

Сравнительный анализ бактериальной микробиоты ризосферы и ризопланы картофеля**Научный руководитель – Марданова Айслу Миркасымовна***Моисеева О.Э.¹, Лутфуллин М.Т.², Зарипова Д.Л.³*

1 - Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия, *E-mail: oksana.mois2016@yandex.ru*; 2 - Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, Кафедра микробиологии, Казань, Россия, *E-mail: lutfullin.marat2012@yandex.ru*; 3 - Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной медицины и биологии, Кафедра микробиологии, Казань, Россия, *E-mail: dyusha23oks@mail.ru*

Изучение закономерностей формирования микробных сообществ корней сельскохозяйственных растений важно для разработки новых стратегий повышения их урожайности и улучшения качества продукции. Известно, что тип почвы в значительной степени влияет на состав как эндофитных, так и свободноживущих ризосферных микроорганизмов [1]. С другой стороны, сами растения являются сильными модуляторами микробного разнообразия ризосферы и ризопланы, формирование которых зависит от вида и стадии вегетативного развития растений [2].

Целью данной работы был сравнительный анализ бактериальной микробиоты ризосферы и ризопланы картофеля сорта Жуковский ранний на серых лесных почвах.

Материалы и методы. Выделение суммарной ДНК из ризосферы и ризопланы проводили с помощью коммерческих наборов FastDNA® SPIN Kit for Soil согласно протоколу. Подготовку проб и секвенирование проводили на приборе Illumina MiSeq согласно рекомендациям производителя по методу paired-end. Биоинформатический анализ секвенированных нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК проводили с использованием программы QIIME (версия 13_8).

Результаты. В образцах ризосферы и ризопланы картофеля идентифицированы в среднем 6018 и 3982 ОТЕ соответственно, что свидетельствует о более высоком разнообразии бактериального сообщества ризосферы. В обоих компартментах корней доминировали бактерии филумов *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Acidobacteria*, *Gemmatimonadate* и *Firmicutes*. В составе ризосферы и ризопланы доля представителей филума *Proteobacteria* в среднем была 59.1 и 54.5% соответственно. Представленность филы *Bacteroidetes* была выше в ризоплане (34.5%), по сравнению с ризосферой (23.7%). Доли *Actinobacteria* и *Acidobacteria* были выше в ризосфере (11.6% и 1.7% соответственно), в сравнении с ризопланой (7.7% и 0.14%). Доля представителей филы *Firmicutes* в среднем была в два раза выше в ризосфере (0.66%), чем в ризоплане (0.35%). Доля класса *Alphaproteobacteria* была значительно выше в ризосфере (26.79%), по сравнению с ризопланой (9.20%), в то время как доля *Gammaproteobacteria* была выше (32.22%) в ризоплане, по сравнению с ризосферой (13.03%). Было показано увеличение в образцах ризопланы в 3.2 раза доли *Flavobacteria* (24.25%) и, напротив, превышение представленности бактерий класса *Acidobacteria* в ризосфере в 12.2 раза, в сравнении с ризопланой.

Таким образом, установлено, что ризосфера и ризоплана картофеля по качественному составу бактериальной микробиоты похожи, но значительно различаются по представленности отдельных групп бактерий, что может свидетельствовать о более сильном влиянии растения на отбор бактерий в ризоплане.

Источники и литература

- 1) 1. Lakshmanan V., Selvaraj G., Bais H.P. Functional soil microbiome: Belowground solutions to an aboveground problem // *Plant Physiol.* 2014, 166. p. 689-700. 2. Igiehon N. O., Babalola O.O. Rhizosphere Microbiome Modulators: Contributions of Nitrogen Fixing Bacteria towards Sustainable Agriculture // *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2018, 15. p. 1-25.