

Index Fungorum [Электронный ресурс]. 2025. Режим доступа: <https://indexfungorum.org/Index.htm>. Дата обращения: 13.04.2025.

La Porta N., Capretti P., Thomsen I.M., Kasanen R., Hietala A.M., von Weissenberg K. Forest pathogens with higher damage potential due to climate change in Europe. Can. Jour. of Plant Path. 2008. V. 30 (2). P. 177–195.

О ВИДОВОЙ СТРУКТУРЕ МИКОБИОМОВ КОРНЕЙ САМОСЕВА ДУБА ЧЕРЕШЧАТОГО И БЕРЕЗЫ БОРОДАВЧАТОЙ В ЛЕСАХ БЕЛАРУСИ

Ярмолевич В.А.¹, Баранов О.Ю.²; Пантелеев С.В.³;
Зенюк К.В.¹; Иващенко Л.О.^{1,3}, Хархасова И.А.³

¹Белорусский государственный
технологический университет,
yarm@belstu.by;

²Национальная академия наук Беларуси,
betula-belarus@mail.ru;

³Институт леса НАН Беларуси,
stasikdesu@mail.ru

ABOUT SPECIES STRUCTURE OF *QUERCUS ROBUR* AND *BETULA PENDULA* NATURAL REGENERATION ROOT MYCOBIOMES IN FORESTS OF BELARUS

Yarmalovich V.A.¹, Baranov O.Yu.², Panteleev S.V.³,
Zeniuk K.V.¹, Ivashchanka L.O.^{1,3}, Kharkhasova I.A.³

The purpose of the investigation is to study mycobiomes structure of *Quercus robur* L. and *Betula pendula* Roth. regeneration in forest stands of the Republic of Belarus using metagenomic assay. Based on a study of 95 biological samples of roots from 11 forest stands locations in Belarus, 27 taxa of fungi were identified on the roots of *B. pendula* and 11 on *Q. robur*. The species composition of the root mycobiomes of oak and birch regeneration turned out to be approximately similar to identified on Scots pine and Norway spruce in Belarus. Approximately half of the species registered in this work on birch were ectomycorrhizal fungi. At the same time, more than 70% of the identified species on oak were ectomycorrhizal fungi. Among the taxa of fungi on oak, 55% were representatives of the *Basidiomycota*, while on birch roots representatives of the *Ascomycota* prevailed (52%).

Развитие методов молекулярной генетики открывает новые возможности в изучении грибных сообществ, ассоциированных с древесными растениями. Использование метода фрагментного (метагенетического) ДНК-анализа позволило нам в предыдущих работах оценить структуру микобиомов корней самосева *Pinus sylvestris* L. и *Picea abies* (L.) Karst. под пологом леса, а также сеянцев хвойных в лесных питомниках Беларуси (Ярмолевич, 2024). В настоящей работе при помощи

метагенетического анализа нами предприняты попытки оценить видовую структуру микобиомов самосева *Qercus robur* L. и *Betula pendula* Roth., растущего в типичной лесной среде (под пологом леса).

Для анализа видового состава грибных организмов, ассоциированных с корнями, нами был собран полевой материал в виде хорошо развитых внешне здоровых 1–3 летних растений дуба черешчатого и березы бородавчатой в 11 лесных насаждениях, расположенных во всех 3-х геоботанических подзонах, выделенных на территории Республики Беларусь (Юркевич, 1965). Развитые корневые окончания размером 1–5 мм в общем количестве 95 шт. были отделены от растений и обильно промыты дистиллированной водой. Получение препаратов ДНК осуществлялось с использованием СТАВ-метода (Падутов, 2007). Анализ микобиома в тканях корней методом фрагментного анализа проводился с использованием меченых флуоресцентной меткой ПЦР-праймеров ITS1F/ITS2 и последующей детекцией грибного спектра на генетическом анализаторе НАНОФОР 05 (Синтол, РФ) в соответствии с рекомендациями производителя. Анализ электрофоретических (метагенетических) спектров и расчет обилия видов в микобиомах проводился в программных пакетах GeneMapper 4.1 и Microsoft Excel. Все идентифицированные таксоны грибов (операционно-таксономические единицы – ОТЕ) верифицировались по базе данных NCBI GenBank. В случае отсутствия в базе данных соответствующих видовых названий, обозначение данных таксонов микромицетов производилось на основании полученного значения видоспецифичного размера маркерного региона ITS1 в нуклеотидных основаниях, например, «неизвестный 280». По трофической специализации выявленные виды условно разделялись на функциональные группы: микоризные (эктомикоризные – ЭКМ; эндомикоризные – ЭНМ, патогенные (факультативные паразиты) и сапротрофные). Отнесение грибных организмов к той или иной группе было опосредованным – базировалось на опубликованных исследованиях разных авторов (Dighton, 2017; Watkinson, 2016; Федоров, 2004).

Результаты фрагментного анализа микобиоты корневых окончаний самосева дуба черешчатого и березы бородавчатой приведены в таблице 1.

Таблица 1 – Видовой состав микобиомов корней самосева *Q. robur* и *B. pendula*

ОТЕ (по базе данных NCBI)	Специализация гриба	Встречаемость на растениях, %	Долевое участие ДНК гриба в выявляемом в корнях грибном ДНК, %	Представленность видов в микобиоме корней древесной породы, %
Дуб черешчатый				
<i>Boletus edulis</i>	ЭКМ	37,5	70,16	34,54
<i>Hyaloscyphaceae mycorrhizal uncultured</i>	ЭКМ	13,2	1,30	0,64
<i>Infundichalara sp.</i>	сапротроф	10,1	2,80	1,38
<i>Lactarius rufus</i>	ЭКМ	13,6	79,15	38,97
<i>Lactarius torminosus</i>	ЭКМ	12,5	5,49	2,70
<i>Penicillium amphipolaria</i>	сапротроф	9,1	1,15	0,56
<i>Russula aeruginea</i>	ЭКМ	11,4	1,06	0,52
<i>Tomentella sp. 1 DK-2015</i>	ЭКМ	12,1	19,54	9,61
<i>Trechisporales sp.</i>	сапротроф	10,4	9,10	4,48
<i>Wilcoxina mikolae sp.1</i>	ЭКМ	37,5	9,16	4,51
<i>Wilcoxina mikolae sp.2</i>	ЭКМ	37,5	4,20	2,07

Окончание таблицы 1

ОТЕ (по базе данных NCBI)	Специализация гриба	Встречаемость на растениях, %	Долевое участие ДНК гриба в выявляемом в корнях грибом ДНК, %	Представленность видов в микобиоме корней древесной породы, %
Береза бородавчатая				
<i>Boletus edulis</i>	ЭКМ	3,6	2,64	1,03
<i>Clonostachys compactiuscula</i>	сапротроф	3,6	16,74	6,52
<i>Dactylonectria pauciseptata</i>	патоген	3,6	15,68	6,11
<i>Dactylonectria sp.</i>	патоген	7,2	19,11	7,44
<i>Fusarium acuminatus</i>	патоген	3,6	0,93	0,36
<i>Fusarium oxysporum</i>	патоген	3,6	0,93	0,36
<i>Helotiaceae sp.</i>	ЭКМ	7,2	2,16	0,84
<i>Lactarius deliciosus</i>	ЭКМ	3,6	1,43	0,56
<i>Lactarius rufus</i>	ЭКМ	3,6	1,61	0,63
<i>Lactarius tabidus</i>	ЭКМ	3,6	5,94	2,31
<i>Hebeloma naviculosporem</i>	ЭКМ	3,6	2,25	0,88
<i>Penicillium sp.</i>	сапротроф	3,6	2,19	0,85
<i>Phialocephala uotiloensis</i>	ЭНМ	3,6	5,36	2,09
<i>Russula vesca</i>	ЭКМ	3,6	0,86	0,33
<i>Peziza sp OQ694038.1</i>	ЭКМ	3,6	11,16	4,35
<i>Talaromyces ruber</i>	сапротроф	3,6	22,04	8,58
<i>Thelephora terrestris</i>	ЭКМ	3,6	33,92	13,21
<i>Tomentella ellisi</i>	ЭКМ	3,6	7,98	3,11
<i>Tomentella sp. 1 DK-2015</i>	ЭКМ	7,2	25,52	9,94
<i>Trichoderma koningiopsis</i>	сапротроф	3,6	7,66	2,98
<i>Tricholoma portentosum</i>	сапротроф	7,2	41,89	16,31
<i>Wilcoxina mikolae sp.1</i>	ЭКМ	14,3	3,02	1,18
<i>Wilcoxina mikolae sp.2</i>	ЭКМ	14,3	2,92	1,14
<i>Wilcoxina sp.</i>	ЭКМ	7,2	4,42	1,72
Неизвестный 280	–	3,6	13,35	5,20
Неизвестный 294	–	3,6	1,00	0,39
Неизвестный 345	–	10,7	4,07	1,59

Сравнительная характеристика видового состава грибов, выявленных на корнях дуба черешчатого и березы бородавчатой, показала, что береза обладает более разнообразным составом микобиома (таблица 2).

На данном этапе работы выявлено 27 ОТЕ грибов на корнях березы бородавчатой и 11 – на дубе черешчатом. В целом, видовой состав микобиомов корней самосева дуба и березы оказался примерно схожим с установленным нами ранее на сосне обыкновенной и ели европейской в условиях Беларуси, за достаточно редким исключением. Примерно половину из числа зарегистрированных в данной работе видов на березе составили эктомикоризные грибы. Вместе с тем доля выявленных видов эктомикоризных грибов в микобиоме корней дуба составила более 70%.

Таблица 2 – Сравнительный анализ микобиомов корней самосева дуба черешчатого и березы бородавчатой

Количество выявленных видов грибов	Древесный вид	
	<i>Q. robur</i>	<i>B. pendula</i>
Всего операционно-таксономических единиц (ОТЕ)	11	27
в т.ч. представители отделов:		
– Аскомикота	5	14
– Базидиомикота	6	10
– нет сведений	–	3
в т. ч. по трофической специализации:		
– эктомикоризные;	8	14
– эндомикоризные;	–	1
– условно-патогенные;	–	4
– сапротрофные;	3	5
– нет сведений	–	3

Среди установленных ОТЕ на дубе 55% – представители отдела Базидиомикота, на корнях березы незначительно преобладали представители отдела Аскомикота (52%). На березе оказались не идентифицированными (не верифицированными) 3 вида, вероятно, в последующей работе видовую принадлежность некоторых из них удастся установить путем сбора и секвенирования плодовых тел, а также образцов корней растений с моноинфекцией грибов.

Литература

- Dighton, J. The Fungal Community. Its Organization and Role in the Ecosystem (Fourth Edition) / J. Dighton, J. F. White // CRC Press. – 2017. – 652 p.
- Watkinson, S. C. The Fungi / S. C. Watkinson, L. Boddy, N. Money // UK: Academic Press. – 2016. – 478 p.
- Падутов В.Е. Методы молекулярно-генетического анализа / В.Е. Падутов, О.Ю. Баранов, Е.В. Воропаев. – Минск: Юнипол, 2007. – 176 с.
- Федоров Н.И. Лесная фитопатология: учеб. для студ. специальности «Лесное хозяйство» / Н.И. Федоров. – Минск: БГТУ, 2004. – 462 с.
- Юркевич И.Д. География, типология и районирование лесной растительности Белоруссии / И.Д. Юркевич, В.С. Гельтман. – Минск: Наука и техника, 1965. – 286 с.
- Ярмолевич В.А. [и др.] Видовая структура микобиомов корней самосева и сеянцев сосны обыкновенной и ели европейской / Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Сэрыя біялагічных навук. – 2024. – Т. 69, № 3. – С. 183–197.

Работа выполнена при поддержке БРФФИ, грант №Б24-006.

УЛЬТРАЗВУКОВАЯ ТОМОГРАФИЯ СТАРОВОЗРАСТНЫХ ДЕРЕВЬЕВ В КОНТЕКСТЕ СОХРАНЕНИЯ ИСТОРИКО-КУЛЬТУРНОГО НАСЛЕДИЯ

Ярмош В.Г.¹, Звягинцев В.Б.²

¹Полесский государственный университет,
bloh.v@polessu.by

²Белорусский государственный технологический
университет, *mycolog@tut.by*