

Analiza molekularna genów uczestniczących w adaptacji bakterii *Rhizobium leguminosarum* do niskich temperatur



Monika Janczarek¹, Marta Kozieł¹, Michał Kalita²

¹Katedra Mikrobiologii Przemysłowej i Środowiskowej, ²Katedra Genetyki i Mikrobiologii, Wydział Biologii i Biotechnologii, Uniwersytet Marii Curie-Skłodowskiej w Lublinie, ul. Akademicka 19, 20-033 Lublin, e-mail: monika.janczarek@mail.umcs.pl

Wstęp

Bakterie z rodzaju *Rhizobium* posiadają zdolność nawiązywania symbiozy z roślinami bobowatymi i przekształcania azotu atmosferycznego do form azotu dostępnych dla roślin. Wiele czynników środowiskowych, do których należy, m.in. niska temperatura, ma wpływ na efektywność symbiozy. W adaptacji do stresu niskich temperatur są zaangażowane białka CSP (*cold-shock proteins*).

Metody

Analizę homologii sekwencji genów *csp* pomiędzy analizowanymi szczepami przeprowadzono z wykorzystaniem algorytmu BLAST. Dla genu *cspA* skonstruowano drzewo filogenetyczne za pomocą programu MEGAX.

Cel

Celem badań była analiza molekularna genów *csp* symbiotycznej bakterii *R. leguminosarum*.

Wyniki

Przeprowadzono analizę molekularną genów *csp*, występujących u symbiotycznej bakterii *R. leguminosarum*. W genomie tej bakterii zidentyfikowano pięć genów *csp*, które wykazują podobieństwo sekwencji do genów uczestniczących w adaptacji do stresu zimna u innych bakterii symbiotycznych. Geny *csp* kodują białka o niskiej masie cząsteczkowej (~10 kDa). Analiza molekularna tych genów wykazała bardzo duże podobieństwo ich sekwencji nukleotydowych (od 95% do 100%). Spośród nich, gen *cspA* koduje główne białko ryzobiołów, które uczestniczy w adaptacji do niskiej temperatury (Rys. 1, tabela 1).

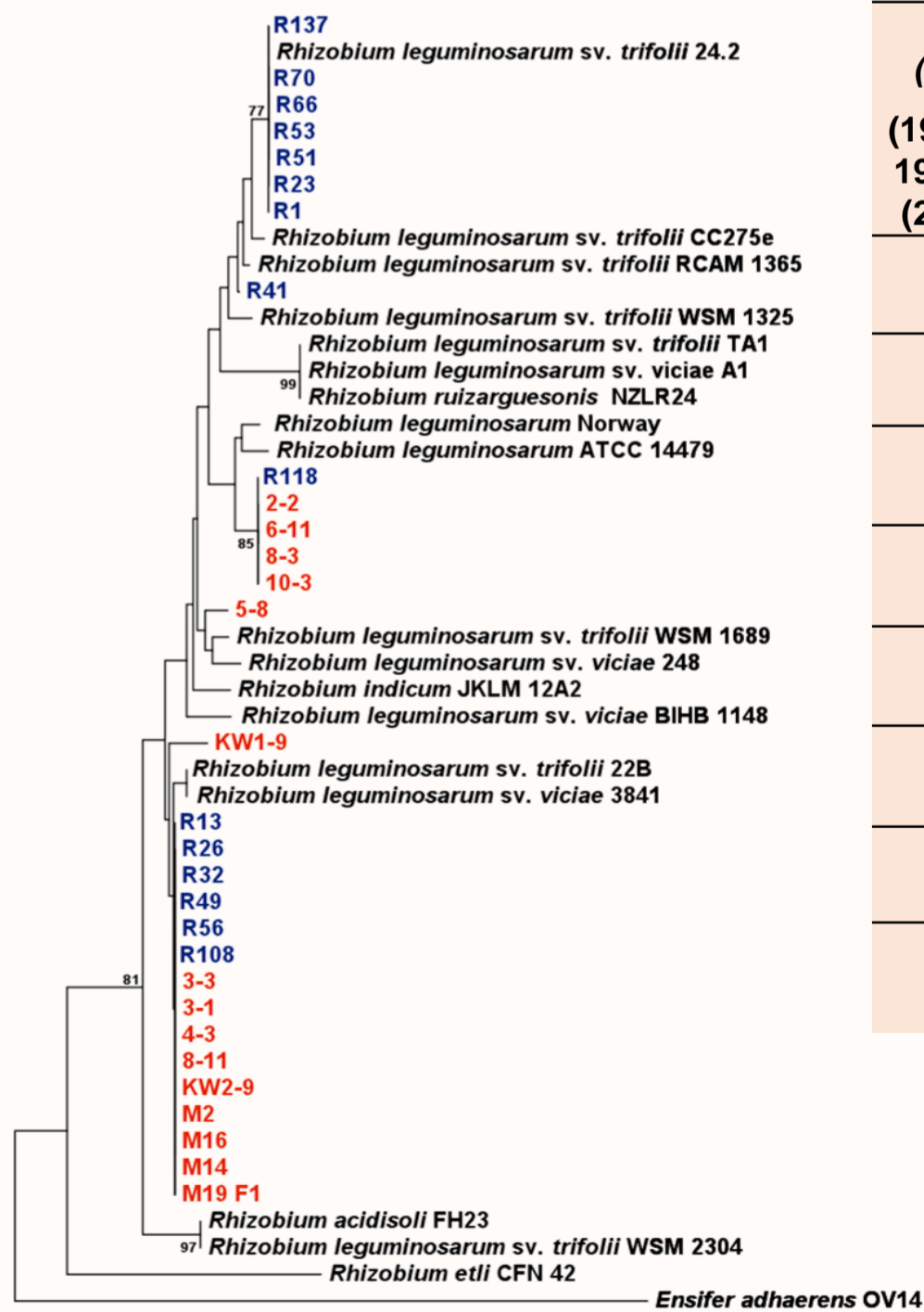
Tabela 1. Podobieństwo sekwencji nukleotydowych (% identyczności sekwencji) genów *csp* szczepów należących do *R. leguminosarum*

<i>Rhizobium leguminosarum</i> bv. trifolii 4B					
<i>csp1</i> (<i>cspA</i>) (1952218- 1952427) (210 nt)	<i>csp2</i> (92650270 -2650465) (196 nt)	<i>csp3</i> (795230- 2795415) (186 nt)	<i>csp4</i> (428766 - 428829) (64 nt)	<i>csp5</i> (1186146- 1186199) (54 nt)	Homologia do szczepów <i>R.</i> <i>leguminosarum</i>
100	99	100	100	100	Rt24.2
99	99	100	100	100	ATCC1447911
97	99	96	98	100	WSM1689
97	99	99	100	98	TA1
97	99	nd	98	98	Rlv248
97	99	99	nd	100	WSM1325
97	99	97	nd	98	Rlv3841
96	98	95	98	98	WSM2304

Wnioski

Wyniki przeprowadzonych analiz wskazują, że bakterie symbiotyczne należące do gatunku *R. leguminosarum* mają bardzo dobrze rozwiniętą sieć regulatorową, która zapewnia im bardzo efektywne przystosowanie do stresu zimna.

Badania były prowadzone w ramach projektu NCN OPUS (nr 2018/31/B/NZ9/00663)



Rys.1. Drzewo filogenetyczne NJ skonstruowane w oparciu o sekwencje *cspA* mikroorganizmów *T. pratense* pochodzących z klimatu subpolarnego (kolor niebieski) i umiarkowanego (kolor czerwony) oraz szczepów referencyjnych (kolor czarny). Drzewo skonstruowane przy użyciu metody Neighbor-Joining (wartości w węzłach prezentują współczynnik poparcia).