

Факторы таксономической структуры бактериальных листовых эндофитов альпийских растений**Научный руководитель – Онипченко Владимир Гертрудович****Жиров Иван Андреевич**

Аспирант

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра геоботаники, Москва, Россия

E-mail: johnzhirou@gmail.com

Изучение состава листовой микробиоты вслед за общим пониманием её структуры обусловлено значительным влиянием низкопредставленных групп бактерий, эффекты которых часто опосредованы массовыми таксонами (Harrison et al., 2021). Несмотря на это, роль низкопредставленных таксонов может быть критической в реализации адаптивных стратегий, обеспечении механизмов защиты от стресса и активации иммунного ответа (Jousset et al., 2017; Li et al., 2025). Состав бактериальных сообществ листовых эндофитов изучен достаточно слабо, и подавляющее большинство исследований посвящено изучению разнообразия, без детального рассмотрения влияния факторов на отдельные группы таксонов.

Для 37 видов альпийских растений из 4 сообществ провели анализ состава микробиома с целью определения вклада и направления влияния каждого фактора на бактериальные таксоны. Для удобства все факторы разделили на 4 группы: влияние таксономии растения-хозяина, влияние типа сообщества, топографические факторы (высота н.у. моря, экспозиция, крутизна), функциональные признаки растения (высота, LFM, LDM, LA, SLA, химический состав).

Выявлены рода бактерий, уникальные для вида растения-хозяина или типа растительного сообщества. Для массовых родов (с долей в пробах более 50%) относительная представленность *Mesorhizobium* приурочена к определённым типам растительных сообществ, а относительная представленность *Mycobacterium* реагирует на содержание сухого вещества в листе. Для остальных родов ведущими факторами оказались функциональные признаки растения-хозяина, реже тип сообщества. Абиотические факторы и таксономия-растения хозяина, традиционно считающиеся главенствующими, вносили значимый вклад менее чем в 2% случаев. При переходе на уровень семейств-отделов-классов предсказуемо ослабевает значимость вклада группы факторов с потерей значимости вклада таксономии растения-хозяина и абиотических факторов уже на уровне семейств. На уровне филумов только для сравнительно низкопредставленных *Gemmatimonadota* и *Actinobacteriota* вклады групп факторов оказались значимы, при этом объяснённая доля дисперсии достаточно мала для каждой группы. Необходимо изучение причин такого распределения влияния факторов и направления их действия.

Источники и литература

- 1) Harrison J.G., Beltran L.P., Buerkle C.A., Cook D., Gardner D.R., Parchman T.L., Poulson S.R., Forister M.L. A suite of rare microbes interacts with a dominant, heritable, fungal endophyte to influence plant trait expression//The ISME Journal, 2021, Vol. 15, No. 9, P. 2763-2778.
- 2) Jousset A., Bienhold C., Chatzinotas A., Gallien L., Gobet A., Kurm V., Küsel K., Rillig M.C., Rivett D.W., Salles J.F., van der Heijden M.G.A., Youssef N.H., Zhang X.,

Wei Z., Hol W.H.G. Where less may be more: how the rare biosphere pulls ecosystems strings//The ISME Journal, 2017, Vol. 11, No. 4, P. 853-862.

- 3) Li B., Fu M., Jin G., Liu Z. Rare bacterial subcommunity drives nutrient cycling in phyllosphere habitat of evergreen conifers//Microbiology Spectrum, 2025, Vol. 13, No. 8, P. e00518-25.