

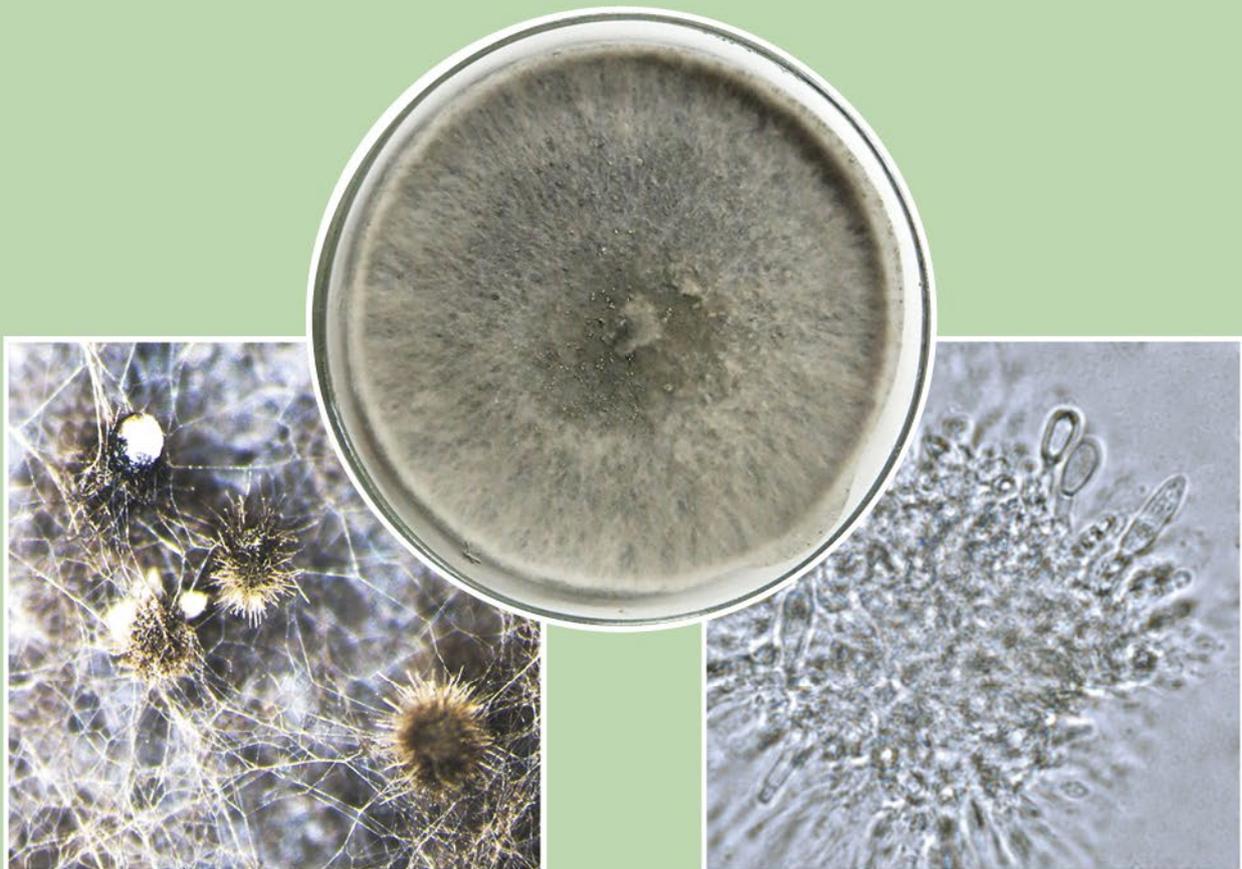


ISSN 1727-1320 (Print),
ISSN 2308-6459 (Online)

ВЕСТНИК ЗАЩИТЫ РАСТЕНИЙ

PLANT PROTECTION NEWS

2021 ТОМ ВЫПУСК
 VOLUME 104 ISSUE 4



Санкт-Петербург
St. Petersburg, Russia

Для оформления обложки использованы изображения *Botryosphaeria sinensis*: культура на картофельно-сахарозной агаризованной среде, пикниды на поверхности колонии и конидиогенные клетки (© Гасич Е.Л., Орина А.С. <https://doi.org/10.31993/2308-6459-2021-104-4-15142>, см. стр. 213-217 настоящего выпуска).

For the title page design, the images of *Botryosphaeria sinensis* were used: a colony on potato sugar agar, pycnidia on the colony surface and conidiogenous cells (© Gasich E.L., Orina A.S. <https://doi.org/10.31993/2308-6459-2021-104-4-15142>, see page 213-217 of the current issue).

BOTRYOSPHAERIA SINENSIS – ПЕРВАЯ НАХОДКА НА ЛЮПИНЕ БЕЛОМ

Е.Л. Гасич, А.С. Орина*

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург

* ответственный за переписку, e-mail: orina-alex@yandex.ru

При микологическом анализе семян люпина белого сорта Дега из Орловской области в 2018 году был выделен штамм MF KP-12.1, по морфолого-культуральным характеристикам сходный с грибами *Botryosphaeria*. Филогенетический анализ на основе нуклеотидных последовательностей фрагментов генов большой субъединицы рРНК (LSU), фактора элонгации-1 α (TEF) и внутреннего транскрибируемого спейсера (ITS) позволил однозначно установить принадлежность штамма виду *B. sinensis*. При заражении в лабораторных условиях 2-недельных растений люпина белого мицелиальной суспензией штамма *B. sinensis* степень поражения растений на 3 сут достигла 67%, на 10 сут отмечалась 100% гибель растений. Патогенные свойства были подтверждены реизоляцией штамма *B. sinensis* из пораженных растений. Это первая находка *B. sinensis* на люпине белом, который не был известен как возможный хозяин для этого гриба. Также это первое обнаружение *B. sinensis* на территории России.

Ключевые слова: *Lupinus albus*, бобовые травы, семенная инфекция, пикнидиальные грибы, ДНК, патогенность

Поступила в редакцию: 22.10.2021

Принята к печати: 30.11.2021

Введение

Грибы рода *Botryosphaeria* Ces. & De Not. (Botryosphaeriaceae, Botryosphaeriales) обнаружены на всех континентах и являются неспециализированными патогенами, выявленными на нескольких сотнях видов растений-хозяев (Crous et al., 2006). Грибы рода *Botryosphaeria* могут длительное время вести эндофитный образ жизни, приводя к развитию симптомов при ослаблении растений под действием стресса (Marsberg et al., 2017). *Botryosphaeria* spp. поражают преимущественно древесные растения (Crous et al., 2006), однако, некоторые виды зарегистрированы в качестве возбудителей болезней однолетних травянистых растений. Так, например, типовой вид рода *Botryosphaeria dothidea* (Moug.) Ces. & De Not. вызывал гниль стеблей сои (Chen et al., 2021) и табака (Bian et al., 2015), а также серую гниль гречихи татарской (Tang et al., 2021), что подтверждает широкий круг хозяев этого вида (Phillips et al., 2014; Marsberg et al., 2017). Информация о специализации других видов рода *Botryosphaeria* отрывочна.

Среди видов семейства Fabaceae, на которых выявлены грибы *Botryosphaeria*, преобладают древесные растения (Liu et al., 2012; Slippers et al., 2014), тогда как сведения о находках *Botryosphaeria* на бобовых травах немногочисленны (Farr, Rossman, 2021).

В последние годы была проведена ревизия рода *Botryosphaeria* и описано более десяти новых видов (Liu et al., 2012; Slippers et al., 2014; Zhou et al., 2016, 2017; Li et al., 2018; Chu et al., 2021; Hattori et al., 2021). Использование только морфологических характеристик для точной идентификации видов *Botryosphaeria* недостаточно, поскольку признаки могут перекрываться с другими видами Botryosphaeriaceae (Marsberg et al., 2017). Для точной идентификации штаммов *Botryosphaeria* spp. молекулярными методами применяют филогенетический анализ последовательностей нескольких участков генома гриба (Crous et al., 2006; Zhou et al., 2017; Hattori et al., 2021).

Целью работы является уточнение таксономического статуса и изучение свойств штамма *Botryosphaeria* sp. MF KP-12.1, выделенного из семян люпина белого.

Материалы и методы

Образец семян люпина белого сорта Дега (Орловская область, 2018) промывали водопроводной водой, затем стерилизовали 0.1% раствором нитрата серебра в течение 1 мин с последующим промыванием стерильной водой. Поверхностно стерилизованные семена помещали в чашки Петри на поверхность картофельно-сахарозной агаризованной среды (КСА). Чашки инкубировали в термостате при 24°C, выросшие колонии грибов отсеивали в чашки Петри с КСА.

Морфологические особенности штамма *Botryosphaeria* sp. MF KP-12.1 анализировали при культивировании на КСА в течение 7 суток при 24°C в темноте, а затем при

переменном эритемном освещении (12 ч день / 12 ч ночь) для индукции спороношения. Оценивали тип и окраску воздушного мицелия, пигментацию колонии. Анализировали размеры пикнид, конидий, их форму и другие микроморфологические признаки.

Характеристики штамма *Botryosphaeria* sp. MF KP-12.1 были исследованы и задокументированы с помощью микроскопа Olympus BX53 и стереомикроскопа Olympus SZX16 (Olympus, США), подключенного к камере PROKYON (Jenoptik, Германия).

Выделение ДНК из 40–50 мг мицелия, собранного с поверхности колонии гриба *Botryosphaeria* sp. MF KP-12.1,

проводили с помощью набора Genomic DNA Purification Kit (Thermo Fisher Scientific, Литва) согласно протоколу производителя.

Определение видовой принадлежности штамма было проведено на основе анализа нуклеотидных последовательностей трех участков генов: большой субъединицы рРНК (LSU), внутреннего транскрибируемого спейсера рДНК (ITS) и фактора элонгации-1 α (TEF). Амплификацию фрагментов проводили по протоколам авторов с использованием праймеров LSU1Fd (Crous et al., 2009) и LR5 (Vilgalys, Hester, 1990), ITS1 и ITS4 (White et al., 1990), EF1-728f и EF1-986r (Carbone, Kohn, 1999), соответственно. Нуклеотидные последовательности фрагментов определяли на секвенаторе ABIPrism 3500 (Applied Biosystems, Hitachi, Japan) с использованием набора реактивов BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems,

USA). Процедуры выравнивания проводили с помощью программы Vector NTI Advance 10 (Thermo Fisher Scientific). Полученные сиквенсы были проверены на сходство с депонированными в международной информационной базе данных NCBI GenBank (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). Филогенетические реконструкции проводили методами максимальной экономии (maximum parsimony; MP) с использованием программы MEGA X 10.1 (Kumar et al., 2018), а также байесовской вероятности (Bayesian probability; BP) с помощью программы MrBayes v.3.2.1 на платформе Armadillo 1.1 (Lord et al., 2012). Достоверность топологии филогенетических деревьев определяли посредством бутстрэп-анализа (1000 повторностей). Полученные нуклеотидные последовательности размещены в базе данных NCBI GenBank (Таблица 1).

Таблица 1. Штаммы грибов, включенные в филогенетическое исследование

Table 1. Fungal strains included in phylogenetic analysis

Вид Species	Номер штамма в коллекции Collection number	Хозяин, субстрат Host, substrate	Страна, регион Country, region	Год Year	Номер нуклеотидной последовательности в GenBank Accession numbers in GenBank		
					LSU	ITS	TEF
<i>B. agaves</i>	CBS 133992 ET*	<i>Agave</i> sp., листья/leaves	Thailand	2010	JX646808	JX646791	JX646856
<i>B. auasmontanum</i>	CMW 25413 ET	<i>Acacia mellifera</i>	Namibia	2006	KF766332	KF766167	EU101348
<i>B. corticis</i>	CBS 119047 ET	<i>Vaccinium corymbosum</i>	USA	2005	EU673244	DQ299245	EU017539
<i>B. dothidea</i>	CBS 115476 ET	<i>Prunus</i> sp.	Switzerland		DQ377852	KF766151	AY236898
<i>B. fabicerciana</i>	CBS 127193 ET	<i>Eucalyptus</i> sp.	China	2007	MF410028	HQ332197	HQ332213
<i>B. fusispora</i>	MFLUCC 10-0098 ET	<i>Entada</i> sp.	Thailand	2009	JX646806	JX646789	JX646854
<i>B. ramosa</i>	CGMCC3.18006	Myrtaceae	China		KX197081	KX197072	KX197092
<i>B. rosaceae</i>	CGMCC3.18007	<i>Malus</i> sp.	China		KX197083	KX197074	KX197094
<i>B. sinensis</i>	CGMCC3.17723	<i>Morus</i> sp	China		KX197090	KT343254	KU221233
<i>B. sinensis</i>	CFCC 82255		China		KY825090	KT343258	KU221236
<i>B. sinensis</i>	MF KP-12.1**	<i>Lupinus albus</i> семена/seeds	Russia, Oryol region	2018	OK428857***	OK428922	OK483042
<i>Macrophomina phaseolina</i>	CBS 227.33	<i>Zea mays</i>			DQ377906	KF531825	KF531804

Примечание. * Штаммы, нуклеотидные последовательности которых использовались в филогенетическом анализе в качестве референсных. ET – типовой штамм;

** полужирным шрифтом отмечен исследуемый штамм;

*** полужирным шрифтом отмечены нуклеотидные последовательности, полученные в данном исследовании.

* Strains used as references in phylogenetic analyses;

** bold font indicates the strain investigated in the present study;

*** bold font indicates the nucleotide sequences obtained in the present study.

Для оценки патогенности штамм *Botryosphaeria* sp. MF KP-12.1 выращивали в жидкой соевой среде (KH_2PO_4 – 2 г, $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ – 1 г, MgSO_4 – 1 г, глюкоза – 20 г, соевая мука – 10 г, вода – 1 л, 50 мл среды на 250 мл колбу) на орбитальном шейкере (200 об/мин) при комнатной температуре в течение 4 суток. Мицелий отделяли от культуральной жидкости, отжимали, измельчали и готовили суспензию в стерильной воде с концентрацией 50 мг/мл.

Семена люпина белого высевали по 3 штуки в сосуды с почвой и выращивали на светоустановке при 25 °C и переменном освещении (12 ч день / 12 ч ночь) в течение 2 недель до достижения стадии 4 настоящих листьев. Отрезки листьев люпина белого раскладывали по 4 штуки в чашки Петри на фильтровальную бумагу, увлажненную стерильной водой. На верхнюю поверхность листового

отрезка наносили каплю 10 мкл мицелиальной суспензии. Чашки Петри с инокулированными отрезками листьев инкубировали при комнатной температуре и естественном освещении. Диаметр некрозов измеряли на 3 сутки. Целые растения инокулировали опрыскиванием мицелиальной суспензией из расчета 10 мл на сосуд. Инокулированные растения помещали во влажные камеры на 24 часа, затем инкубировали при 25 °C и переменном освещении. Определяли площадь пораженной поверхности по установленной методике (Pfirter, Defago, 1998). Опыт выполняли в трехкратной повторности.

Реизоляцию гриба из растений люпина белого с симптомами повреждения производили по методике, описанной выше.

Результаты и обсуждение

В результате микологического анализа семян люпина белого (*Lupinus albus* L.) выделен штамм MF KP-12.1 *Botryosphaeria* sp. Штамм хранится в коллекции чистых культур микроорганизмов лаборатории микологии и фитопатологии ВИЗР.

На КСА колонии сверху и снизу вначале оливково-коричневые, потом сверху темно-бурые, снизу черные, по текстуре войлочные, диаметр колоний на 3 сут – 44.2 ± 1.4 мм, на 7 сут колонии достигают края чашки (Рис. 1). Пикниды поверхностные, часто образуют конгломераты, реже одиночные, округлые или грушевидные, иногда с

сосочком или короткой шейкой, часто на вершине расширенные и покрытые мицелием, черные, 130–810 × 120–675 мкм, споровый экссудат беловатый. Конидии веретеновидные, на концах закругленные, иногда в основании усеченные, гиалиновые, одноклетные, 15.5–24 × 4.5–6.5 мкм, в среднем 19.6 × 5.5 мкм. Конидиогенные клетки гиалиновые, почти цилиндрические, 7–19.5 × 2.2–3.2 мкм. Спермации одноклетные, гиалиновые, цилиндрические с закругленными концами или слегка согнутые, 4–7 × 1.7–2.0 мкм, в среднем 5.4 × 1.8 мкм.

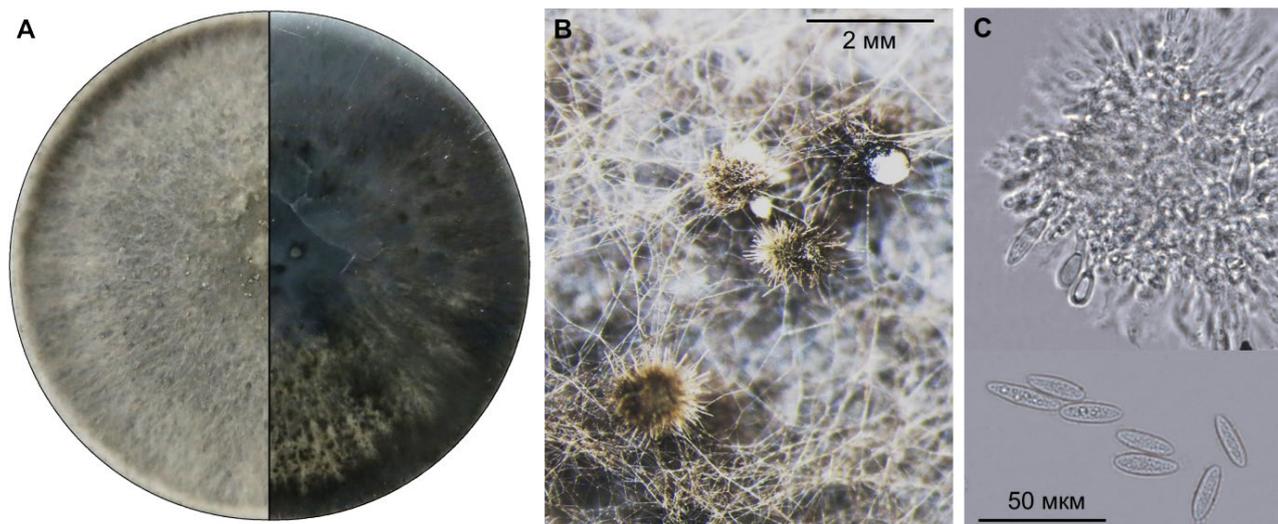


Рисунок 1. *Botryosphaeria sinensis* MF KP-12.1: А – культура на картофельно-сахарозной агаризованной среде, 7 сут., 25 °С, верхняя и нижняя стороны колонии; В – пикниды на поверхности колонии; С – конидиогенные клетки и конидии

Figure 1. *Botryosphaeria sinensis* MF KP-12.1: А – a colony on potato sugar agar, one week, 25 °C, upper and under sides; В – pycnidia on the colony surface; С – conidiogenous cells and conidia

В филогенетический анализ комбинированных последовательностей фрагментов LSU, ITS и TEF *Botryosphaeria* spp. были включены 12 последовательностей, состоящих из 1287 пар нуклеотидов (LSU – 529 п.н., ITS – 492 п.н., TEF – 266 п.н.), среди которых 1137 п.н. были консервативные, а 138 п.н. — вариабельные. Последовательность типового штамма CBS 227.33 *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. была выбрана в качестве внешней группы (Рис. 2). Два штамма *B. sinensis* CFCC 82255 и CGMCC 3.17723, а также исследуемый штамм MF KP-12.1 *Botryosphaeria* sp. формировали отдельную кладу с высокой бутстреп поддержкой МР/ВР 93/1.0. Степень сходства последовательностей анализированных фрагментов LSU, ITS и TEF для этих трех штаммов составляла 100%. Таким образом, принадлежность штамма MF KP-12.1 виду *B. sinensis* считали установленной.

Штамм MF KP-12.1 *Botryosphaeria sinensis* оказался патогенным для люпина белого, причем продемонстрировал высокую агрессивность. Уже на 3 сутки на отрезках листьев люпина зарегистрировано развитие крупных обводненных пятен размером 7.7±1.3 мм вокруг места нанесения инокулюма. В случае заражения целых растений, на 3 сутки степень поражения растений составила 67%, на 7 сутки – 84%, на 10 сутки зарегистрирована 100% гибель растений. Патоген был реизолирован из пораженных тканей.

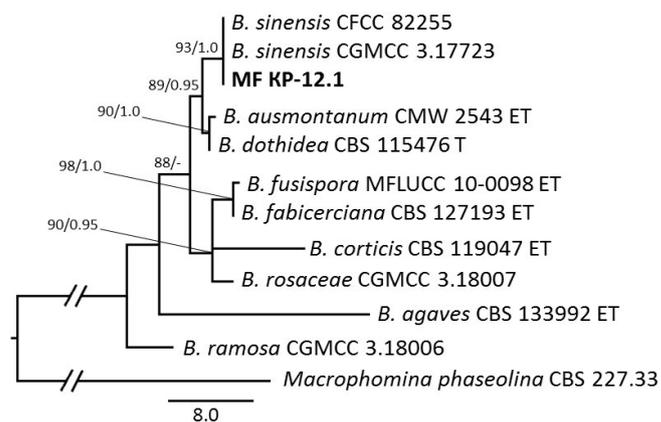


Рисунок 2. Филогенетическая реконструкция *Botryosphaeria* spp., построенная на основе комбинированных последовательностей LSU, ITS и TEF. В узлах приведены значения бутстреп-поддержки при анализе методом максимальной экономии (> 70%), а также Байесовской апостериорной вероятности (> 0.95). ET, типовой штамм

Figure 2. Phylogenetic reconstruction based on DNA sequence data from three loci (LSU, ITS and TEF) of *Botryosphaeria* spp. Maximum parsimony bootstrap support values > 70% followed by Bayesian posterior probability scores > 0.95 are shown at the nodes. The tree was rooted with *Macrophomina phaseolina*. ET, ex-type strain

Информация о находках грибов *Botryosphaeria* spp. на травянистых растениях семейства бобовых довольно скудная, имеются сообщения о нахождении *B. dothidea* на антопегии в Кении (Caretta et al., 1999), баптизии в Северной Америке (Hanlin, 1963), вигне китайской в Бразилии (Mendes et al., 1998). Сведений об обнаружении грибов *Botryosphaeria* на древесных растениях семейства Fabaceae значительно больше. Вид *B. dothidea* был выявлен на около 20 видах деревьев и кустарников этого семейства (Huang et al., 2021; Farr, Rossman, 2021). Также, *B. auasmontanum* F.J.J. Van der Walt, Slippers & G.J. Marais находили на сенегалии медоносной (Slippers et al., 2014). Гриб *B. fusispora* Voonmee, J.K. Liu & K.D. Hyde вызывал заболевание энтады (Liu et al., 2012), а *B. ribis* Grossenb. & Duggar поражал багрянник (Pooler et al., 2002).

Botryosphaeria sinensis была зарегистрирована на грецком орехе, яблоне, шелковице и тополе в Китае (Zhou et al., 2016), а также на яблоне, манго и персике в Австралии (Burgess et al., 2019). Находки *B. sinensis* на представителях различных семейств Juglandaceae, Rosaceae, Moraceae,

Salicaceae, Anacardiaceae свидетельствуют об отсутствии специализации этого патогена. На растениях *Lupinus* spp. грибы рода *Botryosphaeria* ранее не отмечались. Это первое сообщение об обнаружении *B. sinensis* на люпине белом и первая находка этого гриба на территории России.

Известно, что споры близкородственного вида *B. dothidea* обильно присутствуют в воздухе и в образцах почвенной воды вблизи древесных растений с симптомами поражения данным грибом (Wang and Zhang, 2019). Среди представителей рода *Botryosphaeria* этот вид был единственным, который вызывал заболевания однолетних культурных растений – сои и табака (Bian et al., 2015; Chen et al., 2021). Вероятно, при наличии пораженных *Botryosphaeria* spp. деревьев или кустарников в разделительных полосах, споры этих грибов могут достигать культурных растений на полях и колонизировать их при благоприятных условиях. Это может приводить к появлению в микобиоте культурных растений нетипичных для них микромицетов.

Работа выполнена при поддержке РФФ (проект № 19-76-30005).

Библиографический список (References)

- Bian CH, Miao P, Kang YB (2015) First report of canker disease of flue-cured tobacco caused by *Botryosphaeria dothidea* in China. *Plant Dis* 99:890–890. <https://doi.org/10.1094/PDIS-10-14-1085-PDN>
- Burgess TI, Tan YP, Garnas J, Edwards J et al (2019) Current status of the Botryosphaeriaceae in Australia. *Australas Plant Pathol* 48:35–44. <https://doi.org/10.1007/s13313-018-0577-5>
- Carbone I, Kohn LM (1999) A method for designing primer sets for speciation studies in filamentous ascomycetes. *Mycologia* 91:553–556. <https://doi.org/10.1080/00275514.1999.12061051>
- Caretta G, Piontelli E, Picco AM, Del Frate G (1999) Some filamentous fungi on grassland vegetation from Kenya. *Mycopathologia* 145:155–169.
- Chen TM, Shi XC, Wang SY, Laborda P (2021) First report of *Botryosphaeria dothidea* causing stem canker on soybean in China. *Plant Dis* 105:1216–1216. <https://doi.org/10.1094/PDIS-11-20-2398-PDN>
- Chu RT, Dou ZP, He W, Zhang Y (2021) Two novel species of *Botryosphaeria* causing stem canker of blueberries from China. *Mycosystema* 40:473–486. <https://doi.org/10.13346/j.mycosystema.200333>
- Crous PW, Slippers B, Wingfield MJ, Rheeder J et al (2006) Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. *Stud Mycol* 55:235–253. <https://doi.org/10.3114/sim.55.1.235>
- Crous PW, Schoch CL, Hyde KD, Wood AR et al (2009) Phylogenetic lineages in the Capnodiales. *Stud Mycol* 64:17–47. <https://doi.org/10.3114/sim.2009.64.02>
- Farr DF, Rossman AY U.S. National Fungus Collections Fungal Database. <https://nt.ars-grin.gov/fungalDATABASES/> (18.10.2021)
- Hanlin RT (1963) A revision of the Ascomycetes of Georgia. *Research bulletin. University of Georgia. Georgia Agricultural Experiment Stations* 175:1–65
- Hattori Y, Ando Y, Sasaki A, Uechi N, Nakashima C (2021) Taxonomical study of noteworthy species of *Botryosphaeria* in Japan. *Mycobiology* 49:122–132. <https://doi.org/10.1080/12298093.2021.1895486>
- Huang F, Yang M, Liu J, Chen Z et al (2021) First report of *Botryosphaeria dothidea* causing stem canker and dieback of *Gleditsia sinensis* in China. *Plant Dis* 105:706–706. <https://doi.org/10.1094/PDIS-05-20-1074-PDN>
- Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura R (2018) MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol Biol Evol* 35:1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Li GQ, Liu FF, Li JQ, Liu QL, Chen SF (2018) Botryosphaeriaceae from Eucalyptus plantations and adjacent plants in China. *Persoonia* 40:63–95. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2018.40.03>
- Liu JK, Phookamsak R, Doilom M, Wikee S, Li YM (2012) Towards a natural classification of Botryosphaeriales. *Fungal Divers* 57:149–210. <https://doi.org/10.1007/s13225-012-0207-4>
- Lord E, Leclercq M, Boc A, Diallo AB, Makarenkov V (2012) Armadillo 1.1: An original workflow platform for designing and conducting phylogenetic analysis and simulations. *Plos One* 7:e29903. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0029903>
- Marsberg A, Kemler M, Jami F, Nagel JH et al (2017) *Botryosphaeria dothidea*: a latent pathogen of global importance to woody plant health. *Mol Plant Pathol* 18:477–488. <https://doi.org/10.1111/mpp.12495>
- Mendes MAS, da Silva VL, Dianese LC (1998) Fungos em Plants no Brasil. Brasilia: Embrapa-SPI/Embrapa-Cenargen. 555 p.
- Pfirtner H, Defago G (1998) The potential of *Stagonospora* sp. as a mycoherbicide for field bindweed. *Biocontrol Sci Technol* 8:93–101. <https://doi.org/10.1080/09583159830469>
- Phillips AJL, Alves A, Abdollahzadeh J, Slippers B et al (2014) The Botryosphaeriaceae: genera and species known from culture. *Stud Mycol* 76:51–167. <https://doi.org/10.3114/sim0021>

- Pooler MR, Jacobs KA, Kramer M (2002) Differential resistance to *Botryosphaeria ribis* among *Cercis* taxa. *Plant Dis* 86:880–882. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2002.86.8.880>
- Slippers B, Roux J, Wingfield MJ, Van der Walt FJJ, Jami F (2014) Confronting the constraints of morphological taxonomy in the Botryosphaeriales. *Persoonia* 33:155–168. <https://doi.org/10.3767/003158514X684780>
- Tang Y, Yan J, Peng Y, Weng W et al (2021) First report of *Botryosphaeria dothidea* causing gray mold on tartary buckwheat in Southwest China. *Plant Dis* <https://doi.org/10.1094/PDIS-07-21-1403-PDN>
- Wang QW, Zhang CQ (2019) q-LAMP assays for the detection of *Botryosphaeria dothidea* causing chinese hickory canker in trunk, water, and air samples. *Plant Dis* 103:3142–3149. <https://doi.org/10.1094/PDIS-04-19-0773-RE>
- White TJ, Bruns TD, Lee SB, Taylor JW (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ (eds) PCR protocols: A guide to methods and applications. NY: Academic Press. 315–322. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1>
- Vilgalys R, Hester M (1990) Rapid genetic identification and mapping of enzymatically amplified ribosomal DNA from several *Cryptococcus* species. *J Bacteriol* 172:4238–4246. <https://doi.org/10.1128/jb.172.8.4238-4246.1990>
- Zhou Y, Dou ZP, He W, Zhang X, Zhang Y (2016) *Botryosphaeria sinensis* sp nov., a new species from China. *Phytotaxa* 245:43–50. <https://doi.org/10.11646/phytotaxa.245.1.4>
- Zhou YP, Zhang M, Dou ZhP, Zhang Y (2017) *Botryosphaeria rosaceae* sp. nov. and *B. ramosa*, new botryosphaeriaceous taxa from China. *Mycosphere* 8:162–171. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/8/2/2>
- Plant Protection News, 2021, 104(4), p. 213–217
 OECD+WoS: 1.06+RQ (Mycology) <https://doi.org/10.31993/2308-6459-2021-104-4-15142>

Short communication**THE FIRST DETECTION OF *BOTRYOSPHAERIA SINENSIS* ON WHITE LUPINE**

E.L. Gasich, A.S. Orina*

*All-Russian Institute of Plant Protection, St. Petersburg, Russia***corresponding author, e-mail: orina-alex@yandex.ru*

Fungal strain MF KP-12.1, which is similar in morphological and cultural characteristics to *Botryosphaeria* fungi, was isolated from the seeds of white lupine variety Dega grown in Oryol region in 2018. Phylogenetic analysis of the large rRNA subunit (LSU), elongation factor-1 α (TEF) and internal transcribed spacer (ITS) fragments was used to accurately identify the isolated strain as *B. sinensis*. When 2-week-old white lupine plants were treated under laboratory conditions with mycelial suspension of *B. sinensis* MF KP-12.1, plant damage reached 67% on day 3, and 100% plant death was observed on day 10. Pathogenicity of *B. sinensis* MF KP-12.1 was confirmed by re-isolation of the strain from damaged plant tissue. This is the first detection of *B. sinensis* on white lupine, which has not been previously reported as a host for this fungus. It is also the first detection of *B. sinensis* in Russia.

Keywords: *Lupinus albus*, legumes, seed infection, pycnidia forming fungi, DNA, pathogenicity

Submitted: 22.10.2021

Accepted: 30.11.2021