

Zróżnicowanie aktywności metabolicznej szczepów bakterii z rodzaju *Pseudomonas*

KAROLINA GAWRYJOLEK, ANNA GAŁĄZKA, ANNA MARZEC - GRZĄDZIEL

Zakład Mikrobiologii Rolniczej, IUNG-PIB w Puławach, Czartoryskich 8, 24-100 Puławy

WSTĘP

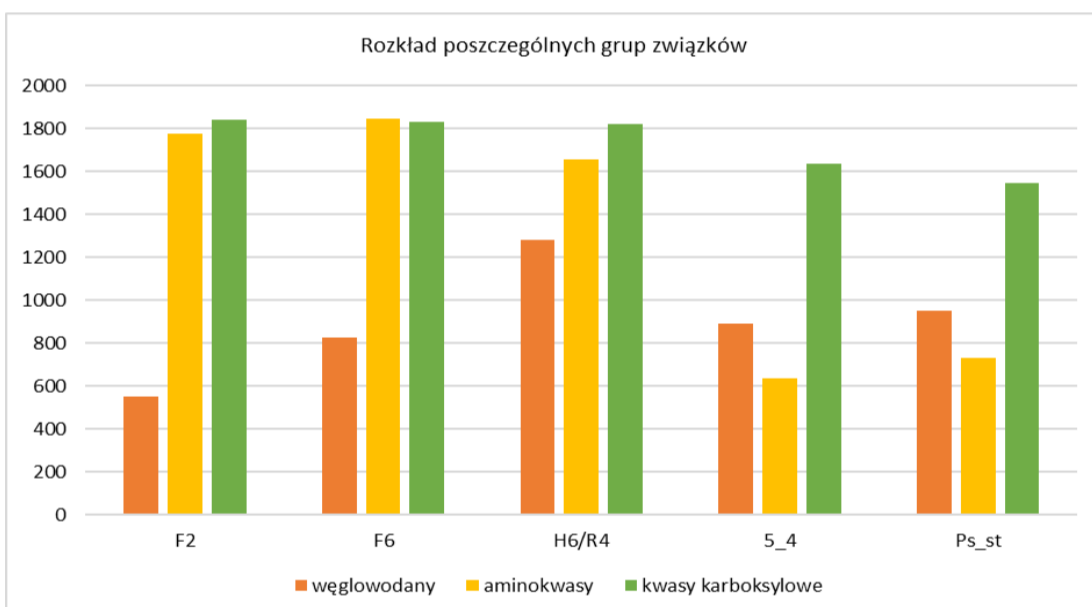
W warunkach naturalnych wzrost roślin wspomagany jest przez mikroorganizmy zasiedlające ryzosferę, poprzez bezpośrednie lub pośrednie oddziaływanie określane jako promowanie wzrostu. Bakterie z rodzaju *Pseudomonas* są powszechnie spotykane w ryzosferze roślin i część gatunków zaliczana jest do grupy PGPR (ang. Plant Growth Promoting Rhizobacteria). Pozytywny wpływ tych bakterii polega na ograniczeniu szkodliwego działania fitopatogenów poprzez syntezę enzymów litycznych, antybiotyków, sideroforów oraz cyjanowodoru.

Celem badań było określenie potencjału metabolicznego szczepów bakterii z rodzaju *Pseudomonas* wyizolowanych z ryzosfery roślin, rosnących w różnych warunkach środowiska.

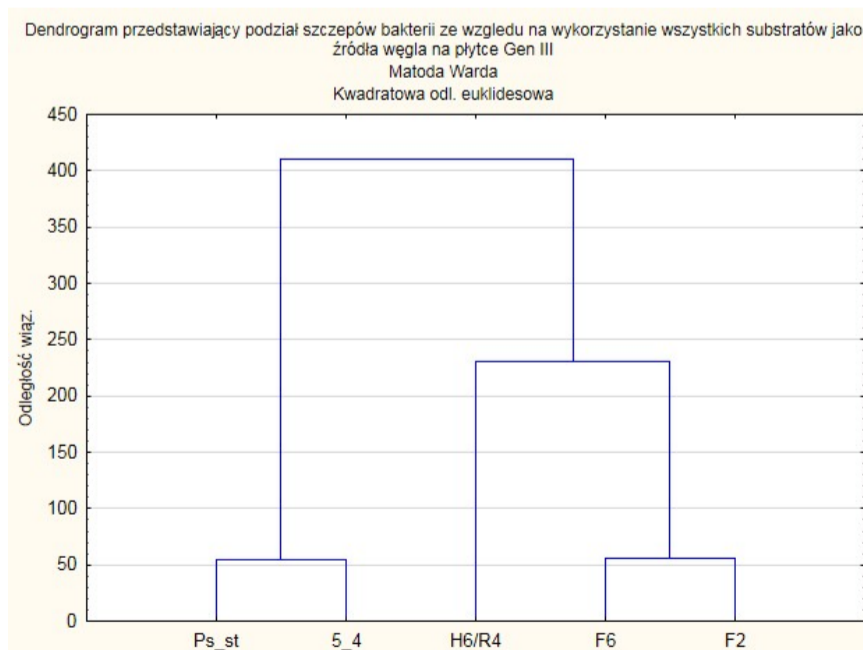
MATERIAŁY I METODY

Do doświadczenia wykorzystano szczepy bakterii z rodzaju *Pseudomonas* pochodzące z kolekcji Zakładu Mikrobiologii Rolniczej IUNG-PIB w Puławach. Identyfikacja szczepów do rodzaju nastąpiła na podstawie sekwencjonowania genu 16S RNA metoda Sangera. Badania potencjału wykonano przy użyciu Systemu Biolog. Zawiesinę bakterii uzyskaną z czystej kolonii bakteryjnej naniesiono na 96 dołkowe płytki Gen III, służące do identyfikacji bakterii tlenowych. Utylizacja podłoża spowodowała wybarwienie substratu, a intensywność wybarwienia była proporcjonalna do zdolności rozkładu związku w danym dołku. Stopień zmętnienia zawiesiny mierzono spektrofotometrycznie w 24 godzinnych odstępach czasu. Na podstawie wyników wykonano mapy cieplne obrazujące zróżnicowanie poszczególnych szczepów w zależności od tempa i intensywności rozkładu poszczególnych związków po 96 godzinach inkubacji.

Ryc.1. Wykres przedstawiający rozkład poszczególnych grup związków przez szczepy bakterii z rodzaju *Pseudomonas* po 96 godzinach inkubacji



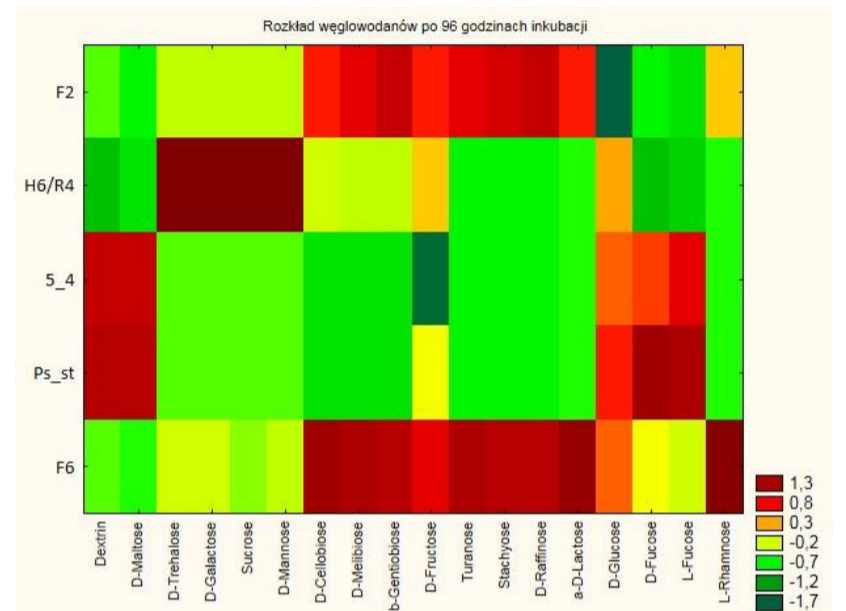
Ryc.5. Dendrogram przedstawiający rozkład poszczególnych grup związków przez szczepy bakterii z rodzaju *Pseudomonas* po 96 godzinach inkubacji



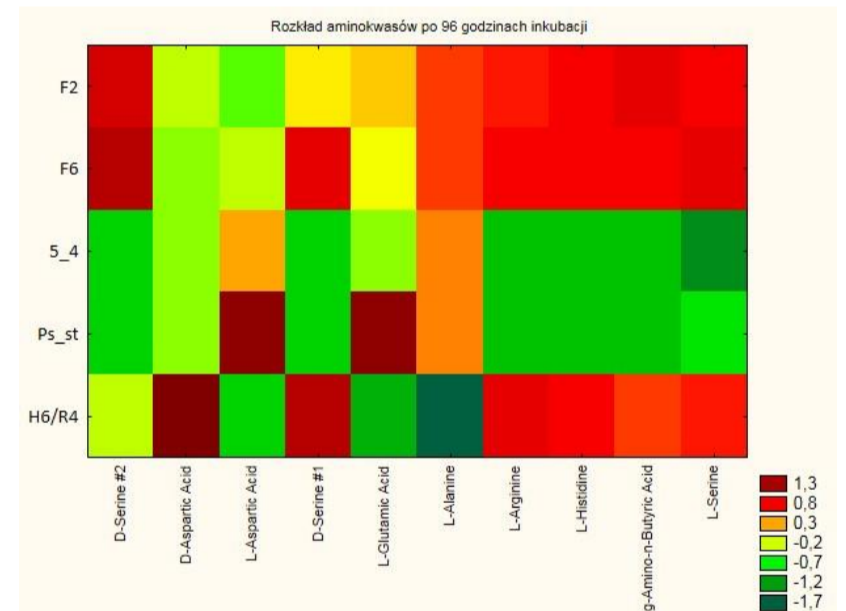
WYNIKI I PODSUMOWANIE

Pomiędzy szczepami bakterii występują różnice metaboliczne pod względem badanych cech mogące świadczyć o zdolnościach adaptacyjnych drobnoustrojów do warunków środowiskowych, w których aktualnie bytują. Na podstawie analizy skupień wydzielono 3 grupy pod względem intensywności rozkładu badanych związków. Szczep Ps.st odznaczał się wyższą aktywnością pod względem rozkładu kwasów karboksylowych w porównaniu do pozostałych badanych szczepów. Szczepy F2 i F6 wykazywały się wyższą aktywnością pod względem rozkładu węglowodanów oraz aminokwasów w porównaniu z pozostałymi szczepami.

Ryc.2. Mapa cieplna obrazująca zróżnicowanie szczepów bakterii z rodzaju *Pseudomonas* w przypadku wykorzystania do wzrostu węglowodanów po 96 godzinach inkubacji



Ryc.3. Mapa cieplna obrazująca zróżnicowanie szczepów bakterii z rodzaju *Pseudomonas* w przypadku wykorzystania do wzrostu aminokwasów po 96 godzinach inkubacji



Ryc.4. Mapa cieplna obrazująca zróżnicowanie szczepów bakterii z rodzaju *Pseudomonas* w przypadku wykorzystania do wzrostu kwasów tłuszczowych po 96 godzinach inkubacji

