

Микробиомный анализ восстанавливающихся после высыхания растений и ризосферных почв

И.С. Ляпина^{1*}, В.К. Чеботарь², Е.П. Чижевская², И.А. Фесенко

¹ Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Государственный Научный Центр Российской Федерации Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова Российской академии наук (ГНЦ ИБХ РАН), Москва, Россия

² Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии» (ФГБНУ ВНИИСХМ), Санкт-Петербург, Россия

* amadeynemez@gmail.com

Цель: В последние годы такие проблемы как изменения климата, нехватка ресурсов, ухудшение качества почв усложняют ведение сельского хозяйства. Микробные сообщества в ризосфере, филлосфере (листья и надземные части) и эндосфере, включающие бактерии, археи и грибы, способствуют росту и жизнедеятельности растений и могут повышать их устойчивость к патогенам и стрессовым условиям. Несмотря на значительные успехи в изучении структуры микробных сообществ растений с использованием современных методов секвенирования, их функциональная роль в поддержании роста и устойчивости растений при стрессовых условиях пока не изучена в достаточной степени. Исследование состава микробных сообществ растений, устойчивых к стрессовым факторам окружающей среды, таким как засуха, представляет собой важный шаг в разработке синтетических микробных сообществ (SynCom) для повышения продуктивности растений.

Материалы и методы: Состав микробиоты засухоустойчивых и восстанавливающихся после высыхания растений (*Chenopodium album* L., *Alhagi pseudalhagi* (Bieb.) Fisch., *Agropyron desertorum* (Fisch. ex Link) Schult.), собранных в Нефтекумском районе Ставропольского края, была проанализирована методом 16S рРНК секвенирования. Библиотеки 16S рРНК подготавливали с помощью секвенирования фрагмента V4 (515F – 806R). Анализ данных проводили с помощью пакета QIIME2.

Результаты: Был проведен сравнительный анализ микробиомов стеблей, корней и ризосферной почвы засухоустойчивых и восстанавливающихся после высыхания растений, для выявления различий в составе микробиоты. Мы показали, что все образцы из ризосферных почв отличались высоким разнообразием микробных видов. Самим низким разнообразием обладали образцы из стеблей *A. pseudalhagi* и *A. desertorum*. Также наш анализ показал, что, в отличие от ризосферных почв, микробиомы внутри каждого растения значительно отличались друг от друга. В ходе анализа были выявлены ключевые таксоны микроорганизмов, характерные для каждого типа образцов.

Выводы: Мы показали, что среди проанализированных образцов наиболее распространенные виды бактерий относились к типам *Proteobacteria*, *Actinobacteria* и *Bacteroidota* для ризосферных почв и корней, и к типам *Actinobacteria* и *Proteobacteria* для тканей стеблей. Наиболее высокое разнообразие уникальных видов бактерий наблюдалось в образцах ризосферных почв всех изучаемых растений, а наибольшее количество уникальных видов бактерий было обнаружено в образцах *C. album*.

Финансирование: Исследование поддержано Российским научным фондом, грант № 23-66-10013.