

Азықтың қоректік көрсеткіші 3500-4000 мЗ/га су басу жылдамдығы бар нұсқаларда жоғары мәндерге ие болды – 0,37 Жем. бірлік және 4000-4500 мЗ / га - 0,40 Жем. бақылаудан асып кеткен Бірлік (0,30 Жем. сәйкесінше 23,3 және 33,3 %.

УДК 579.64:631.46 (574.1)
МРНТИ 68.05.45

DOI 10.52578/2305-9397-2024-2-2-24-31

Нагиева А.Г., PhD, основной автор, <https://orcid.org/0000-0001-5381-8541>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана 51, 090009, Республика Казахстан, nagievaliya@mail.ru

Алпамысова Г.Б., кандидат сельскохозяйственных наук, <https://orcid.org/0000-0002-1533-0366>

НАО «Южно-Казахстанский университет имени М. Ауэзова, г. Шымкент, ул. Тауке хана, 5, X13F808, Республика Казахстан, xap68@mail.ru

Nagiyeva A.G., PhD, the main author, <https://orcid.org/0000-0001-5381-8541>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, nagievaliya@mail.ru

Alpamysova G.B., Candidate of Agricultural Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-1533-0366>

«South Kazakhstan University named after M. Auezov», X13F808, Tauke Khan Avenue 5, Shymkent, Republic of Kazakhstan, xap68@mail.ru

АДАПТАЦИИ МИКРООРГАНИЗМОВ К ВЫСОКИМ ЗНАЧЕНИЯМ pH В ПОЧВЕ ADAPTATION OF MICROORGANISMS TO HIGH PH VALUES IN THE SOIL

Аннотация

Для нормального протекания различных процессов в почве и ее плодородия оказывает повышенная кислотность или щелочность почв. В сравнении с другими почвенными факторами pH имеет значимость в построении почвенного микробного сообщества и в формировании почвенного метабенома. Многие работы по метабеномике описывают выводы о биоразнообразии микроорганизмов, где их содержание определяется в основном показателями pH среды и содержанием гумуса. Распределение численности в разных пределах от доли общего количества разных таксонов зависит от различных факторов, в том числе и взаимосвязи структуры филогенетической микробиомов со свойствами почвы различного вида землепользования. На образцах исследуемых почв отмечена щелочная реакция среды, от которого зависит не только содержание органического вещества и элементов питания, их миграционная способность в почвенном профиле, но и численность и разнообразие микробного сообщества в почвенном профиле. Распределение микробных сообществ в профиле показывает четкую дифференциацию в накоплении микробной биомассы в зависимости от степени почвенной реакции. Исследования показали, высокая щелочность, вызвана присутствием карбонатов и гидроксидов, а также высокая концентрация солей, являются ключевыми факторами, формирующими структуру микробных сообществ почвы.

ANNOTATION

For the normal course of various processes in the soil and its fertility, increased acidity or alkalinity of soils is provided. Compared to other soil factors, the pH has significance in the construction of the soil microbial community and in the formation of soil metagenoma. Many works on metagenomics describe conclusions about the biodiversity of microorganisms, where their content is determined mainly by the pH indicators and the content of humus. The distribution of numbers within different limits on the share of the total number of different taxa depends on various factors, including the relationship of the structure of phylogenetic microbiomas with the properties of the soil of various types of land use. On the samples of the soil studied, an alkaline reaction of the medium is noted, on which not only the content of the organic matter and nutritional elements depends, their migration ability in the soil profile, but also the number and diversity of the microbial community in the soil profile. The distribution of microbial communities in the profile shows clear differentiation in

the accumulation of microbial biomass depending on the degree of soil reaction. The studies have shown high alkalinity, caused by the presence of carbonates and hydroxides, as well as a high concentration of salts, are key factors that form the structure of the microbial communities of the soil.

Ключевые слова: pH, почва, биоразнообразие, микроорганизмы, метабеномика

Key words: pH, soil, biodiversity, microorganisms, metagenomics

Введение. Основная часть микробиологических исследований посвящена антропогенным воздействиям на почву и экосистему, и их устойчивости, в том числе и влиянии деятельности сельского хозяйства на микробную структуру почв. Беспрерывное сельскохозяйственное использование земель приводит к нарушениям почвенных параметров, влияющих на почвенную микробную структуру – содержания органического вещества и питательных элементов, агрегатного состояния, pH и т.д, тем самым почвенный метабеном реагируя на эти изменения, в роли биодиагностики оценивает степень нагрузки антропогена и предполагает ожидаемые изменения экосистемы [1,2].

Все микроорганизмы имеют свойство специфически распределяться по профилю каждого типа почв, при этом их численность и видовой состав отражают важнейшие свойства почвы: запасы органического вещества, количество и состава гумуса, содержание питательных элементов, реакцию почвенной среды, влагообеспеченность, степень аэрированности [3,4,5].

Для нормального протекания различных процессов в почве и ее плодородия оказывает повышенная кислотность или щелочность почв. В сравнении с другими почвенными факторами pH имеет значимость в построении почвенного микробного сообщества и в формировании почвенного метабенома [6]. Многим сельскохозяйственным культурам требуется слабокислая или нейтральная реакция среды. На кислых почвах вероятно наблюдение в почвенном растворе избытка алюминия и, как следствие, угнетение почвенных микроорганизмов [7,8]. Исследователями отмечено, что корреляция реакции среды с таксономической структурой нелинейна и различна для разных таксонов бактерий [9]. Существуют и другие утверждения о том, что pH с нейтральным значением коррелирует филогенетическое разнообразие микробиома почв [10,11]. Такую зависимость можно увидеть на разной таксономической стадии, также и на уровне филумов, к примеру, можно отнести обнаружение в кислых почвах филы *Acidobacteria* с большей долей, а в щелочных - *Actinobacteria*, *Bacteroidetes* и *Proteobacteria* [12].

При исследовании почвенных сообществ берегов соленых озер США, Китая и Мексики исследователи анализировали целый ряд физико-химических параметров – pH, влажность, засоленность, органическое вещество на микробное сообщество солончака. Однако засоленность здесь не учитывалась как основной фактор, и преимущество отдали почвенной влаге, кислотности и содержанию органического вещества, как и в исследованиях незасоленных почв. Оказалось, что даже сильнозасоленные участки отличались высоким разнообразием и превышали по численности архей. Доминирующими бактериями выступили *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* и *Bacillus* [13,14].

Профильное распределение микроорганизмов в дерново-подзолистых почвах анализирует конкретное различие микробных сообществ в зависимости от генетических горизонтов отличных свойствами, в том числе и почвенной кислотностью и содержанием подвижного алюминия [15,16].

В щелочных почвах Кореи при pH 8,0 с 0,5% NaCl обнаружен штамм нового вида рода *Nocardioides* - *N. lentus* sp.nov. и *N. debius* sp.nov. [17,18]. Алкалофильные актиномицеты приспособлены к условиям щелочной среды, и такие специфичные группы, колонизируя щелочную почву, уменьшают конкуренцию нейтрофильных актиномицетов в почве [19,20,21]. В почвах преобладают нейтрофильные актиномицеты с благоприятным для роста значением pH 6,5-7,5, наблюдается присутствие алкалофильных и ацидофильных форм. Рода *Streptomyces*, *Micromonospora* и *Streptosporangium* представители наиболее часто встречающихся среди ацидотолерантных и ацидофильных актиномицетов [22,23,24].

Материалы и методы исследований. Полученные в ходе секвенирования последовательности ДНК производят отборку некачественных последовательностей, объединение степени сходства последовательностей в кластеры. Сходные нуклеотидные последовательности (сиквенсы) гена 16S рРНК объединяются в ОТЕ - операционные таксономические единицы (Operational Taxonomic Unit) [25], которые относятся к филогенетическим таксонам различного уровня. Объединение последовательностей в операционные таксономические единицы (ОТЕ) по методу *de novo* по критерию 97% соответствия нуклеотидных последовательностей. Таксономическую идентификацию ОТЕ

проводили с использованием базы данных RDP (Ribosomal Database Project, <http://rdp.cme.msu.edu/>) и банка данных «Greengenes» [26,27]. Оценку индексов альфа-разнообразия проводили на основе анализа данных таблицы ОТЕ (S_{obs} , аналог видового богатства), индекса Шеннона ($H = -\sum(p_i) \cdot \ln(p_i)$, p_i – частота встречаемости i -го вида), индекс Chaol, оценивающий количество теоретически предполагаемых присутствующих в сообществе ОТЕ ($Chaol = S_{obs} + a^2/2b$, S_{obs} – наблюдаемое количество ОТЕ, a – количество ОТЕ с одним сиквенсом, b – количество ОТЕ с двумя сиквенсами). Проведение теста «Rarefaction» представляет динамику накопления ОТЕ с увеличением числа секвенированных последовательностей.

Результаты и их обсуждение. Многие работы по метагеномике описывают выводы о биоразнообразии микроорганизмов, где их содержание определяется в основном показателями pH среды и содержанием гумуса. Распределение численности в разных пределах от доли общего количества разных таксонов зависит от различных факторов, в том числе и взаимосвязи структуры филогенетической микробиомов со свойствами почвы различного вида землепользования. На образцах исследуемых почв отмечена щелочная реакция среды, от которого зависит не только содержание органического вещества и элементов питания, их миграционная способность в почвенном профиле, но и численность и разнообразие микробного сообщества в почвенном профиле (Таблица 1).

Таблица 1 – Физико-химическая характеристика почв

Показатели	Темно-каштановая												
	целина					пастбище					пашня		
	A ₁	B ₁	B ₂	BC	C	A ₁	B ₁	B ₂	BC	C	A _п	B ₁	B ₂
pH	8,5	8,39	9,15	8,2	8,48	8,2	8,56	8,6	8,71	8,24	8,0	8,42	8,61
Chaol	1613	1283	1284	1119	939	1119	1501	1318	826	604	1704	1356	1011
OTU	453	361	392	420	318	420	437	403	332	199	492	419	379
Shannon	7,50	7,10	7,32	7,63	6,35	7,63	7,60	7,41	6,90	4,13	7,80	7,45	7,33
Показатели	Солонцы												
	целина				пастбище				пашня				
	A ₁	B ₁	B ₂	A ₁	B ₁	B ₂	Вк	Ап	B ₁	B ₂			
pH	8,44	8,55	8,98	8,33	9,28	8,96	8,32	8,5	8,64	8,93			
Chaol	1552	1657	1444	890	1223	997	1069	1613	1625	751			
OTU	474	442	451	331	378	348	350	453	464	326			
Shannon	7,74	7,46	7,66	6,64	7,07	7,08	6,93	7,50	7,66	7,17			
Показатели	Лугово-каштановая												
	целина				пашня								
	A ₁		B ₁		A ₀				A ₁				
pH	7,95		8,32		Степная подстилка				8,08				
Chaol	1334		1069						1295				
OTU	415		350						424				
Shannon	7,49		6,93						7,58				

Распределение микробных сообществ в профиле показывает четкую дифференциацию в накоплении микробной биомассы в зависимости от степени почвенной реакции. Бактериальные комплексы в процессе жизнедеятельности могут резко менять реакцию среды (pH), подщелачивая окружающую среду. Исследования показали, высокая щелочность, вызвана присутствием карбонатов и гидроксидов, а также высокая концентрация солей, являются ключевыми факторами, формирующими структуру микробных сообществ почвы. Исследуемые почвы характеризуются высокими значениями pH, так в пробах темно-каштановой почвы кислотность варьировала в пределах 8,2-9,15, на солонцовых 8,32-9,28, лугово-каштановых составляла 7,95-8,08. Следовательно, естественная и антропогенная щелочная среда не являются идентичными по минеральному составу. В связи с этим и состав микробиоты этих ценозов будут отличаться. Далее исследования были связаны с изучением филогенетического разнообразия почв, которые сформированы представителями филумов *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Chloroflexi*, *Firmicutes*, *Actinobacteria*, *Acidobacteria* и *Planctomycetes*.

Для оценки биологического разнообразия, выровненности и доминирования отдельных таксонов в структуре микробного сообщества были рассчитаны индексы Шеннона, Чао, и

оценка таксономических единиц в зависимости от реакции среды (pH) по типам почв был тестами «Rarefaction» (рис.1).

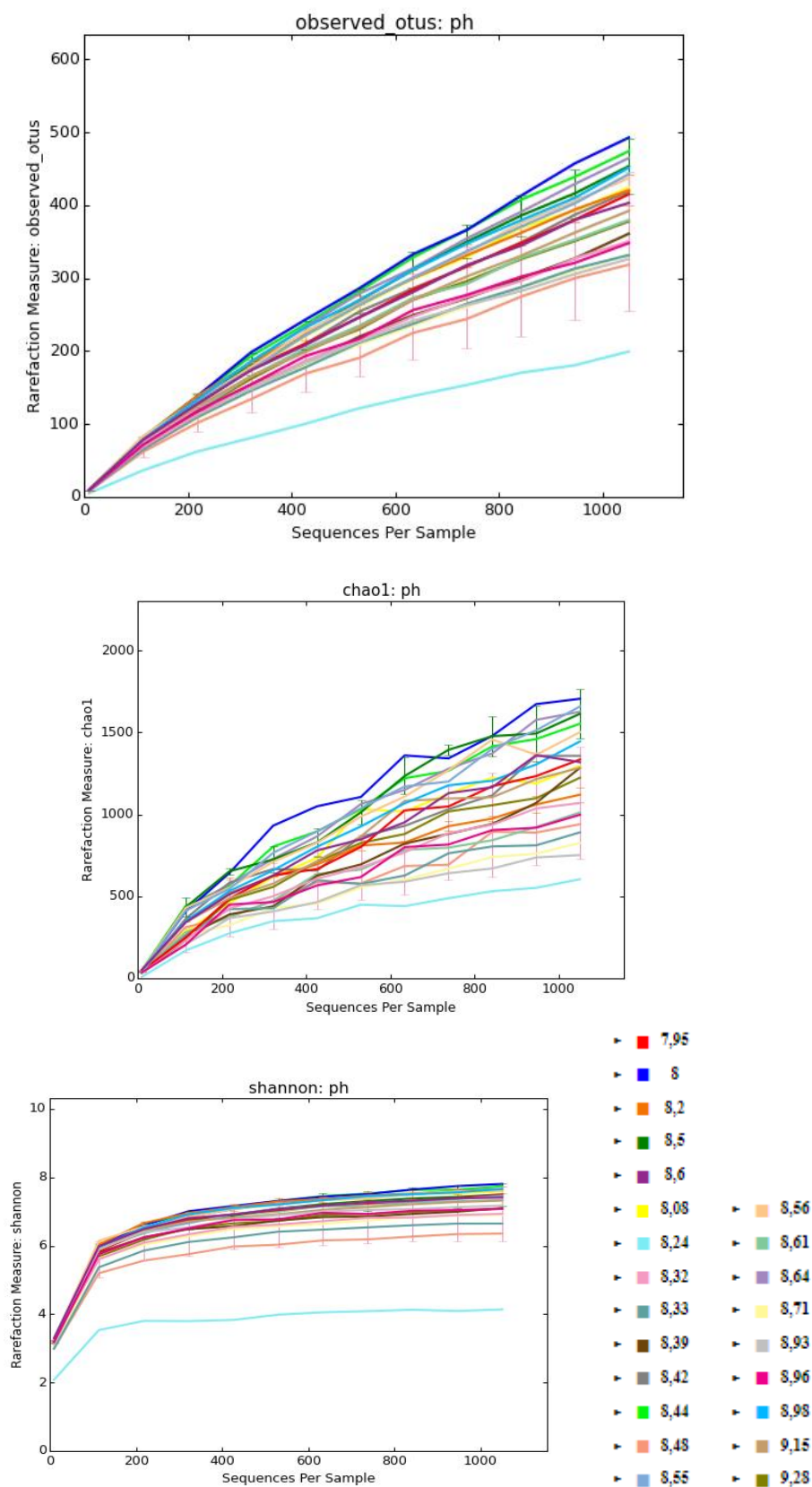


Рисунок 1 – Биоразнообразие микроорганизмов в почве

Выявление операционных таксономических единиц (ОТЕ) показывает группы, в которые входят последовательности 16S рРНК, объединенные по установленному критерию сходства нуклеотидных последовательностей. Так, по реакции среды почв нижний горизонт пастбищного участка темно-каштановой почвы отличается сходством, возможно данный горизонт характеризуется множеством неатрибутируемых последовательностей и не получает таксономической характеристики на уровне рода. По стандартным статистическим оценкам индекса разнообразия Chaol не отражает существенной связи с рН, типом почв и видам их использования, основным фактором является таксономический состав.

Индекс Шеннона, оценивающий таксономическое разнообразие в образце в темно-каштановой почве верхних горизонтов варьировала незначительно (от 7,80 до 6,90), полученные данные характерны лугово-каштановых почв. В нижних горизонтах темно-каштановой почвы индекс Шеннона изменялся от 6,90 до 4,13. Изменение пастбищного участка солонцевой почвы наблюдается с верхнего А1 горизонта (6,64) с варьированием к нижнему горизонту (6,93), что доказывает то, что почвенные сообщества являются сложными микробными сообществами. Микроорганизмы, преуспевающие в щелочных условиях, повсюду распространены и населяют различные экологические ниши. Щелочная среда, надлежашая для сообществ таких микроорганизмов, может быть создана конкретными геологическими процессами или деятельностью человека. Также возникновение щелочных условий может быть связано с активностью нейтрофильных микроорганизмов в результате измеренных реакций, что объясняет массовость алкалофилов. Данные микроорганизмы интересны с фундаментальной точки зрения, в качестве объектов изучения механизмов адаптации и взаимодействий в экосистеме, а также биотехнологического применения [28].

Выводы. Щелочные значения рН почв, характеризующие солончаковатость, поддерживают рост микроорганизмов, особенно алкалофилов, достигаются за счет высокого содержания хлоридов и карбонатов натрия. Несмотря на то, что большинство биологических процессов протекает при нейтральных значениях реакции среды, тогда как в окружающей среде этот показатель трансформируется от сильнощелочных значений до экстремально низких. Кроме высокой щелочности, высокая степень минерализации также считается смертельной для большинства организмов, но эти среды часто населены живыми организмами и могут содержать большое количество биомассы функциональных и таксономически разнообразных сообществ. Однако в исследуемых почвах наблюдается обратное, т.е. имеют большее разнообразие в глубоких слоях засоленных горизонтов, например в солонцах и темно-каштановых почвах пастбищных участков, где с глубиной отмечается сильная засоленность горизонта, содержатся специфичные микроорганизмы, способные выживать в критических условиях.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- 1 Post, W. M. Changes in soil organic carbon and nitrogen as a result of cultivation [Text] / W. M. Post, L.K. Mann // Soils and the Greenhouse Effect. – New York: John Wiley and Sons, 1990. – P. 401–407.
- 2 Murty. D. Does conversion of forest to agricultural land change soil carbon and nitrogen? A review of the literature [Text] / D. Murty, M. U. F. Kirschbaum, R. E. McMurtrie, A. McGilvray // Global Change Biology. - 2002. – Vol. 8, № 2. – P. 105–123.
- 3 Глазовская, М.А. Геохимические функции микроорганизмов [Текст] / М.А. Глазовская, Н.Г. Добровольская. // – М.: МГУ, 1984 – 152 с.
- 4 Звягинцев, Д.Г. Микроорганизмы в вечной мерзлоте [Текст] / Д.Г. Звягинцев // Успехи микробиологии. - 1992. - №25. - С. 705-713.
- 5 Conrad, R. Soil microorganisms as controllers of atmospheric trace gases (H₂, CO, CH₄, OCS, N₂O and NO). [Text] / R. Conrad // Microbiol Rev. - 1996. – Vol. 60 (4). – P. 609-640.
- 6 Bru, D. Determinants of the distribution of nitrogen-cycling microbial communities at the landscape scale [Text] / D. Bru, A. Ramette, N.P. Saby, S. Dequiedt, L. Ranjard, C. Jolivet, D. Arrouays, L. Philippot. // ISME Journal. - 2011. – Vol. 5 – P. 532–542.
- 7 Кудрявцев, Д.В. Влияние биопрепаратов на рост и развитие растений в условиях кислой среды [Текст] / Д.В. Кудрявцев // Обеспечение высокой экономической эффективности и

экологической безопасности приемов использования удобрений и других средств химизации в агротехнологиях: материалы Межд. научн. конф. – М.: Агроконсалт, 2003. – С. 184-187.

8 Пономарева, Л.В. Использование микробных препаратов на кислых почвах с повышенным содержанием подвижного алюминия [Текст] / Л.В. Пономарева // Агрохимический вестник. – 2004. - № 4. – С. 22 – 24

9 Landesman, W. J. Soil properties and tree species drive β -diversity of soil bacterial communities [Text] / W. J. Landesman, D. M. Nelson, M.C. Fitzpatrick // Soil Biology and Biochemistry. – 2014. – Vol. 76. – P. 201–209.

10 Fierer, N. The diversity and biogeography of soil bacterial communities [Text] / N. Fierer, R.B. Jackson // PNAS. – 2006. – Vol. 103, № 3. – P. 626–631.

11 Hartman, W.H. Environmental and anthropogenic controls over bacterial communities in wetland soils [Text] / W.H. Hartman, C.J. Richardson, R. Vilgalys, G.L. Bruland // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. – 2008. – Vol. 105, № 46. – P. 17842–17847.

12 Lauber, C.L. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale [Text] / C. L. Lauber, M. Hamady, R. Knight, N. Fierer // Applied and Environmental Microbiology. – 2009. – Vol. 75, № 15. – P. 5111–5120.

13 Mesbah, N.M. Novel and unexpected prokaryotic diversity in water and sediments of the alkaline, hypersaline lakes of the Wadi An Natrun, Egypt [Text] / N.M. Mesbah, S.H. Abou-El-Ela, J. Wiegel // Microbial Ecology. - 2007. - Vol. 54. - P. 598-617.

14 Hollister, E.B. Shifts in microbial community structure along an ecological gradient of hypersaline soils and sediments [Text] / E.B. Hollister, A.S. Engledow, A.J.M. Hammett, T.L. Provin, H.H. Wilkinson, T.L. Gentry // ISME - 2010. - № 4. - P. 829-838.

15 Добровольская, Т.Г. Структура бактериальных сообществ почв. / Т.Г. Добровольская. - М.: ИКЦ – Академкнига, 2002. - 282 с.

16 Головченко, А.В. Особенности пространственного распределения и структуры микробных комплексов болотно-лесных экосистем [Текст] / А.В. Головченко, Л.М. Полянская, Т.Г. Добровольская, Л.В. Васильева, И.Ю. Чернов, Д.Г. Звягинцев // Почвоведение - 1993. - № 10. - с.78-89.

17 Li, W.J. Five novel species of the genus *Nocardiopsis* isolated from hypersaline soils and emended description of *Nocardiopsis salina* [Text] / W.J. Li, R.M. Kroppenstedt, D. Wang, S.K. Tang, J. C. Lee, D.J. Park, C.J. Kim, L.H. Xu, C.L. Jiang. // Int. J Syst Evol Microbiol., 2006. - Vol. 56. – P. 1089-1096.

18 Li, W.J. *Nocardiopsis salina* sp. nov., a novel halophilic actinomycete isolated from saline soil in China [Text] / W.J. Li, D.J. Park, D. Wang, J.C. Lee, L.H. Xu, C.J. Kim, C.L. Jiang // Int. J Syst Evol Microbiol. – 2004(b). - Vol. 54. – P. 1805-1809.

19 Jiang, C. Actinomycete diversity in unusual habitats [Text] / C. Jiang, L. Xu // Actinomycetes. - 1993. – Vol. 4, № 2. – P. 47-57.

20 Kim, S.B. *Streptacidiphilus* gen. nov., acidophilic actinomycetes with wall chemotype I and emendation of the family *Streptomycetaceae* (Waksman and Henrici (1943) AL) emend. Rainey et al. 1997 [Text] / S.B. Kim, J. Lonsdale, Chi-Nam Seong, M. Goodfellow // Antonie van Leeuwenhoek. - 2003. – Vol. 83, № 2. – P. 107-116.

21 Звягинцев, Д.Г. Актиномицеты засоленных и щелочных почв [Текст] / Д.Г. Звягинцев, Г.М. Зенова. // М.: Книжный дом Университет., 2007. – 107 с.

22 Селянин, В.В. Почвенные ацидофильные актиномицеты [Текст] / В.В. Селянин, Г.В. Оборотов, Г.М. Зенова, Д. Г. Звягинцев // Микробиология. - 2005. - Т. 74, № 6. – С. 838-844.

23 Закалюкина, Ю.В. Антагонистические свойства почвенных ацидофильных актиномицетов [Текст] / Ю.В. Закалюкина, Г.М. Зенова // Известия РАН. Серия биологическая. - 2007. – № 4. – С. 402 – 405.

24 Закалюкина, Ю.В. Почвенные ацидофильные актиномицеты [Текст] / Ю.В. Закалюкина, Г.М. Зенова, Д.Г. Звягинцев // Микробиология. – 2002. – Т. 71, № 3. – С. 399-403.

25 Sinclair L. Microbial community composition and diversity via 16S rRNA gene amplicons: evaluating the Illumina platform [Text] / L. Sinclair, O. Osman, S. Bertilsson, A. Eiler // PLoS One. - 2015. – Vol. 10, № 2. – P. 116-125.

26 DeSantis, T.Z. Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene data-base and workbench compatible with ARB [Text] / T.Z. DeSantis, P. Hugenholtz, N. Larsen, M. Rojas, E.L. Brodie, K. Keller, T. Huber, D. Dalevi, P. Hu, G.L. Andersen. // Applied and Environmental Microbiology - 2006. - Vol. 72, № 7. – P. 5069–5072.

27 McDonald, D. An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of Bacteria and Archaea [Text] / D. McDonald, M.N. Price, J. Goodrich, E.P. Nawrocki, T.Z. DeSantis, A. Probst, G.L. Andersen, R. Knight, P. Hugenholtz // The ISME Journal. - 2012. – Vol. 6, № 3. – P. 610–618.

28 Kevbrin, V.V. Isolation and cultivation of alkaliphiles [Text] / V.V. Kevbrin, G. Mmamo, B. Mattiason. Cham.: Springer, 2019. – V.172. – P.53-84.

REFERENCES

1 Post, W. M. Changes in soil organic carbon and nitrogen as a result of cultivation [Text] / W. M. Post, L.K. Mann // Soils and the Greenhouse Effect. – New York: John Wiley and Sons, 1990. – P. 401–407.

2 Murty. D. Does conversion of forest to agricultural land change soil carbon and nitrogen? A review of the literature [Text] / D. Murty, M. U. F. Kirschbaum, R. E. McMurtrie, A. McGilvray // Global Change Biology. - 2002. – Vol. 8, № 2. – P. 105–123.

3 Glazovskaya, M.A. Geohimicheskie funkicii mikroorganizmov [Tekst] / M.A. Glazovskaya, N.G. Dobrovolskaya. // – M.: MGU, 1984 – 152 s.

4 Zvyaginets, D.G. Mikroorganizmy v vechnoj merzlotе [Tekst] / D.G. Zvyaginets // Uspekhi mikrobiologii. - 1992. - №25. - S. 705-713.

5 Conrad, R. Soil microorganisms as controllers of atmospheric trace gases (H₂, CO, CH₄, OCS, N₂O and NO). [Text] / R. Conrad // Microbiol Rev. - 1996. – Vol. 60 (4). – P. 609-640.

6 Bru, D. Determinants of the distribution of nitrogen-cycling microbial communities at the landscape scale [Text] / D. Bru, A. Ramette, N.P. Saby, S. Dequiedt, L. Ranjard, C. Jolivet, D. Arrouays, L. Philippot. // ISME Journal. - 2011. – Vol. 5 – P. 532–542.

7 Kudryavcev, D.V. Vliyanie biopreparatov na rost i razvitie rastenij v usloviyah kisloj sredy [Tekst] / D.V. Kudryavcev // Obespechenie vysokoj ekonomicheskoy effektivnosti i ekologicheskoy bezopasnosti priemov ispol'zovaniya udobrenij i drugih sredstv himizatsii v agrotekhnologiyah: materialy Mezhd. nauchn. konf. – M.: Agrokonsalt, 2003. – S. 184-187.

8 Ponomareva, L.V. Ispol'zovanie mikrobyh preparatov na kislyh pochvah s povyshennym soderzhaniem podvizhnogo alyuminiya [Tekst] / L.V. Ponomareva // Agrohimicheskij vestnik. – 2004. - № 4. – S. 22 – 24

9 Landesman, W. J. Soil properties and tree species drive β -diversity of soil bacterial communities [Text] / W. J. Landesman, D. M. Nelson, M.C. Fitzpatrick // Soil Biology and Biochemistry. – 2014. – Vol. 76. – P. 201–209.

10 Fierer, N. The diversity and biogeography of soil bacterial communities [Text] / N. Fierer, R.B. Jackson // PNAS. – 2006. – Vol. 103, № 3. – P. 626–631.

11 Hartman, W.H. Environmental and anthropogenic controls over bacterial communities in wetland soils [Text] / W.H. Hartman, C.J. Richardson, R. Vilgalys, G.L. Bruland // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. – 2008. – Vol. 105, № 46. – P. 17842–17847.

12 Lauber, C.L. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale [Text] / C. L. Lauber, M. Hamady, R. Knight, N. Fierer // Applied and Environmental Microbiology. – 2009. – Vol. 75, № 15. – P. 5111–5120.

13 Mesbah, N.M. Novel and unexpected prokaryotic diversity in water and sediments of the alkaline, hypersaline lakes of the Wadi An Natrun, Egypt [Text] / N.M. Mesbah, S.H. Abou-El-Ela, J. Wiegel // Microbial Ecology. - 2007. - Vol. 54. - P. 598-617.

14 Hollister, E.B. Shifts in microbial community structure along an ecological gradient of hypersaline soils and sediments [Text] / E.B. Hollister, A.S. Engledow, A.J.M. Hammett, T.L. Provin, H.H. Wilkinson, T.L. Gentry // ISME - 2010. - № 4. - P. 829-838.

- 15 Dobrovol'skaya, T.G. Struktura bakterial'nyh soobshchestv pochv. / T.G. Dobrovol'skaya. - M.: IKC – Akademkniga, 2002. - 282 s.
- 16 Golovchenko, A.V. Osobennosti prostranstvennogo raspredeleniya i struktury mikrobnih kompleksov bolotno-lesnyh ekosistem [Tekst] / A.V. Golovchenko, L.M. Polyanskaya, T.G. Dobrovol'skaya, L.V. Vasil'eva, I.YU. Chernov, D.G. Zvyagincev // Pochvovedenie - 1993. - № 10. - s.78-89.
- 17 Li, W.J. Five novel species of the genus *Nocardiopsis* isolated from hypersaline soils and emended description of *Nocardiopsis salina* [Text] / W.J. Li, R.M. Kroppenstedt, D. Wang, S.K. Tang, J. C. Lee, D.J. Park, C.J. Kim, L.H. Xu, C.L. Jiang. // Int. J Syst Evol Microbiol., 2006. - Vol. 56. - P. 1089-1096.
- 18 Li, W.J. *Nocardiopsis salina* sp. nov., a novel halophilic actinomycete isolated from saline soil in China [Text] / W.J. Li, D.J. Park, D. Wang, J.C. Lee, L.H. Xu, C.J. Kim, C.L. Jiang // Int. J Syst Evol Microbiol. - 2004(b). - Vol. 54. - P. 1805-1809.
- 19 Jiang, C. Actinomycete diversity in unusual habitats [Text] / C. Jiang, L. Xu // Actinomycetes. - 1993. - Vol. 4, № 2. - R. 47-57.
- 20 Kim, S.B. *Streptacidiphilus* gen. nov., acidophilic actinomycetes with wall chemotype I and emendation of the family Streptomycetaceae (Waksman and Henrici (1943) AL) emend. Rainey et al. 1997 [Text] / S.B. Kim, J. Lonsdale, Chi-Nam Seong, M. Goodfellow // Antonie van Leeuwenhoek. - 2003. - Vol. 83, № 2. - R. 107-116.
- 21 Zvyagincev, D.G. Aktinomicety zasolennyh i shchelochnyh pochv [Tekst] / D.G. Zvyagincev, G.M. Zenova. // M.: Knizhnyj dom Universitet., 2007. - 107 s.
- 22 Selyanin, V.V. Pochvennye acidofil'nye aktinomicety [Tekst] / V.V. Selyanin, G.V. Oborotov, G.M. Zenova, D. G. Zvyagincev // Mikrobiologiya. - 2005. - T. 74, № 6. - S. 838-844.
- 23 Zakalyukina, YU.V. Antagonisticheskie svoystva pochvennyh acidofil'nyh aktinomicetov [Tekst] / YU.V. Zakalyukina, G.M. Zenova // Izvestiya RAN. Seriya biologicheskaya. - 2007. - № 4. - S. 402 - 405.
- 24 Zakalyukina, YU.V. Pochvennye acidofil'nye aktinomicety [Tekst] / YU.V. Zakalyukina, G.M. Zenova, D.G. Zvyagincev // Mikrobiologiya. - 2002. - T. 71, № 3. - S. 399-403.
- 25 Sinclair L. Microbial community composition and diversity via 16S rRNA gene amplicons: evaluating the Illumina platform [Text] / L. Sinclair, O. Osman, S. Bertilsson, A. Eiler // PLoS One. - 2015. - Vol. 10, № 2. - R. 116-125.
- 26 DeSantis, T.Z. Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene data-base and workbench compatible with ARB [Text] / T.Z. DeSantis, P. Hugenholtz, N. Larsen, M. Rojas, E.L. Brodie, K. Keller, T. Huber, D. Dalevi, P. Hu, G.L. Andersen. // Applied and Environmental Microbiology - 2006. - Vol. 72, № 7. - P. 5069-5072.
- 27 McDonald, D. An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks for ecological and evolutionary analyses of Bacteria and Archaea [Text] / D. McDonald, M.N. Price, J. Goodrich, E.P. Nawrocki, T.Z. DeSantis, A. Probst, G.L. Andersen, R. Knight, P. Hugenholtz // The ISME Journal. - 2012. - Vol. 6, № 3. - P. 610-618.
- 28 Kevbrin, V.V. Isolation and cultivation of alkaliphiles [Text] / V.V. Kevbrin, G. Mmamo, B. Mattiason. Cham.: Springer, 2019. - V.172. - P.53-84.

ТҮЙІН

Топырақтағы және оның құнарлылығындағы әртүрлі процестердің қалыпты бағыты үшін, қышқылдықтың немесе топырақтың сілтілігінің жоғарылауы қамтамасыз етілген. Топырақтың басқа факторларымен салыстырғанда, рН топырақтың микробты қауымдастығының және топырақ метагеномының орналасқандығында маңызы бар. Метагеномдар бойынша көптеген жұмыстар микроорганизмдердің биоәртүрлілігі туралы қорытынды жасайды, онда олардың мазмұны негізінен рН индикаторлары және қарашірік мөлшері анықталады. Әртүрлі лимиттер шегінде әр түрлі факторларға, соның ішінде әртүрлі жерлерді пайдалану түрлерінің топырақтарының қасиеттері бар түрлі факторларға байланысты. Зерттелген топырақтың үлгілері бойынша ортадан алынған сілтілік реакциясы атап өтілген, олар органикалық заттар мен қоректік элементтердің мазмұны ғана емес, олардың топырақ профиліндегі көші-қон қабілеті, сонымен қатар топырақ профиліндегі микробтардың саны мен алуан түрлілігі. Микробиялық қауымдастықтарды профильдегі тарату топырақ реакциясының дәрежесіне байланысты микробтық биомассаның жинақталуындағы нақты саралауды көрсетеді. Зерттеу нәтижесі бойынша, карбонаттар және гидроксидтердің болуынан, сондай-ақ тұздардың жоғары концентрациялануынан туындаған жоғары сілтілік топырақтың микробтық қоғамдастықтарының құрылымын құрайтын негізгі факторларының бірі болып келеді.