

Peremeestaime ja lehekõdu mõju ektomükoriisete ja saprotroofsete seente elurikkust ja koosluse struktuurile

Projekti kestus: 01.01.2012-31.12.2015

Projekti number: ETF9286

Projektijuht: Leho Tedersoo (leho.tedersoo@ut.ee)

Rahastaja: SA Eesti Teadusfond

Projekti kogumaht 2015. aastaks: 210 000 EUR

Ülikooli maht: 210 000 EUR

Projekti eesmärk:

Taimede ja loomade biomassi, liigirikkust ning koosluste struktuuri mõjutavad faktorid on suhteliselt hästi teada. Mikroobide ökoloogia ja biogeograafia on makroorganismidega võrreldes suhteliselt vähe uuritud molekulaarsete meetodite kalliduse tõttu. Hetkel tormiliselt arenevad uue põlvkonna DNA järjestuse määramise (sekveneerimise) meetodid võimaldavad mikroobikoosluste struktuuri ja liigirikkust põhjalikult määrata. Uue põlvkonna sekveneerimise meetodeid on rakendatud ka seenekoosluste ökoloogilistes uuringutes mullas, taimede juurtes, lehtedes ja õhus. Seentel on maismaa-ökosüsteemides peamine roll orgaanilise aine lagundamises ja mükoriisa kaudu taimede mineraalainetega varustamises. Käesoleva projekti eesmärk on testida järgmisi hüpoteese: 1) peremeestaime liigirikkus suurendab ektomükoriisete ja saprotroofsete seente elurikkust; 2) puude varise kvaliteet mõjutab lagundajate ja mükoriisete seente omavahelist konkurentsi ning seenekoosluse struktuuri; 3) peremehe-spetsiifilised ektomükoriisaseened on tundlikumad varise kvaliteedi suhtes ning nad eelistavad oma peremehe varist tänu pikaajalisele kohastumisele ja koevolutsoonile; 4) varise segu mõjutab ektomükoriisete ja saprotroofsete seente elurikkust ja selle efekti tugevus sõltub kõdu mustilisusest väikeses skaalas. Antud hüpoteeside testimine eeldab uue põlvkonna sekveneerimise meetodite kasutamist, milles projektis osalejatel on varasemad kogemused. Tulemused annavad vastuse seente funktsionaalsete rühmade ja taimede elurikkuse omavaheliste seoste kohta. Saadud tulemused on seeläbi rakendatavad ka kaitsekavade ning metsamajanduse eeskirjade väljatöötamisel seente elurikkuse seisukohalt. Lisaks fundamentaalteaduslikele eesmärkidele võimaldab projekt edasi arendada ja optimeerida tarkvara uue põlvkonna sekveneerimise meetoditega saadud andmete analüüsiks. Projektis osalevad mitmed kõrgelt motiveeritud magistrandid ja doktorandid, mis lihtsustab nii projekti eesmärkide kui ka väitekirjadele esitatud nõuete täitmist. Tööde tulemused avaldatakse kõige kõrgema kategooria ökoloogilistes ja mikrobioloogilistes ajakirjades.