

7. Красная книга Мурманской области. Изд. 2-е, перераб. и доп. / отв. ред. Н. А. Константинова, А. С. Корякин, О. А. Макарова, В. В. Бианки. Кемерово: Азия-принт, 2014. 584 с.
8. Красная книга Мурманской области. Мурманск: Книжное изд-во, 2003. 400 с.
9. Ниемеля Т. Трутовые грибы Финляндии и прилегающей территории России // *Norrinia*. 2001. Т. 8. 120 с.
10. Руоколайнен А. В., Крутов В. И., Химич Ю. Р. Афиллофоровые и фитопатогенные макро- и микромицеты лесов заповедника «Пасвик» (Мурманская область) // Труды Карел. НЦ РАН. 2011. Серия Биогеография Вып. 12. № 2. С. 29–34.
11. Спиринов В. А., Малышева В. Ф. Новые находки из рода *Antrodiella* в России // Новости систематики низших растений. 2006. Т. 40. С. 189–195.
12. Химич Ю. Р., Блинова И. В., Александров Г. Н. *Microstoma protractum* (Fr.) Kanouse и *Sarcosoma globosum* (Schmidel) Casp. – редкие представители порядка *Pezizales* в Мурманской области // Бюлл. МОИП. 2013. Отдел биол. Т. 118. Вып. 1. С. 84–86.
13. Химич Ю. Р., Исаева Л. Г. К микобиоте Хибинского горного массива (Мурманская область) // Новости систематики низших растений. 2014. Т. 48. С. 219–225.
14. Ширяев А. Г. Клавариоидные грибы тундровой и лесотундровой зон Кольского полуострова (Мурманская область) // Новости систематики низших растений. 2009. Т. 43. С. 134–149.
15. Kibby G. *Leccinum* revisited a new synoptic key to species // *Field Mycology*. 2006. Vol. 7 (4). P. 77–87.
16. Senn-Irlet B., Heilmann-Clausen J., Dahlberg A. Guidance for the conservation of mushrooms in Europe // *Convention of the Conservation of European wildlife and natural habitats*. Strassbourg, 2007. 34 p.
17. Ylisirniö A.-L., Penttilä R., Berglund H., Hallikainen V., Isaeva L., Kauhanen H., Koivula M., Mikkola K. Dead wood and polypore diversity in natural post-fire succession forests and managed stands – lessons for biodiversity management in boreal forests // *Forest Ecology and Management*. 2012. Vol. 286. P. 16–27.

L. G. Isaeva, Y. R. Khimich

Institute of the Industrial Ecology Problems of the North Kola SC
RAS, Apatity
e-mail: isaeva@inep.ksc.ru

FUNGI IN THE RED BOOK OF THE MURMANSK REGION

Summary. In the second edition of the Red book of the Murmansk region is a new list of protected species, which includes 18 fungi (excluded from the protected one species, first introduced 12 species). By Category fungi are distributed as follows: 14 species – 3, «rare species», 3 species – 2,

«vulnerable» and 1 species – 4 «uncertain status» for its distribution does not have sufficient data. In the List of species requiring special attention to their status in the natural environment of the Murmansk region included 5 species.

И. А. Казарцев

Всероссийский научно-исследовательский институт
защиты растений
г. Санкт-Петербург, Россия
e-mail: kazartsev@inbox.ru

ИССЛЕДОВАНИЕ ГРИБНЫХ СООБЩЕСТВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ДРЕВЕСНЫМ ДЕТРИТОМ, МЕТОДОМ ДНК-МЕТАБАРКОДИНГА*

Разрушение древесины в естественных условиях является длительным и многостадийным процессом, протекающим со сменой разнообразных групп организмов. Доминирующую роль в глобальной детериорации дре-

весного вещества выполняют ксилотрофные грибы, на долю которых приходится 90 % всего разложения древесины [1, 2]. Изучению видового состава, субстратной специализации и естественной сукцессии ксилотрофных грибов

© Казарцев И. А., 2015

на древесном детрите различных пород в лесных районах Северного полушария посвящены многочисленные исследования. Почти все накопленные сведения относительно многообразия микроорганизмов, ассоциированных с древесным детритом, были получены классическими методами, путем регистрации плодовых тел в полевых условиях или выделением в чистую культуру с последующей идентификацией по культурально-морфологическим признакам [6, 7]. Известно, что при классическом подходе многие не образующие плодовых тел, требовательные к субстрату или некультивируемые микроорганизмы могут остаться незамеченными исследователем [4, 9].

С развитием молекулярных методов появилась возможность подробно изучить всех членов сообществ, населяющих почву, воздух, водоемы, донные отложения, а также разлагающиеся древесные остатки. Существует сравнительно мало работ по молекулярной идентификации сообществ микроорганизмов в древесном детрите. Часть из них была выполнена с использованием метода денатурирующего градиентного гель-электрофореза (DGGE) [5, 8, 11]. К другим молекулярным технологиям, использованным для выявления биологического разнообразия в разлагающейся древесине, можно отнести анализ терминального рестрикционного фрагмента (T-RFLP) [3].

Молекулярный метод ДНК-метабаркодинга, основывающийся на технологии секвенирования нового поколения (NGS), в корне изменил представления о возможном масштабе исследовательских задач и позволил более подробно оценивать таксономическую структуру сообществ микроорганизмов, чем это было возможно ранее [10]. В настоящее время существуют единичные работы по изучению древесного детрита этим методом.

В данном исследовании для изучения сообществ грибов, ассоциированных с древесным детритом, был имплементирован современный

метод ДНК-метабаркодинга. Указанный метод позволил проанализировать 17 образцов древесины *Pinus sylvestris*, *Picea abies* и *Betula* sp., подверженных процессам ксилолиза, и получить 61 536 нуклеотидных последовательностей ITS2 региона для дальнейшей биоинформатической обработки. По результатам анализа участка ITS2 выделено 47 операционных таксономических единиц (ОТЕ), большинство из которых удалось определить до вида. В разных образцах древесины в зависимости от породы были найдены следующие доминирующие виды и роды грибов: *Fomes fomentarius*, *Fomitopsis pinicola*, *Ganoderma applanatum*, *Ischnoderma benzoinum*, *Phellinus chrysoloma*, *Phlebiopsis gigantea*, *Rhodonina placenta*, *Piptoporus betulinus*, *Steccherinum tenuisporium*, *Nodulisporium* sp., *Phialocephala* sp., *Porodaedalia pini*, *Hypocrea virens*, *Leptodontidium* sp. Количество копий ITS2 региона этих грибов значительно превышало количество копий других ОТЕ в рассматриваемых образцах. В некоторых случаях обнаружено сразу несколько доминирующих видов в одной пробе. В качестве сателлитных микроорганизмов обнаружены *Anomoloma albolutescens*, *Austrolecia* sp., *Blastobotrys proliferans*, *Cladonia pyxidata*, *Cladosporium* sp., *Hyphoderma puberum*, *Hyphoderma setigerum*, *Hyphoderma subtectaceum*, *Lecytophthora* sp., *Penicillium toxicarium*, *Oidiodendron griseum*, *Rhodotorula philyla*, *Rhodotorula pustula*, *Rhinocladiella* sp., *Sistotrema brinkmannii*, *Spathaspora arborariae*, *Sugiyamaella* sp., *Trichoderma harzianum*, *Trametes versicolor*. Для некоторых ОТЕ не удалось установить таксономическую принадлежность точнее семейства или порядка (Dacrymycetaceae, Orbiliaceae, Pezizales, Saccharomycetales). Для всех образцов рассчитаны коэффициенты разнообразия Шеннона и ChaoI, на основании которых определено, что из всех исследованных образцов древесины наибольшим биоразнообразием грибов отличается разлагающаяся древесина сосны.

Список литературы

1. Заварзин Г. А. Лекции по природоведческой микробиологии. М.: Наука, 2003. 348 с.
2. Соловьев В. А. Микогенный ксилолиз, его экологическое и технологическое значение // Научные основы устойчивости лесов к дереворазрушающим грибам. М.: Наука, 1992. С. 140–172.
3. Allmér J., Vasiliauskas R., Ihrmark K. et al. Wood inhabiting fungal communities in woody debris of Norway spruce, as reflected by sporocarps, mycelial isolations and T-RFLP identification // FEMS Microb. Ecol. 2006. Vol. 55, № 1. P. 57–67.

4. Käärrik A. A., Rennerfelt E. Investigations on the fungal flora of spruce and pine stumps // Medd Statliga Skogsforskningsinst. 1957. Vol. 47, № 7. P. 1–88.
5. Kebli H., Drouin P., Brais S., Kernaghan G. Species composition of saproxylic fungal communities on decaying logs in the boreal forest // Microb. Ecol. 2011. Vol. 61, № 4. P. 898–910.
6. Nordén B., Paltto, H. Wood-decay fungi in hazel wood: species richness correlated to stand age and dead wood features // Biological Conservation. 2001. Vol. 101, № 1. P. 1–8.
7. Nordén B., Ryberg M., Götmark F., Olausson B. Relative importance of coarse and fine woody debris for the diversity of wood-inhabiting fungi in temperate broadleaf forests // Biol. Conserv. 2004. Vol. 117, № 1. P. 1–10.
8. Rajala T., Peltoniemi M., Pennanen T., Mäkipää R. Relationship between wood-inhabiting fungi determined by molecular analysis (denaturing gradient gel electrophoresis) and quality of decaying logs // Can. J. For. Res. 2010. Vol. 40, № 12. P. 2384–2397.
9. Rayner A. D. M., Boddy L. Fungal decomposition of wood: its biology and ecology. Chichester: Wiley, 1988. 602 p.
10. Su C., Lei L., Duan Y. et al. Culture-independent methods for studying environmental microorganisms: methods, application, and perspective // Appl. Microbiol. Biotechnol. 2012. Vol. 93, № 3. P. 993–1003.
11. Vetrovsky T., Vorisková J., Snajdr J. et al. Ecology of coarse wood decomposition by the saprotrophic fungus *Fomes fomentarius* // Biodegradation. 2011. Vol. 22, № 4. P. 709–718.

I. A. Kazartsev

All-Russian Institute of Plant Protection, St. Petersburg
e-mail: kazartsev@inbox.ru

STUDY OF FUNGAL COMMUNITIES ASSOCIATED WITH WOOD DEBRIS USING DNA METABARCODING (METHOD, APPROACH)

Summary. To study fungal communities associated with wood debris the modern DNA metabarcoding method was implemented. With specified method 17 samples of *Pinus sylvestris*, *Picea abies* and *Betula* sp. wood debris were analyzed, and 61536 nucleotide sequences of ITS2 region for further bioinformatics processing were received. Basing on ITS2 region polymorphism 47 operational taxonomical units (OTU's) were determined. The majority of them were identified to species level. The following species and genera represent dominant fungi, which were found in different samples: *Fomes fomentarius*, *Fomitopsis pinicola*, *Ganoderma applanatum*, *Ischnoderma benzoinum*, *Phellinus chrysoloma*, *Phlebiopsis gigantea*, *Rhodonia placenta*, *Piptoporus betulinus*, *Steccherinum tenuisporium*, *Nodulisporium* sp., *Phialocephala* sp.,

Porodaedalia pini, *Hypocrea virens*, *Leptodontidium* sp. The number of ITS2 region copies of these fungi significantly exceeded number of copies of other OTU's in the considered samples. In certain cases, different dominant species revealed in one sample simultaneously. As minor component we found *Anomoloma albolutescens*, *Austrolecia* sp., *Blastobotrys proliferans*, *Cladonia pyxidata*, *Cladosporium* sp., *Hyphoderma puberum*, *Hyphoderma setigerum*, *Hyphoderma subtestaceum*, *Lecythophora* sp., *Penicillium toxicarium*, *Oidiodendron griseum*, *Rhodotorula philyla*, *Rhodotorula pustula*, *Rhino-cladiella* sp., *Sistotrema brinkmannii*, *Spathaspora arborariae*, *Sugiyamaella* sp., *Trichoderma harzianum*, *Trametes versicolor*.