

ОПРЕДЕЛЕНИЕ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА БАКТЕРИЙ *PSEUDOMONAS* SP. S-1 НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ГЕНОМА

Муратова А.А., Мандрик-Литвинкович М.Н., Валентович Л.Н.

*Институт микробиологии НАН Беларуси, Минск,
anya.muratova.93@mail.ru*

В настоящее время большое внимание уделяется изучению бактерий рода *Pseudomonas*, которые обладают целым рядом механизмов, определяющих их способность ингибировать развитие почвенных фитопатогенов: это, в первую очередь, синтез широкого спектра антимикробных метаболитов, конкуренция за питательные субстраты и поверхность корней, а также индукция защитных систем растений [1].

Знания о структуре и функционировании геномов практически-значимых бактерий рода *Pseudomonas* позволяет, с использованием современных средств аннотации, изучать антагонистический потенциал изучаемых бактерий, определять локализацию генов, отвечающих за синтез первичных и вторичных метаболитов, обладающих антимикробной и ростстимулирующей активностью [2]. Актуальность выбранного направления исследований обусловлена необходимостью создания биопрепаратов нового поколения для стимуляции роста сельскохозяйственных растений на основе бактерий с известной генетической организацией. Молекулярно-генетический и функциональный анализ генома позволяет направленно повышать активность биотехнологически значимых бактерий и обеспечивает создание на их основе биопрепаратов для сельского хозяйства [3].

Целью данной работы являлась оценка биотехнологического потенциала бактерий *Pseudomonas* sp. S-1 на основе анализа полногеномного секвенирования.

Было проведено полногеномное секвенирование штамма *Pseudomonas* sp. S-1 – стимулирующего рост и развитие сельскохозяйственных растений. Данный штамм уже является основой биопрепарата «Экогрин», который применяется для контроля патогенов овощных и зеленных культур в условиях малообъемной гидропоники. Определение последовательности генома бактерий *Pseudomonas* sp. S-1 проводили с использованием двух различных коммерческих технологий: компаний Illumina и Oxford Nanopore. В результате обработки полученных данных была полностью установлена кольцевая последовательность хромосомы размером в 6 575 053 п.н.; плазмид изучаемая бактерия не имеет.

Идентифицированы гены, ответственные за синтез антимикробных соединений (2,4-дифлороглюцинола, пиовердина, циановодорода бактериоцина и сириномицина), фитогормонов (АСС-деаминазы, фитазы); гены, значимые

для колонизации корней (кодирующие необходимые для сокращения пилей белки Pil; белки хемотаксиса Che), рост-стимулирующие факторы (пирролохинолинхинон), гены, ответственные за синтез гидролитических ферментов (α -амилазы, лакказы, глутатионпероксидазы, протеазы, β -глюкозидазы, ксилоглюканазы и др.), а также гены, определяющие синтез веществ, участвующих в деградации лигнина (пероксидазы, деаминазы, диоксигеназы).

Литература

1. Haas D, Défago G. Biological control of soil-borne pathogens by fluorescent *Pseudomonads* // Nat Rev Microbiol. 2005. V. 3. P. 307-319.
2. Ghirardi S. Identification of traits shared by rhizospherecompetent strains of fluorescent *Pseudomonads* / S. Ghirardi [et al.] // Microb Ecol. 2012. V. 64. № 3. P. 725–737.
3. Воронин, А. М. Биологические препараты на основе псевдомонад / А. М. Воронин, В. В. Кочетков // АГРО XXI. 2000. № 1. С. 140-145.