

**METHYLOBACTERIUM DICHLOROMETHANICUM SUBSP. DICHLOROMETHANICUM DM4
КАК СТИМУЛЯТОР РОСТА РАСТЕНИЙ****Н.В. Агафонова***Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрябина РАН, ФИЦ Пушчинский научный центр
биологических исследований РАН, Пушкино, Россия*

Methylobacterium dichloromethanicum subsp. dichloromethanicum DM4 является представителем розовоокрашенных факультативных метилотрофных (РОФМ) бактерий, выделен из осадков промышленных сточных вод, детально изучен как деструктор токсичного растворителя дихлорметана, а ранее проведенный анализ его последовательности генома был посвящен поиску и описанию генов, определяющих его физиологическую адаптацию к метилотрофии. Поскольку многие представители рода *Methylobacterium* являются типичными обитателями филло- и ризосферы растений, в данной работе проведен анализ генома *Mb. dichloromethanicum subsp. dichloromethanicum* DM4 на наличие генетических детерминант, указывающих на его потенциал как фитосимбионта, а также исследовано его влияние на рост растений в условиях *in vitro*.

Согласно аннотации генома в программах BlastKOALA (<https://www.kegg.jp/blastkoala/>) и RAST (<https://rast.nmpdr.org/>) 29.8–40.3 % от общего числа аннотированных белок-кодирующих последовательностей связаны со способностью штамма использовать доступные в среде обитания ресурсы углеводов и аминокислот, участвовать в процессах взаимодействия с окружающей средой (обработка и передача сигналов извне): адгезии, моторике и хемотаксисе, противостоять стрессовым факторам, – все это свидетельствует о высокой адаптивности штамма к условиям окружающей среды.

Известно, что многие РОФМ способны улучшать рост и развитие растений за счет синтеза различных биоактивных соединений. В геноме штамма DM4 обнаружены гены ключевых ферментов синтеза фитогормонов (стимулируют рост, деление клеток растений, улучшают корнеобразование и процессы фотосинтеза): индолилпируватдекарбоксилазы (*ipdC*), обеспечивающей синтез индолил-3-уксусной кислоты посредством индолилпируватного пути, и изопентенилтрансферазы (*miaA*), ответственной за биосинтез цитокининов. Также найден ген D-цистеиндесульфогидразы (*dcyD*), участвующий в формировании ассоциации бактерий с растениями, обладающий фунгицидным действием и участвующий в стимуляции роста растений. Выявлены гены гидролитических ферментов эндоглюканазы, β -глюкозидазы, амилазы, эндо- и аминопептидаз, облегчающих проникновение и колонизацию растения-хозяина за счет гидролиза клеточной стенки растений. Обнаружены гены синтеза каротиноидов (*crtB*, *crtF*, *crtE/I* и *crtC*), обеспечивающие защиту клеток от ультрафиолета; гены, кодирующие ферменты биосинтеза полигидроксibuтирата (*phaAB*, *phaR*, *phaC*), внутриклеточного запасного источника углерода и энергии, расходуемого при неблагоприятных условиях. Вместе с тем, найдены гены ферментов, участвующих в солюбилизации нерастворимых фосфатов, а также кластер генов, вовлеченных в синтез сидерофоров, метаболитов-хелаторов, специфически связывающих ионы Fe^{3+} . И те, и другие участвуют в повышении доступности связанных ионов и обеспечивают преимущество для выживания и развития микроорганизмов, в том числе при колонизации растений. В опытах по инокуляции клетками штамма DM4 стерильных семян салата (*Lactuca sativa* L.) выявлено, что к 14 суткам сырая биомасса ростков и длина корней колонизированных растений превышала показатели контрольных (стерильных) на 18–20 %. При этом показано, что штамм синтезировал индолпроизводные до 12 мкг/мл культуральной жидкости, а при культивировании на среде с $Ca_3(PO_4)_2$ в качестве единственного источника фосфора, концентрация свободных фосфатов достигала 114 мкг/мл, что подтверждало способность штамма к увеличению биодоступности фосфора для себя и растений.

Таким образом, штамм DM4 обладает комплексом генетических детерминант, указывающих на его потенциал как фитосимбионта, перспективен для применения в сельскохозяйственной практике, обеспечивая более высокую урожайность, поскольку синтезирует фитогормоны, обладает фосфатсолюбилизирующей активностью и стимулирует рост растений.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 23-24-00377).