

солей. Пробы ризосферной почвы отбирали во время вегетации растений – в середине июня и в период цветения – в середине июля.

Отмечено увеличение засоленности почвы исследованного участка (в период с июня по июль), связанное со снижением вымывания солей и их накоплением в почве в летний период. Так, содержание ионов натрия в почве возрастает в 4,2 раза с 119 мг/100 г в июне до 496 мг/100 г в июле. Указанные особенности техногенного засоления почвы изученного участка определяют специфичность ризосферного бактериального сообщества растений.

Обычно, на стадии цветения растений общая численность культивируемых ризосферных микроорганизмов и их разнообразие достигает максимального значения. В нашем исследовании не выявлено значительного повышения численности выделенных бактерий во время цветения растений. В июне, во время вегетации растений, общая численность бактерий в ризосфере составляла $1,6 \times 10^7$ кл/г, в июле в период цветения – $2,0 \times 10^7$ кл/г.

Известно, что типичными ризосферными бактериями являются представители рода *Pseudomonas*. Из ризосферы растений мари красной в июне выделены бактерии, принадлежащие родам: *Halomonas*, *Marinobacter*, *Microbacterium*, *Bacillus*, *Planomicrobium*, *Salagentibacter*. В ризосфере растений в июльский период происходит снижение таксономического разнообразия бактерий, выявлены бактерии, относящиеся к родам: *Halomonas*, *Photobacterium*, *Bacillus*. Наибольшую численность в обоих случаях имели представители рода *Halomonas*, их доля в ризосфере в июне составляла 35%, в июле – 45%. При этом индекс Шеннона для бактериальных сообществ ризосферы растений мари красной в июне и июле составлял 2,684 и 2,366, соответственно.

Таким образом, установлено, что техногенное засоление почвы в окрестностях г. Соликамска оказывает существенное влияние на бактериальное сообщество ризосферы растений вида марь красная (*Chenopodium rubrum* L.). Обнаружено преобладание в ризосферном сообществе бактерий рода *Halomonas*. Полученные данные позволяют предположить наличие тесных симбиотических связей между видами рода *Halomonas* и растениями в условиях засоления.

Работа поддержана грантом РФФИ-Урал №13-04-96048 p_урал_a и грантом CRDF Global – УрО РАН (Грант. согл. № RUB2-7100-PE-13).

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОВ ДИОКСИГЕНАЗ БАКТЕРИЙ-ДЕСТРУКТОРОВ ХЛОРФЕНОКСИУКСУСНЫХ КИСЛОТ

Сагитова А.И.¹, Стариков С.Н.¹, Гафаров Р.Ф.¹, Гаврильченко А.Г.²,
Егозарьян Н.С.², Стамбулиди А.А.², Гимранов Э.Р.², Камалов А.М.²

¹ФГБУН Институт биологии УНЦ РАН, ²ФГБОУ ВПО Башкирский государственный педагогический университет им. М. Акмуллы, Уфа, Россия

a_sagitova@mail.ru

В настоящее время все большее внимание привлекает изучение микроорганизмов, способных утилизировать синтетические загрязнители ароматического ряда, постоянно поступающие в окружающую среду со стоками и отходами производства пестицидов, лекарств, лаков и красителей.

Существенную роль в контроле над процессами деградации молекул ксенобиотиков играют, так называемые, гены первичной атаки, детерминирующие преобразование чужеродных соединений в формы, доступные для воздействия периферических ферментов. В частности, *tfdA*-гены, кодирующие α -кето-глутарат-зависимую 2,4-Д-диоксигеназу, детерминирующую преобразование хлорфеноксиуксусной кислоты в 2,4-дихлорфенол и сукцинат.

Цель настоящей работы – провести сравнительный ПЦР-анализ *tfdAa*-генов природных бактерий-деструкторов хлорфеноксиуксусных кислот.

В качестве объектов исследования использовались изоляты природных бактерий, выделенные из образцов почв и грунтов Уфимского промузла РБ. При получении препаратов бактериальной ДНК применяли методику, основанную на модифицированном методе щелочного выделения Бирнбойма-Доли и Wizard-технологии фирмы Promega. Амплификацию ДНК осуществляли в термоциклере Applied Biosystem Thermal Cycler. Секвенирование ПЦР-