

A. V. Gulay

Ukrainian National Academy of Science, Institute of Agroecology and Environmental Sciences, Kyiv

ECOLOGICAL RELATIONS BETWEEN PATHOGENIC BACTERIA AND REPRESENTATIVES GENUS *POTAMOGETON*

Being a part of freshwater ecosystems, bacteria *E. rhusiopathiae* build complex ecological relationships with different species of alive organisms, as well as with numerous species of plants. As a result of these interactions population density of *E. rhusiopathiae*, as well as some abilities of these bacteria can undergo changes. Taking into account the fact that the agent penetrates into a human body from ground and water, ecological factors that influence bacteria *E. rhusiopathiae* existence in the environmental domains become of prior epidemic and epizootic importance.

Freshwater plants' discharges are able to influence widely on the life being of animals and microorganisms. Special interest is given to the question of freshwater plants' influence on the populations of pathogenic bacteria in fresh water basins.

The object of investigation constituted the influence of vital plants' discharges of *Potamogeton crispus* and *Potamogeton pectinatus* on the pathogenic bacteria population density. Under the influence of plants' discharges in concentration 1:10 and 1:100 the bacteria population density has changed considerably. The discharges of *P. crispus* stimulated bacteria's reproduction in quantity, because their density in the experimental samples was 2,8-3 times bigger than in the control samples. Vital discharges of *P. pectinatus* in experimental samples caused the decline in the bacteria population density of *E. rhusiopathiae*.

Vital plants' discharges in more considerable concentrations like 1:1000 and 1:10 000 haven't caused any sound influence on the bacteria populations of *E. rhusiopathiae*.

Under natural conditions a topical type of biocoenotic relations is being formed between plants and bacteria.

Keywords: Potamogeton crispus, Potamogeton pectinatus, vital plants' discharges, topical biocoenotic relations

Рекомендує до друку

Надійшла 17.04.2013

Н.М. Дробик

УДК 368.51: 632.35

Л.А. ДАНКЕВИЧ¹, О.М. ЗАХАРОВА², В.П. ПАТИКА¹, М.Д. МЕЛЬНИЧУК²

¹Інститут мікробіології і вірусології ім. Д.К. Заболотного НАН України
вул. Академіка Заболотного, 154, Київ ГСП, Д 03608, Україна

²Національний університет біоресурсів і природокористування України
вул. Героїв Оборони, 15, Київ, 03041, Україна

ГЕНЕТИЧНЕ ПРОФІЛЮВАННЯ БАКТЕРІЙ РОДУ *PSEUDOMONAS*, ЩО УРАЖУЮТЬ РІПАК, ЗА ДОПОМОГОЮ REP-ПЛР

Проведено порівняльний аналіз REP, ERIC та BOX - профілів 11 виділених нами та 5 колекційних, типових штамів бактерій роду *Pseudomonas*, що уражують ріпак. Виявлено гетерогенність геному штамів *Pseudomonas* sp. за всіма трьома типами генетичних профілів. Показано, що 66% ізольованих штамів *Pseudomonas* sp. належать до виду *P. marginalis*.

Ключові слова: патогенні для ріпаку бактерії роду Pseudomonas, REP –ПЛР, REP, ERIC та BOX- генетичні профілі

Рід *Pseudomonas* об'єднує убіквітарні бактеріальні види особливості метаболізму яких дозволяють займати їм різноманітні екологічні ніші. Зокрема, штами окремих видів цього роду патогенні для людини, тварин, комах та рослин [4, 6, 7]. Саме тому, вчасна та коректна їх ідентифікація та

діагностика є актуальними. Різні таксономічні критерії, що використовують для ідентифікації представників роду *Pseudomonas*, зазнали значних змін за час прогресу у систематиці бактерій в цілому [1, 4, 5, 7]. Нині основними таксономічними ознаками виду є спорідненість штамів за даними ДНК-ДНК гібридизації, сиквенування нуклеотидних послідовностей гену 16S рРНК та різницею температури плавлення ДНК [4, 5, 7]. Найбільш часто для визначення родової, а в багатьох випадках і видової приналежності бактеріальних штамів використовується саме порівняльний аналіз послідовностей гену 16S рРНК [7]. Але, у випадку близької спорідненості видів, а також значної внутрішньовидової варіабельності послідовностей даного гену визначення видової приналежності мікроорганізмів неможливе без проведення додаткових досліджень. У таких випадках для видової ідентифікації може виявитися ефективним використання методів так званого «фінгерпринтування геному», до яких належить AP/RAPD-ПЛР (метод довільно ампліфікованої поліморфної ДНК) та REP-ПЛР (метод ампліфікування ДНК елементів, що повторюються) а також AFLP- ПЛР (метод ампліфікування фрагментів поліморфної ДНК різної довжини), оскільки вони дозволяють оцінити ступінь гомології геномів без проведення трудомісткої та вартісної ДНК-ДНК гібридизації. Найчастіше вибір дослідників припадає саме на AP/RAPD-ПЛР або REP-ПЛР, оскільки ці методи дозволяють встановити генетичну варіабельність цілого геному, ефективні при ідентифікації бактерій на рівні виду, підвиду або штаму та не потребують, додатково, проведення рекструкційного аналізу, як у випадку AFLP-ПЛР [5].

REP-ПЛР (Repetitive DNA PCR-based genomic fingerprinting) — базується на тому, що прокаріотичний геном містить три класи коротких послідовностей, що повторюються: REP — високо консервативні інвертовані повтори, які розташовані у міжгенних ділянках хромосом та не транскрибуються; ERIC — внутрішньогенні інвертовані повтори, вперше виявлені у ентеробактерій, і так звані BOX елементи. Висока консервативність цих повторів дозволила створити комплементарні до них праймери, що ампліфікують ділянки бактеріального геному, розташовані між двома REP або двома ERIC елементами [5, 9]. Як наслідок цієї реакції утворюється специфічний для конкретного мікроорганізму набір фрагментів розміром від 200 до 6 тис. п.н. На думку багатьох дослідників даний метод є більш ефективним саме у випадку точних таксономічних досліджень оскільки, на відміну від інших методів фінгерпринтування геному, зокрема AP/RAPD-ПЛР, дозволяє отримати три (REP, ERIC, BOX) незалежні генетичні профілі одночасно. Цей метод інтенсивно використовується як для досліджень у галузі систематики, так і екології мікроорганізмів та порівняно з іншими молекулярно-генетичними методами (наприклад PFGE (Pulsed-field gel electrophoresis) та MLST (multilocus sequence typing)), що використовуються у філогенії та діагностиці бактерій, є більш ефективним [9, 13].

Відомо, що ріпак є ціною технічною культурою у багатьох країнах, у тому числі і в Україні. Але, незважаючи на свою цінність для народного господарства, збудники бактеріальних хвороб цієї культури вивчені недостатньо [6]. У попередніх дослідженнях нами показано, що приблизно 60 % збудників бактеріальних хвороб ріпаку, ізольованих нами у 2010-2012 рр., належать до роду *Pseudomonas* [3]. Зокрема, встановлено, що за комплексом фенотипових ознак ураження цієї культури спричиняють представники видів *Pseudomonas fluorescens* та *Pseudomonas marginalis* [2, 3]. У зв'язку з близькою спорідненістю цих видів остаточно провести коректну ідентифікацію збудників бактеріальних хвороб на рівні виду нам не вдалося [2].

Зважаючи на зазначене вище, метою наших досліджень була оцінка ступеня гомології геномів бактерій роду *Pseudomonas*, що уражують ріпак, за допомогою REP-ПЛР аналізу.

Матеріал і методи досліджень

Об'єктами досліджень були 11 виділених нами з уражених рослин ріпаку та попередньо ідентифікованих за комплексом ознак фенотипу бактерій роду *Pseudomonas*. У дослідженнях також використовували наступні колекційні та типові штами фітопатогенних бактерій: *Pseudomonas fluorescens* B-17^T, *Pseudomonas fluorescens* 8573, *Pseudomonas marginalis* pv. *marginalis* 9175, *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* B-1027^T, *Pectobacterium carotovorum* subs. *carotovorum* B-1075^T. Виділення та очищення хромосомної ДНК проводили за загальноприйнятими методиками з використанням набору реактивів «ДНК-сорб-В». Концентрацію ДНК визначали спектрофотометрично за допомогою спектрофотометру BioPhotometr. У роботі використали наступні універсальні праймери: REP 1R -5'-

IIIICGICGICATCIGGC-3', REP 21 -5'-ICGICTTATCIGGCCTAC-3'; ERIC 1R -5'-ATGTAAGCTCCTGGATTAC-3', ERIC 2 -5'-AAGTAAGTGAAGTGGGGTGAGCG-3; BOX A1R -5'-CTACGGCAAGGCGACGCTGACG-3'. Ампліфікування проводили у реакційній суміші об'ємом 20 мкл, що містила: 3 мкл геномної ДНК у 2 мкл реакційного буферу без іонів Mg²⁺, 2 мкл MgCl₂, 2 мкл дезоксинуклеотидтрифосфатів, по 2 мкл кожного із праймерів, 7 мкл H₂O та 0,2 мкл (5U) Таq-ДНК полімерази. Умови проведення ампліфікування були наступними: додаткова денатурація ДНК – 96⁰C/6 хв. та основна денатурація ДНК – 94⁰C/ 1хв. (однакова для всіх видів REP– ПЛР); відпалювання – 44⁰C/1хв. (REP– ПЛР з REP праймерами), 52⁰C/1хв. (REP– ПЛР з ERIC праймерами) та 53⁰C/1 хв. (REP– ПЛР з BOX праймерами); елонгацію – 72⁰C/2хв. та заключний синтез –65⁰C/8хв. (однакова для всіх видів REP– ПЛР). Ампліфікування проводили з використанням термоциклеру фірми Applied Biosystem. Продукти реакції розподіляли електрофоретично з використанням 1,5% агарозного гелю, ТБЕ буферу протягом 4 годин за напруженості електричного поля 1,5 В/см. Одержані агарозні гелі візуалізували за допомогою гель-док станції Universal Hood II. Спорідненість одержані REP, ERIC та BOX профілів порівнювали візуально та за допомогою комп'ютерної програми DENDRO UPGMA, яка базується на використанні не вагового попарно-групового методу з використанням середніх значень (unweighted pair group method with averages, UPGMA).

Результати досліджень та їх обговорення

Як видно з рисунку 1, у REP-профілях як досліджених, так і колекційних штамів виявлено 25 продуктів реакції з різним діапазоном молекулярних мас.

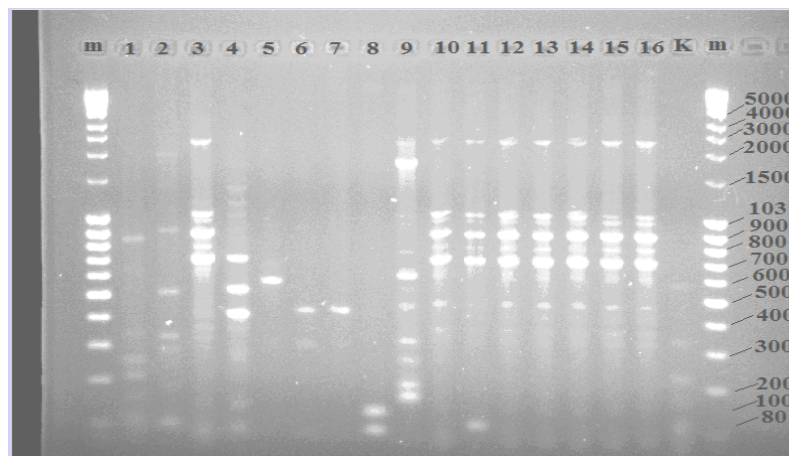


Рис. 1. Електрофоретичний розподіл продуктів ПЛР реакції з використанням REP-праймерів у 1,5% агарозному гелі: m – маркери молекулярних мас; 1 - *P. fluorescens* 8573; 2 - *P. syringae* pv. *syringae* B-1027^T; 3 - *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175; 4 - *P. fluorescens* B-17^T; 5 - *P. carotovorum* sp. *carotovorum* B-1075^T; 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16 – виділені штами *Pseudomonas* sp 2O, 3A, 2a, 4a, 6a, 7a, 5*, 7*, 8*, 9*, 14*, NC – негативний контроль

Так, вісім із одинадцяти виділених нами штамів представників роду *Pseudomonas*, збудників захворювань ріпаку, виявили високий ступінь спорідненості саме з типовим штамом *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175 (рис. 2). Зокрема у REP-профілі геному *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175 виявлено дев'ять ДНК-фрагментів з молекулярною масою від 390 до 2500 н.п., а у восьми виділених нами штамів – лише сім ДНК-фрагментів з молекулярною масою від 380 до 2500 н.п. (рис. 1).

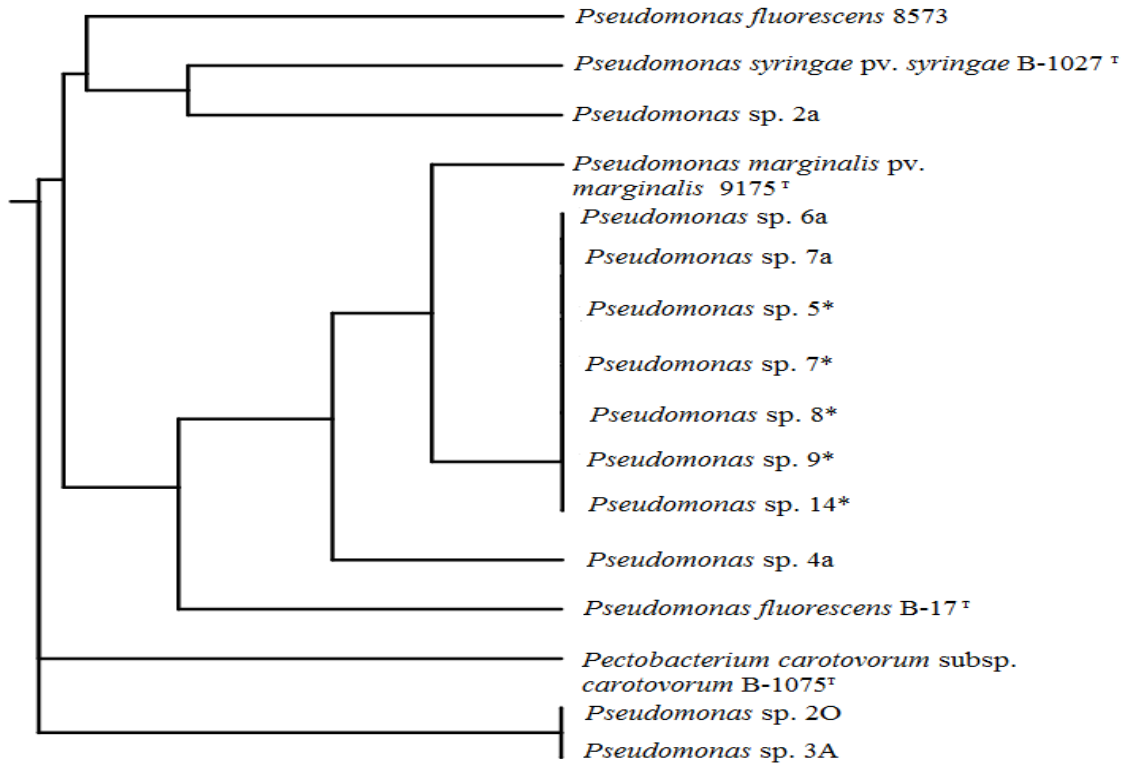


Рис. 2. Дендрограма спорідненості патогенних для ріпаку бактерій роду *Pseudomonas*, побудована з використанням UPGMA методу (REP–ПЛР з REP праймерами)

Причому, переважна більшість (5-6) із виявлених у штамів sp.4a, 6a, 7a, 5*, 7*, 8*, 9*, 14 продуктів реакції є спільними з ампліфікатами, виявленими у штаму *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175, що вказує на близьку спорідненість цих штамів (рис. 1, 2). Натомість, у REP-фінгепринтах геному згаданих вище восьми штамів не виявлено жодного спільного продукту реакції з типовими штамми *P. syringae* pv. *syringae* B-1027^T, *P. fluorescens* 8573, та *P. carotovorum* subsp. *carotovorum* B-1075^T і лише три спільних продукти реакції – з *P. fluorescens* B-17^T, що підтверджує їх віддаленість (рис. 1). Крім того, решта із виділених штамів *Pseudomonas* sp. 2O, 3A, 2a та 4a не виявили суттєвої спорідненості з усіма включеними у дослідження колекційними та типовими штамми бактерій роду *Pseudomonas*, що уражують ріпак (рис. 2). Зокрема, при ампліфікуванні штамів *Pseudomonas* sp. 2O та 3A з REP-праймерами продукти реакції взагалі не утворювалися (можливо, внаслідок технічної похибки при постановці реакції). У REP-профілях штаму *Pseudomonas* sp. 2a виявлено лише один спільний зі штамом *P. syringae* pv. *syringae* B-1027^T продукт реакції, що не достатньо для ідентифікації цих штамів (рис. 1).

У ВОХ-профілях колекційних та виділених нами штамів виявлено 17 фрагментів з молекулярною масою від 230 до 1100 н.п. У складі ВОХ-фінгепринтів типового штаму *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175 виявлено вісім ДНК-фрагментів з молекулярною вагою від 230 до 970 н.п., а у штамів *Pseudomonas* sp. 6a, 7a, 5*, 7*, 8*, 9*, 14 – сім ДНК-фрагментів з молекулярною вагою від 230 до 810 н.п (рис. 3).

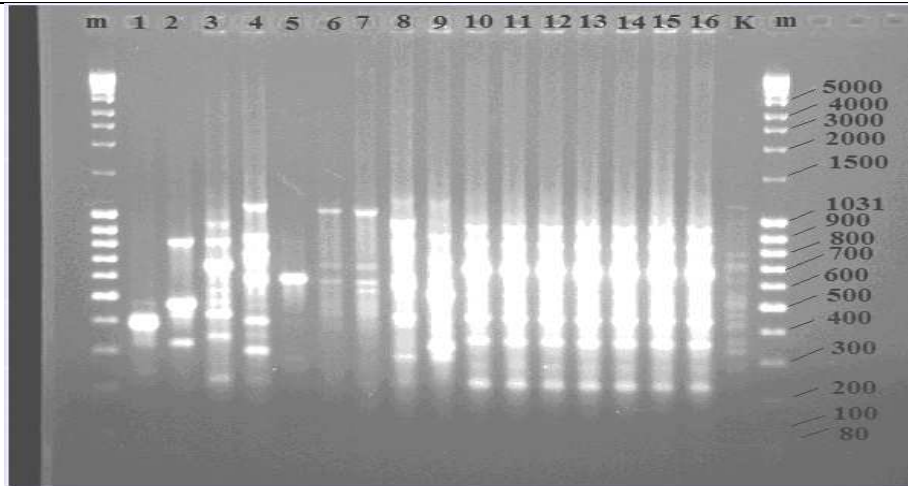


Рис. 3. Електрофоретичний розподіл продуктів ПЛР реакції з використанням ВОХ-праймеру у 1,5% агарозному гелі: див. підписи під рис.1.

Як видно з рис. 3, сім із одинадцяти виділених нами штамів *Pseudomonas* sp., що уражують ріпак, споріднені з типовим штамом *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175 за шістьма продуктами реакції. Слід відмітити, що ці штами мають три спільні продукти реакції з типовим штамом *P. syringae* pv. *syringae* B-1027^T та жодного – з колекційними і типовими штамми *P. fluorescens* 8573, *P. carotovorum* subs. *carotovorum* B-1075^T, *P. fluorescens* B-17^T, що підтверджує відсутність спорідненості виділених нами штамів з типовими представниками згаданих видів (рис. 4).

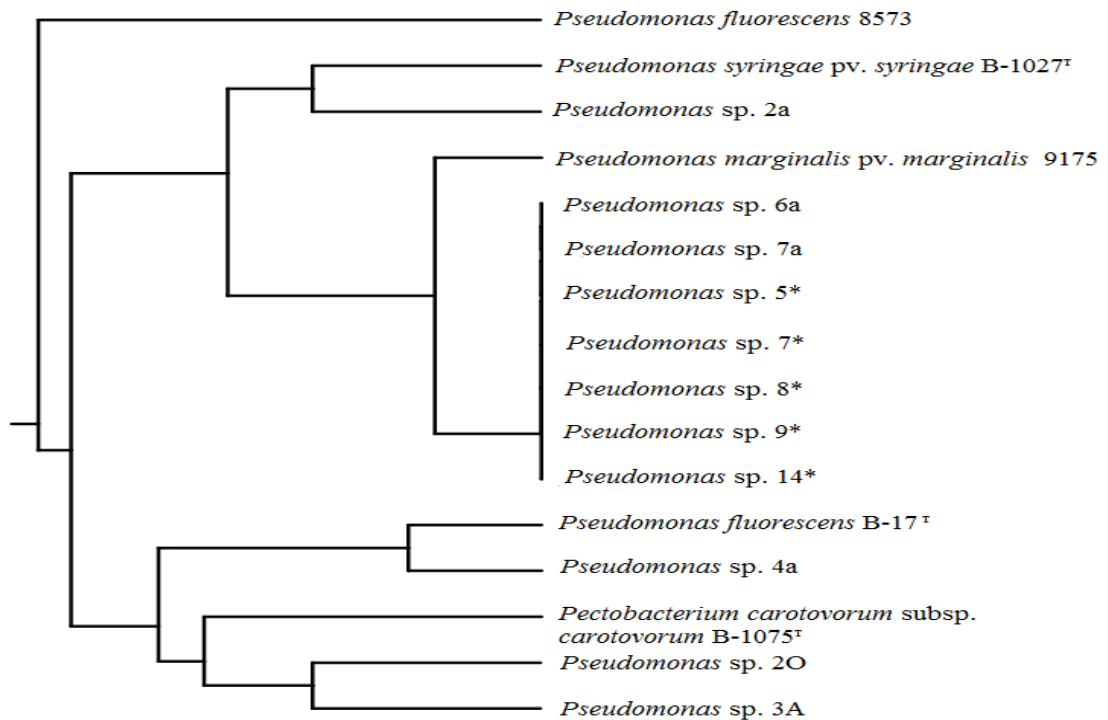


Рис. 4. Дендрограма спорідненості патогенних для ріпаку бактерій роду *Pseudomonas*, побудована з використанням UPGMA методу (REP– ПЛР з ВОХ праймерами)

Крім того, у ВОХ-профілях типового штаму *P. fluorescens* B-17^T виявлено сім ДНК-фрагментів з молекулярною масою від 300 до 1110 н.п., а у штаму *Pseudomonas* sp. 4a – вісім аналогічних ДНК-фрагментів з молекулярною масою від 300 до 850 н.п.. Причому п'ять із них є спільними для згаданих вище штамів, що може свідчити на користь їх ймовірної спорідненості. Натомість, штаму *Pseudomonas* sp. 4a має лише два спільні ДНК фрагменти з типовим штамом *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175 та по одному спільному ДНК-фрагменту з рештою колекційних та

типових штамів. Натомість, виділені нами штам *Pseudomonas* sp. 2O, 3A та 2a не виявляють високого ступеня спорідненості з жодним із включених у роботу типових та колекційних штамів, що значно ускладнює визначення їх таксономічного статусу (рис.3,4).

У ERIC-профілях як колекційних, так і ізолюваних нами штамів досліджуваних бактерій роду *Pseudomonas* виявлено 27 продуктів реакції з молекулярною масою від 80 до 1600 н.п. Як видно з рис. 5, у складі ERIC- фінгепринтів геному типового штам *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175 дев'ять ДНК - фрагментів з молекулярною вагою від 100 до 1600 н.п, а у складі аналогічних фінгепринтів виділених нами штамів *Pseudomonas* sp. 6a, 7a, 5*, 7*, 8*, 9*, 14 – вісім ДНК – фрагментів, сім з яких є спільними зі згаданим вище штамом (рис.5).

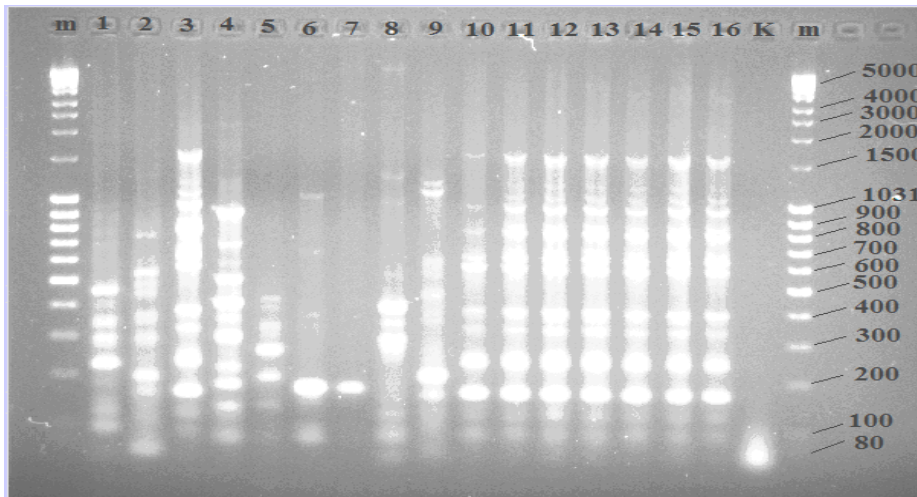


Рис. 5. Електрофоретичний розподіл продуктів ПЛР реакції з використанням ERIC-праймерів у 1,5% агарозному гелі: див. підписи під рис. 1.

Цей факт вказує на близьку філогенетичну спорідненість ізолюваних штамів *Pseudomonas* sp. 6a, 7a, 5*, 7*, 8*, 9*, 14 саме з типовим штамом *P. marginalis* pv. *marginalis* 9175 (рис. 6).

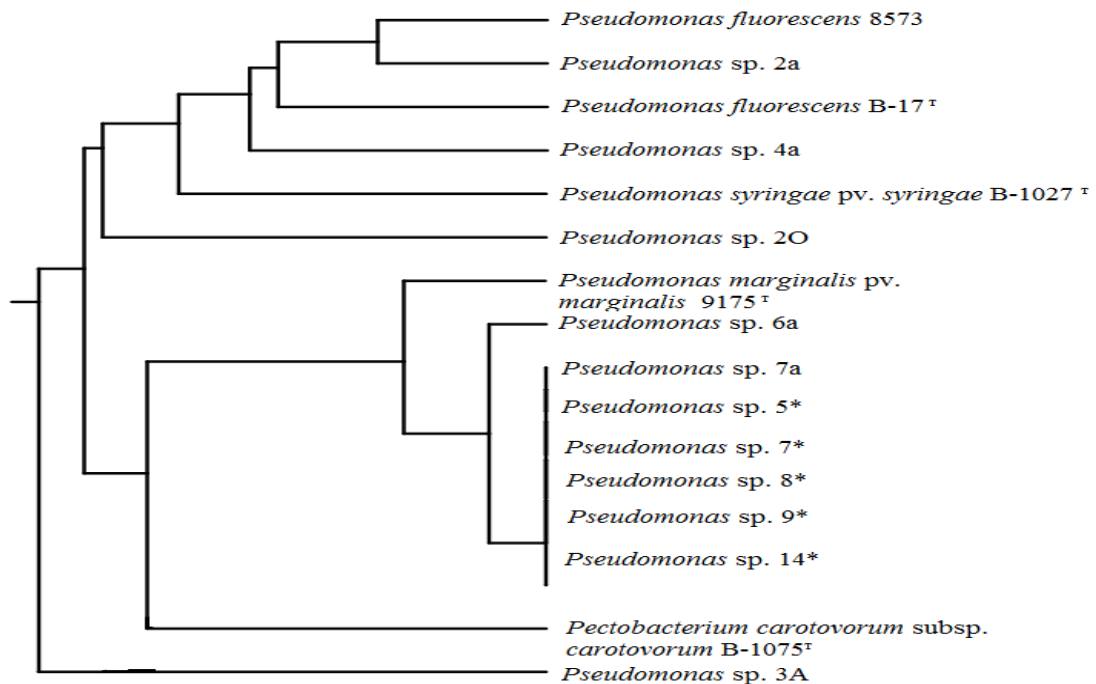


Рис. 6. Дендрограма спорідненості патогенних для ріпаку бактерій роду *Pseudomonas*, побудована з використанням UPGMA методу (REP– ПЛР з ERIC праймерами)

Відмічено також, що згадані вище штами *Pseudomonas* sp. не мають спільних продуктів реакції з *P. syringae* pv. *syringae* B-1027^T та від одного-двох спільних продуктів реакції з *P. fluorescens* 8573, *P. carotovorum* subs. *carotovorum* B-1075^T, *P. fluorescens* B-17^T. Як видно з рис. 5, у ERIC-профілях виділеного нами штаму *Pseudomonas* sp. 3A не виявлено жодного продукту реакції, що можливо є результатом невдалої постановки реакції. Натомість у ERIC-фінгепринтах штамів *Pseudomonas* sp. 4a, 2a та типового штаму *P. fluorescens* B-17^T виявлено по чотири спільні ДНК-ампліфікони. Крім того, штами *Pseudomonas* sp. 4a, 2a та 2O мають один два гомологічні з рештою досліджених типових та колекційних штамів ПЛР продукти, що ускладнює визначення їх таксономічного статусу (рис. 5, 6).

Висновки

Отже, аналізуючи характер REP, ERIC та BOX-профілів геному виділених нами штамів *Pseudomonas* sp., можна стверджувати, що 66% із них належать до *P. marginalis* pv. *marginalis*. Одержані нами результати генетичного профілювання узгоджуються з проведенням раніше аналізом ознак фенотипу [2, 3]. Тобто нами вперше показано, що до спектру бактеріальних видів роду *Pseudomonas*, що уражують ріпак, додався ще один вид *P. marginalis*, що важливо не тільки з теоретичної, а й з практичної точки зору оскільки дозволить фахівцям коректно розробляти екологічно безпечні технології вирощування ріпаку. Слід також відмітити, що в результаті проведеного генетичного профілювання нам не вдалося визначити видовий статус 44% ізольованих нами штамів представників роду *Pseudomonas*. На наш погляд, це пояснюється значною гетерогенністю деяких видів-поліфагів у складі роду *Pseudomonas* [4, 8, 10, 11, 12, 13]. Зокрема, рядом дослідників показано значну генетичну гетерогенність, встановлену внаслідок REP-ПЛР аналізу, таких видів як *P. fluorescens*, *P. strutzeri*, *P. viridiflava*, *P. syringae* тощо [10, 11, 12, 13]. Тобто, для проведення коректної видової ідентифікації виділених нами штамів *Pseudomonas* sp. 3A, 4a, 2a та 2O, за допомогою REP-ПЛР, необхідне залучення ширшого кола типових штамів, що і планується нами в подальшому.

1. Бактеріальні хвороби ріпаку / [Захарова О.М., Мельничук М.Д., Данкевич Л.А., Патики В.П.] // Микробиол. журн. — 2012. — Т. 74, №6. — С. 46—52.
2. Глик Б. Молекулярная биотехнология. Принципы и применение / Б. Глик, Дж. Пастернак; Пер. с англ. — М.: Мир, 2002. — 589 с
3. Ідентифікація збудників бактеріальних хвороб ріпаку за жирнокислотним складом клітинних ліпідів / [Данкевич Л.А., Воцелко С.К., Захарова О.М., Мельничук М.Д., Патики В.П.] // Микробиол. журн. — 2013. — Т. 75, №4. — С. 47—52.
4. Коцофляк О.И. Таксономический анализ штаммов бактерий рода *Pseudomonas* с неопределенной видовой принадлежностью / Коцофляк О.И., Киприанова Е.А., Леванова Г.Ф. // Микробиол. журн. — 2004. — Т. 66, №3. — С. 5—13.
5. Овчаренко Л.П. Метагеномний аналіз мікроорганізмів довкілля / Л. П. Овчаренко, Н. Козировська. — Київ:, «Спринт-Принт», 2008. — 256 с.
6. Фітопатогенні бактерії. Бактеріальні хвороби рослин / [Гвоздяк Р.І., Пасічник Л.А, Яковлева Л.М. та ін.]; за ред. В.П.Патики — К.: ТОВ "НВП "Інтерсервіс", 2011. — 444 с.
7. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology* / [Brenner D.J., Krieg N.R., Staley J. T., Garrity G.M]. — New York; USA: Springer Science + Business Media — 2005. — Vol. 2. — 1108 p.
8. Louws F.J. Specific genomic fingerprints of phytopathogenic *Xanthomonas* and *Pseudomonas* pathovars and strains generated with repetitive sequences and PCR. / Louws F.J., Fulbright D.W., Stephens C.T. // *Applied and Environmental Microbiology*. — 1994. — Vol. 60, № 7. — P. 2286—2295.
9. Louws F.J. The three DS of PCR-based genomic analysis of phyto-bacteria: Diversity, Detection, and Disease Diagnosis./ Louws F.J., Rademaker J. L.W, de Bruijn F.J. // *Annual Reviews Phytopathology*. — 1999. — Vol. 37. — P. 81—125.
10. *Neemegam R.* Genotypic and phenotypic diversity of PGCR fluorescens *Pseudomonads* isolated from rhizosphere of sugarcane / [N. Ayyadurai, N. Kayalvizhi, P. Gunasekaran] // *J. Microbiol. Biotechnol.* — 2012. — Vol. 22 (1). — P. 13—24.
11. *Pseudomonas viridiflava*, a multi host plant pathogen with significant genetic variation at molecular level / [Sarris F. Panagiotis, Trantas A. Emmanouil, Mpalantinaki Evaggelia] // *PLoS One*. — 2012. — Vol. 7 (4). — P. 360—382.

12. Sikorski J. Analysis of genotypic diversity and relationships among *Pseudomonas stutzeri* strains by PCR-based genomic fingerprinting and multilocus enzyme electrophoresis / Sikorski J., Rossello-Mora R., Lorens M. G. // Syst Applied Microbiology. — 1999. — Vol. 22 (3). — P. 393—402.
13. Strains of *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* from pea are phylogenetically and pathogenically diverse // Phytopathology [Martin-Sans A., de la Vega M.P, Murillo J., Caminero C.] — 2013. — Vol. 103 (7). — P. 673—681.

Л.А. Данкевич, О.М. Захарова, В.Ф. Патыка, М.Д. Мельничук

Институт микробиологии и вирусологии им. Д.К. Заболотного НАН Украины, Киев

Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины, Киев

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ПРОФИЛИРОВАНИЕ ПОРАЖАЮЩИХ РАПС, БАКТЕРИЙ РОДА *PSEUDOMONAS* С ПОМОЩЬЮ REP-ПЛР

Проведен сравнительный анализ REP, ERIC и BOX - профилей 11 выделенных нами и 5 коллекционных, типичных штаммов бактерий рода *Pseudomonas*, поражающих рапс. Выявлена гетерогенность геномов штаммов *Pseudomonas* sp. по всем трем типам генетических профилей. Показано, что 66% изолированных штаммов *Pseudomonas* sp. принадлежат к виду *P. marginalis*.

Ключевые слова: патогенные для рапса бактерии рода Pseudomonas, REP-ПЦР, REP, ERIC и BOX-генетические профили

L.A. Dankevich, O.M. Zaharova, V.PH. Patyka, M.D. Melnichuk

Zabolotny Institute of Microbiology and Virology DK National Academy of Sciences of Ukraine, Kiev

National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine, Kiev

GENETIC PROFILING OF *PSEUDOMONAS* GENUS BACTERIA, WHICH STRIKES RAPE BY REP-PLR

A comparative analysis of the REP, ERIC and BOX - profiles 11 selected and 5 typical strains of the *Pseudomonas* genus bacteria, which strikes rape has been carried out. Heterogeneity of *Pseudomonas* sp. strain's genomes in all three types of genetic profiles has been identified. It has been shown that 60% of isolated *Pseudomonas* sp. strains belongs to the species *P. marginalis*.

Keywords: pathogenic of the rape Pseudomonas genus bacteria, REP-PCR analys, REP, ERIC and BOX-genetic profiles

Рекомендує до друку

Надійшла 11.07.2013

Н.М. Дробик

УДК [581.143:582.741]:661.162.65

О.О. ХОДАНЦЬКА, В.Г. КУР'ЯТА

Вінницький державний педагогічний університет ім. Михайла Коцюбинського

вул. Острозького, 32, Вінниця, 21100

ВПЛИВ РЕГУЛЯТОРІВ РОСТУ НА ВМІСТ АЗОТУ, ФОСФОРУ ТА КАЛІЮ У РОСЛИНАХ ЛЬОНУ ОЛІЙНОГО

Вивчали вплив ретарданту хлормекватхлориду і стимулятора росту трептолему на вміст і перерозподіл основних елементів живлення в органах рослин льону олійного. Під впливом препаратів відмічалось зниження вмісту азоту у листках і стеблах та підвищення концентрації фосфору і калію у вегетативних органах порівняно з контролем. Посилення відтоку елементів живлення до генеративних органів супроводжувалося зростанням врожайності насіння льону.

Ключові слова: льон олійний, регулятори росту, елементи мінерального живлення, продуктивність