

## Оригинальная статья / Original article

<https://doi.org/10.18619/2072-9146-2025-6-120-125>  
УДК: 635.25/.26:631.42(470.311)

М.И. Иванова <sup>1\*</sup>,  
М.Ю. Маркарова <sup>2</sup>

<sup>1</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт овощеводства – филиал ФГБНУ ФНЦО (ВНИИО – филиал ФГБНУ ФНЦО)  
140153, Россия, Московская область,  
Раменский район, д. Верея, стр. 500

<sup>2</sup>Федеральное государственное бюджетное научное учреждение “Федеральный научный центр овощеводства” (ФГБНУ ФНЦО)  
143072, Россия, Московская область,  
Одинцовский район,  
п. ВНИИССОК, ул. Селекционная, д.14

\*Автор для переписки: ivanova\_170@mail.ru

**Вклад авторов:** Маркарова М.Ю.: концептуализация, методология, верификация данных, создание рукописи и её редактирование, формальный анализ. Иванова М.И.: руководство исследованием, концептуализация, методология, создание рукописи и её редактирование.

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Для цитирования:** Иванова М.И., Маркарова М.Ю.. Оценка фитопатогенного фона ризосферной зоны некоторых представителей рода *Allium* L. на аллювиальных луговых почвах Москворецкой поймы. *Овощи России*. 2025;(6):120-125.  
<https://doi.org/10.18619/2072-9146-2025-6-120-125>

**Поступила в редакцию:** 17.09.2025

**Принята к печати:** 22.10.2025

**Опубликована:** 18.12.2025

Maria I. Ivanova <sup>1\*</sup>,  
Maria Yu. Markarova <sup>2</sup>

<sup>1</sup>All-Russian Research Institute of Vegetable Growing – branch of the FSBSI “Federal Scientific Vegetable Center”  
p. 500, Vereya village,  
Ramensky district, Moscow region,  
140153, Russia

<sup>2</sup>Federal Scientific Vegetable Center (FSBSI FSVC)  
14, Seleksionnaya str., VNIISOK,  
Odintsovo region, Moscow district,  
143072, Russia

**\*Corresponding Author:** ivanova\_170@mail.ru

**Authors' Contribution:** Markarova M.Yu.: conceptualization, methodology, validation, writing – original draft, formal analysis. Ivanova M.I.: supervision, project administration, conceptualization, methodology, writing – review & editing.

**Conflict of interest.** The authors declare no conflicts of interest.

**For citation:** Ivanova M.I., Markarova M.Yu. Assessment of phytopathogenic background of the rhizosphere zone of some representatives of the genus *Allium* L. on alluvial meadow soils of the Moskvoretskaya floodplain. *Vegetable crops of Russia*. 2025;(6):120-125. (In Russ.)  
<https://doi.org/10.18619/2072-9146-2025-6-120-125>

**Received:** 17.09.2025

**Accepted for publication:** 22.10.2025

**Published:** 18.12.2025





# Оценка фитопатогенного фона ризосферной зоны некоторых представителей рода *Allium* L. на аллювиальных луговых почвах Москворецкой поймы

## РЕЗЮМЕ

**Актуальность.** Почвенные патогены могут нанести серьезный ущерб растениям, привести к потерям урожая. Формирование микробных сообществ в ризосфере обусловлено выбором растений-хозяев, Микробиота, ее состав, активность во многом определяются сложной системой микробно-растительного взаимодействия, где индивидуальные особенности растений, их корневые выделения, играют главную роль в формировании патогенного пулла. До настоящего времени ризосфера культур *Allium* в значительной степени не изучена, поэтому исследования в области изучения микробного разнообразия при выращивании различных видов и сортов данного вида важны для выявления устойчивых и получения материала для дальнейших генетических исследований по поиску генов устойчивости к различным болезням.

**Объекты и методы.** Исследование проводили во ВНИИО – филиал ФГБНУ ФНЦО. Изучено 13 видов рода *Allium*, из коллекции ВНИИО. Оценку фитопатогенного фона ризосферной зоны при выращивании луков осуществляли в середине вегетации с использованием методов почвенной микробиологии.

**Результаты.** Из исследованных 13 видов *Allium* только под *A. galanthum* отсутствовал фон патогенных микромицетов, поэтому вид может быть перспективным для поиска генов устойчивости к данной группе почвенных патогенов. *A. galanthum* является значимым дикорастущим съедобным видом растений, который играет важную роль в продовольственной безопасности и разведении лука репчатого (*A. cepa*). *A. schoenoprasum*, *A. altyncolicum* и *A. sibphorpiatum* показали высокий уровень устойчивости к бактериальным инфекциям, что может быть важно для поиска соответствующих генов устойчивости. Наибольшее по численности и биоразнообразию патогенной микробиоты отличалась зона ризосферы под луками *A. fistulosum*, *A. pskemense*, *A. tuberosum*. В технологиях их возделывания должны быть предусмотрены усиленные меры по защите от болезней, включающим обработку (дезинфекцию) семян, почвы и вегетирующих растений.

**Заключение.** *A. galanthum* может быть перспективен для поиска генов устойчивости к грибным болезням лука. *A. schoenoprasum*, *A. altyncolicum* и *A. sibphorpiatum* устойчивы к бактериальным инфекциям, что также может быть использовано для поиска соответствующих генов устойчивости. Виды *A. fistulosum*, *A. pskemense*, *A. tuberosum* отличались наибольшим разнообразием патогенной микробиоты в ризосфере и наименьшей устойчивостью к болезням.

## КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА:

*Allium* L., ризосфера, фитопатогены, гены устойчивости

# Assessment of phytopathogenic background of the rhizosphere zone of some representatives of the genus *Allium* L. on alluvial meadow soils of the Moskvoretskaya floodplain

## ABSTRACT

**Relevance.** Soil pathogens can cause serious damage to plants and lead to crop losses. The formation of microbial communities in the rhizosphere is determined by the choice of host plants; the microbiota, its composition, and activity are largely determined by a complex system of microbial-plant interactions, where the individual characteristics of plants and their root secretions play a major role in the formation of the pathogenic pool. Until now, the rhizosphere of *Allium* crops has not been studied to a large extent, so research in the field of studying microbial diversity when growing various species and varieties of this species is important for identifying resistant ones and obtaining material for further genetic research to search for genes of resistance to various diseases.

**Materials and Methods.** The study was conducted at VNIIO – a branch of the branch of the FSBSI “Federal Scientific Vegetable Center”. 13 species of the genus *Allium* from the VNIIO collection were studied. The phytopathogenic background of the rhizosphere zone during onion cultivation was assessed in the middle of the growing season using soil microbiology methods.

**Results.** Of the 13 *Allium* species studied, only *A. galanthum* had no background of pathogenic micromycetes, so the species may be promising for searching for genes of resistance to pathogenic micromycetes. *A. galanthum* is an important wild edible plant species that plays an important role in food security and cultivation of onions (*A. cepa*). *A. schoenoprasum*, *A. altyncolicum* and *A. sibphorpiatum* showed a high level of resistance to bacterial infections, which may be important for searching for the corresponding resistance genes. The rhizosphere zone under the onions *A. fistulosum*, *A. pskemense*, *A. tuberosum* had the largest number and biodiversity of pathogenic microbiota. The technologies for their cultivation should include measures to protect against diseases, including the treatment (disinfection) of seeds, soil and vegetative plants.

**Conclusions.** *A. galanthum* may be promising for searching for genes of resistance to fungal diseases of onion. *A. schoenoprasum*, *A. altyncolicum* and *A. sibphorpiatum* are resistant to bacterial infections, which can also be used to search for the corresponding resistance genes. The species *A. fistulosum*, *A. pskemense*, *A. tuberosum* were characterized by the least resistance to diseases.

## KEYWORDS:

*Allium* L., rhizosphere, phytopathogens, resistance genes

## Введение

Ризосферная зона растений представляет собой сложную экосистему, состоящую из богатой питательными веществами почвы, которая окружает корни растений и обеспечивает сложные процессы микробно-растительного взаимодействия. Термин «ризомикробиом» определяется как микробное сообщество, присутствующее в ризосфере [1]. В ризосфере обитают различные микроорганизмы, в том числе бактерии, грибы, а также представители микро- и мезофауны [2].

Ризосферные микробные сообщества тесно связаны с корнями растений [3, 4]. Микробиота может быть вредной или полезной для растения-хозяина. Почвенные патогены ухудшают рост растений, вызывают потерю урожая и угрожают сельскохозяйственному производству. В свою очередь, формирование микробных сообществ в ризосфере не является случайным, а скорее обусловлено выбором растений-хозяев [3, 5, 6].

Растения обладают способностью изменять почвенную микробиоту, выделяя биологически активные вещества в ризосферную зону. Различные виды растений могут влиять на состав и структуру микробиома, некоторые виды имеют гораздо более сильную связь с конкретными микроорганизмами, чем другие [7, 8]. Генотип/вид растений и стадии их развития отличаются по качественному и количественному составу экссудатов корней растений [9]. Растение может быть не единственным определяющим фактором в корневом экссудате. Различные абиотические и биотические факторы, такие как тип почвы и патогены, в окружающей среде также влияют на корневые экссудаты [10]. Корневые выделения высвобождаются в ризосферу, где они играют решающую роль в привлечении и отборе микроорганизмов, тем самым изменяя состав и структуру ризосферных микробных сообществ специфичным для растений образом [11]. Растения могут привлекать полезные микробы через сигналы, поступающие от корней растений [12].

Почвенные патогены могут нанести серьезный ущерб растениям, что ведет к значительным потерям урожая сельскохозяйственных культур. Непрерывный рост восприимчивого растения и вспышка болезни часто вызывают подавление отдельных грибных или бактериальных патогенов, передающихся через почву, взаимодействие растения-хозяина и патогена может изменять состав микробиома в целом. Подобные явления, происходят на разных почвах в географически разных регионах, что позволяет предположить, что подавление болезней развивается с помощью сложных экосистемных механизмов [13, 14].

Сукцессия ризосферы растений и взаимодействие патогенов-хозяев и почвенных патогенов могут манипулировать структурой микробиома их ризосферы, а также привлекать/обогащать полезные или антагонистические микроорганизмы для подавления патогенов в ризосфере, что в конечном итоге дает новую возможность подавления корневых болезней и увеличения производства сельскохозяйственных культур [15].

Микробная метагеномика *Allium* L. Большое количество микроорганизмов обитает вокруг, на или в растениях в естественной экосистеме. Взаимодействие микробного сообщества с растениями приводит к стимуляции роста растений различными способами, такими как мобилизация питательных веществ и секреция гормонов роста растений, ферментов, антибиотиков и других полезных соединений [16]. Исследование микробного разнообразия, взаимодействую-

щего с растениями, специфичными для сельскохозяйственных культур, ограничено, поскольку только небольшой процент микробов может быть культивирован и охарактеризован. Для исследования большого количества микробов можно применять подход метагеномики, поскольку он не зависит от культуры [17]. Подходы метагеномики применяются для изучения значимости некультивируемых микробов, взаимодействующих с различными видами *Allium* [18-22]. Исследование, проведенное Chen et al. (2018) [23], показало, что севооборот *Brassica rapa* subsp. *pekinensis* с *A. сера* var. *aggregatum* Don. значительно снижает заболеваемость и индекс заболеваемости килой, вызванной *Plasmodiophora brassicae* у капусты пекинской. Снижение заболеваемости наблюдалось из-за сокращения вторичных плазмодиев *Plasmodiophora*. Аналогичное исследование, проведенное Nishioka et al. (2019) [24] показало, что севооборот огурца и смешанное выращивание с видами *Allium* (*A. сера* и *A. fistulosum*) подавляют фузариозное увядание.

Abdelrahman et al. (2017) [25] выделили сапониновое соединение, называемое аллиоспирозидом A, из моносомных линий *A. fistulosum* и сообщили о его антагонистической активности против *Fusarium*. Стероидные сапонины участвуют в защите растений от различных биотических стрессов.

Секвенирование гена 16S рРНК с использованием Illumina MiSeq выявило доминирующую присутствие рода *Flavobacterium*. Преобладание *Flavobacterium* подавляет размножение патогенов в почве [24]. Метагеномное исследование *A. tuberosum* с использованием высокопроизводительного секвенирования гена 16S рРНК с помощью Illumina выявило преобладание микробных сообществ *Proteobacteria*, *Acidobacteria*, *Bacteroidetes*, *Cyanobacteria* и *Planctomycetes*, ответственных за потенциальную противогрибную и нематоцидную активность [21].

Метагеномика луковицы для анализа потенциальных патогенов *A. сера*, которая была проведена как для больных, так и для здоровых луковиц в условиях хранения, выявила обилие следующих бактериальных и грибных таксонов: *Acinetobacter*, *Burkholderia*, *Citrobacter*, *Enterobacteriaceae*, *Gluconobacter*, *Pseudomonas*, *Botrytis*, *Nectriaceae*, *Penicillium*, *Wickerhamomyces* и *Candida*. Эти таксоны также обильны в здоровой луковице, но присутствие различных ферментеров в больных луковицах предполагает, что ферментеры играют решающую роль в гниении луковицы лука, наряду с абиотическими факторами [18]. Эти исследования подчеркнули значимость метагеномики луковиц.

В будущем метагеномика луков должна быть дополнительно изучена для выявления бактериальных и грибных штаммов, проявляющих бактерицидную, фунгицидную, нематоцидную и стимулирующую рост активность, а также генов и белков для защиты и производства урожая. До настоящего времени ризосфера культур *Allium* в значительной степени не изучена, и подход метагеномики может помочь в обнаружении разнообразия, а также обилия микробов, связанных с корневой системой *Allium* в различных типах почв и климатических условиях.

## Условия, объекты и методы исследований

Исследование проводили во ВНИИО – филиал ФГБНУ ФНЦО. В связи с исследованием и поддержанием зародышевой плазмы в 2014 году создана коллекция *Allium* L. из 12 подродов, 34 секций, 90 видов *ex situ*: а) семян; б) полевые

Рис. (Fig.) 1. *Allium schoenoprasum*Рис. (Fig.) 2. *Allium sibthorpiatum* Schult. & SchultРис. (Fig.) 3. *Allium altyncolicum*Рис. (Fig.) 4. *Allium galanthum*

«живые» коллекции в количестве более 142 образцов отечественной и иностранной селекции, а также из различных ботанических садов РФ. Изучение и поддержание в живом виде мировой коллекции представителей рода *Allium* L. согласно Методическим указаниям ГНЦ РФ ВИР (2005) [41]. Некоторые из представителей рода *Allium* L., почву под которыми изучали, представлены на рисунках 1-4.

Почва – аллювиальная луговая, среднесуглинистая, окультуренная, влагоемкая. Глубина пахотного слоя 20-27 см, глубина залегания грунтовых вод более 2,0 м. Наименьшая влагоемкость пахотного слоя почвы 29,5-30,3%, слоя почвы 40-60 см – 30,0-31,3%. Объемная масса верхнего слоя – 1,18-1,22 т/м<sup>3</sup>, нижележащих слоев – 1,22-1,24 т/м<sup>3</sup>. Плотность твердой фазы почвы (удельная масса) – 2,58-2,60 т/м<sup>3</sup>. Скважность почвы оптимальная для сельскохозяйственных культур, колеблется по слоям от 52,1 до 55,0 %, pH солевой вытяжки 5,8-6,01, содержание гумуса в пахотном слое колеблется от 2,71 до 3,34 %, общего азота от 0,19 до 0,24%, нитратного азота 4,21-6,98 мг/100 г, содержание фосфора в почве – 15,27-22,15 мг/100 г, обеспеченность калием – 6,95-12,5 мг/100 г. Гидролитическая кислотность низкая 0,7-0,8 мг-экв./100г, сумма поглощенных оснований средняя 35,65-36,42 мг-экв./100 г, степень насыщенность почвы основаниями высокая 97,82-98,9%.

Оценку фитопатогенного фона ризосферной зоны при выращивании луков осуществляли в середине вегетации с использованием методов почвенной микробиологии. Определение численности и состава доминирующих патогенов провели путем высея почвенных супензий на селективные агаризованные питательные среды. Учет бактериальной микрофлоры проводили на среде МПА, микромицетов на сусло-агаре и крахмало-аммиачном агаре, актиномицетов на среде Чапека [26-29]. Первичная идентификация бактериальной микробиоты выполнена с использованием

Определителя бактерий Берджи (1997) [30]. Почвенные микромицеты определяли по М.А. Литвинову (1967) [31].

### Результаты исследований

Активное выделение корнями растений в окружающую среду различных органических соединений обеспечивает питательными веществами почвенные микроорганизмы, что создает благоприятные условия для их существования в зонах ризосферы – узкой зоны почвы, непосредственно окружающей корни растений. В процессе роста и развития растения выступают как центры формирования микробных сообществ [3, 32]. Для микрофлоры ризосферы характерно наличие грамотрицательных бактерий родов *Azospirillum*, *Azotobacter*, *Agrobacterium*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Pseudomonas*, *Xantomonas* и др., грамположительных бактерий рода *Bacillus*, актинобактерий родов *Nocardia*, *Micromonospora*, *Streptomyces* и др., микроскопических грибов родов *Penicillium*, *Gliocladium*, *Talaromyces*, *Humicola* и др. [3].

В наших исследованиях объектом исследования служили микробные сообщества ризосферной зоны почвы отдельных видов *Allium*. Образцы почвы подсушивали при комнатной температуре и, поместив в стерильный полиэтиленовый пакет, хранили до анализа в холодильнике.

Оценка фитопатогенного фона почвы ризосферной зоны проведена по общей численности потенциальных патогенных микроорганизмов и доминирующими родами (табл.). Такая оценка на стадии селекции перспективных видов рода *Allium* важна для понимания потенциальных рисков для новых сортов и гибридов и подбора средств их защиты во время вегетации и хранения.

Зона ризосферы в наилучшей мере отражает процессы микробно-растительного взаимодействия, здесь сконцентрирован в основном микробный пул, сосуществующий с конкретной овощной культурой. В составе пула присутствуют как полезные, так и вредные для культуры микроорганизмы. Если в составе ризо-

сферного пула есть патогенная микробиота, она потенциально может быть опасной для выращиваемой культуры. То есть образец может быть уязвим к конкретным патогенам, которые выявляются в середине и в конце вегетации в зоне ризосфера. Численные характеристики для патогенов бактериальной и грибной природы отличаются. Бактериальный фон обычно более высок и потенциальный риск заражения растений возникает при численности бактериальных патогенов более 500 тыс. КОЕ/1 г воздушно-сухой почвы (в.с.п.). Фон патогенных микромицетов опасен при численности более 10-50 тыс. КОЕ/1 г в.с.п.

В результате проведенной оценки установлено, что для испытанных образцов луков характерна отличающаяся фитопатогенная обстановка, как по численности, так и по составу патогенной микробиоты. Наименьшая и менее опасная для заражения луков численность патогенов (0,2-0,5 млн. КОЕ/1 г в.с.п.) в зоне ризосфера была характерна при выращивании следую-

щих видов *Allium*: *A. galanthum*, *A. schoenoprasum* var. *major*, *A. schoenoprasum*, *A. aflatunense*, *A. oliganthum*.

Для ризосферы *A. galanthum* не выявлено рисков развития грибных болезней, то есть потенциал его устойчивости может быть высоким. Численность бактериальных патогенов, способных вызвать бактериальную пятнистость, мокрую бактериальную и сердцевидную гнили, бактериоз, пограничная, что определяет риски только при наступлении благоприятных по конкретному патогену погодных условий. Так, представители рода *Erwinia* (возбудителя мокрой бактериальной и сердцевидной гнили) чаще всего активизируются в условиях переувлажнения в середине периода роста луковиц, что определяет и стратегию подбора мер защиты в соответствии с погодой. В 2024 году погодные условия были неблагоприятными для этого патогена. Патогены этого рода чаще всего переносятся с семенами, а это, в свою очередь, должно учитываться при подготовке семян к посеву данного вида лука.

**Таблица. Состав патогенов и потенциальные риски развития болезней при выращивании представителей рода Allium**  
**Table. Composition of pathogens and potential risks of disease development when growing representatives of the genus Allium**

Вид	Общая численность патогенов, млн. КОЕ /1 г воздушно-сухой почвы	Состав патогенов		Риски развития инфекций с учетом состава и численности патогенов в ризосферной зоне
		грибные	бактериальные	
<i>A. fistulosum</i>	1,4	<i>Cladosporium</i> spp., <i>Fusarium</i> spp.	<i>Pseudomonas</i> spp., <i>Xanthomonas</i> spp., <i>Pectobacterium</i> spp.	гниль донца, кладоспориоз, бактериальная пятнистость, мокрая бактериальная и сердцевидная гниль, бактериоз
<i>A. pskemense</i>	1,0	<i>Alternaria</i> spp., <i>Botrytis</i> spp., <i>Stemphyllum</i> spp.	<i>Pseudomonas</i> spp., <i>Erwinia</i>	альтернариоз, бурая пятнистость, черная гниль, черная плесень, шейковая гниль, мокрая бактериальная и сердцевидная гниль, бактериоз
<i>A. galanthum</i>	0,5	-	<i>Erwinia</i> spp., <i>Xanthomonas</i> spp., <i>Pseudomonas</i> spp.	бактериальная пятнистость, мокрая бактериальная и сердцевидная гниль, бактериоз
<i>A. nutans</i>	1,2	<i>Penicillium</i> spp.	<i>Pseudomonas</i> spp., <i>Pectobacterium</i> spp.	зеленая плесень, сердцевидная гниль, бактериоз
<i>A. schoenoprasum var. major</i>	0,4	<i>Cladosporium</i> spp., <i>Botrytis</i> spp.	<i>Pseudomonas</i> spp.	кладоспориоз, бурая пятнистость, черная плесень, шейковая гниль, бактериоз
<i>A. schoenoprasum</i>	0,2	<i>Fusarium</i> spp., <i>Aspergillus</i> spp., <i>Alternaria</i> spp.	-	гниль донца, черная ножка, черная плесень, альтернариоз
<i>A. victorialis</i>	0,7	<i>Alternaria</i> spp., <i>Phoma</i> spp., <i>Stemphyllum</i> spp., <i>Penicillium</i> spp.	<i>Pseudomonas</i> spp.	альтернариоз, розовая гниль, черная гниль стрелки, пятнистость, зеленая плесень, бактериоз, бактериальная пятнистость
<i>A. aflatunense</i>	0,5	<i>Alternaria</i> spp., <i>Fusarium</i> spp., <i>Penicillium</i> spp.	<i>Pseudomonas</i> spp., <i>Erwinia</i> spp.	альтернариоз, гниль донца, зеленая плесень, бактериальная пятнистость, мокрая бактериальная и сердцевидная гнили
<i>A. oliganthum</i>	0,4	<i>Alternaria</i> spp., <i>Cladosporium</i> spp.	<i>Erwinia</i> spp.	альтернариоз, кладоспориоз, мокрая бактериальная и сердцевидная гнили
<i>A. altyncolicum</i>	2,0	<i>Stemphyllum</i> spp., <i>Fusarium</i> spp., <i>Phoma</i> spp., <i>Penicillium</i> spp.	-	черная гниль стрелки, пятнистость, гниль донца, черная ножка, зеленая плесень
<i>A. sibphorpiatum</i>	1,6	<i>Alternaria</i> spp., <i>Penicillium</i> spp.	-	альтернариоз, зеленая плесень
<i>A. prostratum</i>	0,9	<i>Alternaria</i> spp.	<i>Erwinia</i> spp.	альтернариоз, мокрая бактериальная и сердцевинная гнили
<i>A. tuberosum</i>	1,2	<i>Alternaria</i> spp., <i>Pythium</i> spp., <i>Fusarium</i> spp., <i>Phoma</i> spp.	<i>Xanthomonas</i> spp., <i>Pectobacterium</i> spp.	альтернариоз, черная ножка

Потенциально устойчивыми к различным бактериозам были *A. schoenoprasum*, *A. altynolicum* и *A. sibphorpiatum*. Но для них в разной мере могут быть опасными грибные патогены, среди которых наибольший урон наносит (вызывает гниль донца). Этот патоген активизируется при высокой температуре воздуха, сухости, может сохраняться в почве и часто переносится с семеном.

Из рассмотренных видов лука только под *A. galanthum* отсутствовал фон патогенных микромицетов. Этот образец может быть перспективным для поиска генов устойчивости к патогенным микромицетам.

Будучи диким родственником лука репчатого (*A. cepa*), *A. galanthum* играет жизненно важную роль в развитии программ селекции лука, в частности, предоставляя ценные генетические ресурсы для улучшения ключевых признаков [33, 34]. Одним из его наиболее значительных вкладов является его способность вызывать цитоплазматическую мужскую стерильность (ЦМС), критический фактор в гибридной селекции лука, что значительно увеличивает производство гибридных семян и повышает продуктивность и качество луковых культур [35]. Этот признак также имеет более широкое применение в гибридной селекции других видов *Allium*, таких как *A. fistulosum* (лук батун) [36], что делает *A. galanthum* ценным ресурсом для улучшения нескольких культур *Allium* [37]. Помимо селекционного применения, *A. galanthum* является важным диким овощем, способствуя продовольственной безопасности [38, 39, 40].

Наибольший по численности и биоразнообразию патогенной микробиоты отличалась зона ризосфера под луками *A. fistulosum*, *A. pskemense*, *A. tuberosum*. Поскольку представите-

ли разных групп и видов патогенов отличаются и предпочтениями к погодным условиям по влажности, температуре, их флюктуациям (перепадам), активизироваться может любой из них в любой из годов выращивания. А это значит, что к вышеназванным видам при их возделывании должно быть и более пристальное внимание по их защите от болезней, ассортимент фунгицидов должен быть разнообразным, а обработки регулярными и постадийными, то есть включать в себя обработку (дезинфекцию) семян, подготовку почвы, обработку вегетирующих растений, подбор иммуномодуляторов.

## Выводы

Из исследованных 13 видов *Allium* только в ризосфере *A. galanthum* не выявлено рисков развития грибных болезней, потенциал его устойчивости может быть высоким, а сам вид перспективным для поиска генов устойчивости. *A. galanthum*, кроме этого, играет важную роль в развитии программ селекции лука, в частности, предоставляя ценные генетические ресурсы для улучшения ключевых признаков данной культуры.

Потенциально устойчивыми к различным бактериозам были *A. schoenoprasum*, *A. altynolicum* и *A. sibphorpiatum*, что делает данные виды перспективными для поиска генов устойчивости к бактериозам.

Наибольший по численности и биоразнообразию патогенной микробиоты отличалась зона ризосфера под луками *A. fistulosum*, *A. pskemense*, *A. tuberosum*. В технологиях их возделывания должно быть обращено более пристальное внимание защите от болезней, включающее обработку (дезинфекцию) семян, почвы и вегетирующих растений.

## • Литература

1. Olanrewaju O.S., Ayangbenro A.S., Glick B.R., Babalola O.O., Ayangbenro A. Plant health: Feedback effect of root exudates-rhizobiome interactions. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 2019;(103): 1155–1166. <https://doi.org/10.1007/s00253-018-9556-6>
2. Venturi V., Keel C. Signaling in the rhizosphere. *Trends Plant Sci.* 2016;(21):187–198. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2016.01.005>
3. Bulgarelli D., Schlaepi K., Spaepen S., Ver Loren van Themaat E., Schulze-Lefert P. Structure and function of bacterial microbiota of plants. *Annu. Rev. Plant Biol.* 2013;(64):807–838. <https://doi.org/10.1146/annurev-applant-050312-120106>
4. Jacoby R., Peukert M., Succurro A., Koprivova A., Kopriva S. The role of soil microorganisms in plant mineral nutrition—current knowledge and future directions. *Front Plant Sci.* 2017;(8):1617. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01617>
5. Reinhold-Hurek B., Bunger W., Burbano C.S., Sabale M., Hurek T. Roots shaping their microbiome: global hotspots for microbial activity. *Annu Rev Phytopathol.* 2015;53(1):403–24. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-082712-102342>
6. Agler M.T., Ruhe J., Kroll S., Morhenn C., Kim S.T., Weigel D. Microbial hub taxa link host and abiotic factors to plant microbiome variation. *PLoS Biol.* 2016;14(1):e1002352. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002352>
7. Schlaepi K., Dombrowski N., Oter R.G., Van Themaat E.V.L., Schulze-Lefert P. Quantitative divergence of the bacterial root microbiota in *Arabidopsis thaliana* relatives. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2014;111(2):585–592. <https://doi.org/10.1073/pnas.1321597111>
8. Zgadzaj R., Garrido-Oter R., Jensen D.B., Koprivova A., Schulze-Lefert P., Radutoiu S. Root nodule symbiosis in *Lotus japonicus* drives the establishment of distinctive rhizosphere, root, and nodule bacterial communities. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2016;113(49):E7996–8005. <https://doi.org/10.1073/pnas.1616564113>
9. Tkacz A., Cheema J., Chandra G., Grant A., Poole P.S. Stability and succession of the rhizosphere microbiota depends upon plant type and soil composition. *ISME J.* 2015;9(11):2349–59. <https://doi.org/10.1038/ismej.2015.41>
10. Chaparro J.M., Badri D.V., Vivanco J.M. Rhizosphere microbiome assemblage is affected by plant development. *ISME J.* 2014;8(4):790–803. <https://doi.org/10.1038/ismej.2013.196>
11. Broeckling C.D., Broz A.K., Bergelson J., Manter D.K., Vivanco J.M. Root exudates regulate soil fungal community composition and diversity. *Appl Environ Microbiol.* 2008;74(3):738–744.
12. Lareen A., Burton F., Schäfer P. Plant root-microbe communication in shaping root microbiomes. *Plant Mol Biol.* 2016;90(6):575–587. <https://doi.org/10.1007/s11103-015-0417-8>
13. Xue C., Penton C.R., Shen Z., Zhang R., Huang Q., Li R. Manipulating the banana rhizosphere microbiome for biological control of Panama disease. *Sci Rep.* 2015;5(1):11124. <https://doi.org/10.1038/srep11124>
14. Raaijmakers J.M., Mazzola M. Soil immune responses. *Science.* 2016;352(6292):1392–3. <https://doi.org/10.1126/science.aaf3252>
15. Yin C., Casa Vargas J.M., Schlatter D.C. Rhizosphere community selection reveals bacteria associated with reduced root disease. *Microbiome.* 2021;(9):86. <https://doi.org/10.1186/s40168-020-00997-5>
16. Verma J.P., Jaiswal D.K., Krishna R., Prakash S., Yadav J., Singh V. Characterization and screening of thermophilic *Bacillus* strains for developing plant growth promoting consortium from hot spring of Leh and Ladakh Region of India. *Frontiers in Microbiology.* 2018;(9):1293. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01293>
17. Krishna R., Ansari W.A., Verma J.P., Singh M. Modern molecular and omics tools for understanding the plant growth-promoting rhizobacteria. In: Role of plant growth promoting microorganisms in sustainable agriculture and nanotechnology. Cambridge: Woodhead Publishing. 2019. P. 39–53.
18. Yurgel S.N., Abbey L., Loomer N., Gillis-Madden R., Mammoliti M. Microbial communities associated with storage onion. *Phytobiomes.* 2018;2(1):35–41. <https://doi.org/10.1094/PBIMES-12-17-0052-R>
19. Knerr A.J.N., Wheeler D., Schlatter D., Sharma-Poudyal D., du Toit L.J., Paulitz T.C. Arbuscular mycorrhizal fungal communities in organic and conventional onion crops in the Columbia Basin of the Pacific Northwest United States. *Phytobiomes Journal.*

- 2018;2(4):194-207.
20. Qiu Z., Li N., Lu X., Zheng Z., Zhang M., Qiao X. Characterization of microbial community structure and metabolic potential using Illumina MiSeq platform during the black garlic processing. *Food Research International*. 2018;(106):428-438. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2017.12.081>
21. Huang Y.H. Comparison of rhizosphere and endophytic microbial communities of Chinese leek through high-throughput 16S rRNA gene Illumina sequencing. *Journal of Integrative Agriculture*. 2018;17(2):359-367. [https://doi.org/10.1016/S2095-3119\(17\)61731-3](https://doi.org/10.1016/S2095-3119(17)61731-3)
22. Matthews A., Pierce S., Raymond B. Rhizobacterial community assembly patterns vary between crop species. *Frontiers in Microbiology*. 2019;(10):581. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00581>
23. Chen S., Zhou X., Yu H., Wu F. Root exudates of potato onion are involved in the suppression of clubroot in a Chinese cabbage-potato onion-Chinese cabbage crop rotation. *European Journal of Plant Pathology*. 2018;150(3):765-777. <https://doi.org/10.1007/s10658-017-1307-5>
24. Nishioka T., Marian M., Kobayashi I., Kobayashi Y., Yamamoto K., Tamaki H., Suga H., Shimizu M. Microbial basis of *Fusarium* wilt suppression by *Allium* cultivation. *Scientific Reports*. 2019;9(1):1715. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-37559-7>
25. Abdelrahman M., Elayed M., Sato S., Hirakawa H., Ito S.I., Tanaka K., Shigyo M. RNA-sequencing-based transcriptome and biochemical analyses of steroid saponin pathway in a complete set of *Allium fistulosum* – *A. cepa* monosomic addition lines. *PLOS ONE*. 2017;12(8):e0181784. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181784>
26. Методы почвенной микробиологии и биохимии. (Под редакцией Д.Г. Звягинцева). М.: Изд-во МГУ. 1991. 302 с.
27. Зенова Г.М., Кураков А.В. Методы определения структуры комплексов почвенных актиномицетов и грибов. М. Изд-во МГУ. 1988. 53 с.
28. Зенова Г.М., Степанов А.Л., Лихачева А.А., Манучарова Н.А. Практикум по биологии почв. М.: Изд-во МГУ, 2002. 120 с.
29. Теппер Е.З., Шильников В.К., Переверзева Г.И. Практикум по микробиологии. М.: Дрофа, 2004. 256 с.
30. Определитель бактерий Берджи. В 2-х томах. Под ред. Дж. Хоулта, Н. Крига, П. Снита, Дж. Стейли, С. Уильямса. М.: Мир, 1997. Т. 1. 432 с.; Т. 2. 368 с.
31. Литвинов М.А. Определитель микроскопических почвенных грибов. М: Наука, 1967. 310 с.
32. Добровольская Т.Г. Структура бактериальных сообществ почв. М.: ИКЦ «Академкнига», 2002. 282 с.
33. Al-Khayri J.M., Jain S.M., Johnson D.V. (Eds.), *Advances in Plant Breeding strategies: Vegetable crops: Volume 8: bulbs, Roots and Tubers*, Springer International Publishing, Cham. 2021.
34. Manjunathagowda D.C., Muthukumar P., Gopal J., Prakash M., Bommesh J.C., Nagesh G.C., Megharaj K.C., Manjesh G.N., Anjanappa M. Male sterility in onion (*Allium cepa* L.): origin, evolutionary status, and their prospectus. *Genet. Resour. Crop Evol.* 2021;(68):421-439. <https://doi.org/10.1007/s10722-020-01077-1>
35. Ochar K., Kim S.-H. Conservation and global distribution of onion (*Allium cepa* L.) germplasm for agricultural sustainability. *Plants*. 2023;(12):3294. <https://doi.org/10.3390/plants12183294>
36. Yamashita K., Takatori Y., Tashiro Y. Chromosomal location of a pollen fertility-restoring gene, rf, for CMS in Japanese bunching onion (*Allium fistulosum* L.) possessing the cytoplasm of *A. galanthum* Kar. et Kir. revealed by genomic in situ hybridization. *Theoretical and Applied Genetics*. 2005;(111):15-22. <https://doi.org/10.1007/s00122-005-1941-8>
37. Scholten O.E., Van Kaauwen M.P.W., Shahin A., Hendrickx P.M., Keizer L.C.P., Burger K., Van Heusden A.W., Van Der Linden C.G., Vosman B. SNP-markers in *Allium* species to facilitate introgression breeding in onion. *BMC Plant Biol.* 2016;(16):187. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0879-0>
38. Иванова М.И., Бухаров А.Ф., Балеев Д.Н., Бухарова А.Р., Кашlevа А.И., Середин Т.М., Разин О.А. Биохимический состав листьев видов *Allium* L. в условиях Московской области // *Достижения науки и техники АПК*. 2019;33(5):47-50. <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2019-10511> <https://elibrary.ru/zndocx>
39. Kadyrbayeva G., Zagórska J., Grzegorczyk A., Gaweł-Bęben K., Strzepęk-Gomółka M., Ludwicka A., Czech K., Kumar M., Koch W., Malm A., Głowniak K., Sakipova Z., Kukula-Koch W. The Phenolic Compounds Profile and Cosmeceutical Significance of Two Kazakh Species of Onions: *Allium galanthum* and *A. turkestanicum*. *Molecules*. 2021;(26):5491. <https://doi.org/10.3390/molecules26185491>
40. Wu J., Liu D., Wariss H.M., Zhang H., Su M., Li W., Han Z. Genetic diversity and construction of core collection provides new insight for the conservation of edible *Allium galanthum* in Xinjiang. *Scientia Horticulturae*. 2025;(341):113961.
41. Пережогина В.В. и др. Изучение и поддержание в живом виде мировой коллекции лука и чеснока: методические указания. Санкт-Петербург: ВИР, 2005. 109 с. <https://elibrary.ru/oufnwh>

#### • References

26. Methods of soil microbiology and biochemistry. (Edited by D.G. Zvyagintsev). Moscow: Moscow State University Press. 1991. 302 p.
27. Zenova G.M., Kurakov A.V. Methods for determining the structure of complexes of soil actinomycetes and fungi. M. Publishing house of Moscow State University. 1988. 53 p.
28. Zenova G.M., Stepanov A.L., Likhacheva A.A., Manucharova N.A. Practical training in soil biology. M.: Moscow State University Publishing House, 2002. 120 p.
29. Terper E.Z., Shilnikova V.K., Pereverzeva G.I. Microbiology Workshop. M.: Drofa, 2004. 256 p.
30. Identifier of Bergey's bacteria. In 2 volumes. Edited by J. Hoult, N. Krieg, P. Sneath, J. Staley, S. Williams. Moscow: Mir, 1997. Vol. 1. 432 p. Vol. 2. 368 p.
31. Litvinov M.A. Identifier of microscopic soil fungi. Moscow: Nauka, 1967. 310 p.
32. Dobrovolskaya T.G. Structure of bacterial communities of soils. M.: ITC "Akademkniga", 2002. 282 p.
38. Ivanova M.I., Bukharov A.F., Baleev D.N., Bukharova A.R., Kashleva A.I., Seredin T.M., Razin O.A. Biochemical composition of leaves of *Allium* L. species in the conditions of the Moscow region. *Achievements of science and technology in agro-industrial complex*. 2019;33(5):47-50. <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2019-10511> <https://elibrary.ru/zndocx>
41. Perezhogina V.V. Study and maintenance of the world collection of onions and garlic in a living form: guidelines. St. Petersburg: VIR, 2005. 109 p. <https://elibrary.ru/oufnwh>

#### Об авторах:

**Мария Ивановна Иванова** – доктор с.-х. наук, проф. РАН, гл. научный сотрудник, <https://orcid.org/0000-0001-7326-2157>, SPIN-код: 1961-9188, автор для переписки: [ivanova\\_170@mail.ru](mailto:ivanova_170@mail.ru)

**Мария Юрьевна Маркарова** – кандидат биол. наук, ведущий научный сотрудник, <https://orcid.org/00000-0002-7951-2222>, SPIN-код: 9808-8712, [myriam@mail.ru](mailto:myriam@mail.ru)

#### About the Authors:

**Maria I. Ivanova** – Dr. Sci. (Agriculture), Prof., Senior Researcher, <https://orcid.org/0000-0001-7326-2157>, SPIN-code: 1961-9188, Corresponding Author, [ivanova\\_170@mail.ru](mailto:ivanova_170@mail.ru)

**Maria Yu. Markarova** – Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, <https://orcid.org/00000-0002-7951-2222>, SPIN-code: 9808-8712, [myriam@mail.ru](mailto:myriam@mail.ru)