

ISSN 1561-8323 (Print)
ISSN 2524-2431 (Online)

БИОЛОГИЯ
BIOLOGY

УДК 579.8:632.3+632.4+632.7
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2019-63-2-175-180>

Поступило в редакцию 02.08.2018
Received 02.08.2018

**С. В. Пантелеев¹, О. Ю. Баранов¹, Л. А. Головченко², А. В. Константинов¹,
Л. В. Можаровская¹, Н. Г. Дишук², В. А. Тимофеева²,
член-корреспондент В. Е. Падутов¹**

¹Институт леса Национальной академии наук Беларуси, Гомель, Республика Беларусь

²Центральный ботанический сад Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь

**ИЗУЧЕНИЕ ВИДОВОГО СОСТАВА МИКРОБИОМА ФИТОФАГОВ
ЦВЕТОЧНЫХ РАСТЕНИЙ НА ОСНОВАНИИ ДАННЫХ
ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ**

Аннотация. С использованием метода баркодирования ДНК проведена молекулярно-генетическая идентификация доминирующего видового состава микробиома фитофагов многолетних цветочных растений. Выявлены различные варианты видовых сочетаний в системе «микробиота–фитофаг», а также изучены способы переноса фитофагами патогенной микрофлоры.

Ключевые слова: ДНК, ДНК-штрихкодирование, ген, полимеразная цепная реакция, секвенирование, фитопатоген, фитофаг, микробиом, многолетние цветочные растения

Для цитирования. Изучение видового состава микробиома фитофагов цветочных растений на основании данных ДНК-штрихкодирования / С. В. Пантелеев [и др.] // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2019. – Т. 63, № 2. – С. 175–180. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2019-63-2-175-180>

**Stanislav V. Panteleev¹, Oleg Yu. Baranov¹, Ludmila A. Golovchenko², Andrei V. Konstantinov¹,
Ludmila V. Mozharovskaya¹, Natalia G. Dishuk², Veronika A. Timofeeva²,
Corresponding Member Vladimir E. Padutov¹**

¹Forest Research Institute of the National Academy of Sciences of Belarus, Gomel, Republic of Belarus

²Central Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

**STUDY OF THE MICROBIOME SPECIES OF THE FLOWERS PHYTOPHAGES
BASED ON THE DNA-BARCODING DATA**

Abstract. Based on the DNA-barcoding data, a molecular-genetic identification of the dominant microbiome species composition of the perennial floral plants phytophages was carried out. Various variants of species combinations in the microbiota–phytophagous system, as well as the ways of phytophagous transmission of pathogenic microflora have been identified.

Keywords: DNA, DNA-barcoding, gene, polymerase chain reaction, sequencing, phytopathogen, phytophage, microbiome, perennial flowers

For citation: Panteleev S. V., Baranov O. Yu., Golovchenko L. A., Konstantinov A. V., Mozharovskaya L. V., Dishuk N. G., Timofeeva V. A., Padutov V. E. Study of the microbiome species of the flowers phytophages based on the DNA-barcoding data. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2019, vol. 63, no. 2, pp. 175–180 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2019-63-2-175-180>

Введение. Промышленному цветоводству в Беларуси придается важное хозяйственное значение. Широкий перечень сортового посадочного материала для озеленения выращивается значительным числом специализированных государственных предприятий и частных питомников. В то же время основными держателями коллекционного фонда многолетних цветочных растений остаются ботанические сады. Например, только коллекционный фонд цветочно-декоративных

растений открытого грунта Центрального ботанического сада НАН Беларуси насчитывает свыше пяти тысяч видов, форм и сортов и ежегодно пополняется [1].

Необходимым условием выращивания цветочных растений является не только учет их биологических особенностей и соблюдение агротехники возделывания, но и организация эффективной системы выявления и мониторинга вредных организмов. В ходе проведенного на территории страны многолетнего фитопатологического обследования различных объектов цветоводства определен перечень наиболее значимых видов вредителей и возбудителей инфекционных заболеваний растений (включая инвазивные виды), наносящих существенный ущерб цветоводческому хозяйству. Кроме того, также проведена работа и по совершенствованию способов диагностики вредных организмов цветочных растений за счет интегрирования в систему фитопатологического мониторинга современных методов ДНК-маркирования.

ДНК-технологии представляют собой высокоинформативный инструмент для проведения идентификации вредителей и инфекций, что связано с их высокими аналитическими характеристиками применительно к изучению различных типов биологических систем. Например, в настоящий момент ДНК-штрихкодирование (ДНК-баркодинг) среди таксономических методов представляет собой «золотой стандарт» молекулярной идентификации, позволяющий с высокой точностью определять принадлежность организма к той или иной систематической группе [2; 3]. Особую актуальность применение технологий ДНК-идентификации представляет в случаях низкой эффективности использования морфологических маркеров: при анализе фенотипически сходных организмов (криптические виды, виды-двойники и др.), инвазивных видов, гетероморфных и полиморфных таксонов, деградированного биологического материала, фрагментов органов и тканей, спор, личиночных стадий беспозвоночных и др. [3]; а также для проведения комплексного анализа фитофагов, вредоносность которых обусловлена не только прямым механическим повреждением растений, но и способностью выступать в качестве основного вектора распространения различных трансмиссивных заболеваний [4].

Исходя из всего выше сказанного, целью данной работы являлось определение доминирующего видового состава микробиома фитофагов многолетних цветочных растений на основании данных ДНК-штрихкодирования, что позволит установить спектр инфекционных заболеваний, распространяемых посредством вредителей.

Материалы и методы исследования. Материалом для исследования служили цветочные растения с симптомами повреждения вредителями. Экспериментальный материал был собран в городских насаждениях республики, в коллекционных фондах растений ЦБС НАН Беларуси, в торговой сети Минска и Гомеля. В ходе предварительного анализа образцов цветочных растений, относящихся к 27 родам, наличие фитофагов было диагностировано только для девяти: Каланхоэ, Хризантема, Гербера, Гладиолус, Флокс, Сурфиния, Петуния, Астра, Антуриум. В целом для проведения молекулярно-генетической идентификации был отобран биологический материал 53 фитофагов из классов насекомых и паукообразных.

Молекулярно-генетическое исследование фитофагов производилось по оригинальной методике [5]. В качестве диагностических маркеров были использованы мтCOI и мт16S рРНК (насекомые и паукообразные) [6; 7]; ITS1, 5,8S рРНК, ITS2 (микромикеты) [8; 9]; 23S рРНК (бактерии) [10]. Диагностика видового состава микробиоты осуществлялась по двум отдельным направлениям: анализ наружных покровов фитофагов и изучение внутренних органов, включая содержимое пищеварительного тракта. В ряде случаев для диагностики следовых количеств микромикетов применялась гнездовая ПЦР [8; 9]. ДНК-штрихкодирование осуществлялось на базе генетического анализатора ABI Prism 310 (Thermo Fisher Scientific, США). Видовая идентификация выполнялась на основе сравнения с референсными депонентами базы данных GenBank NCBI [11].

Результаты и их обсуждение. Анализ результатов молекулярно-генетической идентификации фитофагов показал, что выявленные на цветочных растениях особи принадлежат к 10 видам беспозвоночных животных (таблица): трипсы – *Hercinothrips femoralis*, *Frankliniella occidentalis*, *Parthenothrips dracaenae*, *Thrips tabaci*; совки (личиночная стадия) – *Heliothis* sp.; шведская муха – *Oscinella* sp. nov. (вид отсутствует в базе данных NCBI); паутиный клещ – *Tetranychus urticae*; корневой клещ – *Rhizoglyphus robini*; тепличная белокрылка – *Trialeurodes vaporariorum*; посев-

ной щелкун (личиночная стадия) – *Agriotes lineatus*. Как следует из таблицы, наибольшим кругом хозяев характеризовались трипсы *H. femoralis*, в то же время остальные виды беспозвоночных были приурочены к определенным родам растений. Также следует отметить, что обнаруженный в посадочном материале антуриума (источник: коммерческий питомник) вид трипсов *F. occidentalis* является инвазивным в Европе и карантинным на территории Республики Беларусь.

Доминирующий видовой состав микробиома фитофагов многолетних цветочных растений
Dominant microbiome species composition of the perennial floral plants phytophages

Наименование фитофага (растение-хозяин) Phytophage name (plant-host)	Внешние покровы (микобиота/бактериобиота) Outer envelopes (microbiota/bacteriobiota)	Внутренние полости тела (микобиота/бактериобиота) Inner cavities of a body (microbiota/bacteriobiota)
<i>Hercinothrips femoralis</i> Reuter (Каланхоэ, Герберы, Гладиолус, Сурфиния, Петуния, Антуриум)	–	<i>Cladosporium</i> sp. (<i>C. cladosporioides</i> complex)
	<i>Acinetobacter</i> spp.	<i>Wolbachia</i> sp. 1
<i>Frankliniella occidentalis</i> Pergande (эндемичный для Сербии генотип) (Антуриум)	<i>Fusarium</i> sp. isolate FEB57A <i>Phoma</i> sp. (<i>Didymella</i> sp.) <i>Uncultured Cladosporium</i>	<i>Meyerozyma guilliermondii</i> (Wickerham) Kurtzman et Suzuki
	<i>Klebsiella</i> sp.	<i>Enterobacteriaceae</i> sp.
<i>Frankliniella occidentalis</i> Pergande (Антуриум)	–	<i>Talaromyces amestolkae</i> Yilmaz et al. <i>Gloeophyllum sepiarium</i> (Wulfen) P.Karst.
	<i>Acinetobacter</i> spp.	<i>Erwinia</i> sp.nov
<i>Parthenothrips dracaenae</i> Heeger (Антуриум)	<i>Fomitopsis pinicola</i> (Sw.) P.Karst.	<i>Lentinus tigrinus</i> (Bull.) Fr.
	<i>Acinetobacter</i> sp.	<i>Wolbachia</i> sp. 1
<i>Thrips tabaci</i> Lindeman (Гладиолус, Астра)	–	<i>Meyerozyma guilliermondii</i> (Wickerham) Kurtzman et Suzuki
	<i>Acinetobacter</i> spp.	<i>Wolbachia</i> sp. 1
<i>Tetranychus urticae</i> Koch. (Хризантема)	<i>Uncultured fungus</i> clone ZBJ201307-11	<i>Cladosporium</i> spp. (<i>C. cladosporioides</i> complex) <i>Alternaria alternata</i> (Fr.) Keissl. <i>Uncultured Clitopilus</i>
	<i>Acinetobacter</i> spp.	<i>Wolbachia</i> sp. 2
<i>Rhizoglyphus robini</i> Claparede (Гладиолус)	<i>Penicillium</i> sp.	<i>Penicillium</i> sp. <i>Didymella glomerata</i> (Corda) Q. Chen & L. Cai <i>Phoma herbarum</i> Westend. <i>Russulaceae</i> sp. <i>Clitopilus cf. scyphoides</i> (Fr.) Singer
	<i>Acinetobacter</i> sp.	<i>Rubrobacter</i> sp.
<i>Trialeurodes vaporariorum</i> Westwood (Антуриум)	–	<i>Meyerozyma guilliermondii</i> (Wickerham) Kurtzman et Suzuki
	<i>Acinetobacter</i> spp.	<i>Arsenophonus</i> sp.
<i>Oscinella</i> sp. (Флокс)	<i>Alternaria infectoria</i> E. G. Simmons	<i>Alternaria infectoria</i> E.G. Simmons
	<i>Acinetobacter</i> sp.	<i>Pantoea ananatis</i> (Serrano) Mergaert et al.
<i>Heliothis</i> sp. (Флокс)	–	<i>Alternaria alternata</i> (Fr.) Keissl. <i>Metschnikowia</i> sp.
	<i>Acinetobacter</i> sp.	<i>Ralstonia pickettii</i> complex
<i>Agriotes lineatus</i> L. (Гладиолус)	–	<i>Fusarium oxysporum</i> Schldt.
	<i>Acinetobacter</i> sp.	<i>Acinetobacter</i> <i>calcoaceticus</i> / <i>baumannii</i> complex <i>Serratia plymuthica</i> (Dyar) Bergy et al. <i>Serratia liquefaciens</i> (Grimes, Hennerty) Bascomb et al.

В ходе молекулярно-генетического анализа микробиома фитофагов было установлено, что значительная часть всей грибной и бактериальной флоры была локализована в пищеварительном тракте у большинства исследованных особей. На покровах фитофагов содержание биологического материала микроорганизмов было, как правило, на порядок меньше – детекция диагностических локусов методом одностадийной ПЦР была возможна лишь для бактериальных организмов, в то время как продукты амплификации грибной ДНК визуализировались лишь в случае использования метода гнездовой (двустадийной) ПЦР.

Результаты видовой идентификации грибной и бактериальной микрофлоры исследуемых фитофагов по данным секвенирования представлены в таблице.

Как следует из таблицы, фитофаги цветочных растений выступают в качестве векторов распространения широкого спектра патогенных прокариотических и эукариотических микроорганизмов. Так, было установлено, что трипсы *F. occidentalis*, корневые клещи *R. robini* и шведские мухи *Oscinella* sp. на покровах наружных органов содержали биологический материал фитопатогенных грибов из родов *Fusarium*, *Phoma*, *Cladosporium*, *Penicillium* и *Alternaria*. В пищеварительной системе, кроме указанных родов микромицетов, также выявлены представители *Talaromyces* и *Didymella*. Кроме того, у трипсов *P. dracaenae* и *F. occidentalis* также обнаружен генетический материал дереворазрушающих грибов: *Fomitopsis pinicola* и *Lentinus tigrinus* и *Gloeophyllum sepiarium* соответственно. В пищеварительной системе корневого клеща *Rhizoglyphus robini* идентифицированы эктомикоризные грибы *Russulaceae* sp. и *Clitopilus* spp. На покровах тела обыкновенного паутинового клеща обнаружен некультивируемый гриб *Uncultured fungus* clone ZBJ201307-11, описанный П. Дю с соавт. при исследовании микробиома дождевой воды [11]. Также, в экскрементах трипсов было установлено наличие дрожжевого гриба *Filobasidium magnum*, являющегося распространенным эндофитом растений. Кроме фитопатогенных микромицетов в пищеварительной системе *Thrips tabaci* идентифицированы дрожжеподобные и дрожжевые симбионты многих беспозвоночных животных – *Meyerozyma guilliermondii* и *Metschnikowia* sp.

Проведенный анализ видового состава бактериобиоты показал, что практически в половине случаев во внутренних частях тела исследованных вредителей доминировали представители родов *Wolbachia* и *Arsenophonus* – облигатные внутриклеточные симбионты членистоногих. Среди облигатных и оппортунистических растительных инфекций были выявлены *Pantoea ananatis*, *Erwinia* sp. nov., *Klebsiella* sp., а также представитель неизвестного рода бактерий порядка *Enterobacteriaceae*, близкородственный *Pluralibacter*, *Klebsiella* и *Enterobacter*. Оставшаяся часть микробиома включала в себя различные виды непатогенных бактерий, ассоциированных с растениями, насекомыми или почвенной микробиотой.

Заключение. Проведенный анализ доминирующего видового состава микробиома фитофагов позволил выявить неспецифический характер ассоциаций между беспозвоночными животными и диагностируемыми таксонами патогенных микроорганизмов. В то же время в ряде случаев прослеживается органотропная (по отношению к растениям-хозяевам) специализация системы «фитофаг–фитопатоген». В целом отмечено, что большая часть инфекций цветочных растений, переносимых членистоногими, представлена широкоспециализированными видами некротрофных грибов и распространяется через механические повреждения вегетативных и генеративных органов, вызываемых фитофагами. Таким образом, полученные данные указывают на необходимость проведения комплексного мониторинга фитосанитарного состояния объектов озеленения, учитывающего не только анализ перечня диагностируемых болезней, но и комплекс вредителей, являющихся потенциальным вектором распространения широкого спектра облигатных и факультативных патогенов растений.

Список использованных источников

1. Титок, В. В. Генофонд орнаментальных растений Центрального ботанического сада НАН Беларуси: современное состояние и перспективы устойчивого развития / В. В. Титок, И. К. Володько, Н. Л. Белоусова // Цветоводство: история, теория, практика: матер. VII междунар. науч. конф. – Минск, 2016. – С. 390–392.
2. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator* / P. Hebert [et al.] // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. – 2004. – Vol. 101, N 41. – P. 14812–14817. <https://doi.org/10.1073/pnas.0406166101>
3. Taylor, H. R. An emergent science on the brink of irrelevance: a review of the past 8 years of DNA barcoding / H. R. Taylor, W. E. Harris // Molecular Ecology Resources. – 2012. – Vol. 12, N 3. – P. 377–388. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2012.03119.x>
4. Perilla-Henao, L. M. Vector-Borne Bacterial Plant Pathogens: Interactions with Hemipteran Insects and Plants / L. M. Perilla-Henao, C. L. Casteel // Front. Plant Sci. – 2016. – Vol. 7. – P. 1–15. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01163>
5. Пантелеев, С. В. Оценка роли насекомых в распространении возбудителей кладоспориоза и альтернариоза в лесных питомниках на основании использования методов ДНК-анализа / С. В. Пантелеев // Тр. БГТУ. Лесное хозяйство. – 2012. – № 1 (148). – С. 253–257.

6. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase I from diverse metazoan invertebrates / O. Folmer [et al.] // *Mol. Marine Biol. Biotechnol.* – 1994. – Vol. 3. – P. 294–299.
7. Evolution, weighting and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers / C. Simon [et al.] // *Ann. Entomol. Soc. Amer.* – 1994. – Vol. 87, N 6. – P. 651–701. <https://doi.org/10.1093/aesa/87.6.651>
8. Gardes, M. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes application of the identification of mycorrhizae and rusts / M. Gardes, T. D. Bruns // *Mol. Ecol.* – 1993. – Vol. 2, N 2. – P. 113–118. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.1993.tb00005.x>
9. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics / T. White [et al.] // *PCR protocols: a guide to methods and applications.* – 1990. – P. 315–322.
10. Anthony, R. M. Rapid diagnosis of bacteremia by universal amplification of 23S ribosomal DNA followed by hybridization to an oligonucleotide array / R. M. Anthony, T. J. Brown, G. L. French // *J. Clin. Microbiol.* – 2000. – Vol. 38, N 2. – P. 781–788.
11. National Center for Biotechnological Information, NCBI [Electronic resource]. – Mode of access: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. – Date of access: 24.05.2018.

References

1. Titok V. V., Volod'ko I. K., Belousova N. L. Genofond of ornamental plants of the Central Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Belarus: current status and perspectives of sustainable development. *Tsvetovodstvo: istoriya, teoriya, praktika: materialy VII Mezhdunarodnoy nauchnoy konferentsii [Floriculture: history, theory, practice: proceedings VII International Conference]*. Minsk, 2016, pp. 390–392 (in Russian).
2. Hebert P., Penton E., Burns J., Janzen D., Hallwachs W. Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2004, vol. 101, no. 41, pp. 14812–14817. <https://doi.org/10.1073/pnas.0406166101>
3. Taylor H. R., Harris W. E. An emergent science on the brink of irrelevance: a review of the past 8 years of DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 2012, vol. 12, no. 3, pp. 377–388. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2012.03119.x>
4. Perilla-Henao L. M., Casteel C. L. Vector-Borne Bacterial Plant Pathogens: Interactions with Hemipteran Insects and Plants. *Frontiers in Plant Science*, 2016, vol. 7, pp. 1–15. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01163>
5. Panteleyev S. V. Assessment of the role of insects in the propagation of causative agents of cladosporiosis and alternaria in forest nurseries, based on the use of DNA analysis methods. *Trudy BGTU [Proceedings of the BSTU]*, 2012, no. 1(148), pp. 253–257 (in Russian).
6. Folmer O., Black M., Hoeh W, Lutz R., Vrijenhoek R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 1994, vol. 3, pp. 294–299.
7. Simon C., Frati F., Beckenbach A., Crespi B., Liu H., Flook P. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 1994, vol. 87, no. 6, pp. 651–701. <https://doi.org/10.1093/aesa/87.6.651>
8. Gardes M., Bruns T. D. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes application of the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular Ecology*, 1993, vol. 2, no. 2, pp. 113–118. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.1993.tb00005.x>
9. White T. J., Bruns T., Lee S., Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR protocols: a guide to methods and applications*, 1990, pp. 315–322.
10. Anthony R. M., Brown T. J., French G. L. Rapid diagnosis of bacteremia by universal amplification of 23S ribosomal DNA followed by hybridization to an oligonucleotide array. *Journal of Clinical Microbiology*, 2000, vol. 38, no. 2, pp. 781–788.
11. *National Center for Biotechnological Information, NCBI*. Available at: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> (accessed 24 May 2018).

Информация об авторах

Пантелеев Станислав Викторович – канд. биол. наук, ст. науч. сотрудник. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: stasikdesu@mail.ru.

Баранов Олег Юрьевич – д-р биол. наук, доцент, заведующий сектором. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: betula-belarus@mail.ru.

Головченко Людмила Анатольевна – канд. биол. наук, заведующий лабораторией. Центральный ботанический сад НАН Беларуси (ул. Сурганова, 2в, 220050, Минск, Республика Беларусь). E-mail: L.Golovchenko@cbg.org.by.

Константинов Андрей Вячеславович – науч. сотрудник. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246001, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: avkonstantinof@mail.ru.

Information about the authors

Pantelev Stanislav Victorovich – Ph. D. (Biology), Senior researcher. Forest Research Institute of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: stasikdesu@mail.ru.

Baranov Oleg Yur'evich – D. Sc. (Biology), Assistant professor, Head of the Department. Forest Research Institute of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: betula-belarus@mail.ru.

Golovchenko Ludmila Anatol'evna – Ph. D. (Biology), Head of the Laboratory. Central Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Belarus (2v, Surganov Str., 220050, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: L.Golovchenko@cbg.org.by.

Konstantinov Andrei Vyacheslavovich – Researcher. Forest Research Institute of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: avkonstantinof@mail.ru.

Можаровская Людмила Валентиновна – мл. науч. сотрудник. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: milamozh@yandex.ru.

Дишук Наталья Георгиевна – канд. биол. наук, вед. науч. сотрудник. Центральный ботанический сад НАН Беларуси (ул. Сурганова, 2в, 220050, Минск, Республика Беларусь). E-mail: dishukn@rambler.ru.

Тимофеева Вероника Алексеевна – канд. с.-х. наук, вед. науч. сотрудник. Центральный ботанический сад НАН Беларуси (ул. Сурганова, 2в, 220050, Минск, Республика Беларусь). E-mail: v.a.timofeeva@mail.ru.

Падутов Владимир Евгеньевич – член-корреспондент, д-р биол. наук, заведующий лабораторией. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: forestgen@mail.ru.

Mozharovskaya Ludmila Valentinovna – Junior researcher. Forest Research Institute of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: milamozh@yandex.ru.

Dishuk Natalia Georgievna – Ph. D. (Biology), Leading researcher. Central Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Belarus (2в, Surganov Str., 220050, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: dishukn@rambler.ru.

Timofeeva Veronika Alekseevna – Ph. D. (Agriculture), Leading researcher. Central Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Belarus (2в, Surganov Str., 220050, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: v.a.timofeeva@mail.ru.

Padutov Vladimir Evgenievich – Corresponding Member, D. Sc. (Biology), Head of the Laboratory. Forest Research Institute of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: forestgen@mail.ru.