

Структура грибного сообщества при трансформации органических отходов червями *Eisenia fetida*

А. В. КУРАКОВ, Е. Н. БИЛАНЕНКО

Московский государственный университет имени М. В. Ломоносова
119991, Москва, Ленинские горы, 1
E-mail: kurakov57@mail.ru

Статья поступила 01.02.2023

После доработки 20.02.2023

Принята к печати 01.03.2023

АННОТАЦИЯ

Изменения таксономической структуры грибного сообщества при переработке коровьего навоза с соломой с помощью червей *Eisenia fetida* изучены с применением принципиально разных методов – культурального и метабаркодинга (путем амплификации и высокопроизводительного секвенирования ITS2 рДНК). С помощью метабаркодинга в субстратах и вермикомпосте идентифицировано значительно больше таксонов грибов, чем методом посева (66 и 33 вида соответственно). Единичные виды были установлены одновременно обоими методами. Методом метабаркодинга выявлены операционные таксономические единицы в Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota, Chytridiomycota, Glomeromycota, Basidiobolomycota, Rozellomycota, Aphelidiomycota, культуральным методом – грибы из Ascomycota, Basidiomycota, Mucoromycota. Видовое богатство сообщества снижалось в первые 10–20 сут переработки субстратов, затем росло и достигало максимальных значений в вермикомпосте (60 сут). Оба метода показали доминирование аскомицетов на всех этапах переработки субстрата *E. fetida*. Метабаркодинг показал доминирование сордариомицетов порядка Sordariales (48–53 %), преимущественно *Zopfiella* spp., и представленность на уровне нескольких процентов грибов порядков Pezizales, Microascales, Hypocreales, Pleosporales, Chaetothyriales, Onygenales, Eurotiales. При вермикомпостировании наблюдали увеличение доли в сообществе Chytridiomycota (с 1,1 до 3,2 %). Одновременно снижалась доля грибов отделов Mortierellomycota (с 5,7 до 1,5 %) рода *Mortierella* и Basidiomycota (с 8 и 21 до 3 %) при росте их разнообразия. Среди базидиомицетов преобладали *Coprinellus marculentus*, *Coprinellus subdisseminatus*, *Coprinus annuloporus*, *Occultifur* sp. Согласно посевам при переработке отходов и в вермикомпосте также преобладали аскомицеты, но других видов – *Diplodascus geotrichum*, родов *Penicillium*, *Aspergillus*, *Talaromyces*, *Trichoderma*, *Fusarium*, мукоромицеты рода *Mucor* и базидиомицеты *Filobasidium wieringae*. Выявлены грибы, способные к разложению различных полимерных соединений в отходах, активные деструкторы лигноцеллюлозы. Обнаружены копрофилы, кератинофилы, термофильные и термотолерантные виды, представители родов *Trichoderma*, *Penicillium*, способные обуславливать супрессивные свойства вермикомпоста к фитопатогенам и патогенам человека. Рассмотрены различия в микобиоте при компостировании и вермикомпостировании различных отходов.

Ключевые слова: грибные сообщества, таксономическая структура, видовое разнообразие, культуральные и молекулярно-генетические методы, посев и метабаркодинг, вермикомпостирование, отходы, навоз, солома.

ВВЕДЕНИЕ

Трансформация твердых органических отходов с применением эпигейных дождевых червей в высококачественное удобрение позволяет решать серьезные экологические проблемы. Перерабатываемые отходы (навоз, помет, осадки сточных вод, твердые бытовые отходы и др.) накапливаются на предприятиях и в городах в огромных количествах и представляют собой источники загрязнения окружающей среды (почвы, поверхностных водоемов и подземных вод, атмосферы) токсичными веществами, патогенными микроорганизмами, гельминтами, семенами сорных растений [Monroy et al., 2008; Neher et al., 2013; Dominguez et al., 2021]. При вермикомпостировании в ходе тесного взаимодействия дождевых червей, грибов и прокариот происходят окисление и гидролиз соединений отходов, образование и стабилизация гумусовых веществ, элиминация или существенное снижение плотности популяций вредных организмов и токсичных веществ в конечном продукте [Dominguez, 2004; Byzov et al., 2007; Neher et al., 2013; Dominguez et al., 2021]. Поэтому актуальным является выяснение механизмов, роли организмов в этих процессах. Активно с применением культуральных и молекулярно-генетических подходов изучается состав, структура прокариот, активность гидролитических и окислительных ферментов при вермикомпостировании отходов. Показано, что при переработке дождевыми червями навоза и осадков сточных вод происходит устранение и снижение плотности популяций в биогумусе опасных в эпидемиологическом отношении бактерий, таких как *Escherichia coli*, *Salmonella* spp. и *Enterococcus* spp., патогенов родов *Dokdonella* и *Spirochaete* [Dominguez, 2004; Neher et al., 2013; Dominguez et al., 2021]. Выявляемые при вермикомпостировании отходов представители родов *Pseudomonas*, *Burkholderia*, *Bacillus*, *Streptomyces* и другие ответственные не только за разложение полимерных соединений и синтез гуматов, но и способны к образованию метаболитов, подавляющих фитопатогенные грибы [Gudeta et al., 2022]. Установлено, что в зависимости от плотности популяций и видового разнообразия бактерий в исходном субстрате характер качественных и количественных изменений бактериального сообщества может принципиально различать-

ся [Gomes-Brandon et al., 2012; Gopal et al., 2017; Dominguez et al., 2021].

В отличие от бактерий, данных о составе и роли биоты грибов при переработке отходов значительно меньше, а имеющаяся информация получена преимущественно на основе методов посева на питательные среды [Ryskeboer et al., 2003]. Вместе с тем знания о динамике состава грибной биоты при вермикультуре необходимы для понимания процессов деградации органических веществ, образования гуминовых кислот, проявлений супрессивных свойств по отношению к патогенам и стимуляции роста растений. Можно полагать, что ведущее значение в этих процессах принадлежит грибным ферментам, меланопротеинам, антибиотикам и фитогормонам.

Целью работы была характеристика таксономической структуры грибной биоты при вермикомпостировании навоза с соломой с применением червей *E. fetida* методами посева и метабаркодинга.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Субстратами для получения вермикомпоста с применением *Eisenia fetida* были предварительно выдержанный коровий навоз и солома пшеницы. В контейнеры (5,5 л) из пластика размером 11 × 30 × 16 см вносили и тщательно перемешивали 430 г навоза, 100 г воздушно-сухой соломы и 1000 мл дистиллированной воды. Солому пшеницы измельчали на установке КР-01 “Фермер-5” до размеров менее 0,3–0,5 см. Вермикомпостирование субстратов проводили при комнатной температуре (18–23 °C) и постоянной влажности 75–80 % от полной влагоемкости в течение 60 сут. В каждый контейнер вносили по 50 одновозрастных половозрелых особей *E. fetida* со средним весом $0,51 \pm 0,04$ г. Контейнер держали с открытой крышкой при постоянном освещении. Влажность субстратов поддерживали периодическим добавлением стерильной водопроводной воды. Субстраты в контейнере периодически (не реже 1 раза в 2 недели) осторожно перемешивали. Повторность в опытах трехкратная.

Химические свойства исходных компонентов и вермикомпоста определяли в МГУЛАБ по следующим методикам. Элементный состав в образцах определяли методом ИСП-ОЭС

на спектрометре 5110 ICP-OES Agilent. Предварительно пробы подвергали разложению в микроволновой печи Вольта МС-10. Предварительно высушенные при 105 °С навески (0,25 г) помещали в автоклав микроволновой печи, к ним приливали 8 мл концентрированной азотной кислоты и 2 мл перекиси водорода, после чего запускали стандартную программу для разложения органогенных образцов. После окончания программы и охлаждения пробы переносили в мерную колбу объемом 25 мл и доводили раствор до метки дистиллированной водой. Далее проба поступала на определение массовой доли элементов по методике М–МВИ-80-2008 [Методика..., 2008].

РН в образцах компоста и исходных субстратов определяли в водной вытяжке по ГОСТ 11623-89 на рН-метре рН-150-МИ производства “Измерительная техника”. Электропроводность измеряли в той же вытяжке на кондуктометре HI 2300, Hanna Instruments. Измерение органического вещества проводилось классическим гравиметрическим методом при 525 °С по ГОСТ 26213.

Полученный вермикомпост значительно отличается от исходных субстратов – навоза и соломы – по содержанию органического вещества, элементов минерального питания, значениям рН, показателям электропроводности (табл. 1). По этим характеристикам он соответствует требованиям к вермикомпосту (биогумусу), предъявляемым ГОСТ 33830-2016.

Выделение, идентификация чистых культур грибов и расчет относительного обилия видов

Отбор и подготовку смешанных образцов из исходных субстратов – навоза и соломы (0 сут), и в ходе вермикомпостирования их смеси проводили на 10-е, 20-е, 40-е и 60-е

сутки. Повторность образцов измельченной соломы, коровьего навоза и вермикомпостов в посевах 3-кратная, чашек Петри из каждого образца 6-кратная. Навеску образцов массой 1 г переносили в пробирку с 10 мл стерильной воды, перемешивали на мешалке “Вортекс” в течение 5 мин. Проводили поверхностный посев из разведения 1 : 100 и 1 : 1000 на мальт-агар (МА). Для подавления роста бактерий в среду добавляли 4 мл/л молочной кислоты (рН 5,0) или антибиотик стрептомицин сульфат. Чашки Петри инкубировали при комнатной температуре 18–22 °С, периодически подсчитывали число колоний разных морфотипов и выделяли для идентификации в чистые культуры. Чистые культуры грибов хранили в пробирках со скошенным МА при 5 °С.

Рассчитывали общее число колониеобразующих единиц (КОЕ) грибов в 1 г воздушно-сухих образцов соломы, навоза и вермикомпоста и КОЕ часто выделяемых видов. Коэффициент вариации данных КОЕ грибов в среднем был около 10 %. Представленность видов в изучаемых местообитаниях оценивали по показателю относительного обилия, определяемого как отношение числа КОЕ данного вида к общему числу КОЕ, выраженное в процентах. Статистическая обработка данных проведена с применением программы Excel 6.0,

Идентификацию выделенных штаммов грибов осуществляли с использованием культурально-морфологических и молекулярно-генетических подходов. Описание культур проводили на сусло-агаре и среде Чапека с использованием рекомендуемых для соответствующего таксона определителей [Raper, Fennell, 1965; Raper et al., 1968; Rifai, 1969; Ellis, 1971; Booth, 1977; Schipper, 1978; Arx, 1981; Klich, 2002; Crous et al., 2007; Domsch et al., 2007; Kirk et al., 2008; de Hoog et al., 2011; Samson, Hau-

Т а б л и ц а 1
Химические свойства исходных субстратов и вермикомпоста

Вариант	Органическое вещество, %	рН	Проводимость, мкСм/см	мг/кг					
				Р	К	С	Са	Mg	Na
Навоз	80	9,3	5050	65478	22254	2562	20023	7187	6563
Солома	90	7,0	952	1766	8199	587	3575	1417	788
Вермикомпост	75	7,4	2165	3539	11608	2872	16568	3550	2366

braken, 2011; Seifert et al., 2011] и по генетическим признакам с помощью ПЦР и дальнейшего секвенирования ITS-региона рДНК. Современное таксономическое положение видов дано по базе данных: Index Fungorum [http://www.indexfungorum.org/Names/Names.asp].

Высокопроизводительное NGS-секвенирование ITS2 рДНК грибов и биоинформатическая обработка данных

Геномную ДНК из образцов исходной смеси коровьего навоза и измельченной соломы (после 20 и 60 сут вермикомпостирования с *E. fetida*) выделяли с использованием набора DNeasy PowerSoil Kit в соответствии с рекомендациями производителя [https://www.bio.vu.nl/~microb/Protocols/Manuals/PowerSoil_DNA.pdf]. Использовали свежие смешанные образцы (из девяти отдельно отобранных), анализы проведены в двухкратной повторности. Для амплификации гипервариабельного ITS2 участка гена 18S рРНК использовали следующие праймеры: прямой NR_5.8SR – TCGTCG GCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAGATCTCGATGAAGAACGCAGCG, обратный NR ITS4R – GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGGCATCCTCCGCTTATTGATATGC в концентрации 5 мкМ. Амплификацию проводили в объеме 25 мкл в смеси, содержащей 5 × KTN-mix (Evrogen) 5 мкл, смесь праймеров 2 мкл, 50 × SYBR(Evrogen) 0,5 мкл, в амплификаторе в реальном времени CFX96 Touch (Bio-Rad) при следующих условиях: первичная денатурация 3 мин при 95 °С; 35 циклов: денатурация 30 с при 95 °С, отжиг 30 с при 57 °С, элонгация 30 с при 72 °С; заключительная элонгация 5 мин при 72 °С.

Амплификацию ПЦР продукта, полученного на первом этапе, с целью баркодирования (индексирования) библиотек проводили в объеме 25 мкл в смеси, содержащей 5 × KTN-mix (Evrogen) 5 мкл, смесь праймеров 2 мкл, 50 × SYBR(Evrogen) 0,5 мкл, в амплификаторе в реальном времени CFX96 Touch (Bio-Rad) при следующих условиях: первичная денатурация 3 мин при 95 °С; 7 циклов: денатурация 30 с при 95 °С, отжиг 30 с при 55 °С, элонгация 30 с при 72 °С; заключительная элонгация 5 мин при 72 °С. Для амплификации использовали индексы, рекомен-

дованные производителем Nextera Index Kit (Illumina).

Ампликоны после второго этапа очищались с использованием магнитных частиц AMPure XP (КАРАBiosystems) в соотношении 1 : 0,6, где вторая цифра – доля AMPure для очистки продуктов ПЦР амплификации гипервариабельного ITS2 участка гена 18S рРНК. Данные очищенные ампликоны являются готовыми библиотеками для мультиплексного секвенирования на платформе Illumina. Библиотеки смешивались между собой и доводились до общей концентрации 2 нМ. К отобранному 5 мкл смеси добавляли 5 мкл 0,2 М NaOH и инкубировались в течение 5 мин. К денатурированной ДНК добавляли 990 мкл НТИ и 1 мкл 12,5 мМ заранее денатурированного Phy X. Анализ библиотек проводился на секвенаторе нового поколения Illumina MiSeq методом парно-концевого чтения генерацией не менее 10 000 парных прочтений на каждый образец с использованием следующих реактивов: MiSeq Reagent Kit v2 nano и MiSeq v2 Reagent Kit (500 Cycles PE).

Полученные данные секвенирования обрабатывались в программе, написанной с использованием алгоритма QIIME 1.9.1, включающего объединение прямых и обратных прочтений, удаление технических последовательностей, фильтрации последовательностей с низкими показателями достоверности прочтения отдельных нуклеотидов (качество менее Q30), фильтрации химерных последовательностей, выравнивание прочтений на референсную последовательность, распределение последовательностей по таксономическим единицам с использованием базы данных Silva версии 132 и Unite v8. Использован алгоритм классификации операционных таксономических единиц (ОТЕ) с открытым референсом (Open-reference OTU), порог классификации 97 %.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Структура грибных сообществ при вермикомпостировании навоза с соломой по данным культурального метода

Общее число грибов в соломе пшеницы составляло 8800 КОЕ/г, в коровьем навозе

в несколько раз ниже – 2400 КОЕ/г. При вермикомпостировании численность грибов изменялась следующим образом: исходно в смеси навоза с соломой и червями была 8000 КОЕ/г, их число возрастало к 10 сут до 11800 КОЕ/г, к 20 сут снижалось, что, видимо, обусловлено потреблением *E. fetida* грибов и подавлением их активно размножающимися на легкодоступных субстратах бактериями. Численность грибов возрастала к 40–60 сут и стабилизировалась на уровне 6700–7100 КОЕ/г компоста. Для сравнения в контрольных вариантах – компостируемом навозе с соломой без червей, численность грибов также возрастала к 10 сут до 9800 КОЕ/г, затем существенно снижалась, а после 40 сут увеличивалась, но на более низком уровне (4500–4900 КОЕ/г), чем в вермикомпосте. Данные по численности грибов в вермикомпосте (10^5 КОЕ в 1 г) и ее динамике в ходе вермикомпостирования сходны с сообщениями других исследователей [Anastasi et al., 2005].

Метод посева выявил в вермикомпостируемых образцах навоза с соломой мицелиальные микроскопические грибы отделов Ascomycota, Mucoromycota и дрожжи – Basidiomycota (табл. 2). Доминирующее положение по разнообразию и относительному обилию видов в грибном сообществе в течение всего периода вермикомпостирования занимали аскомицеты. Они представлены преимущественно грибами классов Eurotiomycetes порядка Eurotiales (*Aspergillus* spp., *Penicillium* spp., *Talaromyces* spp.), Sordariomycetes порядка Hypocreales (*Fusarium* spp., *Trichoderma* spp.). С меньшим относительным обилием выявляли виды класса Dothideomycetes порядков Pleosporales (*Alternaria* spp.) и Dothideales (*Aureobasidium pullulans*) и класса Saccharomycetes порядка Saccharomycetales (*Dipodascus geotrichum*). Среди мукоромицетов порядка Mucorales выявлены три вида рода *Mucor*, среди базидиомицетов – *Filobasidium wieringae* из порядка Filobasidiales класса Tremellomycetes.

На начальном этапе вермикомпостирования привело к существенному снижению видового разнообразия грибного сообщества, с 16 видов в исходной смеси навоза с соломой до 6 видов на 10-е сутки вермикультивирования. Только в период с 20 до 40 сут видовое богатство грибов в вермикомпостируемых субстратах стало возрастать, достигло 11, а на 60-е сутки, по

завершению процесса, в вермикомпосте 16 видов, всего выявлено 33 вида. При компостировании коровьего навоза с соломой наблюдали сходную закономерность, но менее резкое уменьшение разнообразия выявляемых грибов на 10–40-е сутки и меньшее разнообразие видов в компосте. В вермикомпостируемых субстратах и вермикомпосте преобладали виды родов *Penicillium* (*P. aurantiogriseum*, *P. commune*, *P. cyclopium*, *P. glabrum*, *P. spinulosum*), *Aspergillus* (*A. fumigatus*, *A. flavus*, *A. niger*), *Talaromyces variabilis*, *Fusarium* (*F. oxysporium*, *F. solani*), *Dipodascus geotrichum*, *Trichoderma atroviride*.

Итак, в сравнении с компостом на основе тех же субстратов в вермикомпосте выше видовое разнообразие и численность КОЕ грибов. При этом было ниже относительное обилие многих видов родов *Aspergillus*, *Penicillium*, *Mucor*, *Fusarium*, *Trichoderma* и *Filobasidium wieringae*, а значимо возросло оно у *Dipodascus geotrichum*, *Talaromyces variabilis* и некоторых других.

Структура грибных сообществ в вермикомпостируемых субстратах по данным метабаркодинга

Методом метабаркодинга в исходной смеси навоза с соломой для вермикомпостирования преобладали ОТЕ грибов отдела Ascomycota – 77,30 %, затем следовали представители отделов Basidiomycota – 7,80 %, Mortierellomycota – 5,71 %, Chytridiomycota – 1,43 %, Basidiobolomycota – 0,11 %, Aphelidiomycota – 1,32 %, Rozellomycota – 0,11 % (табл. 3).

Среди аскомицетов в исходной смеси субстратов доминировали ОТЕ видов класса Sordariomycetes (49,19 %) порядка Sordariales (47,76 %) – *Zopfiella* spp., *Botryotrichum spirotrichum*, *Mycothermus thermophilus*, *Papulaspora equi*, *Cladorrhinum phialophoroides*, *Podospora* sp. Большая доля (36,88 %) грибов в этом порядке не была идентифицирована до более низкого таксономического уровня. Небольшое число ОТЕ принадлежало порядкам Hypocreales (1,10 %) – *Cylindrodendrum hu-beiense* и Microascales (0,33 %) – *Rhinocladium lesnei*.

Класс Eurotiomycetes в исходных субстратах был представлен ОТЕ порядков Onygenales (1,32 %) – *Chrysosporium* spp., и Chaе-

Динамика структуры грибного сообщества при вермикомпостировании навоза с соломой (метод посева)

Вид	Относительное обилие, %								
	0 сут	10 сут		20 сут		40 сут		60 сут	
	НС*	НС	НСЧ	НС	НСЧ	НС	НСЧ	НС	НСЧ
<i>Alternaria alternata</i>	6,2							1,6	
<i>Alternaria sp.</i>	0,9				13,7				
<i>Aspergillus flavus</i>	4,8	3,6		10,0		6,3	4,9	6,3	3,1
<i>Aspergillus fumigatus</i>	29,8	47,2	23,3	13,0	1,0	9,6	2,4	10,6	5,3
<i>Aspergillus niger</i>	1,3								3,1
<i>Aspergillus terreus</i>					10,7				
<i>Aureobasidium pullulans</i>	5,8			8,0		6,3			
<i>Diplodascus geotrichum**</i>	3,3		0,8			52,4	12,4	3,2	6,2
<i>Filobasidium wieringae**</i>	0,9			2,0	2,0	3,2			
<i>Fusarium chlamydosporum</i>		1,8	1,7						
<i>Fusarium oxysporum</i>	0,5			10,0		6,3	1,2	14,1	10,3
<i>Fusarium solani</i>								6,3	4,1
<i>Fusarium sp.</i>		1,8							
<i>Fusarium sporotrichioides</i>		7,2		15,0					
<i>Mucor hiemalis</i>		1,8				14,3	3,6	3,1	
<i>Mucor plumbeus</i>							3,6		
<i>Mucor racemosus</i>				15,0					
<i>Penicillium aurantiogriseum</i>							4,9		
<i>Penicillium canescens</i>		30,3		6,0	3,0				
<i>Penicillium commune</i>						1,6	50,0	29,7	11,6
<i>Penicillium cyclopium</i>							2,4	3,1	
<i>Penicillium glabrum</i>	3,2						6,1		12,4
<i>Penicillium lividum</i>			52,6	3,0	3,0				
<i>Penicillium simplicissimum</i>	1,3								
<i>Penicillium tardum</i>								6,3	1,0
<i>Penicillium spinulosum</i>	9,2	2,7							10,0
<i>Rhizopus stolonifer</i>				3,0					3,0
<i>Talaromyces funiculosus</i>	4,0		15,6						1,0
<i>Talaromyces variabilis</i>	17,2								17,6
<i>Talaromyces verruculosus</i>									1,0
<i>Trichoderma asperellum</i>	0,9								1,0
<i>Trichoderma koningii</i>							8,5		
<i>Trichoderma atroviride</i>	10,3	3,6	4,0	13,0	33,6			15,7	9,3
Число видов	16	9	6	11	7	8	11	11	16

* Контроль (НС – коровий навоз с соломой), вермикомпостирование (НСЧ – коровий навоз с соломой и червями *E. fetida*).

** Идентификация до вида подтверждена секвенированием ITS рДНК.

tothyriales (1,21 %) – *Phialophora cyclaminis*. В классе Dothideomycetes (5,82 % доля ОТЕ) все идентифицированные виды относились к порядку Pleosporales – *Didymella aurea*, *Bipolaris eleusines*, *Alternaria metachromatica*.

Наименьшее число ОТЕ аскомицетов в исходных субстратах принадлежало классу Leotiomycetes, порядку Thelebolales (0,88 %) – *Thelebolus spongiae*, *Pseudogymnoascus roseus* и классу Saccharomycetes, по-

рядку Saccharomycetales (0,11 %) – *Nadsonia starkeyi-henricii*.

Среди базидиомицетов в исходной смеси навоза и соломы преобладали ОТЕ видов класса Agaricomycetes (3,74 %), порядков Agaricales (1,32 %) – *Pluteus longistriatus*, *Conocybe papillata*, Polyporales (1,10 %) – *Ceratomyces microsporus*, Sebaciniales (1,32 %). Доля ОТЕ грибов Tremellomycetes в микобиоте составляла 1,32 %, из них 0,77 % принадлежали

**Структура грибного сообщества исходной смеси навоза с соломой для вермикомпостирования
(метод высокопроизводительного секвенирования ITS2 рДНК)**

OTE, число	OTE, %	Отдел	Класс	Порядок	Семейство	Род, вид*
336	36,88	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	uni	uni
109	11,96	Ascomycota	Pezizomycetes	Pezizales	Ascobolaceae	<i>Ascobolus</i> sp.
57	6,26	uni	uni	uni	uni	uni
53	5,82	Ascomycota	uni	uni	uni	uni
46	5,05	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Didymellaceae	<i>Didymella aurea</i>
46	5,05	Mortierellomycota	Mortierellomycetes	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella polygonia</i>
36	3,95	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella</i> sp.
25	2,74	Basidiomycota	Microbotryomycetes	Leucosporidiales	Leucosporidiaceae	<i>Leucosporidium escuderoi</i>
15	1,65	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella tardifaciens</i>
14	1,54	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Botryotrichum spirotrichum</i>
12	1,32	Basidiomycota	Agaricomycetes	Sebacinales	uni	uni
12	1,32	Aphelidiomycota	Aphelidiomycetes	GS16	uni	uni
11	1,21	Ascomycota	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Phialophora cyclaminis</i>
10	1,10	Chytridiomycota	Chytridiomycetes	Chytridiales	Chytridiaceae	uni
10	1,10	Basidiomycota	Agaricomycetes	Polyporales	Meruliaceae	<i>Ceraceomyces microsporus</i>
9	0,99	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Mycothermus thermophilus</i>
8	0,88	Ascomycota	Eurotiomycetes	Onygenales	Incertae sedis	<i>Chrysosporium</i> sp.
8	0,88	Basidiomycota	Agaricomycetes	Agaricales	uni	uni
8	0,88	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella longicaudata</i>
8	0,88	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Incertae sedis	<i>Papulaspora equi</i>
7	0,77	Ascomycota	Leotiomycetes	Thelebolales	Thelebolaceae	<i>Thelebolus spongiae</i>
5	0,55	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	Nectriaceae	<i>Cylindrodendrum hubeiense</i>
5	0,55	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	uni	uni

* Не приведены виды с числом OTE = 1: *Schizangiella serpentis*, *Caudospora* sp., *Mortierella indohii*, *Conocybe papillata*, *Bulleromyces albus*, *Alternaria metachromatica*, *Nadsonia starkeyi-henricii*, *Pseudogymnoascus roseus*, *Rhinocladium lesnei*, *Apiotrichum porosum*; OTE = 2: *Podospora* sp., *Chrysosporium pseudomerdarium*, *Chrysosporium merdarium*, *Mortierella alpine*, *Bipolaris eleusines*, *Trichosporon* sp.; OTE = 3: *Pluteus longistriatus*, *Mortierella* sp.; OTE = 4: *Cladorrhinum phialophoroides*, *Ascobolus furfuraceus*, *Apiotrichum scarabaeorum*, *Vishniacozyma carnescens*.

** uni – не удалось идентифицировать.

порядку *Trichosporonales* (*Apiotrichum scarabaeorum*, *Trichosporon* sp., *Apiotrichum porosum*), 0,55 % – *Tremellales* (*Vishniacozyma carnescens*, *Bulleromyces albus*).

Отдел *Mortierellomycota* (5,71 %) в изучаемых образцах представлен порядком *Mortierellales* с четырьмя видами: *Mortierella* sp., *M. polygonia*, *M. alpina*, *M. indohii*. Единичные

обнаружены *Schizangiella serpentis* (0,11 %) семейства Basidiobolaceae, отдела Basidiobolomycota, и *Caudospora* sp. (0,11 %) семейства Caudosporidae отдела Rozellomycota.

В отделе Chytridiomycota (1,42 % доля ОТЕ) грибы до уровня рода не были идентифицированы, а Aphelidiomycota (1,32 %) – до уровня ниже класса Aphelidiomycetes.

В грибном сообществе после 20 суток вермикомпостирования навоза с соломой доля

представителей отдела Ascomycota составила 66,99 %, Basidiomycota – 20,84 %, Mortierellomycota – 1,01 %, Chytridiomycota – 1,46 %, Glomeromycota – 1,13 %, Basidiobolomycota – 0,11 %, Aphelidiomycota – 0,34 %, Rozellomycota – 0,11 % (табл. 4).

В отделе Ascomycota доминировали ОТЕ (53,02 %) класса Sordariomycetes, большинство из которых относилось к порядку Sordariales (50,43 %). 42,45 % ОТЕ из них не уда-

Т а б л и ц а 4

Структура грибного сообщества навоза с соломой через 20 сут вермикомпостирования с *E. fetida* (метод высокопроизводительного секвенирования ITS2 рДНК)

ОТЕ, число	ОТЕ, %	Отдел	Класс	Порядок	Семейство	Род, вид*
377	42,45	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	uni**	uni
140	15,77	Basidiomycota	Tremellomycetes	Trichosporonales	Trichosporonaceae	<i>Trichosporon</i> sp.
38	4,28	uni	uni	uni	uni	uni
33	3,72	Ascomycota	uni	uni	uni	uni
26	2,93	Basidiomycota	Tremellomycetes	Trichosporonales	Trichosporonaceae	<i>Apiotrichum scarabaeorum</i>
25	2,82	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Didymellaceae	<i>Didymella aurea</i>
21	2,36	Ascomycota	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	uni
20	2,25	Ascomycota	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Phialophora cyclaminis</i>
17	1,91	Basidiomycota	Agaricomycetes	Agaricales	uni	uni
16	1,80	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Mycothermus thermophilus</i>
15	1,69	Ascomycota	Pezizomycetes	Pezizales	Ascobolaceae	<i>Ascobolus</i> sp.
14	1,58	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella</i> sp.
13	1,46	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella longicaudata</i>
11	1,24	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Sporormiaceae	<i>Preussia flanaganii</i>
11	1,24	Chytridiomycota	uni	uni	uni	uni
10	1,13	Glomeromycota	uni	uni	uni	uni
10	1,13	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Pleosporaceae	<i>Bipolaris eleusines</i>
9	1,01	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Incertae sedis	<i>Papulaspora equi</i>
8	0,90	Ascomycota	Sordariomycetes	Hypocreales	uni	uni
8	0,90	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella tardifaciens</i>
7	0,79	Ascomycota	Eurotiomycetes	Onygenales	Incertae sedis	<i>Chrysosporium pseudomerdarium</i>
6	0,68	Ascomycota	Leotiomycetes	Thelebolales	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudogymnoascus roseus</i>
5	0,56	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Cladorrhinum phialophoroides</i>
5	0,56	Mortierellomycota	Mortierellomycetes	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella polygonia</i>

* Не приведены виды с числом ОТЕ = 1: *Mortierella gamsii*, *Rhizophydium globosum*, *Sagenomella oligospora*, *Ascobolus furfuraceus*, *Zopfiella marina*, *Remersonia thermophile*, *Alternaria metachromatica*, *Fusarium concentricum*, *Colletotrichum gloeosporioides*; ОТЕ = 2: *Mortierella indohii*, *Conocybe papillata*, *Rhinocladium lesnei*, *Cladorrhinum* sp.; ОТЕ = 3: *Phyllosticta paracapitalensis*, *Scutellinia vitreola*; ОТЕ = 4: *Pseudallescheria boydii*.

**uni – не удалось идентифицировать.

лось идентифицировать ниже уровня порядка. Среди идентифицированных таксонов этого порядка были *Mycothermus thermophilus*, *Zopfiella* spp., *Papulaspora equi*, *Cladorrhinum* spp., *Remersonia thermophila*. В порядке Hypocreales установленные ОТЕ (1,35 %) принадлежали *Fusarium concentricum*, в порядке Microascales (1,13 % доля ОТЕ) – *Pseudallescheria boydii*, *Rhinocladium lesnei*, в порядке Glomerellales (0,11 %) – *Colletotrichum gloeosporioides*.

В классе Pezizomycetes (4,50 % ОТЕ) порядка Pezizales выявлены *Ascobolus* spp., *Scutellinia vitreola*.

Основная доля ОТЕ, принадлежащая к классу Eurotiomycetes (3,15 %), относилась к порядку Chaetothyriales (2,25 %) – *Phialophora cyclaminis*, а также к Onygenales (0,79 %) – *Chrysosporium pseudomerdarium*, и к Eurotiales (0,11 %) – *Sagenomella oligospora*.

В классе Leotiomycetes (0,68 %) порядка Thelebolales идентифицирован *Pseudogymnoascus roseus*.

Среди базидиомицетов на 20-е сутки вермикомпостирования субстратов в грибном сообществе преобладали виды класса Tremellomycetes (18,70 %) исключительно порядка Trichosporonales – *Trichosporon* sp., *Apiotrichum scarabaeorum*. К классу Agaricomycetes принадлежали ОТЕ порядка Agaricales – *Copocybe papillata* (2,14 %), и 1,91 % ОТЕ не было идентифицировано ниже уровня порядка.

Грибы отдела Mortierellomycota принадлежали исключительно классу Mortierellomycetes (1,01 % ОТЕ), порядка Mortierellales – *Mortierella polygonia*, *M. indohii*, *M. gamsii*.

Небольшая доля ОТЕ была из отдела Chytridiomycota (0,11 %) классов Chytridiomycetes порядка Chytridiales (роды не были идентифицированы) и Rhizophyidiomycetes порядка Rhizophydiales – *Rhizophyidium globosum*.

В грибном сообществе вермикомпоста, полученного на 60-е сутки переработки навоза с соломой червями *E. fetida*, преобладали виды отдела Ascomycota (доля их ОТЕ – 68,45 %). Значительно меньше было представителей отделов Basidiomycota – 3,13 %, Mortierellomycota – 1,48 %, Chytridiomycota – 20,74 %, Glomeromycota – 0,73 %, Aphelidiomycota – 3,14 %, Rozellomycota – 0,05 % (табл. 5).

В таксономической структуре микобиоты вермикомпоста доминировали аскомицеты (53,74 % ОТЕ) класса Sordariomycetes порядка Sordariales (53,18 %) – *Zopfiella* spp., *Papulaspora equi*, *Mycothermus thermophilus*, *Cladorrhinum phialophoroides*, *Remersonia thermophila*, *Podospora* sp., *Botryotrichum* spp., *Chaetomium globosum*. Небольшие доли в сообществе имели представители порядка Microascales (0,32 %) – *Rhinocladium lesnei*, *Custingophora blanchettei*, *Pseudallescheria boydii*, *Wardomyces inflatus*, а также Hypocreales (0,10 %) – *Paracremonium binnewijzendii*, *Fusarium concentricum*, Coniochaetales (0,09 % ОТЕ не идентифицировано) и Pleurotheciales (0,05 %) – *Sterigmatobotrys uniseptata*.

Доля ОТЕ аскомицетов класса Pezizomycetes в вермикомпосте составляла 3,75 %. Среди них идентифицировали до вида только *Ascobolus* spp. и *Scutellinia vitreola* из порядка Pezizales. ОТЕ Eurotiomycetes составили 1,12 % и распределялись между Chaetothyriales (0,57 % ОТЕ – *Phialophora cyclaminis*), Onygenales (0,32 % ОТЕ – *Chrysosporium pseudomerdarium*) и Eurotiales (0,23 % ОТЕ – *Sagenomella oligospora*, *Penicillium* spp., *Byssoschlamys zollerniae*, *Aspergillus wentii*). Dothideomycetes, доля которых составляет 1,97 % ОТЕ, представлены порядками Pleosporales (1,86 % ОТЕ – *Preussia flanaganii*, *Didymella aurea*, *Bipolaris eleusines*, *Alternaria iridialustralis*), Botryosphaeriales (0,09 % ОТЕ – *Phyllosticta paracapitalensis*), Capnodiales (0,02 % ОТЕ, не идентифицированы). ОТЕ класса Leotiomycetes составили 0,25 % и принадлежали порядкам Thelebolales (0,23 % – *Pseudogymnoascus* spp., *Pseudeurotium bakeri*) и Helotiales (0,02 %), ОТЕ до рода не идентифицированы. Грибы из Saccharomycetes порядка Saccharomycetales (0,02 % ОТЕ) в вермикомпосте представлены *Candida varitovaarae*.

Среди базидиомицетов в вермикомпосте преобладали виды класса Tremellomycetes (2,10 %) порядка Trichosporonales (2,03 %) – *Trichosporon* spp., *Apiotrichum* spp., обнаружены виды порядков Tremellales (0,05 % ОТЕ) – *Saitozyma podzolica*, и Filobasidiales (0,02 % ОТЕ) – *Solicoccozyma terricola*. Доля ОТЕ видов *Coprinellus* spp., *Coprinus annuloporus* класса Agaricomycetes порядка Ag-

Структура грибного сообщества вермикомпоста (метод высокопроизводительного секвенирования ITS2 рДНК)

ОТЕ, число	ОТЕ, %	Отдел	Класс	Порядок	Семейство	Род, вид*
1607	36,78	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella longicaudata</i>
765	17,51	Chytridiomycota	GS13	uni	uni	uni
332	7,60	Ascomycota	uni	uni	uni	uni
308	7,05	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Incertae sedis	<i>Papulaspora equi</i>
215	4,92	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	uni	uni
134	3,07	Chytridiomycota	Rhizophydiomycetes	Rhizophydiales	Rhizophydiaceae	<i>Rhizophyidium globosum</i>
133	3,04	Ascomycota	Pezizomycetes	Pezizales	Ascobolaceae	<i>Ascobolus</i> sp.
111	2,54	Aphelidiomycota	uni	uni	uni	uni
106	2,43	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella</i> sp.
97	2,22	uni	uni	uni	uni	uni
87	1,99	Basidiomycota	Tremellomycetes	Trichosporonales	Trichosporonaceae	<i>Trichosporon</i> sp.
52	1,19	Mortierellomycota	Mortierellomycetes	Mortierellales	Mortierellaceae	<i>Mortierella polygonia</i>
38	0,87	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Mycothermus thermophilus</i>
32	0,73	Glomeromycota	Glomeromycetes	Glomerales	Glomeraceae	uni
29	0,66	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Sporormiaceae	<i>Preussia flanaganii</i>
26	0,60	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Didymellaceae	<i>Didymella aurea</i>
26	0,60	Aphelidiomycota	Aphelidiomycetes	GS16	uni	uni
25	0,57	Ascomycota	Eurotiomycetes	Chaetothyriales	Herpotrichiellaceae	<i>Phialophora cyclaminis</i>
19	0,43	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Pleosporaceae	<i>Bipolaris eleusines</i>
19	0,43	Basidiomycota	Agaricomycetes	Agaricales	Psathyrellaceae	<i>Coprinellus marculentus</i>
17	0,39	Ascomycota	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	uni
14	0,32	Ascomycota	Eurotiomycetes	Onygenales	Incertae sedis	<i>Chrysosporium pseudomerdarium</i>
12	0,27	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	<i>Cladorrhinum phialophoroides</i>
11	0,25	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	<i>Zopfiella tardifaciens</i>
11	0,25	Ascomycota	Pezizomycetes	Pezizales	Pyronemataceae	uni
8	0,18	Mortierellomycota	Mortierellomycetes	Mortierellales	uni	uni
8	0,18	Basidiomycota	Agaricomycetes	Agaricales	Psathyrellaceae	<i>Coprinellus subdisseminatus</i>
8	0,18	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Chaetomiaceae	uni
7	0,16	Ascomycota	Dothideomycetes	Pleosporales	Pleosporaceae	<i>Alternaria iridiaustralis</i>
7	0,16	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Incertae sedis	<i>Remersonia thermophila</i>
6	0,14	Ascomycota	Leotiomycetes	Thelebolales	Pseudeurotiaceae	<i>Pseudogymnoascus roseus</i>
6	0,14	Ascomycota	Sordariomycetes	Sordariales	Lasiosphaeriaceae	uni
5	0,11	Basidiomycota	Cystobasidiomycetes	Cystobasidiales	Cystobasidiaceae	<i>Occultifur</i> sp.
5	0,11	Ascomycota	Sordariomycetes	Microascales	Microascaceae	<i>Rhinocladium lesnei</i>

* Не приведены виды с числом ОТЕ = 1: *Schizangiella serpentis*, *Mortierella horticola*, *Sakaguchia dacryoidea*, *Botryotrichum spirotrichum*, *Malassezia restricta*, *Byssoschlamys zollerniae*, *Operculomyces laminatus*, *Candida vartiovaarae*, *Mortierella indohii*, *Scutellinia vitreola*, *Pseudogymnoascus* sp., *Malassezia globosa*, *Wardomyces inflatus*, *Apiotrichum scarabaeorum*, *Solicoccozyma terricola*, *Botryotrichum atrogriseum*, *Aspergillus wentii*, *Penicillium thomii*, *Chaetomium globosum*, *Apiotrichum porosum*, *Pseudeurotium bakeri*; ОТЕ = 2: *Sterigmatobotrys uniseptata*, *Custingophora blanchettei*, *Sagenomella oligospora*, *Mortierella gamsii*, *Paracremonium binnewijzendii*, *Saitozyma podzolica*, *Ascobolus furfuraceus*, *Pseudogymnoascus appendiculatus*, *Penicillium spinulosum*, *Fusarium concentricum*; ОТЕ = 3: *Podospora* sp., *Pseudallescheria boydii*, *Penicillium aethiopicum*, *Coprinus annuloporus*; ОТЕ = 4: *Phyllosticta paracapitalensis*.

**uni – не удалось идентифицировать.

aricales составила 0,75 %. Минорным компонентом в микобиоте были виды *Occultifur* sp. (класс Cystobasidiomycetes (0,13 %) порядок Cystobasidiales (0,11 %) и *Sakaguchia dactyloidea* (порядок Erythrobasidiales, 0,02 %). В классе Microbotryomycetes (0,07 %) порядке Sporidiobolales ОТЕ до уровня рода были не определены, а в классе Malasseziomycetes (0,04 %) выявлены виды *Malassezia* spp.

Грибы отдела Mortierellomycota класса Mortierellomycetes порядка Mortierellales представлены в вермикомпосте видами *Mortierella polygonia*, *M. indohii*, *M. gamsii*. В Glomeromycetes 0,73 % ОТЕ не были идентифицированы ниже уровня порядка Glomerales. В Basidiobolomycetes 0,02 % ОТЕ из Basidiobolales – *Schizangiella serpentis*.

Из хитридиомицетов в вермикомпосте идентифицированы представители класса Rhizophyidiomycetes порядка Rhizophydiales – *Rhizophyidium globosum*, *Operculomyces laminatus*, а грибы класса Chytridiomycetes порядка Chytridiales до уровня рода не были определены.

Таким образом, согласно данным метабаркодинга, таксономическая структура грибного сообщества в ходе вермикомпостирования изменилась следующим образом (табл. 6). Немного снизилась доля грибов отдела Ascomycota (с 77,30 % до 66,99–68,45 %), но они сохраняли свое доминирующее положение в течение всего процесса и в конечном продукте. В течение первых 20 сут представленность базидиомицетов увеличилась с 7,80 до 20,84 %, но в вермикомпосте их обилие было уже небольшим (3,13 %). В вермикомпосте также была меньше (1,48 %), чем в исходных суб-

стратах (5,71 %), доля последовательностей ОТЕ отдела Mortierellomycota. Значительно возросла доля грибов отдела Chytridiomycota в образцах свежего биогумуса (20,74 %) по сравнению с исходными субстратами (1,43 %), а также увеличилось число нуклеотидных последовательностей отдела Aphelidiomycota (с 1,32 до 3,14 %). В ходе вермикомпостирования и в конечном продукте в небольших количествах (доли процентов ОТЕ от общего числа) обнаруживали также нуклеотидные последовательности грибов отделов Glomeromycota, Rozellomycota, Basidiobolomycota.

Наиболее значимые изменения на уровне таксонов более низкого уровня произошли при вермикомпостировании с грибами следующих порядков (табл. 7). Доля ОТЕ грибов порядков Pleosporales, Onygenales, Chaetothyriales, Thelebolales, Pezizales, Saccharomycetales, Leucosporidiales и классов Mortierellomycetes, Agaricomycetes, Chytridiomycetes уменьшилась в грибном сообществе вермикомпоста не менее чем в 2–3 раза. Одновременно в нем возросла представленность ОТЕ грибов порядков Sordariales, Eurotiales, Rhizophydiales, Tremellomycetes, Cystobasidiomycetes, Glomerales. Определенные изменения происходили и на начальном этапе вермикомпостирования (на 20-е сутки), в этот период наблюдали максимум представленности в сообществе ОТЕ грибов порядков Microascales, Chaetothyriales, Agaricales, Trichosporonales.

В составе вермикомпоста преобладали ОТЕ из отдела Ascomycota – *Zopfiella longicaudata*, *Zopfiella* sp., *Papulaspora equi*, *Ascobolus* sp., *Mycothermus thermophilus*, *Preussia flanaganii*, *Didymella aurea*, *Phialophora cyclaminis*,

Т а б л и ц а 6

Изменение структуры грибного сообщества на уровне отделов при вермикомпостировании навоза с соломой (метод высокопроизводительного секвенирования ITS2 рДНК)

Отдел	Доля ОТЕ, %		
	0	20 сут	60 сут
Ascomycota	77,30	66,99	68,45
Basidiomycota	7,80	20,84	3,13
Mortierellomycota	5,71	1,01	1,48
Chytridiomycota	1,43	1,46	20,74
Glomeromycota	0,00	1,13	0,73
Basidiobolomycota	0,11	0,11	0,00
Rozellomycota	0,11	0,11	0,05
Aphelidiomycota	1,32	0,34	3,14

**Изменения в структуре грибного сообщества на уровне классов и порядков при вермикомпостировании
(метод высокопроизводительного секвенирования ITS2 рДНК)**

Таксон		Доля ОТЕ, %		
		0	20 сут	60 сут
Ascomycota	Sodariomycetes	49,19	53,02	53,74
	Sordariales	47,76	50,43	53,18
	Microascales	0,33	1,13	0,32
	Hypocreales	1,10	1,35	0,10
	Glomerellales		0,11	
	Coniochaetales			0,09
	Pleurotheciales			0,05
	Eurotiomycetes	2,53	3,15	1,12
	Chaetothyriales	1,21	2,25	0,57
	Onygenales	1,32	0,79	0,32
	Eurotiales		0,11	0,23
	Pezizomycetes	12,95	4,50	3,75
	Pezizales	12,95	4,50	3,75
	Dothideomycetes	5,82	5,64	1,97
	Pleosporales	5,82	5,30	1,86
	Capnodiales		0,34	0,02
	Botryosphaeriales			0,09
	Leotiomycetes	0,88	0,68	0,25
	Thelebolales	0,88	0,68	0,23
	Helotiales			0,02
	Saccharomycetes	0,11		0,02
	Saccharomycetales	0,11		0,02
Basidiomycota	Agaricomycetes	3,74	2,14	0,77
	Agaricales	1,32	2,14	0,75
	Polyporales	1,10		
	Sebacinales	1,32		
	Tremellomycetes	1,32	18,70	2,10
	Trichosporonales	0,77	18,70	2,03
	Filobasidiales	0,55		0,02
	Tremellales			0,05
	Microbotryomycetes	2,74		0,07
	Sporidiobolales	2,74		0,07
	Leucosporidiales			
	Cystobasidiomycetes			0,13
	Cystobasidiales			0,11
	Erythrobasidiales			0,02
	Malasseziomycetes			0,04
	Malasseziales			0,04
Mortierellomycota	Mortierellomycetes	5,71	1,01	1,48
	Mortierellales	5,71	1,01	1,48
Chytridiomycota	Chytridiomycetes	1,1	0,11	0,07
	Chytridiales	1,1	0,11	0,07
	Rhizophyidiomycetes		0,11	3,09
	Rhizophydiales		0,11	3,09
Glomeromycota	Glomeromycetes			0,73
	Glomerales			0,73
Basidiobolomycota	Basidiobolomycetes			0,02
	Basidiobolales			0,02

Chrysosporium pseudomerdarium, *Alternaria iridiaustralis*, *Remersonia thermophila*, *Pseudogymnoascus roseus*, *Rhinochlamydomonas lesnei*; Basidiomycota – *Trichosporon* sp., *Coprinellus marculentus*, *Occultifur* sp.; Chytridiomycota – *Rhizophyidum globosum*.

В целом, видовое богатство сообщества снижалось на начальном этапе вермикомпостирования (с 37 до 32 видов), а затем росло, достигнув в вермикомпосте 58 видов. Всего в вермикомпостируемых субстратах и биогумусе установлено 66 ОТЕ, идентифицированных до вида.

ОБСУЖДЕНИЕ

При вермикомпостировании трансформация органических отходов проходит несколько стадий. После предподготовки субстратов в течение первой стадии дождевые черви их измельчают и перемешивают, тем самым меняют состав и активность микробиоты. В фазу созревания вермикомпоста дождевые черви интенсивно перемещаются к более свежим локусам непереваренного субстрата, а грибы и прокариоты завершают разложение и гумификацию переработанных беспозвоночными органических веществ [Aira et al., 2007; Gomez-Brandon et al., 2011]. Продолжительность периода созревания не является фиксированной, она зависит от того, как протекает активная фаза вермикомпостирования, которая определяется в значительной степени составом исходных субстратов, их доступностью для биоты [Dominguez et al., 2010].

В нашем случае переход от активной стадии к фазе созревания вермикомпоста происходил согласно динамике численности грибов и их состава в период от 20-х к 40-м суткам (табл. 2, 8). Эти сроки характерны для вермикомпостирования коровьего навоза [Gomez-Brandon et al., 2012; Neher et al., 2013]. При переработке труднодоступных растительных остатков, например листьев кокосовых пальм, вермикомпостирование имеет более продолжительный период (около 100 сут) [Gopal et al., 2017].

Сравнение двух подходов для изучения микробиоты показало, что метабаркодинг выявил в несколько раз большее разнообразие грибов, чем метод посева (58 и 16 видов в вермикомпосте соответственно). Причем культураль-

ный метод обнаружил только представителей Ascomycota, Basidiomycota, Mucoromycota, а метод высокопроизводительного секвенирования ITS2 рДНК грибов выявил ОТЕ из Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota, Chytridiomycota, Glomeromycota, Basidiobolomycota, Rozellomycota, Aphelidiomycota (см. табл. 2, 7, 8). Как молекулярным, так и культуральным методом на уровне вида установлены единичные виды, в частности *Penicillium spinulosum*. Вместе с тем почти все порядки, представители которых были выявлены культуральным методом (Hypocreales, Eurotiales, Saccharomycetales в Ascomycota, Filobasidiales в Basidiomycota), обнаружены и с помощью метабаркодинга (см. табл. 8). Исключение составили грибы из Dothideales, выявленные только культуральным методом. Удивительно, что виды рода *Trichoderma* spp., часто массово развивающиеся в посевах и подавляющие развитие других грибов, не были выявлены с помощью метабаркодинга. Значительно реже этот метод обнаруживает также виды родов *Aspergillus*, *Penicillium*, *Talaromyces*, *Fusarium*, *Mucor*. Связано это с тем, что метод посева выявляет активно спороносящие грибы, в то время как споры трудно поддаются разрушению при подготовке ДНК для генетического анализа. Эти данные подтверждают важность совместного применения обоих подходов для более полной характеристики состава грибов в изучаемом экотопе.

Изменения структуры грибного сообщества при вермикомпостировании навоза с соломой в целом сходны с данными других авторов, но есть и отличия, которые, видимо, чаще всего связаны со спецификой микробиоты в исходных субстратах. При вермикомпостировании навоза с соломой наблюдали снижение доли базидиальных грибов и преобладание аскомицетов из Sordariomycetes, Sordariales с доминированием *Zopfiella* spp. (более 30 % ОТЕ), *Papulaspora equi*, *Cladorrhinum phialophoroides*, *Rhinochlamydomonas lesnei*, и других таксонов – *Ascobolus* sp., *Mortierella* spp., *Trichosporon* sp., *Preussia flanaganii*, *Didymella aurea*, *Phialophora cyclaminis*, *Bipolaris eleusines*, *Chrysosporium pseudomerdarium*, *Pseudogymnoascus roseus*, *Podospira* sp., *Botryotrichum* spp., *Chaetomium globosum* (см. табл. 5). Молекулярным методом в вермикомпосте обнаружены также базидиомицеты –

**Изменение таксономической структуры микобиоты при вермикомпостировании навоза с соломой
(метод посева и высокопроизводительного секвенирования ITS2 рДНК)**

Таксон		Этап вермикомпостирования, сут					
		0		20		60	
		П*	Б**	П	Б	П	Б
Ascomycota	Sodariomycetes	++	+++	+++	+++	++	+++
	Sordariales		+++		+++		+++
	Microascales		+		+		+
	Hypocreales	++	+	+++	+	++	+
	Glomerellales				+		
	Coniochaetales						+
	Pleurotheciales						+
	Eurotiomycetes	+++	+	++	+	+++	+
	Chaetothyriales		+		+		+
	Onygenales		+		+		+
	Eurotiales	+++		++	+	+++	+
	Pezizomycetes		++				
	Pezizales		++				
	Dothideomycetes	+	+	++	+		+
	Pleosporales		+	++	+		+
	Dothideales	+					
	Capnodiales						+
	Botryosphaeriales				+		+
	Leotiomycetes		+		+		+
	Thelebolales		+		+		+
	Helotiales						+
	Saccharomycetes	+	+			+	+
	Saccharomycetales	+	+			+	+
Basidiomycota	Agaricomycetes		+		+		+
	Agaricales		+		+		+
	Polyporales		+				
	Sebacinales		+				
	Tremellomycetes	+	+		++		+
	Trichosporonales	+	+		++		+
	Filobasidiales						+
	Tremellales		+				+
	Microbotryomycetes		+				+
	Sporidiobolales						+
	Leucosporidiales		+				
	Malasseziomycetes						+
	Malasseziales						+
	Cystobasidiomycetes						+
	Cystobasidiales						+
	Erythrobasidiales						+
Mortierellomycota	Mortierellomycetes		+		+		+
	Mortierellales		+		+		+
Chytridiomycota	Chytridiomycetes		+		+		++
	Chytridiales		+		+		++
Aphelidiomycota	Aphelidiomycetes		+		+		+
Rozellomycota	Microsporidea		+		+		+

* П – показатель относительного обилия по доли КОЕ таксона от общего числа КОЕ: +++ – >30 %; ++ – 10–30 %; + – <10 %.

** Б – показатель относительного обилия по доли ОТЕ таксона от общего числа ОТЕ: +++ – >30 %; ++ – 10–30 %; + – <10 %.

Coprinellus marculentus, *Coprinellus subdisseminatus*, *Coprinus annuloporus*, *Occultifur* sp., термофильные виды аскомицетов – *Byssosclamyces zollerniae*, *Mycothermus thermophilus*, *Remersonia thermophile*. Согласно данным культурального метода в нем преобладают *Diplodascus geotrichum*, виды рода *Penicillium*, *Aspergillus*, *Talaromyces*, *Trichoderma*, *Fusarium*.

Анастаси с соавторами использовал комплекс методов посева для изучения микобиоты вермикомпоста, полученного из отходов животного и растительного происхождения, и выявил многие виды, которые характерны и для нашего биогазуса. Среди доминирующих грибов были также виды родов *Penicillium*, *Aspergillus*, *Preussia*, *Phialophora*, *Talaromyces*, *Scopulariopsis*, *Pseudoallescheria*, *Acremonium*, *Chrysosporium*, *Cladosporium* [Anastasi et al., 2005]. В вермикомпосте, полученном из осадков сточных вод с применением *Eisenia andrei*, также установлено преобладание грибов отдела Ascomycota и снижение Basidiomycota [Dominguez et al., 2021]. Изменения касались в большинстве своем других видов этих отделов – увеличение численности представителей родов *Debaryomyces*, *Mortierella*, *Cephalophora*, *Scedosporium* и *Trichosporon*, и снижение – *Scutellinia*, *Apiotrichum*, *Paracremonium* и *Boubovia*. При вермикомпостировании этих отходов увеличилось относительное количество грибов Blastocladiomycota и Mortierellomycota, а при переработке коровьего навоза с соломой мы наблюдали уменьшение представителей Mortierellomycota, но также рост числа близких к Blastocladiomycota грибов из Chytridiomycota. В случае с органическими отходами, предварительно переработанных в компостном биореакторе, их вермикомпостирование с *E. fetida* также вело к преобладанию в биоудобрении аскомицетов над базидиомицетами. Это установлено в работе Нехера с коллегами [Neher et al., 2013], которые, применив метод высокопроизводительного секвенирования, установили, что в вермикомпосте число ITS последовательностей Ascomycota $75,0 \pm 15,3$, Basidiomycota – $14,9 \pm 16,0$, Zygomycota – $9,0 \pm 3,7$. Состав грибов на уровне порядков (Pezizales, Hypocreales, Sordariales, Microascales, Agaricales, Mortierellales, Orbiliales) в этом вермикомпосте был сходен с тако-

вым в нашей работе. Но нами выявлено значительно больше изменений в микобиоте при вермикомпостировании как на уровне порядков, так и видов.

При компостировании навоза с соломой без существенного повышения температуры, в отличие от вермикомпостирования, напротив, наблюдается увеличение в несколько раз доли нуклеотидных последовательностей грибов отдела Basidiomycota (до 68,8 %) и их значительное преобладание над Ascomycota (30,6 %). Американские ученые отмечали сходные таксономические изменения в микобиоте при компостировании навоза с добавками лигноцеллюлозных субстратов (щепы, бумаги, сена, соломы) [Neher et al., 2013]. Кроме того, нами отмечено, что в вермикомпосте разнообразие термофильных и термотолерантных видов грибов ниже, чем в компосте.

Основные деструкторы лигноцеллюлозы при вермикомпостировании установлены преимущественно методом высокопроизводительного секвенирования. Это были копрофильные грибы родов *Coprinellus*, *Coprinus*, *Conocybe*, *Ascobolus*, *Zopfiella*, *Podospora*, *Chaetomium*, *Dipodascus*, а также типичные для верхних горизонтов почв, подстилки и растительного опада виды родов *Trichoderma*, *Penicillium*, *Aspergillus*, *Altrernaria*, *Fusarium*, *Mortierella*, которые являются активными продуцентами различных карбогидраз, а некоторые – и лигниназ [Sivori et al., 1996; Tuomela et al., 2000; Richardson, 2001]. За разложение остатков шерсти животных, которые неизбежно имеются в навозе, ответственны известные кератинофильные виды родов *Chrysosporium*, *Trichosporon* [Colombo et al., 2011].

Повышение плотности популяций некоторых видов непосредственно связано с их развитием в пищеварительном тракте дождевых червей. Это, в первую очередь, дрожжи *Dipodascus geotrichum*, выявляемые на протяжении всего периода вермикомпостирования методом посева и обнаруженные нами в кишечнике и копролитах *E. fetida* [Кураков и др., 2019]. Они встречаются на многих субстратах и известны как активные продуценты протеиназ, целлюлаз, пектиназ [Gente et al., 2006].

В вермикомпосте по сравнению с исходными субстратами снизилась численность грибов рода *Aspergillus*, виды которого (*A. fumiga-*

tus, *A. flavus*) представляют потенциальную опасность для здоровья человека [Конonenко, 2021].

Позитивный эффект вермикюльтуры связан и с элиминацией или значимым уменьшением представленности бактериальных патогенов. Это может быть обусловлено тем, что в вермикомпосте выявлены *Trichoderma asperellum*, *T. atroviride*, *Penicillium glabrum*, *P. aurantiogriseum* с известной ингибирующей активностью к *E. coli* и ряду других патогенов человека [Stracquadanio et al., 2020; Cadelis et al., 2022].

Известно, что популяции *Trichoderma viride*, *T. asperellum* в вермикомпостируемых субстратах могут стимулировать рост и развитие дождевых червей и повышать эффективность биогумуса в сдерживании корневых поражений растений грибами *Fusarium*, *Alternaria*, *Sclerotium rolfsii* [Gudeta et al., 2022; Садыкова, Кураков, 2013]. Наличие в грибном сообществе вермикомпоста популяции видов рода *Trichoderma* (*T. asperellum*, *T. atroviride*) может придавать ему супрессивные свойства, что подтверждают проведенные эксперименты (данные не опубликованы). При его внесении в дерново-подзолистую почву в вегетационных опытах с инфекционным фоном *Fusarium oxysporum* ВКМ F-140 (5×10^6 КОЕ/г) после всходов гибель огурцов снижается в среднем на 13 %, а кресс-салата – на 33 %.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Итак, установлено, что вермикюльтура приводит к значимым изменениям микобиоты исходных субстратов. Выявлены виды грибного сообщества, которые при вермикомпостировании с *E. fetida* коровьего навоза с соломой ответственны за трансформацию органических соединений, способны обуславливать супрессивные свойства к фитопатогенам и патогенам человека. С применением метода посева и метабаркодинга дана характеристика таксономической структуры грибного сообщества на уровне разных таксонов при вермикомпостировании и в конечном продукте – вермикомпосте. Показано, что видовое богатство грибов снижается на начальном этапе вермикомпостирования и затем растет, в биогумусе значимо превышая таковое по сравнению с исходными субстратами. Выявлены

виды, преобладающие в вермикомпосте. Обсуждены различия в изменении грибного сообщества при компостировании и вермикомпостировании отходов. Наиболее контрастно это выражено в соотношении представителей отделов Ascomycota и Basidiomycota в грибном сообществе. Если в первом случае наблюдается рост доли базидиомицетов и падает доля аскомицетов, то в вермикомпосте, напротив, ниже представленность базидиомицетов, а доминируют аскомицеты. Рассмотрены возможности культурального метода и метабаркодинга на основе высокопроизводительного секвенирования ITS2 ДНК в изучении грибного сообщества вермикомпоста.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (соглашение 075-15-2021-1396), гранта РФФИ 18-29-25073мк и госбюджетной темы № госрегистрации АААА-А16-116021660088-9.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

ЛИТЕРАТУРА

- Конonenко Г. П. Токсигенные микромицеты-космополи- ты рода *Aspergillus*: новые факты последних десяти- летий // Иммунопатология, аллергология, инфекто- логия. 2021. № 4. С. 77–82.
- Кураков А. В., Фуцян С., Харин С. А. Грибное сообще- ство компоста и его изменения при прохождении че- рез пищеварительный тракт дождевого червя *Eise- nia fetida* // Микология и фитопатология. 2019. Т. 53, № 5. С. 284–292.
- М-МВИ-80-2008. Методика выполнения измерений мас- совой доли элементов в пробах почв, грунтов и дон- ных отложений методами атомно-эмиссионной и атомно-абсорбционной спектроскопии. 000 Мониторинг. СПб., 2008. С. 27.
- Садыкова В. С., Кураков А. В. Перспективы использова- ния штаммов рода *Trichoderma* для получения вер- микомпостов с фунгицидными и рост стимулирую- щими свойствами // Докл. РАЕН. 2013. № 2. С. 37–40.
- Aira M., Monroy F., Dominguez J. *Eisenia fetida* (Oligo- chaeta: Lumbricidae) modifies the structure and phys- iological capabilities of microbial communities improv- ing carbon mineralization during vermicomposting of pig manure // Microbial Ecol. 2007. Vol. 54, N 4. P. 662– 671. doi: 10.1007/s00248-007-9223-4
- Anastasi A., Varese G. C., Filipello Marchisio V. Isola- tion and identification of fungal communities in com- post and vermicompost // Mycologia. 2005. Vol. 97, N 1. P. 33–44. <https://doi.org/10.1080/15572536.2006.11832836>
- Arx von J. A. The Genera of fungi sporulating in pure cul- ture. 3rd edn. J. Cramer. Vaduz, 1981. 424 p.
- Booth C. *Fusarium*. Laboratory guide to the identification of the major species. C. M. I., 1977. 57 p.
- Byzov B. A., Khomyakov N. V., Kharin S. A., Kurak- ov A. V. Fate of soil bacteria and fungi in the gut of

- earthworms // Eur. J. Soil Biol. 2007. Vol. 43 (Suppl. 1). P. S149–S156.
- Cadelis M. M., Nipper N. S. L., Grey A., Geese S., van de Pas S. J., Weir B. S., Copp B. R., Wiles S. Antimicrobial Polyketide Metabolites from *Penicillium bissettii* and *P. glabrum* // Molecules. 2022. Vol. 27, N 1. P. 240. <https://doi.org/10.3390/molecules27010240>
- Colombo A. L., Padovan A. C. B., Chaves G. M. Current Knowledge of *Trichosporon* spp. and Trichosporonosis // Clin. Microbiol. Rev. 2011. Vol. 24, N 4. P. 682–700. doi: 10.1128/CMR.00003-11
- Crous P. W., Braun U., Schubert K., Groenewald J. Z. The genus *Cladosporium* and similar dematiaceous hyphomycetes // Stud. Mycol. 2007. Vol. 58. P. 1–253.
- de Hoog G. S., Guarro J., Gené J., Figueras M. J. Atlas of Clinical Fungi. 3rd ed. Utrecht. CBS-KNAW. Fungal Biodiversity Centre, 2011. 1126 p.
- Dominguez J. State-of-the art and new perspectives on vermicomposting research // Earthworm Ecology / Ed. C. A. Edwards. 2nd Edition. CRC Press, 2004. P. 401–424. <http://dx.doi.org/10.1201/9781420039719.ch20>
- Dominguez J., Aira M., Crandall K. F., Perez-Losada M. Earthworms drastically change fungal and bacterial communities during vermicomposting of sewage sludge // Sci. Rep. 2021. Vol. 11, N 1. P. 15556. doi: [10.1038/s41598-021-95099-z](https://doi.org/10.1038/s41598-021-95099-z)
- Dominguez J., Aira M., Gomez-Brandon M. Vermicomposting: earthworms enhance the work of microbes // Microbes at work: from wastes to resources / Eds. H. Insam, I. Franke-Whittle, M. Goberna. Berlin; Heidelberg: Springer, 2010. P. 93–114.
- Domsch K. H., Gams W., Anderson T.-H. Compendium of Soil Fungi. Second ed. Revised by W. Gams. IHW-Verlag et Verlagsbuchhandlung, Eching, 2007. 672 p.
- Ellis M. B. Dematiaceous Hyphomycetes. Commonwealth Mycological Institute, Kew, 390 Surrey. England, 1971. 608 p.
- Gente S., Sohler D., Coton E., Duhamel C., Gueguen M. Identification of *Geotrichum candidum* at the species and strain level: proposal for a standardized protocol // J. Industr. Microbiol. Biotechnol. 2006. Vol. 33. Issue 12. P. 1019–1031. <https://doi.org/10.1007/s10295-006-0130-3>
- Gomez-Brandon M., Aira M., Lores M., Dominguez J. Changes in microbial community structure and function during vermicomposting of pig slurry // Bioresour. Technol. 2011. Vol. 102, N 5. P. 4171–4178. doi: 10.1016/j.biortech.2010.12.057
- Gomez-Brandon M., Lores M., Dominguez J. Species-Specific Effects of Epigeic Earthworms on Microbial Community Structure during First Stages of Decomposition of Organic Matter // PLoS One. 2012. Vol. 7, N 2. P. e31895. doi: 10.1371/journal.pone.0031895
- Gopal M., Bhute S. S., Gupta A., Prabhu S. R., Thomas G. V., Whitman W. B., Jangid K. Changes in structure and function of bacterial communities during coconut leaf vermicomposting // Antonie van Leeuwenhoek. 2017. Vol. 110, N 10. P. 1339–1355. doi: 10.1007/s10482-017-0894-7
- Gudeta K., Bhagat A., Julka J. M., Sinha R., Verma R., Kumar A., Kumari S., Ameen F., Bhat S. A., Amarowicz R., Sharma M. Vermicompost and Its Derivatives against Phytopathogenic Fungi in the Soil: A Review // Horticulturae. 2022. Vol. 8, N 4. P. 311. <https://doi.org/10.3390/horticulturae8040311>
- Kirk P. M., Cannon P. F., Minter D. W., Stalpers J. A. Dictionary of the Fungi (10th edition). Wallingford. UK: CAB International, 2008. 2600 p.
- Klich M. A. Identification of Common *Aspergillus* Species. Utrecht: Centraalbureau voor Schimmelfcultures, 2002. 528 p.
- Monroy F., Aira M., Dominguez J. Changes in density of nematodes, protozoa and total coliforms after transit through the gut of four epigeic earthworms (*Oligochaeta*) // Appl. Soil Ecol. 2008. Vol. 39, N 2. P. 127–132. doi: 10.1016/j.apsoil.2007.11.011
- Neher D. A., Weicht T. R., Bates S. T., Leff J. W., Fierer N. Changes in Bacterial and Fungal Communities across Compost Recipes, Preparation Methods, and Composting Times // PLoS One. 2013. Vol. 8, N 11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0079512>
- Raper K. B., Fennell D. I. The Genus *Aspergillus*. Baltimore: The Williams and Wilkins Company, 1965. 686 p.
- Raper K. B., Thom C., Fennell D. I. A Manual of the *Penicillia*. New York; London: Hafner Publishing Company, 1968. 875 p.
- Richardson M. J. Diversity and occurrence of coprophilous fungi // Mycol. Res. 2001. Vol. 105, N 4. P. 387–402.
- Rifai M. A. A revision on the genus *Trichoderma* // Mycol. Pap. 1969. Vol. 116. P. 1–56.
- Ryckeboer J., Mergaert J., Vaes K., Klammer S., de Clerco D., Coosemans J., Insam H., Swings J. A survey of bacteria and fungi occurring during composting and self-heating processes // Ann. Microbiol. 2003. Vol. 53, N 4. P. 349–410.
- Samson R. A., Houbraken J. Phylogenetic and taxonomic studies on the genera *Penicillium* and *Talaromyces* // Stud. Mycol. 2011. Vol. 70. P. 1–183.
- Schipper M. A. On certain species of *Mucor* with a key to all accepted species: 2. On the genera *Rhizomucor* and *Parasitella* // Stud. Mycol. 1978. Vol. 17. P. 1–71.
- Seifert K., Morgan-Jones G., Gams W., Kendrick B. The Genera of Hyphomycetes. Utrecht: CBS-KNAW Fungal Biodiversity Centre, 2011. 997 p.
- Sivori A. S., Mercuri O. A., Forchiassin F. Kinetics of xylanase and cellulase production by *Ascobolus gamundii* (Fungi, Ascomycotina) // Rev. Argent. Microbiol. 1996. Vol. 28, N 1. P. 9–15.
- Stracquadanio C., Quiles J. M., Meca G., Cacciola S. O. Antifungal Activity of Bioactive Metabolites Produced by *Trichoderma asperellum* and *Trichoderma atroviride* in Liquid Medium // J. Fungi. 2020. Vol. 6, N 4. P. 263. doi: 10.3390/jof6040263
- Tuomela M., Vikman M., Hatakka A., Itavaara M. Biodegradation of lignin in a compost environment: a review // Biores. Technol. 2000. Vol. 72, N 2. P. 169–183.

The structure of the fungal community during the transformation of organic waste by *Eisenia fetida* worms

A. V. KURAKOV, E. N. BILANENKO

Lomonosov Moscow State University
119991, Moscow, Leninskie Gory, 1
E-mail: kurakov57@mail.ru

Changes in the taxonomic structure of the fungal community during the processing of cow manure with straw using *Eisenia fetida* worms were studied using fundamentally different methods – cultural and metabarcoding (by amplification and high-performance sequencing of ITS2 rDNA). Significantly more fungal taxa have been identified in substrates and vermicompost by application of metabarcoding than by plating method (66 and 33 species, respectively). Single species were identified simultaneously by both methods. The method of metabarcoding revealed OTE of Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota, Chytridiomycota, Glomeromycota, Basidiobolomycota, Rozellomycota, Aphelidiomycota, fungi from Ascomycota, Basidiomycota, Mucoromycota were isolated by culture method. The species richness of the community decreased during the first 10–20 days of substrate processing, then grew and reached maximum values in the vermicompost (60 days). Both methods showed the dominance of ascomycetes at all stages of transformation of substrates by *E. fetida*. Metabarcoding showed the dominance of sordariomycetes of the order Sordariales (48–53 %), mainly *Zopfiella* spp., fungi of the orders Pezizales, Microascales, Hypocreales, Pleosporales, Chaetothyriales, Onygenales, Eurotiales had the representation at the level of several percents. The increase of the portion of Chytridiomycota in the community (from 1.1 to 3.2 %) was observed during vermicomposting. At the same time, the representation of fungi of Mortierellomycota (5.7 to 1.5 %) of genus *Mortierella* and Basidiomycota (from 8 and 21 to 3 %) decreased with an increase in their diversity. Among the basidiomycetes, *Coprinellus marculentus*, *Coprinellus subdisseminatus*, *Coprinus annuloporus*, *Occultifur* sp prevailed. According to the plating method, ascomycetes also prevailed during waste processing and in the vermicompost, but it were other species – *Diplodascus geotrichum*, genera *Penicillium*, *Aspergillus*, *Talaromyces*, *Trichoderma*, *Fusarium*, mucoromycetes of the genus *Mucor* and basidiomycetes – *Filobasidium wieringae*. Fungi capable of decomposition of various polymer compounds in waste, active destructors of lignocellulose have been identified. Coprophiles, keratinophiles, thermophilic and thermotolerant species, representatives of the genera *Trichoderma*, *Penicillium*, capable of determining the suppressive properties of vermicompost to phytopathogens and human pathogens were found. The differences in mycobiota during composting and vermicomposting of various wastes are considered.

Key words: fungal communities, taxonomic structure, species diversity, cultural and molecular genetic methods, seeding and metabarcoding, vermicomposting, waste, manure, straw.