

VI Simpozijum Sekcije za oplemenjivanje organizama
Društva Genetičara Srbije i IX Simpozijum Društva selekcionera i
semenara Republike Srbije

ZBORNİK APSTRAKATA

Vrnjačka Banja, 7 – 11. 5. 2018.

Izdavač:

Društvo Genetičara Srbije
Društvo selekcionera i semenara Republike Srbije

Urednici:

dr Violeta Anđelković
dr Jelena Srdić

Štampa:

Akademski izdanja d.o.o., Zemun, Beograd

Tiraž:

150

Ova publikacija je štampana uz finansijsku pomoć Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja

Simpozijum je organizovan u saradnji sa Institutom za kukuruz „Zemun Polje“ i Institutom za šumarstvo, Beograd

ISBN: 978-86-87109-14-8

P-3

IDENTIFIKACIJA BAKTERIJA STIMULATORA BILJNOG RASTA IZ RODOVA *Bradyrhizobium* I *Bacillus*

Jelena Marinković✉, Dragana Bjelić, Sanja Mikić, Svetlana Balešević-Tubić,
Maja Ignjatov, Zorica Nikolić
Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad
(✉jelena.marinkovic@nsseme.com)

Uprkos variranju osobina stumilsanja rasta biljaka (PGP) kod različitih vrsta, većina bakterijskih sojeva koji ispoljavaju višestruka PGP svojstva može biti korisna u formulaciji novih inokulanata. Istraživanje efektivnih sojeva, pre PGP karakterizacije, zahteva izolaciju i identifikaciju odgovarajućih vrsta bakterija koje stimulišu biljni rast (PGPB). Cilj ovih istraživanja bio je izolacija i molekularna identifikacija PGPB. Bakterije iz roda *Bradyrhizobium* izolovane su iz korenskih kvržica različitih sorti soje. Bakterije koje pripadaju rodu *Bacillus* izolovane su iz rizosfernog, poljoprivrednog i nepoljoprivrednog zemljišta. Svi uzorci za izolaciju PGPB prikupljeni su s različitih lokaliteta u Vojvodini. Karakterizacija izolata izvršena je na osnovu morfoloških i biohemijskih svojstava. Izolati koji su pokazali sličnost sa vrstama *Bradyrhizobium* sp. and *Bacillus* sp. bili su predmet molekularne karakterizacije. Nakon ekstrakcije DNK, parcijalna 16S rDNA genska sekvenca iz izolata je umnožena PCR metodom upotrebom univerzalnih prajmera fD1 i rP3. Prečišćavanje i sekvencioniranje umnoženih fragmenata urađeno je u Macrogen, Južna Koreja. Sekvence su analizirane pomoću programa FinchTV i izvršeno je višestruko poređenje dobijenih sekvenci sa postojećim sekvencama u NCBI GenBank bazi podataka. Svi izolati *Bradyrhizobium* identifikovani su kao *B. japonicum*. U okviru *Bacillus* izolata, identifikovano je devet različitih vrsta (*B. megaterium*, *B. cereus*, *B. pumilus*, *B. subtilis*, *B. thuringiensis*, *B. safensis*, *B. mycooides*, *Lysinibacillus fusiformis*, and *L. sphaericus*). Nastavak karakterizacije ovih izolata preko PGP skrininga neophodan je za odabir potencijalno efektivnih sojeva za inokulaciju u kontrolisanim i poljskim uslovima.

Ključne reči: *Bacillus*, *Bradyrhizobium*, PCR identifikacija, PGPB

Rezultat projekta: "Interdisciplinarni pristup stvaranju novih sorti soje i unapređenja gajenja i dorade semena", projekat Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja Republike Srbije (TR-31022) i "Održiva proizvodnja biljnih proteina: soja, mikroorganizmi, odgovor na klimatske promene", projekat pokrajinskog sekretarijata za visoko obrazovanje i naučnoistraživačku delatnost (114-451-2739/2016)

IDENTIFICATION OF PLANT GROWTH-PROMOTING BACTERIA FROM GENUS *Bradyrhizobium* AND *Bacillus*

Despite the variability within the plant growth promoting properties (PGP) in different species, most of bacterial strains that exhibit multiple PGP traits might be useful in formulating new inoculants. Search for effective strains, prior to PGP characterization, require isolation and identification of desirable species of plant growth-promoting bacteria (PGPB). The aim of this study was to isolate and identify PGPB on the basis of molecular characteristics. Bacteria of *Bradyrhizobium* genus were obtained from root nodules of different soybean cultivars. Bacteria belonging to genus *Bacillus* were isolated from different soil samples which included the rhizosphere of plants, agricultural and non-agricultural soils. All samples for PGPB isolation were collected from various parts of the Vojvodina Province. Characterization of isolates was performed according to morphological and biochemical properties. Isolates showing resemblance with *Bradyrhizobium* sp. and *Bacillus* sp. were subjected to molecular characterization. Following DNA extraction, a partial 16S rDNA gene sequence from the isolates was amplified by PCR using universal primers fD1 and rP3. Purification and sequencing of the amplified fragments were done in the Macrogen, South Korea. Sequences were analyzed using the program FinchTV and compared to sequences in NCBI GenBank for identification. All isolates of *Bradyrhizobium* were identified as *B. japonicum*. Within *Bacillus* isolates, nine different species (*B. megaterium*, *B. cereus*, *B. pumilus*, *B. subtilis*, *B. thuringiensis*, *B. safensis*, *B. mycoides*, *Lysinibacillus fusiformis*, and *L. sphaericus*) were identified. Further characterization of these isolates through PGP screening will be necessary to select potentially effective strains for inoculation assays in greenhouse and field.

Key words: *Bacillus*, *Bradyrhizobium*, PCR identification, PGPB

Project: "Interdisciplinary approach to developing new varieties and improving growing technology and seed processing of soybean", project funded by the Ministry of Education, Science and Technological Development of the Republic of Serbia (TR-31022) and "Sustainable production of plant proteins: soybean, microorganisms, climate changes response", project funded by the Provincial Secretariat for Science and Technological Development, Vojvodina (114-451-2739/2016)