Genetic determinants responsible for growth-promoting properties of the rhizospheric bacterium *Brevibacterium* sp. MG-1

Lutfullin M.T., Pudova D.S., Moiseeva O.E., Zaripova D.L., Mardanov A.M.

Kazan Federal University, Kazan, Russia

E-mail: lutfullin.marat2012@yandex.ru

Key message. The paper presents data on sequencing and genome annotations of the *Brevibacterium* sp. MG-1, capable of synthesizing IAA and siderophores. The genes responsible for the synthesis of ACC deaminase, auxins and hydroxamate type siderophores were identified.

Keywords: actinobacteria, *Brevibacterium*, PGPR, sequencing, genome annotation

Actinobacteria capable of promoting plant growth are of great interest due to the wide potential of practical use in agriculture as growth stimulants and biocontrol agents against phytopathogens.

The aim of the work was to characterize the genome and annotate the genes responsible for the growth-promoting properties of the strain *Brevibacterium* sp. MG-1.

Genomic DNA was isolated from cells of strain MG-1 using a Nucleospin® Microbial DNA kit, DNA sequencing was performed using Illumina MiSeq technology via a paired-end method. The quality of sequencing was checked using FastQC_v0.11.3. The *de novo* assembly and contig analysis was performed using the SPAdes v3.8.1 assembler. The genome was annotated using the RAST server and the NCBI software PGAAP.

The genome-wide sequencing of the MG-1 strain, which was previously isolated from the potato rhizosphere and is associated with tryptophan-dependent auxin synthesis – IAA, was performed. The maximum amount of IAA (16.35 µg/ml) was synthesized on the 4th day in the presence of 500 µg/ml L-tryptophan. The MG-1 strain was shown to produce 124.0 µM of siderophores in 24 hours of growth. The treatment of pea and rye seeds with a suspension of the strain MG-1 stimulates biomass growth of stems by 10-28% and roots by 14-24%. The genome of strain MG-1 consists of 4116 kb pairs with 64.5% GC pairs. 3696 genes were annotated, including 50 tRNA genes, 16 rRNA genes and 60 pseudogenes. The Genome of *Brevibacterium* sp. MG-1 was deposited in the NCBI database under the accession number NZ_VDMQ000000000.1. Genes encoding proteins and enzymes that determine the growth-promoting properties of this PGPR bacteria were identified in the MG-1 genome, including: genes responsible for the synthesis of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate (ACC) deaminases, beta- and alpha-chains of tryptophan synthases, and aromatic L-amino acid decarboxylases involved in auxin biosynthesis. In addition, the genes responsible for the synthesis and transport of catechol type siderophores — petrobactin ABC transporters, which mediate the absorption of iron-protein complexes, enterobactin-binding periplasmic protein FepB, and aerobactin — transporters of hydroxamate-type siderophores were also determined.

In conclusion, the strain *Brevibacterium* sp. MG-1 has a high potential for use as a growth stimulator in agriculture.

Генетические детерминанты, ответственные за ростостимулирующие свойства ризосферной бактерии *Brevibacterium* sp. MG-1

Лутфуллин М.Т., Пудова Д.С., Моисеева О.Э., Зарипова Д.Л., Марданов А.М.

Казанский федеральный университет, г. Казань, Россия

Аннотация. В работе представлены данные по секвенированию и аннотации генома *Brevibacterium* sp. MG-1, способного к синтезу ИУК и сидерофоров. Были идентифицированы гены, ответственные за синтез АЦК дезаминазы, ауксинов и сидерофоров гидроксаматного типа.

Ключевые слова: актинобактерия, *Brevibacterium*, PGPR, секвенирование, аннотация генома

Актинобактерии, способные стимулировать рост растений, вызывают большой интерес в связи с широким потенциалом практического применения в сельском хозяйстве в качестве ростостимуляторов и агентов биоконтроля против фитопатогенов.

Целью работы являлась характеристика генома и аннотирование генов, ответственных за ростостимулирующие свойства штамма *Brevibacterium* sp. MG-1.

Выделение геномной ДНК из клеток штамма MG-1 проводили с помощью набора Nucleospin® Microbial DNA, секвенирование ДНК – с использованием технологии Illumina MiSeq методом paired-end. Качество секвенирования проверяли с помощью программы FastQC_v0.11.3. Сборку *de novo* и анализ контигов проводили с использованием ассемблера SPAdes v3.8.1. Геном аннотировали с помощью программы PGAAP NCBI и сервера RAST.

Провели полногеномное секвенирование штамма MG-1, выделенного ранее из ризосферы картофеля и способного к триптофанзависимому синтезу ауксина – ИУК. Максимальное количество ИУК (16.35 мкг/мл) синтезируется на 4 сут в присутствии 500 мкг/мл L-триптофана. Показали, что штамм MG-1 продуцирует 124.0 мкМ сидерофоров на 24 час роста. Обработка семян гороха и ржи суспензией штамма MG-1 стимулирует прирост биомассы стеблей на 10-28% и корней на 14-24%. Геном штамма MG-1 состоит из 4116 т.п.н. (64.5% GC-пар). Аннотировано 3696 генов, в том числе 50 генов тРНК, 16 генов рРНК и 60 псевдогенов. Геном *Brevibacterium* sp. MG-1 был депонирован в базу данных NCBI под номером NZ_VDMQ000000000.1. В геноме MG-1 нами идентифицированы гены, кодирующие белки и ферменты, определяющие ростостимулирующие свойства бактерий (PGPR). Выявлены гены, ответственные за синтез 1-аминоциклопропан-1-карбоксилат (АЦК) дезаминазы, бета- и альфа-цепитриптофансинтазы, декарбоксилазы ароматической L-аминокислоты, участвующие в биосинтезе ауксина. Также идентифицированы гены, ответственные за синтез и транспорт сидерофоров катехольного типа – петробактин-транспортеры (ABC), которые опосредуют поглощение железо-белкового комплекса, энтробактин-связывающий периплазматический белок FepB и аэробактин – транспортеры сидерофоров гидроксаматного типа.

Таким образом, штамм *Brevibacterium* sp. MG-1 обладает высоким потенциалом использования в качестве ростостимулятора в сельском хозяйстве.