

Martwe drewno jest jednym z najważniejszych czynników przyczyniających się do zachowania różnorodności biologicznej w ekosystemach leśnych, zarówno jako źródło związków odżywczych uwalnianych w procesie dekompozycji, jak i siedlisko życia wielu różnych organizmów, w tym grzybów. Większość wiedzy na temat zbiorowisk grzybów zasiedlających martwe drewno opiera się na obserwacjach owocników, które najczęściej reprezentują tylko część gatunków występujących na danym terenie. Przerwa między kolonizacją podłoża a produkcją owocników może dla niektórych gatunków sięgać dziesięcioleci (Moore i wsp., 2008). Rozwijające się w ostatnich latach techniki metabarkodowania DNA zrewolucjonizowały nasze rozumienie ekologii ukrytej różnorodności grzybów (Nilsson i wsp., 2019), jednak większość badań nad metabarkodowaniem zbiorowisk grzybów skupiała się na analizie prób glebowych lub korzeniowych. Tylko nieliczne prace dotyczyły grzybów zasiedlających martwe drewno. Tymczasem właśnie te grzyby uznawane są często za gatunki wskaźnikowe lasów naturalnych. Tak jest np. w przypadku lasów bukowych, dla których opracowana została europejska lista grzybów wskaźnikowych obejmująca 21 gatunków (Christensen i wsp. 2004). Wiele z nich znajduje również swoje miejsce na Czerwonych Listach. Zastosowanie metody masowego sekwencjonowania może być użytecznym narzędziem służącym do poszukiwania grzybów objętych ochroną czy też ujętych na Czerwonych Listach. Udowodniono to kilkakrotnie w przypadku analizy prób glebowych lub korzeniowych (np. Kujawska i wsp. 2021). Stąd głównym celem niniejszego projektu jest próba zastosowania masowego sekwencjonowania w celu detekcji zagrożonych i rzadkich gatunków grzybów związanych z martwym drewnem bukowym. Bezpośrednią inspiracją były prowadzone w Wolińskim Parku Narodowym badania nad grzybami ektomykoryzowymi, podczas których wielokrotnie obserwowane były owocniki grzybów nadrewnowych ujętych na polskiej Czerwonej Liście.