



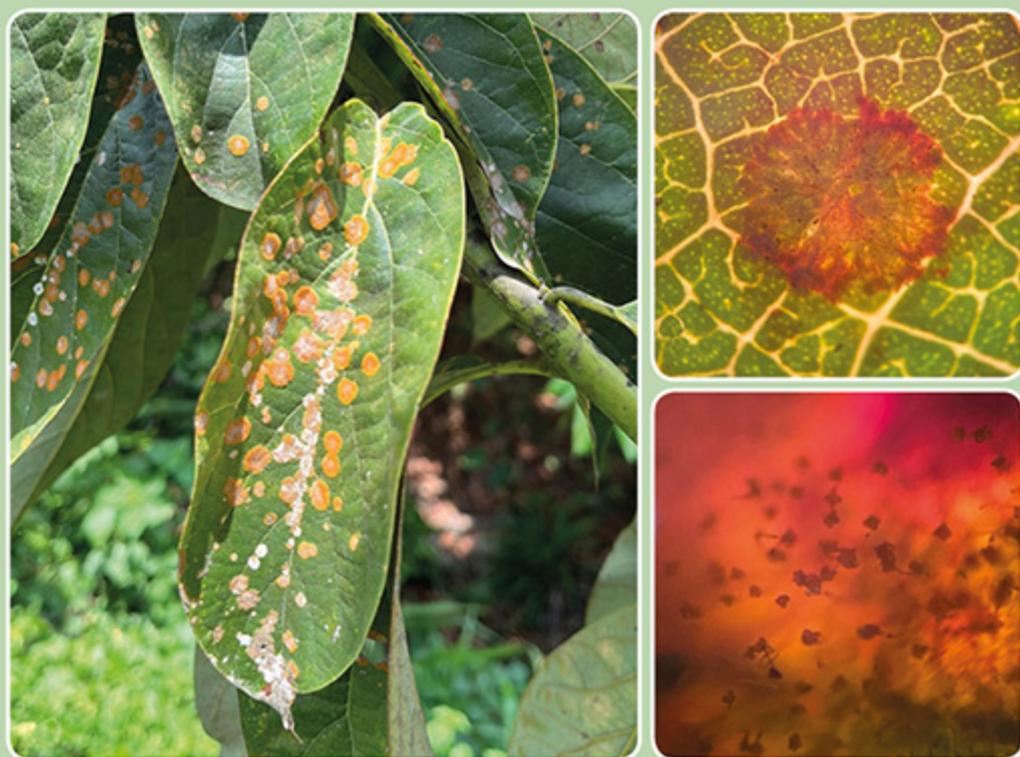
ISSN 1727-1320 (Print),  
ISSN 2308-6459 (Online)

# ВЕСТНИК ЗАЩИТЫ РАСТЕНИЙ

---

## PLANT PROTECTION NEWS

2025    ТОМ    108    ВЫПУСК    1  
          VOLUME    ISSUE



Санкт-Петербург  
St. Petersburg, Russia

## ПЕРВОЕ ОБНАРУЖЕНИЕ ГРИБА *ALLOPHOMA ZANTEDESCHIAE* НА МАРИ БЕЛОЙ *CHENOPodium ALBUM* В РОССИИ

М.М. Гомжина\*, Е.Л. Гасич

Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург

\*ответственный за переписку, e-mail: [gomzhina91@mail.ru](mailto:gomzhina91@mail.ru)

Марь белая *Chenopodium album* – широко распространённое в России вредоносное сорное растение. Из листьев мари белой с симптомами пятнистости был выделен штамм MF-32.211, идентифицированный по морфологическим признакам, как *Phoma* sp. Целью данного исследования являлась идентификация возбудителя пятнистости листьев по молекулярно-генетическим, микроморфологическим и культуральным признакам и оценка его патогенности. Мультилокусный филогенетический анализ, основанный на последовательностях области внутреннего транскрибируемого спейсера (ITS) и большой субъединицы (28S) рДНК и участков, ответственных за синтез  $\beta$ -тубулина и второй большой субъединицы фермента РНК-полимеразы II позволил идентифицировать этот штамм как *Allophoma zantedeschiae*. В результате оценки патогенности, штамм *A. zantedeschiae* MF-32.211 оказался патогенным для мари белой, приводя к развитию некрозов на интактных отрезках листьев. Патогенные свойства были подтверждены реинокуляцией штамма *A. zantedeschiae* из поражённых растений. Это первая находка *A. zantedeschiae* на мари белой, которая не была известна как возможный хозяин для этого гриба. Также это первое обнаружение *A. zantedeschiae* на территории России.

**Ключевые слова:** фомоидные грибы, идентификация, марь белая, молекулярная филогения, патогенность, пятнистость листьев

Поступила в редакцию: 12.02.2025

Принята к печати: 29.03.2025

### Введение

Род *Allophoma* Qian Chen & L. Cai входит в состав крупной, гетерогенной и таксономически сложной группы грибов – фомоидные грибы. Род *Allophoma* (*Dothideomycetes*, *Pleosporomycetidae*, *Pleosporales*, *Didymellaceae*, <https://www.mycobank.org/>) был описан в 2015 году (Chen et al., 2015) и объединил в своём составе пять ранее описанных видов *Phoma* Sacc. с типовым видом *Allophoma tropica* (R. Schneid. & Voerema) Qian Chen & L. Cai. Сейчас в составе рода насчитывают 17 видов (<https://www.mycobank.org/>). Среди видов *Allophoma* есть как почвенные сапротрофы, сапрофиты, так и возбудители заболеваний различных растений (Voerema et al., 2004, Jayawardena et al., 2025). *Allophoma acanthi* Aumentado, Jayaward, B.G. Jones & K.D. Hyde вызывает пятнистость листьев *Acanthus ilicifolius* L. (Aumentado et al., 2024). *Allophoma labilis* (Sacc.) Qian Chen & L. Cai – патоген *Cucurbita* spp. в Турции (Demir et al., 2023). Виды *Allophoma*, как и все фомоидные грибы, обладают крайне скудным набором морфологических признаков, диапазон варьирования которых перекрывается не только между видами одного рода, но и между видами разных родов. Поэтому идентификация видов на основании морфологических признаков невозможна (Гомжина, Ганнибал, 2017). Корректную и надёжную идентификацию видов *Allophoma* до таксонов уровня вида можно осуществлять только применением полифазного подхода, анализируя в совокупности набор морфологических и молекулярно-генетических признаков (Гомжина, Ганнибал, 2017, Hou et al., 2020). Таксономически информативными локусами ДНК, используемыми для идентификации видов *Allophoma*, являются области внутреннего транскрибируемого спейсера (ITS) и большой субъединицы (28S) рДНК и участки генов, ответственных за синтез белков

$\beta$ -тубулина (*tub2*) и второй большой субъединицы фермента РНК-полимеразы II (*rpb2*) (Chen et al., 2017; Jayawardena et al., 2025). В России виды *Allophoma* никогда не были выявлены.

Исследования, направленные на изучение биоразнообразия микромицетов, ассоциированных с сорными растениями, имеют несомненную актуальность, теоретическую и практическую значимость. Сорные растения, произрастающие на одних полях или в непосредственной близости к культивируемым растениям, могут служить с одной стороны резервуарами инфекции культурных растений, с другой – хозяевами видов грибов – потенциальных агентов новых болезней сельскохозяйственных культур. Некоторые виды фомоидных грибов являются продуцентами биологически активных веществ гербицидной природы (Берестецкий и др., 2017; Lukina et al., 2024), грибы с таким потенциалом могут быть перспективны с точки зрения биотехнологии для создания экологически малоопасных или безопасных биологических гербицидов. Марь белая (*Chenopodium album* L.) – вредоносное сорное растение, которое распространено повсеместно, кроме Антарктиды и повсеместно в России (<https://powo.science.kew.org/>). Засоряет посевы сельскохозяйственных культур, приусадебные участки, встречается в городской среде и рудеральных местообитаниях.

В июле 2013 в Ставропольском крае, Будённовском районе, селе Прасковья были собраны листья мари белой с симптомами пятнистости грибной этиологии. Целью данного исследования являлась идентификация возбудителя такой пятнистости по молекулярно-генетическим, микроморфологическим и культуральным признакам и оценка его патогенности.

### Материал и методы

Листья мари белой поверхностно стерилизовали 0.1% раствором AgNO<sub>3</sub>. Затем фрагменты листьев раскладывали на агаризованную картофельно-сахарозную питательную среду (КСА). Чашки Петри инкубировали при 24 °С в темноте. Из листьев был выделен изолят, который по микроморфологическим признакам был идентифицирован как *Phoma* sp. Штамму был присвоен номер MF-32.211, он хранится в коллекции чистых культур микромицетов лаборатории микологии и фитопатологии ВИЗР (МФ).

Мицелий для экстракции ДНК был собран с поверхности 14-суточных чистых культур, выращенных на КСА при 24 °С. ДНК выделяли согласно стандартному методу СТАВ/хлороформ (Doyle, Doyle, 1990). Были определены нуклеотидные последовательности ITS, 28S, *rpb2* и *tub2*. Амплификацию фрагментов проводили по протоколам авторов с использованием праймеров: ITS-локус – ITS1/ITS4 (White et al., 1990), 28S – LR0R (Rehner, Samuels, 1994)/LR5 (White et al., 1990), *tub2* – βtub2Fw/βtub4Rd (Aveskamp et al., 2009), *rpb2* – fRPB2-5F2 (Sung et al., 2007)/fRPB2-7cR (Liu et al., 1999). Нуклеотидные последовательности фрагментов определяли по методу Сэнгера на секвенаторе ABI Prism 3500 (Applied Biosystems – Hitachi, Япония) в соответствии с протоколами производителя с

использованием набора реактивов с флуоресцентно мечеными дезоксирибонуклеозидтрифосфатами BigDye Terminator v. 3.1 Cycle Sequencing Kit (ABI, США).

Филогенетические деревья были построены согласно трём алгоритмам. Метод максимального правдоподобия (maximum likelihood – ML) был применен с использованием программного обеспечения IQ-TREE (Minh et al., 2020). Оптимальная модель нуклеотидных замен TNe+R2 была определена согласно Байесовскому информационному критерию (BIC) в программе IQ-TREE. Принцип максимальной экономии (maximum parsimony – MP) – в программном обеспечении Molecular Evolutionary Genetics Analysis версии 10 (MEGA X; Kumar et al., 2018). Анализ последовательностей методом Байесовской статистики (BI) был проведен с использованием программы Mr. Bayes v. 3.2.1., интегрированной в платформу Armadillo v. 1.1 (Lord et al., 2012). Надежность топологии дендрограмм, построенных разными методами, была оценена с помощью бутстреп-анализа с 10000 повторностей. В качестве референсных были использованы полученные из базы данных GenBank последовательности ITS, 28S, *rpb2* и *tub2* всех видов на настоящий момент описанных для рода *Allophoma* (табл. 1). В качестве внешней

**Таблица 1.** Номера доступа в ГенБанке исследованного и референсных штаммов *Allophoma*, включенных в исследование

**Table 1.** GenBank accession numbers of the examined and reference *Allophoma* strains

Вид гриба Fungal species	№ Штамма, статус Strain #, status	Номера доступа сиквенса в GenBank GenBank accession #			
		ITS	28S	<i>rpb2</i>	<i>tub2</i>
<i>Allophoma acanthi</i>	MFLUCC 24- 0002, t*	PP218067	PP218113	PP278003	PP277995
<i>A. alba</i>	CBS 120422, t	MN973469	MN943671	MT018044	MT005568
<i>A. anatii</i>	CBS 124673, t	MN973472	MN943674	MT018048	MT005571
<i>A. brasiliensis</i>	URM 8453, t	OM692214	ON678611	ON715834	ON715830
<i>A. cylindrispora</i>	CBS 142453, t	LT592920	LN907376	LT593058	LT592989
<i>A. hayatii</i>	CBS 142859, t	KY684812	KY684814	MF095108	KY684816
<i>A. labilis</i>	CBS 479.93; PD 70/93, r	GU237868	GU238092	MN983277	GU237620
<i>A. minor</i>	CBS 325.82, t	GU237831	GU238107	KT389553	GU237632
<i>A. nicaraguensis</i>	CBS 506.91; IMI 215229, t	GU237876	GU238058	KT389551	GU237596
<i>A. oligotrophica</i>	CGMCC 3.18114; LC 6245, t	KY742040	KY742194	KY742128	KY742282
<i>A. piperis</i>	CBS 268.93; PD 88/720, t	GU237816	GU238129	KT389554	GU237644
<i>A. pterospermicola</i>	CGMCC 3.19245, t	MK088573	MK088580	MK088587	MK088594
<i>A. siamensis</i>	MFLUCC 17-2422, t	MK347742	MK347959	MK434912	MK412867
<i>A. thistleharrisiae</i>	BRIP 74766a, t	OR947063	OR947076	OR964956	OR964957
<i>A. tropica</i>	CBS 436.75; DSM 63365, t	GU237864	NG_069057	KT389556	GU237663
<i>A. yuccae</i>	IRAN 4238C, t	OP805927	-	OP838915	OP838917
<i>A. zantedeschiae</i>	CBS 131.93; PD 69/140	FJ427084	GU238159	KT389557	FJ427188
<i>A. zantedeschiae</i>	CBS 229.32	KT389473	KT389690	KT389558	KT389767
<i>A. zantedeschiae</i>	CBS 107.42	MN972692	MN973068	MN983284	MN983709
<i>A. zantedeschiae</i>	CBS 113.53	MN973471	MN943673	MT018047	MT005570
<i>A. zantedeschiae</i>	CBS 106.42	MN972691	MN973067	MN983283	MN983708
<i>A. zantedeschiae</i>	CBS 108.42	MN972693	MN973069	MN983285	MN983710
<i>A. zantedeschiae</i>	ICMP 16850	KY742043	KY742197	KY742131	KY742285
<b><i>A. zantedeschiae</i></b>	<b>MF-32.211**</b>	<b>PP756448</b>	<b>PQ882063</b>	<b>PQ963732</b>	<b>PQ963760</b>
<i>Macroaschochyta grandis</i>	CBS 100409	GU237712	GU238057	MT018063	GU237593

\* Штаммы, нуклеотидные последовательности которых использовались в филогенетическом анализе в качестве референсных. \*\* Полу жирным шрифтом отмечен исследуемый штамм и его нуклеотидные последовательности, полученные в данном исследовании. t – типовой штамм; r – репрезентативный штамм.

\* Strains used as references in phylogenetic analyses. \*\* Bold font indicates the strain investigated in the present study and its nucleotide sequences obtained in the present study. t – ex-type strain; r – representative strain.

группы были взяты последовательности типового штамма *Macroaschochyta grandis* L.W. Hou, L. Cai & Crous (CBS 100409).

Для оценки культуральных признаков штамм выращивали на трёх агаризованных питательных средах, традиционно используемых для изучения фомоидных грибов, а именно, на КСА, овсяной (ОА) и солодовой (МЕА) (Voerema et al., 2004). Штамм культивировали в течение 14 суток при 24 °С. Первые семь суток в темноте, следующие семь – при переменном облучении ближним УФ (280–400 нм) в режиме день/ночь (12/12 ч). Описание колоний и микроморфологических (на ОА) признаков осуществляли на 14-е сутки. Наблюдения и измерения по 100 конидий и конидиогенных клеток, по 50 пикнид были осуществлены на стереомикроскопе Olympus SZX16 (Olympus, Tokyo, Japan) и на микроскопе Olympus BX53. Микрофотографии были получены с камеры PROKYON (Jenoptik, Jena, Germany) с дифференциальным интерференционным контрастом.

Изучение патогенности штамма MF-32.211 в отношении мари белой осуществляли путём искусственного

заражения отрезков листьев в лабораторных условиях. В качестве инокулюма использовали мицелиальную суспензию, полученную при культивировании штамма на жидкой соевой среде ( $\text{KH}_2\text{PO}_4$  – 2 г;  $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$  – 1 г;  $\text{MgSO}_4$  – 1 г; глюкоза – 20 г; соевая мука – 10 г; вода – 1 л; 50 мл среды на 250 мл колбу) в течение четырёх суток на качалке (200 об./мин). Мицелий отделяли от культуральной жидкости, отжимали и измельчали, концентрацию мицелия доводили до 50 мг/мл. Отрезки листьев раскладывали в чашки Петри на увлажненную стерильной водой фильтровальную бумагу. В центр листового отрезка помещали каплю (10 мкл) мицелиальной суспензии. Инокулюм наносили на нижнюю интактную поверхность листа. Чашки Петри инкубировали на лабораторном столе при естественном освещении. Диаметр некрозов измеряли на третьи и седьмые сутки. Эксперимент был выполнен в пяти повторностях. В качестве отрицательного контроля, отрезки листьев были инокулированы стерильной водой. Для подтверждения постулатов Коха, из отрезков листьев был реизолирован штамм и проведена его идентификация по морфологическим признакам.

### Результаты и обсуждение

Филогенетический анализ, основанный на нуклеотидных последовательностях четырёх филогенетически информативных локусов ДНК (ITS, 28S, *rpb2* и *tub2*), включал 25 штаммов. Выборка объединяла исследуемый штамм, типовые или репрезентативные штаммы, представляющие на настоящий момент все виды, принятые в роде *Allophoma* (17) и внешнюю группу *M. grandis*. Общая длина матрицы для каждого штамма составила 2239 пар нуклеотидов, ITS – 476 п.н., 28S – 858 п.н., *rpb2* – 596 п.н., и *tub2* – 309 п.н., из них 341 п.н. (15%) были вариабельны, а 1896 п.н. (85%) – консервативны.

Топология филограммы, построенных разными методами на основании последовательностей каждого локуса в отдельности, совпадали с топологией комбинированной филограммы (рис. 1). Штамм MF-32.211 составил единую кладу вместе с семью надёжно идентифицированными штаммами *Allophoma zantedeschiae* (Dippen.) Qian Chen & L. Cai, значения бутстреп-поддержки составили ML 100, MP 100, BI 1. Таким образом, принадлежность штамма MF-32.211 виду *A. zantedeschiae* считали установленной.

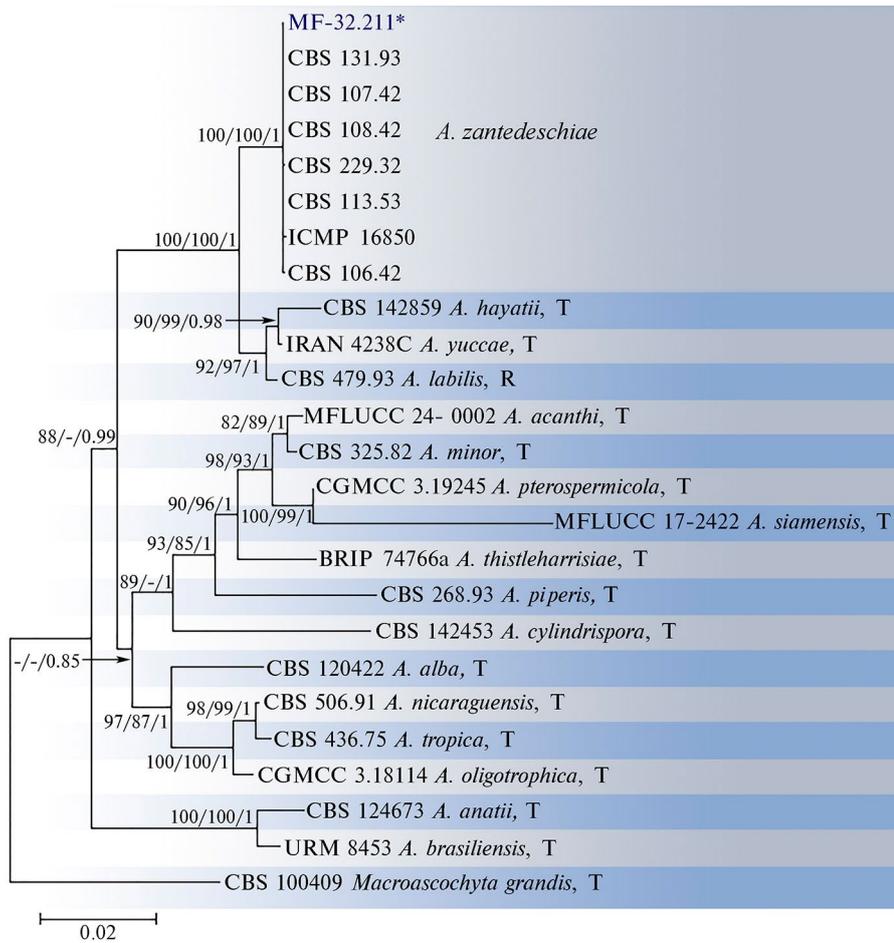
На КСА колонии на седьмые сутки –  $71.2 \pm 0.6$  мм, на 14 – достигают края чашки. Сверху покрыты обильным войлочным мицелием алюминиево-серого цвета, субстратный мицелий по периферии колонии оливково-коричневый, реверс тёмно-бурый, практически чёрный, край колонии крапчатый из-за многочисленных погружённых пикнид. На ОА колонии на седьмые сутки –  $54.2 \pm 0.6$  мм, на 14 – достигают края чашки. Колония оливково-бурая, сверху в центре покрыта войлочным воздушным мицелием бежево-серого цвета, крапчатая из-за многочисленных погружённых пикнид, реверс сходный. На МЕА колонии на седьмые сутки –  $55.9 \pm 0.5$  мм, на 14 – достигают края чашки. Вся колония покрытая обильным бархатистым серебристо-кремовым воздушным мицелием, растущим

концентрическими кругами, реверс тёмно-серо-зелёный (рис. 2). Пикниды одиночные, полупогружённые, тёмные, округлые и грушевидные, с одним или двумя короткими шейками, покрытыми мицелием,  $161\text{--}298$  ( $230 \pm 12$ )  $\times$   $122\text{--}209$  ( $168 \pm 8$ ) мкм. Конидии бобовидные, гиалиновые, одноклеточные, с многочисленными гуттулами,  $4.86\text{--}8.28$  ( $6.34 \pm 0.05$ )  $\times$   $2.06\text{--}3.32$  ( $2.73 \pm 0.03$ ) мкм. Конидиогенные клетки гиалиновые, округлые,  $5.72\text{--}10.18$  ( $7.78 \pm 0.18$ )  $\times$   $5.54\text{--}9.58$  ( $6.73 \pm 0.16$ ) мкм.

Штамм *A. zantedeschiae* MF-32.211 оказался патогенным для мари белой. На третьи сутки размер некрозов на интактных листьях составил  $1.0 \pm 1.0$  мм, на седьмые –  $1.8 \pm 1.6$  мм. Патоген был реизолирован из отрезков листьев и его морфологические признаки были идентичны исходному штамму.

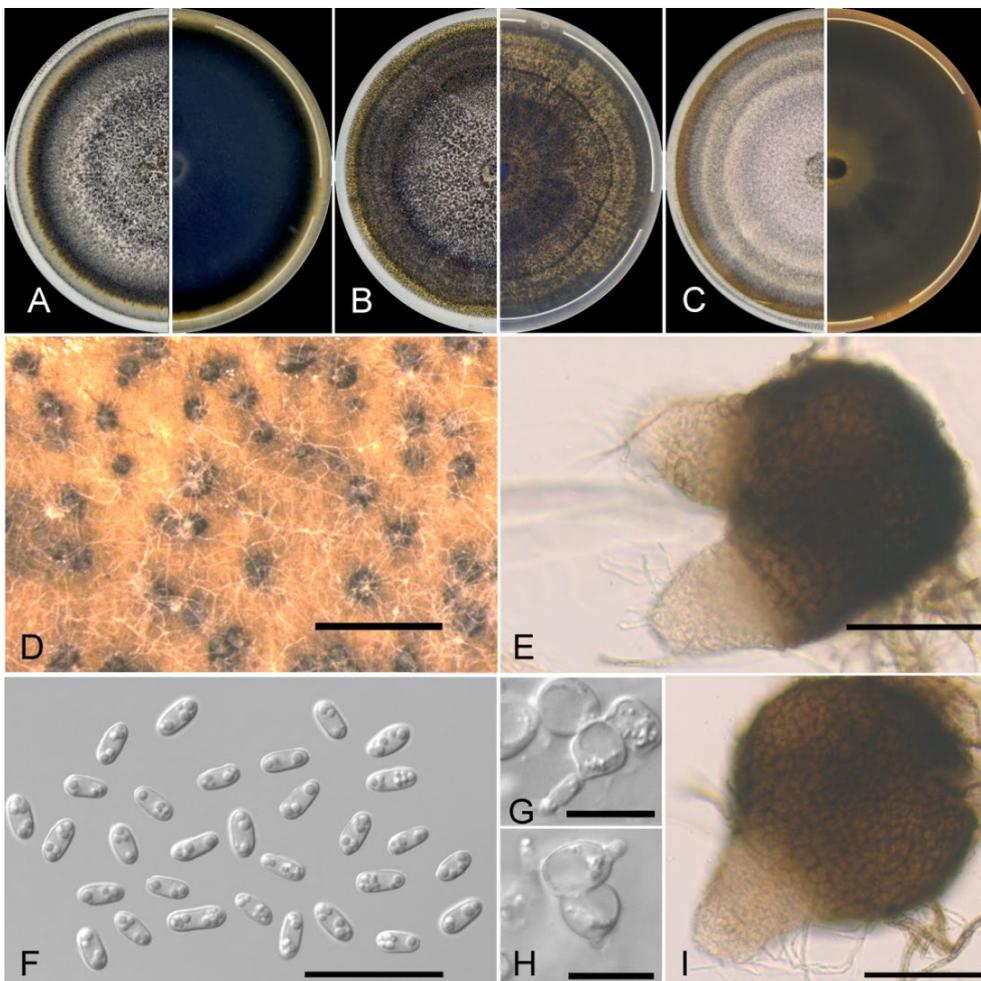
Гриб *A. zantedeschiae* известен, как возбудитель пятнистости листьев и соцветий *Zantedeschia aethiopica* (L.) Spreng в ЮАР, странах Восточной Европы, Северной и Южной Америке (Voerema et al., 2004; Farr, Rossman, 2025), также обнаружен в ассоциации с луковичками *Calla* sp. в Нидерландах, с листьями *Cicer arietinum* L. в Румынии и *Solanum lycopersicum* L. в Венгрии (Chen et al., 2017; Farr, Rossman, 2025), с листьями *Papaver dubium* L. в Иране (Razaghi, Zafari, 2018; Farr, Rossman, 2025). На мари белой *A. zantedeschiae* ранее не отмечался. Это первое сообщение об обнаружении *A. zantedeschiae* на мари белой и первая находка этого гриба на территории России. Показано, что в России мари белая может выступать резерватом инфекции *A. zantedeschiae*.

Штамм MF-32.211 оказался слабопатогенным для листьев мари белой, поэтому биотехнологические перспективы этого штамма, как агента контроля сорной растительности, неопределённые.



**Рисунок 1.** Комбинированное филогенетическое дерево видов *Allophoma*, построенное методом ML, основанное на нуклеотидных последовательностях ITS, 28S, *rpb2* и *tub2*. Числовые значения бутстреп-поддержки, полученные методами ML ( $\geq 70$ ), MP ( $\geq 70$ ) и BI ( $\geq 0.7$ ), приведены в узлах ветвей дендрограммы, соответственно. Номер исследованного штамма отмечен звездочкой. Номера типовых и репрезентативных штаммов обозначены буквами Т и R, соответственно

**Figure 1.** Phylogenetic tree of *Allophoma*, inferred from a maximum likelihood analysis based on a concatenated alignment of ITS, 28S regions, and partial *rpb2* and *tub2*. The maximum likelihood bootstrap support values (MLBS  $\geq 70\%$ ), maximum parsimony bootstrap support values (MPBS  $\geq 70\%$ ), and Bayesian posterior probabilities (BI  $\geq 0.70$ ) are given at the nodes (MLBS/MPBS/BPP). Studied strain given with asterisk. The ex-type and representative strains are marked with T and R, respectively



**Рисунок 2.** *Allophoma zantedeschiae* MF-32.211. А–С. Чистая культура, 14 суток, левая половина – верхняя часть, правая – реверс. А. КСА. В. ОА. С. МЕА. D, E, I. Пикниды на ОА, 14 суток. F. Конидии. G–H. Конидиогенные клетки. Масштабная линейка: D, 1 мм; E и I, 100 мкм; F, 20 мкм; G и H, 10 мкм

**Figure 2.** *Allophoma zantedeschiae* MF-32.211. A–C. Pure cultures, 14 days of growth, left half – front, right – reverse. A. PSA. B. OA. C. MEA. D, E, I. Pycnidia on OA, 14 days of growth. F. Conidia. G–H. Conidiogenous cells. Scale bars: D, 1 mm; E and I, 100  $\mu\text{m}$ ; F, 20  $\mu\text{m}$ ; G and H, 10  $\mu\text{m}$

## Благодарности

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект № 23-74-01035).

## Библиографический список (References)

- Берестецкий АО, Пантелеева АС, Ганнибал ФБ, Гомжина ММ, Гасич ЕЛ и др (2017) Физиолого-биохимические свойства и биологическая активность фомоидных грибов, выделенных из филлосферы сорных и дикорастущих травянистых растений. *Микология и фитопатология* 51(5): 283–291.
- Гомжина ММ, Ганнибал ФБ (2017) Современная систематика грибов рода *Phoma* sensu lato. *Микология и фитопатология* 51(5):268–275.
- Allophoma*. <https://www.mycobank.org/page/Name%20details%20page/545448> (10.03.2025)
- Aumentado HD, Armand A, Chethana KT, Phukhamsakda C, Norphanphoun C et al (2024) Novel species, morpho-molecular identification and pathogenicity of *Allophoma* (*Didymellaceae*) causing leaf spots of true mangroves and mangrove associates in Thailand. *Plant Pathol* 73(7):1730–748. <https://doi.org/10.1111/ppa.13928>
- Aveskamp MM, Verkley GJM, de Gruyter J, Murace MA, Perelló A et al (2009) DNA phylogeny reveals polyphyly of *Phoma* section *Peyronellaea* and multiple taxonomic novelties. *Mycologia* 101(3):363–382. <https://doi.org/10.1016/10.3852/08-199>
- Boerema GH, de Gruyter J, Noordeloos ME, Hamers MEC (2004) *Phoma* identification Manual. CABI Publishing. 479 p.
- Chen Q, Jiang JR, Zhang GZ, Cai L, Crous PW (2015) Resolving the *Phoma* enigma. *Stud Mycol* 82:137–217. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2015.10.003>
- Chen Q, Hou LW, Duan WJ, Crous PW, Cai L (2017) *Didymellaceae* revisited. *Stud Mycol* 87:105–159. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2017.06.002>
- Chenopodium album* L. <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:55993-2> (10.03.2025)
- Demir E, Ozer N, Bayraktar H (2023) Identification of seed-borne fungi in summer (*Cucurbita pepo*) and winter (*Cucurbita moschata*) pumpkins of Turkey. *J Plant Pathol* 105:1087–1101. <https://doi.org/10.1007/s42161-023-01451-9>
- Doyle JJ, Doyle JL (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12:13–15.
- Farr DF, Rossman AY U.S. National Fungus Collections Fungal Database. <https://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/> (10.03.2025)
- Hou L, Groenewald J, Pfenning L, Yarden O, Crous P, Cai L (2020) The *Phoma*-like dilemma. *Stud Mycol* 96:309–396. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2020.05.001>
- Jayawardena RS, Hyde KD, Aumentado HDR, Abeywickrama PD, Avasthi S et al (2025) One stop shop V: taxonomic update with molecular phylogeny for important phytopathogenic genera: 101–125 (2024). *Fungal Divers* 130:263–429. <https://doi.org/10.1007/s13225-024-00542-x>
- Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K (2018) MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol Biol Evol* 35:1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Liu YJ, Whelen S, Hall BD (1999) Phylogenetic relationships among ascomycetes: evidence from an RNA polymerase II subunit. *Mol Biol Evol* 16(12):1799–1808.
- 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(1):e29903. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0029903>
- Lukina EG, Gomzhina MM, Dalinova AA, Dubovik VR, Gordina E et al (2024) Reappraisal of *Didymella macrostoma* causing white tip disease of Canada thistle as a new species, *Didymella baileyae*, sp. nov., and bioactivity of its major metabolites. *Mycologia* 116(6):877–902. <https://doi.org/10.1080/00275514.2024.2367470>
- Minh BQ, Schmidt HA, Chernomor O, Schrempf D, Woodhams MD et al (2020) IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Mol Biol Evol* 35(7):1530–4. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015>
- Razaghi P, Zafari D (2018) Characterization of fungi causing lesion blight on *Papaver dubium* in Iran. *Antonie van Leeuwenhoek* 111:437–455. <https://doi.org/10.1007/s10482-017-0966-8>
- Rehner SA, Samuels GJ (1994) Taxonomy and phylogeny of *Gliocladium* analysed from nuclear large subunit ribosomal DNA sequences. *Mycol Res* 98(6):625–634.
- Sung GH, Sung JM, Hywel-Jones NL, Spatafora JW (2007) A multi-gene phylogeny of *Clavicipitaceae* (Ascomycota, Fungi): identification of localized incongruence using a combinational bootstrap approach. *Mol Phylogenet Evol* 44(3):1204–1223.
- White T, Bruns T, Lee S, Taylor J, Innis M et al (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ, editors. PCR protocols: A guide to the methods and applications. New York (USA): Academic Press. 315–322.

## Translation of Russian References

Berestetskiy AO, Panteleeva AS, Gannibal PhB, Gomzhina MM et al (2017) Physiological, biochemical properties and biological activity of *Phoma*-like fungi isolated from phyllosphere of weeds and wild herbaceous plants. *Mikologiya i fitopatologiya* 51(5): 283–291.

Gomzhina MM, Gannibal PB (2017) Modern systematics of the genus *Phoma* sensu lato. *Mikologiya i Fitopatologiya*. 51:268–275.

Plant Protection News, 2025, 108(1), p. 23–28

OECD+WoS: 1.06+RQ (Mycology)

<https://doi.org/10.31993/2308-6459-2025-108-1-16905>

**Short communication**

FIRST REPORT OF THE FUNGUS *ALLOPHOMA ZANTEDESCHIAE*  
ON THE WHITE GOOSEFOOT *CHENOPODIUM ALBUM* IN RUSSIA

M.M. Gomzhina\*, E.L. Gasich

*All-Russian Institute of Plant Protection, St. Petersburg, Russia*

\*corresponding author; e-mail: [gomzhina91@mail.ru](mailto:gomzhina91@mail.ru)

The white goosefoot *Chenopodium album* is a widespread and harmful weed in Russia. A fungal strain MF-32.211, morphologically similar to *Phoma*, was isolated from *C. album* leaves exhibiting leaf spot symptoms. Multilocus phylogenetic analysis, based on sequences of the internal transcribed spacer and the large subunit rDNA, as well as partial  $\beta$ -tubulin and the second largest subunit of RNA polymerase II, allowed for identification of the fungus as *Allophoma zantedeschiae*. Bioassays demonstrated that it is pathogenic to *C. album*, causing necrosis on intact leaf segments. The pathogenicity was confirmed by re-isolation of *A. zantedeschiae* from infected leaves. This is the first report of *A. zantedeschiae* on *C. album*, which was not previously known as a host for this fungal species. Additionally, this is the first record of *A. zantedeschiae* in Russia.

**Keywords:** identification, leaf spot, molecular phylogeny, pathogenicity, *Phoma*-like fungi, white goosefoot

Submitted: 12.02.2025

Accepted: 29.03.2025