

УДК 575.174.015.3

НУКЛЕОТИДНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОВ СИНТЕЗА NOD-ФАКТОРА ШТАММА SINORHIZOBIUM MELILOTI AK555 – ВЫСОКОЭФФЕКТИВНОГО СИМБИОНТА ЛЮЦЕРНЫ**А.С. Саксаганская, В.С. Мунтян, Ю.В. Лактионов, М.Л. Румянцева, Б.В. Симаров***ВНИИСХМ, Санкт-Петербург, Пушкин-8, Россия*

Взаимодействие между клубеньковыми бактериями и бобовыми растениями – это широко изучаемая модель молекулярно-генетического взаимодействия микро- и макросимбионта, при котором ферментативный аппарат ризобий трансформирует атмосферный азот в аммоний. В результате биологического процесса азотфиксации происходит накопление белка, что обуславливает повышение урожайности (ц/га) зеленой массы и семенной продукции бобовых растений. Этот процесс является экологически чистым, низкоэнергос затратным и уменьшает потребность в экзогенных азотных удобрениях.

Sinorhizobium meliloti AK555 – высокоэффективный штамм, выделенный из клубенька дикорастущего растения люцерны вида *Medicago falcata* на северо-западе Казахстана. Этот штамм также формирует высокоэффективный симбиоз с разными сортами растений люцерны *Medicago sativa* подвида *varia* (сорта Агния, Вега 87 и Селена), согласно данным географической сети опытов [1]. В симбиозе со штаммом AK555 средняя сухая масса растений в среднем увеличивалась на 215,6 % по сравнению с контрольными не обработанными штаммом растениями. Установлено также, что штамм AK555 формировал эффективный симбиоз с модельным диплоидным видом люцерны – *M. truncatula* и неэффективный с растениями *M. polymorpha* в модельных микровегетационных опытах. Секвенирование геномов высокоэффективных штаммов является важным этапом для поиска маркеров симбиотической активности клубеньковых бактерий.

Геном штамма AK555 секвенирован с использованием методов высокопроизводительного секвенирования 2-го и 3-го поколения (MiSeq и MinION; [2]). Установлено, что геном AK555 содержит хромосому SMc длиной 3 675 т. п.н., две мегаплазмиды SMA и SMb – 1 328 т. п.н. и 1 658 т. п.н., соответственно, а также две криптические плазмиды SMD и SME, размер которых составляет 31 и 442 т. п.н., соответственно. Последовательность генома *Sinorhizobium meliloti* AK555 депонирована в GenBank (PZMI00000000).

Проведен анализ нуклеотидных последовательностей генов *nodA*, *nodB* и *nodC*, которые локализованы на симбиотической мегаплазмиде и детерминируют синтез основной структуры сигнальной молекулы Nod-фактора, необходимой для взаимодействия с растениями-хозяевами. Размеры нуклеотидных последовательностей генов *nodA*, *nodB* и *nodC* были сходны с размерами последовательностей указанных генов у референс-штамма Rm1021 и составили, соответственно 591, 654 и 1281 п.н. В последовательности гена *nodA* выявлена одна синонимичная нуклеотидная замена, а в последовательности *nodB* – две нуклеотидные замены, также не приводящие к замене аминокислот в последовательности белкового продукта гена. В случае гена *nodC*, кодирующего N-ацетилглюкозаминилтрансферазу, выявлено пять нуклеотидных замен, две из которых являются несинонимичными.

Таким образом, в структуре *nod* генов штамма AK555, детерминирующих синтез основной структуры сигнальной молекулы Nod-фактора, выявлены однонуклеотидные замены, которые в случае *nodA* и *nodB* являлись синонимичными, а в случае *nodC* – несинонимичными.

Данная работа выполнена при поддержке РФФ № 17–16–01095 (секвенирование генома AK555) и РФФИ № 17–04–02011а (анализ структуры симбиотических генов и симбиотических свойств штамма).

ЛИТЕРАТУРА

1. Юрков А.П. и др., 2017, Анализ симбиотической эффективности бактериальных и грибных препаратов на кормовых культурах по данным урожайности семян // Кормопроизв., № 3, сс. 16–21.
2. Muntyan V.S. et al., Draft Genome Sequence of *Sinorhizobium meliloti* AK555 // Microbiol Resour Announc, 2019, 8:e01567–18.