

Выделение и молекулярно-генетическая идентификация спорообразующих бактерий из почвы

Научный руководитель – Новик Галина Ивановна

Леонович Светлана Игоревна

Выпускник (специалист)

Белорусский государственный университет, Биологический факультет, Кафедра генетики, Минск, Беларусь

E-mail: Mnemozina176@gmail.com

В настоящее время, широкое использование метаболических свойств микроорганизмов имеет место в производстве пищевых продуктов, антибиотиков, инсектицидов, лекарств и других продуктов. Представляется важным поиск новых культур бактерий с полезными для промышленности свойствами. Целью данной работы являлось выделение новых штаммов бактерий из почвы и их молекулярно-генетическая идентификация, с помощью анализа гена 16S рРНК.

В качестве источника выделения микроорганизмов использовались образцы почвы, отобранные на полях аграрных хозяйств. Культивирование выделенных бактерий производилось на мясо-пептонном агаре и питательной среде Эндо, при 28°C в течении 24-48 часов. В результате до отдельных колоний изолированы 25 штаммов бактерий различных таксономических групп. Для подтверждения генетических отличий каждого штаммов проведено молекулярное типирование с праймерами M13 и 1254. Для 13 штаммов выполнен анализ нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК. Видовая принадлежность штаммов устанавливалась при наличии 97-99% гомологии с геном 16S рРНК референтных последовательностей ранее систематизированных видов. Продукты ПЦР видоспецифического фингерпринта состояли из 2-6 фрагментов размерами 250-5000 п.н. и 2-5 фрагментов размерами 200-5000 п.н. соответственно в зависимости от используемого праймера. Для каждого штамма установлено индивидуальное сочетание бендов, что подтвердило их генетические различия. По результатам анализа гена 16S рРНК, в состав выделенной группы бактерий входили преимущественно представители рода *Bacillus*, видов *B. aryabhattai* (98-99% гомологии), *B. weihenstephanensis* (98%) и *B. simplex* (99%). Также были выявлены единичные представители родов *Polaromonas* (*P. jejuensis* (97%)), *Burkholderia* (*B. graminis* (99%)), *Arthrobacter* (*Arthrobacter sp.*(99%)) и *Streptomyces* (*Streptomyces sp.*(98%)).

В дальнейшем, исследования будут направлены на молекулярно-генетическую идентификацию изолятов и изучение биохимических свойств выделенных штаммов, а также атифунгальной активности в отношении фитопатогенных грибов.