

Л. О. Иващенко, магистрант (БГТУ, г. Минск);
С. В. Пантелеев, канд. биол. наук., вед. науч. сотр.;
О. Ю. Баранов, д-р биол. наук, зав. лаб.
(Институт леса НАН Беларуси, г. Гомель);
Г. Б. Колганихина, канд. биол. наук, ст. науч. сотр.
(Институт лесоведения РАН, (н.п. Успенское, РФ);
М. О. Романенко, канд. с.-х. наук, ст. преп.,
В. А. Ярмолович, канд. биол. наук,
декан лесохозяйственного факультета (БГТУ, г. Минск)

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ДОМИНИРУЮЩИХ ВИДОВ В МИКОБИОМАХ НАСЕКОМЫХ-ФИТОФАГОВ ЛИСТВЕННЫХ ПОРОД

Разработка общей современной стратегии защиты растений должна быть экономически обоснованной и направлена на минимизацию последствий, вызываемых патогенными микроорганизмами, что в свою очередь может быть обеспечено только наличием эффективной системы прогнозирования возникновения и развития заболеваний с целью своевременной разработки профилактических и защитных мероприятий.

Одним из способов распространения инфекционных заболеваний растений, является перенос биологического материала патогенов с помощью векторов (организмов-переносчиков), представленных, в основном, различными видами насекомых-фитофагов. Видовая структура микробиомов растительоядных насекомых может быть представлена как отдельными таксономическими группами микроорганизмов: микромицетами, бактериями, археями, простейшими и вирусами, так и их сообществами, которые способны формировать временные или постоянные ассоциации с хозяином. Применительно к грибным видам, между ними, как элементами микробиома, и насекомыми-переносчиками могут возникать функциональные взаимодействия, характеризующиеся синергичным эффектом по отношению к формированию патологического статуса растений-хозяев.

Установление механизмов и определение характера взаимодействий между насекомыми-переносчиками и грибными фитопатогенами, может быть выполнено только на основе изучения особенностей структуры микробиомов и ее динамики. Одним из информативных подходов к оценке структуры микробных сообществ, является использование ДНК-технологий, и в частности метагеномного анализа, позволяющего получать количественные и качественные характеристики для их описания.

Целью данных исследований явилось проведение молекулярно-генетического анализа структуры и идентификации доминирующих видов в микобиомах насекомых-фитофагов лесных лиственных пород.

Экспериментальный материал для исследования представлял собой образцы личинок и имаго насекомых (в общем количестве 150 шт.), собранных на различных лесных лиственных породах (клен, дуб, береза, тополь, ольха). Метагеномный анализ микобиома проводился на основании диагностики размеров локуса ITS1 (внутреннего транскрибируемого спейсерарибосомального оперона) микромицетов. Видовая идентификация доминирующих групп фитопатогенов была основана на сравнительном анализе данных секвенирования рДНК с депозитами, представленными в международной базе данных NCBI GeneBank.

Результаты молекулярно-генетического анализа представлены в таблице.

Таблица – Данные метагеномного анализа образцов насекомых

Вид насекомого	Порода	Максимальное количество видов в микобиоме (долевое участие > 1%)	Доминирующие виды микромицетов
1	2	3	4
<i>Periphyllus testudinaceus</i> (имаго)	<i>Acer platanoides</i>	9	<i>Meyerozyma guilliermondii</i>
			<i>Cladosporium</i> sp.1 (<i>C. herbarum</i> комплекс)
			<i>Cladosporium</i> sp.2 (<i>C. herbarum</i> комплекс)
			<i>Alternaria alternata</i>
			<i>Phoma</i> sp.
<i>Epicoccum nigrum</i>			
<i>Saperda perforate</i> (личинка)	<i>Populus tremula</i>	2	<i>Nakazawaea wyomingensis</i>
<i>Vyctiscus populi</i> (имаго)		3	грибы с неустановленным микологическим описанием
<i>Xylotrechus rusticus</i> (имаго)		3	грибы с неустановленным микологическим описанием
<i>Stictoleptura rubra</i> (имаго)		3	<i>Cladosporium</i> sp.2 (<i>C. cladosporioides</i> комплекс)
<i>Chrysomela populi</i> (имаго)		6	грибы с неустановленным микологическим описанием
<i>Pyrhocoris apterus</i> (имаго)	<i>Quercus robur</i>	1	<i>Penicillium bialowiezense</i>
<i>Agriotes</i> sp. (имаго)		6	<i>Penicillium bialowiezense</i>

Продолжение таблицы

1	2	3	4
<i>Pyrrhodium sanguineum</i> (имаго)		6	<i>Fusarium</i> sp. (<i>Fusarium avenaceum</i> / <i>F. arthrosporioides</i> / <i>F. tricinctum</i> комплекс) <i>Penicillium bialowiezense</i>
<i>Scolytus ratzeburgi</i> (имаго)	<i>Betula pendula</i>	8	<i>Candida oregonensis</i>
<i>Rhagoxycha fulva</i> (имаго)		1	<i>Cladosporium</i> sp.1 (<i>C. cladosporioides</i> комплекс)
<i>Callipterinella tuberculata</i> (имаго)		10	<i>Cladosporium</i> sp.1 (<i>C. herbarum</i> комплекс)
			<i>Filobasidium wieringae</i>
			<i>Botrytis cinerea</i>
			<i>Cladosporium</i> sp.2 (<i>C. cladosporioides</i> комплекс)
<i>Alternaria alternata</i>			
<i>Argyresthia goedartella</i> (имаго)		1	грибы с неустановленным микологическим описанием
<i>Elasmucha grisea</i> (имаго)		2	<i>Aureobasidium pullulans</i>
<i>Tillus elongatus</i> (личинка, энтомофаг)	<i>Alnus-incana</i>	4	<i>Ophiostoma novo-ulmi</i>
<i>Hylesinus crenatus</i> (личинка)		8	<i>Epicoccum nigrum</i>
<i>Adalia bipunctata</i> (энтомофаг)			3

В целом, проведенное изучение электрофоретических спектров, позволяло идентифицировать до 12 грибных видов в образце насекомого. Следует отметить, что в пределах одного и того же вида насекомого, как правило, диагностировались сходные видовому составу сообщества микроорганизмов. В то же время структура микобиомов (по доле участия видов) могла варьировать в широком диапазоне ($D = 0.11-0.98$).

Работа была частично поддержана грантами БРФФИ Б20Р-175 и РФФИ №20-54-00045.