

Таксономическое разнообразие грибной компоненты микробиома почвы зерновых культур в условиях Омской области

Шулико Наталья Николаевна

Кандидат наук

Сибирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства, Омск, Россия

E-mail: shuliko@anc55.ru

*исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-76-10064, <https://rscf.ru/project/23-76-10064/%C2%BB>

В современной научной литературе имеется большое количество работ по использованию микробиологических удобрений для зерновых и зернофуражных культур. В работах сибирских ученых показано, что инокуляция семян перед посевом препаратами ассоциативных азотфиксаторов, достоверно повышает численность агрономически важных групп микроорганизмов, а также оказывает положительное влияние в сочетании с применением минеральных удобрений на общую численность ризосферной микробиоты [1, 2].

Фундаментальной научной задачей являются исследования в направлении изучения микробиоты на генетическом уровне, позволяющие отобразить реальное таксономическое разнообразие обитающих в почве живых микроорганизмов. Планируемые к изучению показатели широко используются для оценки продуктивности экосистем, эффективности использования микробных штаммов, а также для анализа структуры почвенного микробиоценоза.

Цель работы - провести анализ микробного статуса ризосферы зерновых культур в различных почвенно-климатических условиях Западной Сибири, а также определить фунгицидную способность применяемых биопрепараторов.

Методика.

В полевых опытах в двух зонах Омской области (южная лесостепь - опытный участок № 1 и подтайга - опытный участок № 2) было исследовано влияние биопрепараторов Мизорин (*Arthrobacter mysorens* 7) и Флавобактерин (*Flavobacterium sp.* L-30.) (производство ВНИИСХМ, г. Санкт-Петербург, Пушкин) на состав грибного сообщества ризосферы новых сортов сельскохозяйственных культур.

Схема опыта предполагала изучение следующих вариантов: агрокультура (фактор А) - яровая мягкая пшеница сорт Тарская 12, овес – сорт Сибирский геркулес; бактериальный препарат для инокуляции семян (фактор В) [U+2012] без препарата, Мизорин, Флавобактерин.

Для инокуляции семян использовали препараты комплексного действия, изготовленные во Всероссийском НИИ сельскохозяйственной микробиологии (ФГБНУ ВНИИСХМ, г. Санкт-Петербург, Пушкин) Мизорин и Флавобактерин. Мизорин (*Arthrobacter mysorens* 7) [U+2012] бактериальный препарат для повышения урожайности и улучшения качества продукции. Норма внесения 0,3 кг (л)/гект. норму семян (1,5 кг на 1 т семян). Флавобактерин (*Flavobacterium sp.* L-30) [U+2012] биопестицид, препарат азотфиксирующих бактерий фунгицидно-стимулирующего действия, рекомендуется для предпосевной обработки семенного материала зерновых культур.

Работы по установлению таксономического разнообразия грибного сообщества выполнялись отделением «Геномные технологии» Центра коллективного пользования научным оборудованием «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ (ЦКП ГТП и КБ ФГБНУ ВНИИСХМ). Для выделения тотальной ДНК грибной биомассы из образцов почвы был использован протокол RIAM [3].

Результаты.

Почва – благоприятная среда для обитания и размножения многих микроорганизмов. Ее минеральный и органический состав, физико-химическое состояние регулирует численность и состав микробоценозов, который в свою очередь характеризуется структурным, таксономическим и функциональным разнообразием [4].

На протяжении последних двух десятилетий при помощи метагеномики активно изучаются структура и разнообразие почвенных микробных сообществ, и их связь с внешними факторами. Микробиом почвы чувствителен к воздействию различных факторов, включая тип почвы, изменение погодных условий, применение микробных препаратов, определяющих активность и направленность биологических процессов в агроценозах. Состояние микробоценоза почв дает объективную оценку их воздействия на агроэкосистемы. В превращениях, происходящих в почвах основную роль, играют бактерии и почвенные грибы, применение способа высокопроизводительного секвенирования гена 16S рРНК позволяет расширить знания о таксономической структуре микробиомов различных экологических ниш [5, 6].

На основе метагеномного анализа почвы, исследован компонент микробиома (род) микроскопических грибов лугово-черноземной и серой лесной почвы. Их таксономическая структура впервые стала объектом изучения в условиях южной лесостепи и подтайги Омской области Западной Сибири.

Филогенетический анализ почвенных грибов на основе анализа последовательностей генов ITS выявил 19 основных родов заселяющих ризосферу зерновых: *Giberella* (6,9 %), *Mortierella* (6,6 %), *Chaetomium* (4,8 %), *Cladosporium* (3,8 %), *Phizopus* (3,3 %), *Fusarium* (3,1 %), *Podospora* (2,3 %), *Pseudogymnoascus* (2,3 %), *Alternaria* (1,9 %), *Setophoma* (1,9 %), *Blumeria* (1,8 %), *Myrothecium* (1,6 %), *Trihoderma* (1,5 %), *Clostridium* (1,3 %), *Microdochium* (1,2 %), *Fusicola* (1,1 %), *Clonostachys* (1,0 %), *Penicillium* (0,9 %), *Bipolaris* (0,4 %), а также неклассифицированные рода (рис.).

При инокуляции семян наблюдали рост сапротрофных родов грибов по отношению к контрольным вариантам – *Pseudogymnoascus*, *Chloridium*, *Clonostachys*, *Trihoderma* и др., а также активно проявлялись фунгицидные свойства интродуцированных в почву штаммов бактерий относительно фитопатогенных грибов родов *Alternaria*, *Blumeria*, *Fusarium* и др.

Выводы. Установлено преимущественно положительное воздействие биопрепараторов ассоциативной азотфиксации на грибное сообщество почвы (rizосферы) опытных участков, расположенных в разных почвенно-климатических зонах.

Источники и литература

- 1) Cheng Q., Ma J., Ren R., Zheng L.J., Guo X., Sun X. Effects of Fertilization Management under WSPI on Soil Nitrogen Distribution and Nitrogen Absorption in Apple Orchard in Loess Plateau. *Agronomy*, 2020, 10(9): 1386. (doi: 10.3390/agronomy10091386).
- 2) Хамова О.Ф., Шулико Н.Н., Тукмачева Е.В. Численность микроорганизмов ризосферы ячменя при длительном применении минеральных удобрений, соломы и инокуляции семян ассоциативными диазотрофами. *Омский научный вестник*, 2015, 1(138): 127-131.
- 3) Рассеев В.М., Белан И.А., Рассеева Л.П. Использование метода *in vitro* в селекции пшеницы. *Вестник защиты растений*, 2016, 3 (89): 142-143.
- 4) Caporaso J.G., Kuczynski J., Stombaugh J., Bittinger K., Bushman F. D., Costello E.K., Fierer N., Gonzalez A., Goodrich J.K., Gordon J.I., Huttley G.A., Kelley S.T.,

Knights D., Koenig J.E., Ley R.E., Lozupone C.A., McDonald D., Muegge B.D., Pirrung M., Reeder J., Sevinsky J.R., Turnbaugh P.J., Walters W.A., Widmann J., Yatsunenko T., Zaneveld J., Knight R. Qiime allows analysis of high-throughput community sequencing data. Nature Methods, 2010, 5: 335-336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>

- 5) 5.Халикова Л.В., Кавеленова Л.М. Почвенный микробоценоз в агросреде как динамичная система: первичные результаты оценки изменений. Самарский научный вестник, 2023, 12(2): 91-97. <https://doi.org/10.55355/snv2023122114>
- 6) 6.Чернов Т.И. Метагеномный анализ прокариотных сообществ профилей почв европейской части России. Москва, 2016.

Иллюстрации

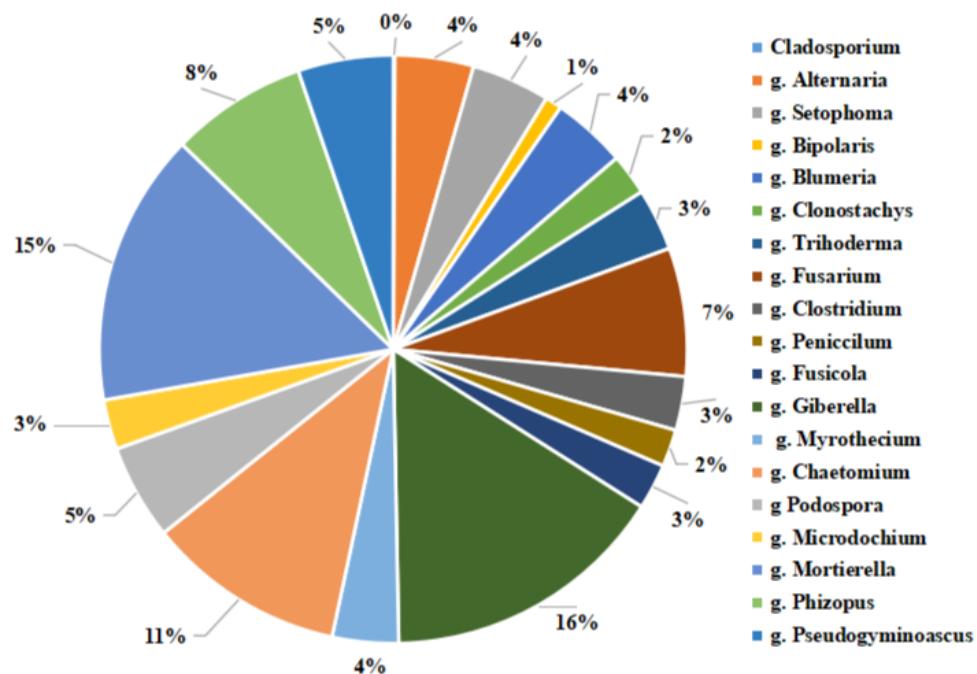


Рис. : Состав и представители доминирующих родов в микробиоме ризосфера зерновых культур (лугово-черноземная и серая лесная почва)