

© Коллектив авторов, 2014

УДК 57.065, 579.262, 631.472.74, 582.6/9, 58.051

Е.С. Корсакова¹, А.А. Пьянкова¹, О.Н. Гагарских², А.В. Назаров^{1, 2}

**РИЗОСФЕРНЫЕ БАКТЕРИИ, АССОЦИИРОВАННЫЕ С РАСТЕНИЯМИ
БЕСКИЛЬНИЦЫ РАССТАВЛЕННОЙ (*PUCCINELLIA DISTANS* (JACQ.) PARL.),
ПРОИЗРАСТАЮЩИМИ НА ТЕРРИТОРИИ СОЛЕРАЗРАБОТОК**

¹ Институт экологии и генетики микроорганизмов УрО РАН, Пермь, Россия

² Пермский государственный национальный исследовательский университет,
Пермь, Россия

Цель. Изучить таксономическое разнообразие бактериального сообщества ризосферы растений бескильницы расставленной (*Puccinellia distans* (Jacq.) Parl.) из района промышленных разработок Верхнекамского месторождения солей (г. Соликамск, Пермский край).

Материалы и методы. Для идентификации бактерий использовался анализ нуклеотидных последовательностей гена 16S рРНК.

Результаты. Из ризосферы растений *P. distans* выделены 26 штаммов бактерий, относящиеся к родам *Halomonas*, *Pseudomonas*, *Serratia*, *Enterobacter*, *Bacillus*, *Arthrobacter*, *Rhodococcus*. При этом доминирующими являлись микроорганизмы рода *Pseudomonas*, доля которых составляла 93,8% от общей численности выделенных микроорганизмов.

Заключение. В ризосфере бескильницы расставленной обнаружены бактерии родов *Halomonas*, *Pseudomonas*, *Serratia*, *Enterobacter*, *Bacillus*, *Arthrobacter*, *Rhodococcus*. При этом доминирующими являлись представители рода *Pseudomonas*, доля которых составляла 93,8% от численности выделенных ризосферных микроорганизмов. Полученные данные позволяют предположить наличие тесных симбиотических связей между представителями рода *Pseudomonas* и растениями в условиях засоления. Данные микроорганизмы по нуклеотидной последовательности гена 16S рРНК обнаруживали близкое сходство с морским штаммом *Pseudomonas xanthomarina* КММ 1447^T.

Ключевые слова: засоленные почвы, ризосфера, бактерии, филогенетическое разнообразие, ген 16S рРНК.

Е.С. Korsakova¹, А.А. Pyankova¹, О.Н. Gagarskykh², А.В. Nazarov^{1, 2}

**RHIZOSPHERE BACTERIA ASSOCIATED WITH *PUCCINELLIA DISTANS* (JACQ.)
PARL. GROWING IN THE SALT DEPOSIT AREA**

¹ Institute of Ecology and Genetics of Microorganisms, UrB RAS, Perm, Russia

² Perm State National Research University, Perm, Russia

Objective. The aim of this work was to study the taxonomic diversity of the bacterial community in the rhizosphere of plants *Puccinellia distans* (Jacq.) Parl. from the area of industrial development of Verkhnekamsk salt deposit (Solikamsk, Perm region).

Materials and methods. To identify the bacteria the analysis of nucleotide sequences of 16S rRNA was used.

Results. The 26 strain bacteria of the genera *Halomonas*, *Pseudomonas*, *Serratia*, *Enterobacter*, *Bacillus*, *Arthrobacter*, *Rhodococcus* were allocated in the rhizosphere *P. distans*. At the same time the bacteria of the genus *Pseudomonas* were predominant with their proportion of 93,8% within the isolated rhizosphere microorganisms.

Conclusion. In the rhizosphere *Puccinellia distans* there were found the bacteria of the

genera *Halomonas*, *Pseudomonas*, *Serratia*, *Enterobacter*, *Bacillus*, *Arthrobacter*, *Rhodococcus*. At the same time the bacteria of the genus *Pseudomonas* were predominant with their proportion of 93,8% within the isolated rhizosphere microorganisms, that indicates the presence of close symbiotic relationships between them and plants under the saline conditions. The bacteria showed the closest similarity to the marine strain of *Pseudomonas xanthomarina* KMM 1447^T in the nucleotide sequence of the 16S rRNA gene.

Key words: saline soil, rhizosphere, bacteria, phylogenetic diversity, 16S rRNA gene.