *A. byzantina* ( $n = 3$ ), 19. *A. sterilis* ( $n = 16$ )



**Рис. 2.** Количество микотоксина дезоксиниваленола (средняя  $\pm$  стандартная ошибка) в зерне генотипов рода *Avena* различной плоидности. Диплоидные виды: 1. *A. atlantica* ( $n = 1$ ), 2. *A. canariensis* ( $n = 1$ ), 3. *A. clauda* ( $n = 1$ ), 4. *A. damascena* ( $n = 1$ ), 5. *A. hirtula* ( $n = 1$ ), 6. *A. longiglumis* ( $n = 2$ ), 7. *A. wiestii* ( $n = 2$ ); тетраплоидные виды: 8. *A. agadiriana* ( $n = 1$ ), 9. *A. barbata* ( $n = 7$ ), 10. *A. vaviloviana* ( $n = 3$ ), 11. *A. insularis* ( $n = 1$ ), 12. *A. magna* ( $n = 5$ ), 13. *A. murphyi* ( $n = 2$ ); гексаплоидные виды: 14. *A. fatua* ( $n = 8$ ), 15. *A. ludoviciana* ( $n = 4$ ), 16. *A. occidentalis* ( $n = 1$ ), 17. *A. sativa* ( $n = 6$ ), 18. *A. byzantina* ( $n = 3$ ), 19. *A. sterilis* ( $n = 16$ )

**Fig. 2.** The DON content in the genotypes of *Avena* genus represented by di-, tetra-, and hexaploids: 1. *A. atlantica* ( $n = 1$ ), 2. *A. canariensis* ( $n = 1$ ), 3. *A. clauda* ( $n = 1$ ), 4. *A. damascena* ( $n = 1$ ), 5. *A. hirtula* ( $n = 1$ ), 6. *A. longiglumis* ( $n = 2$ ), 7. *A. wiestii* ( $n = 2$ ); тетраплоидные виды: 8. *A. agadiriana* ( $n = 1$ ), 9. *A. barbata* ( $n = 7$ ), 10. *A. vaviloviana* ( $n = 3$ ), 11. *A. insularis* ( $n = 1$ ), 12. *A. magna* ( $n = 5$ ), 13. *A. murphyi* ( $n = 2$ ); гексаплоидные виды: 14. *A. fatua* ( $n = 8$ ), 15. *A. ludoviciana* ( $n = 4$ ), 16. *A. occidentalis* ( $n = 1$ ), 17. *A. sativa* ( $n = 6$ ), 18. *A. byzantina* ( $n = 3$ ), 19. *A. sterilis* ( $n = 16$ )

чем в группах ди- и гексаплоидных видов ( $518 \pm 196$  и  $457 \pm 67$  мг/кг в среднем соответственно).

Менее 100 мкг/кг зерна овса было выявлено в зерне семи гексаплоидных генотипов: *A. sterilis* (к-1425 и к-1429, Турция; к-2052, Израиль), *A. sativa* (к-15301, Канада; к-15353, Норвегия), *A. byzantina* (к-15524, Китай), *A. fatua* (к-30, Тыва, Россия) и в одном образце диплоидного вида *A. wiestii* (к-94, Египет).

Высокие количества ДОН (>1500 мкг/кг) были выявлены в генотипах *A. barbata* (к-9, Эфиопия), *A. canariensis* (к-1914, Испания, Канарские острова), *A. fatua* (к-65, Болгария; к-743, Эфиопия; к-80, Китай), *A. insularis* (к-2067, Италия, Сицилия), *A. magna* (к-2100 и к-1786, Марокко) и *A. sterilis* (к-511, Израиль; к-140, Марокко). Сорт Bessip (к-15611, Норвегия) содержал наибольшее количество ДОН (321 мкг/кг) среди анализируемых образцов *A. sativa*. Позднеспелый сорт Belinda (к-14911, Швеция), ранее охарактеризованный как восприимчивый [10], содержал средние уровни ДОН (147 мкг/кг). Наименьшее количество ДОН (57 мкг/кг) выявлено в зерне сорта Odal (к-15353, Норвегия). Два анализируемых генотипа *A. byzantina* продемонстрировали контрастные реакции. Низкие количества ДОН выявлены в зерне сорта Bai Yan 7 (к-15524, Китай), в то же время сорт Медведь (к-15494, Россия, Кировская область) характеризовался очень высоким содержанием этого микотоксина — 1238 мкг/кг.

Микотоксин ЗЕН был выявлен в зерне только трех генотипов — *A. barbata* (к-316, Азербайджан), *A. ludoviciana* (к-547, Израиль), *A. wiestii* (к-95, Израиль) в количествах 38–237 мкг/мл.

## ОБСУЖДЕНИЕ

Дикие родичи культурных растений — ценный материал, который можно использовать для селекции новых сортов с заданными свойствами и хорошо адаптированных к изменяющимся условиям окружающей среды. Для того чтобы провести сравнение инфицированности

грибами и контаминации микотоксинами столь разнообразного генетического материала, как виды *Avena*, была проведена их искусственная инокуляциями грибом *F. culmorum*, являющимся типичным патогеном в регионе проведения эксперимента. В связи с морфологическими различиями и биологическими особенностями видов овса был выбран метод не прямого принудительного опрыскивания метелок, а распределения инокулюма по поверхности почвы под вегетирующими растениями, что, на наш взгляд, способствует поддержанию постоянного инфекционного фона, а также лучше имитирует естественные условия среды.

Тетраплоидные виды *A. insularis* и *A. magna* с геномом С, обладающие наибольшим опушением цветковых чешуй, характеризовались высокими показателями содержания ДНК *Tri-Fusarium* и ДОН в зерне. Ранее было показано, что генотипы этих видов также являлись устойчивыми к другим биотическим и абиотическим факторам [1, 2, 19].

Установлена достоверная положительная корреляция ( $r = +0,67$ ,  $p < 0,01$ ) между количеством ДНК грибов *Tri-Fusarium* и содержанием микотоксина ДОН в зерне всех анализируемых образцов (табл. 2). Ожидается не было выявлено связи между количеством ДНК *F. poae* и ДОН. Выявленная связь между количествами ДНК *Tri-Fusarium* и ДНК гриба *F. poae* вполне логична, поскольку последний вид также способен к биосинтезу трихотеценовых микотоксинов, который, однако, заканчивается образованием НИВ, а не ДОН.

Впервые в мире проведена оценка представительного набора генотипов 17 диких видов *Avena* по устойчивости к колонизации зерновки грибами *Fusarium* и накоплению микотоксинов в зерне. Наименьшие количества ДНК грибов и ДОН были выявлены в семи генотипах гексаплоидных видов овса: *A. byzantina* (к-15301, CDC Dancer, Канада; к-15524, Bai Yan 7, Китай); *A. sativa* (к-15353, Odal, Норвегия); *A. sterilis* (к-1425, CAV 1568 и к-1429, CAV 1577, Турция; к-2052, Израиль). Также наиболее низкое согласованное содержание грибов и микотоксинов

Таблица 2

### Взаимосвязь показателей оценки генотипов *Avena*

#### The connection the identified traits of the different *Avena* genotypes

Показатели	Плоидность	Масса 1000 зерен	Высота	Пленчатость	Опушенность	ДНК <i>Tri-Fusarium</i>	ДНК <i>F. poae</i>
Масса 1000	0,22						
Высота	0,00	-0,24					
Пленчатость	-0,12	0,05	0,20				
Опушенность	-0,49**	0,15	0,15	0,48*			
ДНК <i>Tri-Fusarium</i>	-0,28*	0,38*	-0,26*	0,39*	0,53**		
ДНК <i>F. poae</i>	-0,24	0,02	0,10	0,47**	0,46**	0,33*	
ДОН	-0,26*	0,22	-0,22	0,15	0,37*	0,67**	0,13

\*Коэффициенты корреляции существенны при уровне значимости  $p < 0,05$  и \*\* при уровне значимости  $p < 0,01$

установлено для дикого гексаплоида *A. fatua* (к-30, Тува) и одного диплоида *A. wiestii* (к-94, Ап 109, Египет).

В последнее время к генотипам, относящимся к *A. sterilis* и *A. fatua*, исследователи проявляют повышенный интерес, поскольку представители этих видов обладают множеством хозяйственно ценных признаков и легко могут быть использованы в интрогрессивной гибридизации для расширения генетического пула и улучшения существующих сортов.

Впервые дикие виды овса были использованы для практических селекционных целей в начале 20-х годов XX столетия, но только в 60-е годы появились первые коммерческие сорта с их участием. В результате переноса аллелей генов от вида *A. sterilis* в культурный овес продуктивность последнего увеличилась на 15–20 %. В настоящее время использование видов *A. fatua* и *A. sterilis* в скрещиваниях для целей селекции является рутинным делом. На основе этих видов создано много сортов овса, занимающих значительные посевные площади в США, Канаде, Бразилии и Австралии [1, 2].

Представляют интерес исследования турецких ученых, показавших, что протеиновый экстракт, полученный из зерна *A. fatua*, оказывал значительный подавляющий эффект на рост грибов *Aspergillus* и *Fusarium* по сравнению с экстрактами из зерна других злаков [20]. Овсяг обыкновенный *A. fatua* и овсяг южный *A. ludoviciana* являются особо опасными сорными культурами, засоряющими посевы сельскохозяйственных культур. В многочисленных публикациях, касающихся фузариоза диких видов овса, авторы в основном демонстрируют зараженность зерна этих злаков грибами *Fusarium* и возможность использования штаммов грибов для снижения засоренности посевов [21–23].

Многокомпонентный характер устойчивости растений к фузариозу во многом обусловлен морфологическими и физиолого-биохимическими особенностями растения (пассивным иммунитетом), влияющими как на проникновение и распространение гембиотрофных патогенов грибов рода *Fusarium*, так и на образование ими токсичных метаболитов.

Оценка взаимосвязи морфологических показателей генотипов *Avena* и содержания ДНК грибов в зерне показала достоверное увеличение ДНК грибов Tri-*Fusarium* в генотипах овса с более крупными зерновками ( $p < 0,05$ ), имеющими большую пленчатость. На количество микотоксина ДОН в зерне эти показатели влияния не оказывали. Опушенность цветковых чешуй увеличивала не только содержание ДНК грибов, но и содержание ДОН в зерне. Увеличение высоты растений оказывало существенное отрицательное влияние на количественное присутствие ДНК Tri-*Fusarium*, но не влияло на количество ДНК *F. poae*. Действительно, растительные остатки, находящиеся на поверхности или в верхних слоях почвы, являются местом сохранения для многих видов грибов. В нашем эксперименте уси-

нию этой связи способствовал инокулом *F. culmorum*, распределенный по поверхности почвы.

В среднем по всем проанализированным генотипам *Avena* содержание ДНК грибов Tri-*Fusarium* было в 2,8 раза больше, чем ДНК гриба *F. poae*. Однако на естественном фоне из зерна овса грибок *F. poae* всегда выделяется с большей частотой, чем другие виды этого рода [4, 6, 24, 25]. Грибок *F. poae* является относительно слабым патогеном, и его постоянное присутствие в микробиоте зерна овса до сих пор не имеет точного объяснения. По всей видимости, высокая частота его встречаемости, выявляемая микробиологическим методом, не позволяла оценить глубину инвазии этого гриба в зерно.

В то же время и метод количественного выявления ДНК грибов имеет свои ограничения и не всегда позволяет корректно сопоставить количество биомассы разных целевых микроорганизмов в одном хозяине. Так, в нашем случае пара праймеров ТМТриf/г на группу видов *Fusarium*, способную образовывать трихотеценовые микотоксины, была создана на основе сиквенса гена *Tri5*, который кодирует начальный этап биосинтеза этих токсичных метаболитов [16]. Праймеры ТМроаef/г для количественного выявления гриба *F. poae* были созданы на основе последовательности нуклеотидов IGS участка рибосомальной ДНК [18]. Изначальные различия между исходным количеством молекул, содержащих амплифицируемый фрагмент, не дают возможности сравнивать обильность ДНК этих двух объектов в одном образце, но позволяют сравнивать генотипы между собой по зараженности тем или иным целевым объектом.

К существенному увеличению количества ДНК *F. poae* в зерне приводили пленчатость зерна и опушенность чешуй овса ( $p < 0,01$ ). Возможно, что в период физиологического старения колосковых и цветковых чешуй, которые неплотно прилегают к зерновке, происходит усиление роста сапротрофных грибов. Таким образом, эти морфологические структуры играют важную роль в защите зерновки, служат дополнительным барьером на пути проникновения патогена и являются фактором пассивной устойчивости.

Достоверной связи между высотой растений овса и количеством ДНК *F. poae* в зерне не выявлено. Этот грибок, в отличие от *F. culmorum*, не способен к обильному образованию макроконидий, а образует только микроконидии (около 5 мкм в диаметре), легко распространяемые ветром с окружающих культурных и сорных злаковых трав. Также для большинства культур гриба *F. poae* характерно присутствие довольно сильного фруктово-сладкого аромата. По мнению некоторых исследователей, запах *F. poae* является аттрактивным для насекомых и клещей, которые способствуют разносу конидий и заселению грибом поврежденной ими растительной ткани [26–28].

Исследование взаимоотношений *Avena* и *Fusarium* представляет несомненный научный и практический ин-

терес в связи с широким внутривидовым разнообразием этих групп организмов и значительной востребованностью качественного зерна овса для пищевых и кормовых целей. Вовлечение разнообразного генетического материала, в том числе диких видов *Avena* различного происхождения, в селекционный процесс является современным требованием улучшения культуры овса и сокращения генетической эрозии.

## ВЫВОДЫ

Впервые проведена сравнительная оценка генофонда рода *Avena* на примере 66 генотипов, относящихся к 2 культурным и 17 диким видам, по устойчивости к фузариозу зерна (заражению грибами *Fusarium* и накоплению микотоксина ДОН).

На искусственном фоне гриба *F. culmorum* дана характеристика генотипов как культурных, так и не подвергнутых селекционной работе диких видов *Avena*.

Показаны статистически достоверные связи между морфологическими характеристиками и количеством ДНК грибов *Fusarium*, характеризующихся различными патогенными свойствами, а также содержанием микотоксина ДОН.

Наименьшее количество ДНК грибов и ДОН было выявлено в семи гексаплоидных генотипах, относящихся к видам *A. byzantina*, *A. sterilis*, *A. sativa*, *A. fatua*, и одном диплоидном *A. wiestii*. Выявленные высокоустойчивые генотипы культурных и диких видов *Avena* должны быть использованы в селекции новых сортов овса.

Оценка существующего генетического разнообразия видов овса представляет устойчивый научный интерес, для чего необходимы дальнейшие исследования с включением образцов мирового разнообразия рода *Avena*.

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

## ЛИТЕРАТУРА

- Loskutov IG. On evolutionary pathways of *Avena* species. *Gen Res Crop Evol.* 2007;55:211-220. doi: 10.1007/s10722-007-9229-2.
- Loskutov IG, Rines HW. *Avena* L. Wild crop relatives: genomic and breeding resources. In: Kole C, editor. Wild crop relatives: genomic and breeding resources. Cereals. Heidelberg, Berlin, New York: Springer; 2011. P. 109-184. doi: 10.1007/978-3-642-14228-4\_3.
- Loskutov IG, Melnikova SV, Bagmet LV. Eco-geographical assessment of *Avena* L. wild species at the VIR herbarium and genebank collection. *Gen Res Crop Evol.* 2017;64:177-188. doi: 10.1007/s10722-015-0344-1.
- Stenglein SA. *Fusarium poae*: a pathogen that needs more attention. *J Plant Pathol.* 2009;91:25-36. doi:10.4454/jpp.v91i1.621.
- Гаврилова О.П., Гагкаева Т.Ю., Буркин А.А., Кононенко Г.П. Зараженность грибами рода *Fusarium* и контаминация микотоксинами зерна овса и ячменя на севере Нечерноземья // Сельскохозяйственная биология. — 2009. — № 6. — С. 89–93. [Gavrilova OP, Gagkaeva TY, Burkin AA, Kononenko GP. Mycological infection by *Fusarium* strains and mycotoxins contamination of oats and barley in the north of Nonchernozem'e. *Agricultural biology.* 2009;(6):89-93. (In Russ.)]
- Гаврилова О.П., Ганнибал Ф.Б., Гагкаева Т.Ю. Зараженность зерна овса грибами *Fusarium* и *Alternaria* и ее сортовая специфика в условиях Северо-Запада России // Сельскохозяйственная биология. — 2016. — Т. 51. — № 1. — С. 111–118. [Gavrilova OP, Gannibal PB, Gagkaeva TY. *Fusarium* and *Alternaria* fungi in grain of oats grown in the north-western Russia regarding cultivar specificity. *Agricultural biology.* 2016;1:111-118. (In Russ.)]. doi: 10.15389/agrobiology.2016.1.111rus.
- Thrane U, Adler A, Clasen P, et al. Diversity in metabolite production by *Fusarium langsethiae*, *Fusarium poae* and *Fusarium sporotrichioides*. *Int J Food Microbiol.* 2004;95:257-266. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2003.12.005.
- Boutigny A-L, Richard-Forget F, Barreau C. Natural mechanisms for cereal resistance to the accumulation of *Fusarium* trichothecenes. *Eur J Plant Pathol.* 2008;121: 411-423. doi: 10.1007/s10658-007-9266-x.
- 10th International Oat Conference; 2016 Jul 11-15; Saint Petersburg, Russia. Available at: <http://oats2016.org/> [http://www.oats2016.org/files/29614\\_BLOK\\_farexpo\\_tezisy\\_kongress.pdf](http://www.oats2016.org/files/29614_BLOK_farexpo_tezisy_kongress.pdf).
- Bjørnstad Å, Skinnes H. Resistance to *Fusarium* infection in oats (*Avena sativa* L.). *Cereal Res Commun.* 2008;36:57-61. doi: 10.1556/CRC.36.2008. Suppl.B.9.
- Germeier C, Maggioni L, Katsiotis A, Lipman E. Report of a working group on *Avena*. In: Sixth meeting "Avena genetic resources for quality in human consumption" (AVEQ); 2010 Oct 19-22; Bucharest, Romania; 2010. P. 1-35.
- Лоскутов И.Г., Блинова Е.В., Гаврилова О.П., Гагкаева Т.Ю. Разнообразие культурного овса по хозяйственно ценным признакам и их связь с устойчивостью к фузариозу // Вавиловский журнал генетики и селекции. — 2016. — Т. 20. — № 3. — С. 286–294. [Loskutov IG, Blinova EV, Gavrilova OP, Gagkaeva TY. The valuable characteristics of oats genotypes and resistance to *Fusarium* disease. *Russian journal of genetics: applied research.* 2016;20(3):286-294. (In Russ.)]. doi: 10.18699/VJ16.151.
- Лоскутов И.Г., Ковалева О.Н., Блинова Е.В. Методические указания по изучению и сохранению мировой коллекции ячменя и овса. — СПб.: ВИР, 2012. [Loskutov IG, Kovaleva ON, Blinova EV. Methodological guidance



- directory for studing and maintaining VIR's collections of barley and oat. Saint Petersburg: VIR; 2012. (In Russ.)]
14. European Commission. Community reference laboratory for GM food and feed. Event-specific for the quantitation of maize line NK603 using real-time PCR. 2005. Available at: [http://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/summaries/NK603report\\_mm.pdf](http://gmo-crl.jrc.ec.europa.eu/summaries/NK603report_mm.pdf).
  15. Gagkaeva TY, Gavrilova OP, Loskutov IG, Yli-Mattila T. Sources of resistance to *Fusarium* head blight in VIR oat collection. *Euphytica*. 2013;191:355-364. doi: 10.1007/s10681-013-0865-7.
  16. Halstensen AS, Nordby KC, Eduard W, Klemsdal SS. Real-time PCR detection of toxigenic *Fusarium* in airborne and settled grain dust and associations with trichothecene mycotoxins. *J Environm Monitoring*. 2006;8:1235-1241. doi: 10.1039/b609840a.
  17. Yli-Mattila T, Paavanen-Huhtala S, Jestoi M, et al. Real-time PCR detection and quantification of *Fusarium poae*, *F. graminearum*, *F. sporotrichioides* and *F. langsethiae* in cereal grains in Finland and Russia. *Arc Phytopathol Plant Protect*. 2008;41(4):243-260. doi: 10.1080/03235400600680659.
  18. Konstantinova P, Yli-Mattila T. IGS-RFLP analysis and development of molecular markers for identification of *F. poae*, *F. langsethiae*, *F. sporotrichioides* and *F. kyushuense*. *Int J Food Microbiol*. 2004;95:321-331.
  19. Loskutov IG, Kosareva IA, Melnikova SV, et al. Genetic diversity in tolerance of wild *Avena* species to aluminium (Al) *Gen Res Crop Evol*. 2016. doi: 10.1007/s10722-016-0417-9.
  20. Banu Buyukunal Bal E. Efficacy of seed storage proteins of cereal grains on *Aspergillus* and *Fusarium spp.* *Animal Health Prod Hyg*. 2012;1:47-51.
  21. Kazemi HA, Shimi P. Determination of the host range of *Fusarium moniliforme* isolated from winter wild oat (*Avena ludoviciana*) in Iran. *Iranian Journal of Weed Science*. 2005;1(1):67-72.
  22. Liang C, Qing-Yun G. Potential research of *Fusarium avenaceum* isolate GD-2 as a bioherbicide agent for wild oats (*Avena fatua* L.). *J Agric Sci Technol*. 2014;16(3):70.
  23. de Luna LZ, Kennedy AC, Hansen JC, et al. Mycobiota on wild oat (*Avena fatua* L.) seed and their caryopsis decay potential. *Plant Health Prog*. 2011. doi: 10.1094/PHP-2011-0210-01-RS.
  24. Левитин М.М., Иващенко В.Г., Шипилова Н.П., и др. Возбудители фузариоза колоса зерновых культур и форм проявления болезни на Северо-Западе России // Микология и фитопатология. — 1994. — Т. 28. — № 3. — С. 58—64. [Levitin MM, Ivashchenko VG, Shipilova NP, et al. *Fusarium* head blight pathogens and manifestation forms of the disease in North-West Russia. *Mycology and phytopathology*. 1994;28(3):58-64. (In Russ.)]
  25. Bourdages JV, Marchand S, Rioux S, Belzile FJ. Diversity and prevalence of *Fusarium* species from Quebec barley fields. *Can J Plant Pathol*. 2006;28:419-425. doi: 10.1080/07060660609507315.
  26. Гагкаева Т.Ю., Шамшев И.В., Гаврилова О.П., Селицкая О.Г. Биология взаимоотношений грибов рода *Fusarium* и насекомых (обзор) // Сельскохозяйственная биология. — 2014. — № 3. — С. 13—23. [Gagkaeva TY, Shamshev IV, Gavrilova OP, Selitskaya OG. Biological relationships between *Fusarium* fungi and insects (review). *Agricultural biology*. 2014;(3):13-23. (In Russ.)]. doi: 10.15389/agrobiol.2014.3.13rus.
  27. Степаньчева Е.А., Петрова М.О., Черменская Т.Д., и др. Эколого-биохимические взаимодействия грибов рода *Fusarium* и фитофагов злаковых культур // Евразийский энтомологический журнал. — 2016. — Т. 15. — № 6. — С. 530—537. [Stepanycheva EA, Petrova MO, Chermenskaya TD, et al. Ekologo-bio-khimicheskie vzaimodeistviya gribov roda *Fusarium* i fitofagov zlakovykh kul'tur. *Euroasian entomological journal*. 2016;15(6):530-537. (In Russ.)]
  28. Savelieva E, Gustyleva L, Migalovskaya E, et al. Study of the vapor phase over *Fusarium* fungi cultured on various substrates. *Chem Biodivers*. 2016;13(7):891-903. doi: 10.1002/cbdv.201500284.

**DIVERSITY OF THE SPECIES OF GENUS AVENA REVEALED BY MORPHOLOGICAL CHARACTERS AND RESISTANCE TO FUSARIUM INFECTION OF GRAIN**

T.Yu. Gagkaeva, O.P. Gavrilova, A.S. Orina, E.V. Blinova, I.G. Loskutov

For citation: *Ecological genetics*. 2017;15(1):20-29

✿ **SUMMARY:** Sixty six genotypes belong to wild and cultivated *Avena* species from the VIR collection were evaluated for infection of grain by *Fusarium* fungi and mycotoxins in accumulation. Among genotypes 13.6, 28.8, and 57.6% were diploid, tetraploid, and hexaploid oats, respectively. The aim of this study was to recognize the interrelationship between the wild species of the genus *Avena* not subjected to formal breeding programs, and *Fusarium* fungi, which have been reported as predominant seed borne pathogens. The real-time PCR was used to simultaneously detect and quantify fungi in grain of *Avena* genotypes. Mycotoxin analysis was performed by ELISA. The average amount of *Fusarium* DNA and deoxynivalenol (DON) in groups of the tetraploid oats were higher than they were found in the groups of di- and hexaploid species. It was determining the strong correlation between the presence of Tri-*Fusarium* DNA and DON content ( $p < 0,01$ ). The low amounts of DON in the grain were detected in seven hexaploid genotypes (*A. byzantina*, *A. sterilis*, *A. sativa*, and *A. fatua*) and one diploid *A. wiestii*. The connection of morphological characters (weight of 1000 grains, husk hardness, trichomes profusion and plant height) of *Avena* species and the indicators of *Fusarium* infection were analyzed. Only biomass of *Fusarium* has demonstrated significant connection with weight of 1000 grains. Significant correlation between the hardness of husk and the amounts of *Fusarium* DNA ( $p < 0,01$ ) was detected. For *Fusarium* the strong protective effect of the husk from the penetration of pathogens into grain was evident.

✿ **KEYWORDS:** *Avena* species; ploidy; fungal DNA; *Fusarium*; mycotoxins; real-time PCR; ELISA.

## ✿ Информация об авторах

**Татьяна Юрьевна Гагкая** — канд. биол. наук, доцент, ведущий научный сотрудник лаборатории микологии и фитопатологии. ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений». E-mail: t.gagkaeva@mail.ru.

**Ольга Павловна Гаврилова** — канд. биол. наук, научный сотрудник лаборатории микологии и фитопатологии. ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений». E-mail: olgavrilova1@yandex.ru.

**Александра Станиславовна Орина** — канд. биол. наук, научный сотрудник лаборатории микологии и фитопатологии. ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений». E-mail: orina-alex@yandex.ru.

**Елена Владимировна Блинова** — канд. с.-х. наук, старший научный сотрудник отдела генетических ресурсов овса, ржи, ячменя. ФИЦ «Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова». E-mail: e.blinova@vir.nw.ru.

**Игорь Градиславович Лоскутов** — д-р биол. наук, доцент, главный научный сотрудник, заведующий отделом генетических ресурсов овса, ржи, ячменя. ФИЦ «Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова». E-mail: i.loskutov@vir.nw.ru.

## ✿ Information about the authors

**Taiana Yu. Gagkaeva** — Ph.D., Senior Scientist, Docent in Mycology. All-Russian Scientific Research Institute of Plant Protection (VIZR), Pushkin, Saint Petersburg, Russia. E-mail: t.gagkaeva@mail.ru.

**Olga P. Gavrilova** — Ph.D., Researcher. All-Russian Scientific Research Institute of Plant Protection (VIZR), Pushkin, Saint Petersburg, Russia. E-mail: olgavrilova1@yandex.ru.

**Alexandra A. Orina** — Ph.D., Researcher. All-Russian Scientific Research Institute of Plant Protection (VIZR), Pushkin, Saint Petersburg, Russia. E-mail: orina-alex@yandex.ru.

**Elena V. Blinova** — Ph.D., Researcher. Federal Research Center N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Saint Petersburg, Russia. E-mail: e.blinova@vir.nw.ru.

**Igor G. Loskutov** — Dr. of Biological Sci., Prof., Head of department of Genetic Resources Oat, Barley, Rye (VIR). Federal Research Center N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), Saint Petersburg, Russia. E-mail: i.loskutov@vir.nw.ru.