

**Разнообразие бактерий в культурах грибов, выделяемых с картофеля и томата****Научный руководитель – Чудинова Елена Михайловна****Платонов Владислав Андреевич**

Аспирант

Российский университет дружбы народов, Аграрный факультет, Москва, Россия

E-mail: vlad97p@rambler.ru

В последнее время появились данные, свидетельствующие об ассоциации бактерий с различными грибными хозяевами. Как показано в статье Робинсона с соавторами [3], более 700 филогенетически различных чистых культур грибов содержали бактерии. Значение присутствия бактерий в мицелии гриба пока неясно. Более полное понимание бактериально-грибных взаимодействий поможет разобраться в развитии патологии растений, разработать новые протоколы защиты растений. Целью настоящей работы является изучение разнообразия бактерий, находящихся в тесной ассоциации с грибами, выделенными с растений картофеля и томата.

В работе использовали штаммы грибов из коллекции чистых культур Агробиотехнологического департамента АТИ РУДН. Видовая принадлежность исследованных штаммов грибов предварительно была определена по культурально-морфологическим данным и подтверждена секвенированием специфичных участков генома. Коллекцию грибов поддерживали на среде с антибиотиком, внешне все исследованные штаммы не имели признаков бактериального загрязнения. Мицелий грибов выращивали на жидкой гороховой среде. Из мицелия грибов выделяли тотальную ДНК как описано в статье [1], после чего ее использовали для ПЦР-реакции по бактериальным праймерам к участку ДНК 16S рибосомной РНК (27с/519г-ТТб) [2]. ПЦР-продукты разделяли с помощью электрофореза в агарозном геле и визуализировали наличие ПЦР-продукта на транс-иллюминаторе. В случае, если была видна 1 четкая полоса на фореже, ПЦР-продукт вырезали из геля, очищали и секвенировали.

Было проанализировано 35 изолятов грибов видов *Alternaria alternata*, *Fusarium oxysporum*, *F. equiseti*, *F. graminearum*, *F. solani*, *Clonostachys solani*, *Plectosphaerella cucumerina*, *Colletotrichum coccodes*. При постановке ПЦР по бактериальным праймерам в 16 штаммах удалось получить единственный ампликон и установить таксономическую принадлежность бактерий. Всего было определено 11 таксономических единиц бактерий: *Achromobacter spanius*, *Acinetobacter baumannii*, *Delftia sp.*, *Klebsiella oxytoca*, *Kosakonia cowanii*, *K. sacchari*, *Pantoea agglomerans*, *Pseudomonas sp.*, *P. fulva*, *P. oryzihabitans*, *Stenotrophomonas maltophilia*. К настоящему времени проанализировано достаточно небольшое количество штаммов, но уже можно заметить, что нет зависимости между видом бактерии и видом гриба. Бактерия *Pantoea agglomerans* встречается как в *F. equiseti* так и в *Plectosphaerella cucumerina*. *Stenotrophomonas maltophilia* была найдена в двух разных видах фузариума. В *F. oxysporum* были обнаружены 7 разных таксономических единиц бактерий, в *F. equiseti* - 6 разных видов бактерий. Нет приуроченности определенного вида бактерий и к растению-хозяину: *Pantoea agglomerans* была обнаружена в штаммах *F. equiseti*, выделенных как с картофеля, так и с томата.

Проведенные исследования показали, что большинство проанализированных штаммов грибов содержат бактерии. При внешнем осмотре колоний и при росте гриба на питательной среде бактерии не проявлялись. Несмотря на неоднократный пересев штаммов на среде с пенициллином, бактериальный компонент продолжал присутствовать в грибах.

Полученные данные указывают на очень тесную ассоциацию гриба и бактерии. Характер таких взаимоотношений мало изучен и требуют проведения дальнейших исследований.

Работа поддержана грантом РФФ № 23-26-00069.

### **Источники и литература**

- 1) Elansky S.N., Chudinova E.M., Elansky A.S., et al. Microorganisms in spent water - miscible metalworking fluids as a resource of strains for their disposal // Journal of Cleaner Production. 2022. Vol. 350: 131438.
- 2) Lane D.J. 16S/23S rRNA sequencing, in: Stackebrandt E., Goodfellow M. (Eds.), Nucleic acid techniques in bacterial systematics. John Wileyand Sons. New York. 1991. PP. 115-175.
- 3) Robinson A.J., House G.L., Morales D.P., et al. Widespread bacterial diversity within the bacteriome of fungi // Communications biology. 2021. Vol. 4: 1168.