

УДК 579.64:631.46 (574.1)
МРНТИ 68.05.45

DOI 10.52578/2305-9397-2023-3-2-3-12

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, Казахстан, nagievaliya@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

МАРКЕРНЫЕ ТАКСОНЫ СОЛОНЦОВЫХ ПОЧВ ЗАПАДНО-КАЗАХСТАНСКОЙ ОБЛАСТИ

MARKER TAXA OF SOLONETZ SOILS IN WESTERN KAZAKHSTAN REGION

Аннотация

В статье приведены исследования почвенных микроорганизмов, изменяющихся по составу в условиях сельскохозяйственного использования. Микробная биомасса является важным показателем качества почвы, которая функционирует в качестве представителя трансформации и круговорота органических веществ и выступает источником питательных веществ для растений и потенциальным источником ферментов в почве. Почвы с различной степенью засоленности в мире занимают более 800млн га почвы, приурочены в засушливых регионах, характеризуются высокой степенью засоленности, недостатком влаги и препятствием оптимальному земледелию. К тому же такие почвы до сих пор полностью не исследованы по распространению, таксономии и экологии микроорганизмов. В настоящее время приоритетными в обнаружении и изучении почвенных микроорганизмов являются молекулярно-биологические методы, которые позволяют исследовать качественный и количественный состав микроорганизмов, их свойства, без выделения в чистые культуры. Особое место среди них занимает метагеномный подход, который стал достижимым благодаря развитию современной технологии расшифровыванию нуклеотидной последовательности ДНК - высокопроизводительного секвенирования, позволяющий анализировать крупные объемы генетической информации. ДНК-маркеры имеют преимущества в тестировании различных последовательностей генома; поиск маркеров, равномерно распределенных по всему геному; длительность хранения образцов ДНК и не имеют ограничений и повторяющихся последовательностей маркеров на образце.

ANNOTATION

The article presents studies of soil microorganisms that change in composition under conditions of agricultural use. Microbial biomass is an important indicator of soil quality, which functions as a representative of organic matter transformation and cycling and is a source of plant nutrients and a potential source of soil enzymes. Soils with varying degrees of salinity in the world occupy more than 800 million hectares of soil, confined to arid regions, characterized by a high degree of salinity, lack of moisture and an obstacle to optimal farming. In addition, such soils have not yet been fully studied in terms of the distribution, taxonomy, and ecology of microorganisms. At present, the priority in the detection and study of soil microorganisms are molecular biological methods that allow us to study the qualitative and quantitative composition of microorganisms, their properties, without isolation into pure cultures. A special place among them is occupied by the metagenomic approach, which has become achievable due to the development of modern technology for deciphering the DNA nucleotide sequence - high-throughput sequencing, which allows analyzing large amounts of genetic information. DNA markers have advantages in testing different genome sequences; search for markers evenly

distributed throughout the genome; the duration of storage of DNA samples and do not have restrictions and repetitive marker sequences per sample.

Ключевые слова: почва, почвенные микроорганизмы, солонцы, маркерные таксоны

Key words: soil, soil microorganisms, solonetz, marker taxa

Введение. Любые изменения в землепользовании, применение удобрений, использование севооборотов приводят к реагированию микробной биомассы [1]. Микробная биомасса является важным показателем качества почвы, которая функционирует в качестве представителя трансформации и круговорота органических веществ и выступает источником питательных веществ для растений и потенциальным источником ферментов в почве [2,3,4,5]

Почвы с различной степенью засоленности в мире занимают более 800 млн га почвы, приурочены в засушливых регионах, характеризующиеся высокой степенью засоленности, недостатком влаги и препятствием оптимальному земледелию [6]. К тому же такие почвы до сих пор полностью не исследованы по распространению, таксономии и экологии микроорганизмов [7]. Такие показатели, как высокая концентрация соли, высокая или низкая температура, повышенная радиация, атмосферное давление, кислотность или щелочность среды выступают основными лимитирующими факторами (химические и физические) в экстремальных условиях, которые способствуют созданию критических условий для существования организмов, в том числе и для микроорганизмов [8]. Акклиматизация почвенных микроорганизмов к трудным условиям, в том числе к условиям засоленности, повышается при переходе в союзные взаимодействия с растениями, в итоге корневые экссудаты ризосферы растений адаптируются к росту и развитию микроорганизмов. К современности из почв засушливых регионов выделено и изучено порядочное количество штаммов солеустойчивых и галофильных бактерий [9,10,11]. Было установлено, что наиболее часто в засоленных почвах встречаются бактерии родов: *Alcaligenes*, *Bacillus*, *Micrococcus*, *Pseudomonas*, *Halomonas*, *Halobacillus* [12].

Следует понимать отражение микроорганизмов на экологические стрессы, в том числе высокие концентрации солей и дефицитное содержание воды в почве, которые при сухом жарком климате являются значительными стрессовыми факторами для почвенного микробного сообщества и могут воздействовать одновременно. Такой стресс может быть разрушительным для чувствительных микроорганизмов и снижать активность оставшихся клеток, связанный с метаболической нагрузкой, вызванной необходимостью в элементах стрессоустойчивости [13]. Не менее важной особенностью засоленных почв является незначительное содержание органического вещества, а также уменьшение его образования в результате малого количества и выделения органики растениями, который ведет к образованию наименьшей микробной массы и снижению их активности. Помимо этого, засоление влияет на состав микробиоценоза, поскольку их генотипические свойства должны иметь умение приспосабливаться к солевому стрессу [14].

В результате увеличения концентраций солей в почве вода становится критически доступной для микробиологического и растительного роста. Критическое засоление вызывает у микроорганизмов гибель микробных клеток, появление токсичных свойств почвенных ферментов и угнетение других процессов. Сокращение микробного генома и органических вводимых веществ влияет на процесс разложения и доступность основных питательных веществ для растений и на продуктивность растений. Наряду с этим под воздействием засоленности микроорганизмы борются с изменениями окружающей среды, увеличивая минерализацию органических субстратов, по этой причине выделяют больше диоксида углерода и получают энергию для жизнедеятельности. Такой скачок в микробной деятельности связан с лимитным уровнем засоленности как адаптационной системой, за пределами которой засоленность всегда была бы разрушительной для микробной деятельности [15].

Изучение микробиологической активности в засоленных аридных почвах показало, что увеличение степени засоления почвы отмечается сокращением микробиомной биомассы и их дыхания с одновременным увеличением метаболического коэффициента, также процесс засоления почвы приводит к снижению соотношения C/N микробиоценоза, что указывает о доминировании бактерий в засоленных почвах [16].

В настоящее время приоритетными в обнаружении и изучении почвенных микроорганизмов являются молекулярно-биологические методы, которые позволяют исследовать качественный и количественный состав микроорганизмов, их свойства, без выделения в чистые культуры. Особое место среди них занимает метагеномный подход, который стал достижимым благодаря развитию современной технологии расшифровыванию нуклеотидной последовательности ДНК - высокопроизводительного секвенирования, позволяющий анализировать крупные объемы генетической информации. В области метагеномики лидирующим спросом стал анализ гена 16S рРНК, основанный на современной филогенетической классификации прокариотических организмов и наличием гигантского количества информации по его разнообразию, что делает этот самый исследованный ген в живой природе все более потребным для исследователей [17,18,19,20,21,22].

Для метагеномного анализа масса отбираемых почвенных образцов может варьировать в разных исследованиях от 5-10 г и больше, но не превышать 500 г [23]. До проведения анализа всех метагеномных исследований образцы почвы необходимо хранить в замороженном виде, если не проводят выделение ДНК в день отбора. При отрицательных температурах останавливаются биохимические процессы, сохраняя почвенный метагеном во время хранения, что имеет большое значение для почв со специфическими условиями, микробиомы которых даже при кратковременных переменах температуры и влажности могут подвергнуться резким изменениям [24].

Материалы и методы исследований. Для определения активности солеустойчивых микроорганизмов были проведены экспериментальные работы на солонцовых почвах Западно-Казахстанской области по угодиям. Район исследования представляет собой равнинную территорию Западно-Казахстанской области. Климат территории характеризуется резко континентальностью и малым количеством осадков, высокими температурами летом и низкими зимой. К характерным особенностям подобных почв относятся высокое содержание соли, небольшое количество органических веществ (%).

Подготовка библиотек, ПЦР амплификация ампликонов, секвенирование и анализы метагеномики осуществлялись согласно методике [25]. Идентификацию выделенных штаммов проводили секвенированием участков на 16S рРНК. Таксономическую идентификацию ОТЕ проводили с использованием базы данных RDP (RibosomalDatabaseProject, <http://rdp.cme.msu.edu/>) и банка данных «Greengenes» [26,27]. Маркерные таксоны высчитывали с помощью программы Excell.

Результаты и их обсуждение. При изучении распределения по профилю почв микробного биоразнообразия рассматривается два основных подхода, первый основан на условном разделении почвенной толщи на равные слои по глубине залегания, второй – на изучении различных между собой по свойствам и происхождению генетических горизонтов по почвенному профилю. Наши исследования проведены по профильно-генетическому подходу на солонцовых почвах, отличающихся видом использования. Всего было проанализировано 10 образцов в трех повторностях, относящиеся к 10 горизонтам трех исследованных почвенных профилей солонцов. После проверки качества секвенирования, формирования ОТЕ и удаления синглтонов получено 9654 сиквенсов, которые использовались для последующего анализа. Значения средних величин и количества сиквенсов зависело от вида пользования, горизонта, органического содержания.

На данный момент пользуются спросом молекулярно-генетические маркеры для прямой оценки первичных последовательностей ДНК, используемые для выявления и наличия генов, блоков генов, ревизирующих хозяйственно-ценные признаки, изучения генетического разнообразия на уровне рода, вида или популяции. Перечисленное позволяет создавать коллекции идентифицированных геноносителей адаптивно важных и хозяйственно-ценных признаков и свойств, дифференцировать линии гибридов, а также оценивать инбрендные линии и дикие виды согласно степени их генетической близости или отдаленности. При подборе специфичных праймеров к группам таксонов-прокариот было выявлено структура микробных сообществ в почве. Такой анализ маркеров оценивает и сравнивает состав микробиома,

функционирующий на данный момент. ДНК-маркеры имеют преимущества в тестировании различных последовательностей генома; поиск маркеров, равномерно распределенных по всему геному; длительность хранения образцов ДНК и не имеют ограничений и повторяющихся последовательностей маркеров на образце. На рисунке 1 приведены результаты изменений маркерных таксонов по видам пользования земель между контрастными генетическими горизонтами солонца.

Так разнообразие видов солеустойчивых микроорганизмов, представленных археями и бактериями, не имеет границ. В целом, в сравнительном анализе состав таксонов отражен следующими семействами: *C111*, *Oxalobacteraceae*, *Xanthomonadaceae*, *Caulobacteraceae*, *Cryptosporangiaceae*, *Acetobacteraceae*, *Comamonadaceae*, *Sphingomonadaceae*, *Bradyrhizobiaceae*, *Pseudomonadaceae*, *Isosphaeraceae*, *Sporichthyaceae*, *Piscirickettsiaceae*, *Rubrobacteraceae*, *Geodermatophilaceae*, *Thermomonosporaceae*, *Glycomycetaceae*, *Cytophagaceae*, *Promicromonosporaceae*, *Phyllobacteriaceae*, *Euzebyaceae*, *Nocardiodaceae*, *EB1017*, *Beijerinckiaceae*, *Micromonosporaceae*, *Ellin5301*, *Nitrospiraceae*, *AKIW874*, *Microbacteriaceae*, *Rhodothermaceae*, *Flavobacteriaceae*, *Paenibacillaceae*, *Iamiaceae*, *Planctomycetaceae*, *Pseudonocardiaceae*, *Tissierellaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Solirubrobacteraceae*, *Gaiellaceae*, *Xanthomonadaceae*, *Geodermatophilaceae*, *Sphingobacteriaceae*, *C111*, *Flavobacteriaceae*, *Streptococcaceae*, *Phyllobacteriaceae*, *HTCC2089*, *Rhizobiaceae*, *Pseudomonadaceae*, *Syntrophobacteraceae*, *Opitutaceae*, *Comamonadaceae*, *Burkholderiaceae*, *Acetobacteraceae*, *Gemmatimonadaceae*, *Actinosynnemataceae*, *Sporichthyaceae*, *Microbacteriaceae*, *Erythrobacteraceae*, *Staphylococcaceae*, *Rhizobiaceae*, *Streptomycetaceae*.

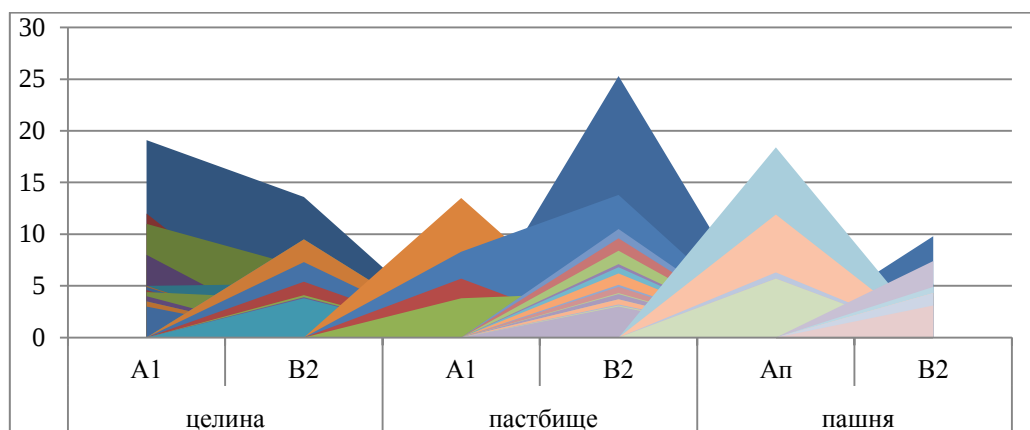


Рисунок 1 – Разнообразие таксонов контрастных горизонтов солонцов

Микроорганизмы засоленных почв разделяются по способности роста в разных концентрациях солевого раствора [28]. Микроорганизмы в почве располагаются не произвольно, потому как свойства почвы (механический состав почвы, органическое вещество, pH, наличие воды и кислорода) имеют прямое воздействие на видовое разнообразие почвенной микробиоты и одновременно с растением-хозяином играют немаловажную роль в отборе естественной флоры.

Более подробное описание формирования почвенных микроорганизмов по каждому виду угодий представлено на рисунке 2. Так совпадения таксонов на целине по горизонтам имели следующие представления по генетическим горизонтам A_1 и B_2 : *C111* (19,1% и 13,6% соответственно), *Xanthomonadaceae* (11,0% и 6,8%), *Cryptosporangiaceae* (5,0% и 5,2%), *Bradyrhizobiaceae* (4,4% и 3,7%); Такие филумы, как *Xanthomonadaceae* (12,0%), *Caulobacteraceae* (8,0%), *Acetobacteraceae* (5,0%), *Comamonadaceae* (4,9%), *Sphingomonadaceae* (4,6%) установлены только в верхнем A_1 горизонте, контрастный B_2 горизонт представлен семействами *Glycomycetaceae* (9,5%), *Cytophagaceae* (9,5%), *Promicromonosporaceae* (7,3%), *Phyllobacteriaceae* (5,4%), *Euzebyaceae* (4,1%), *Nocardiodaceae* (3,9%), *EB1017* (3,8%).

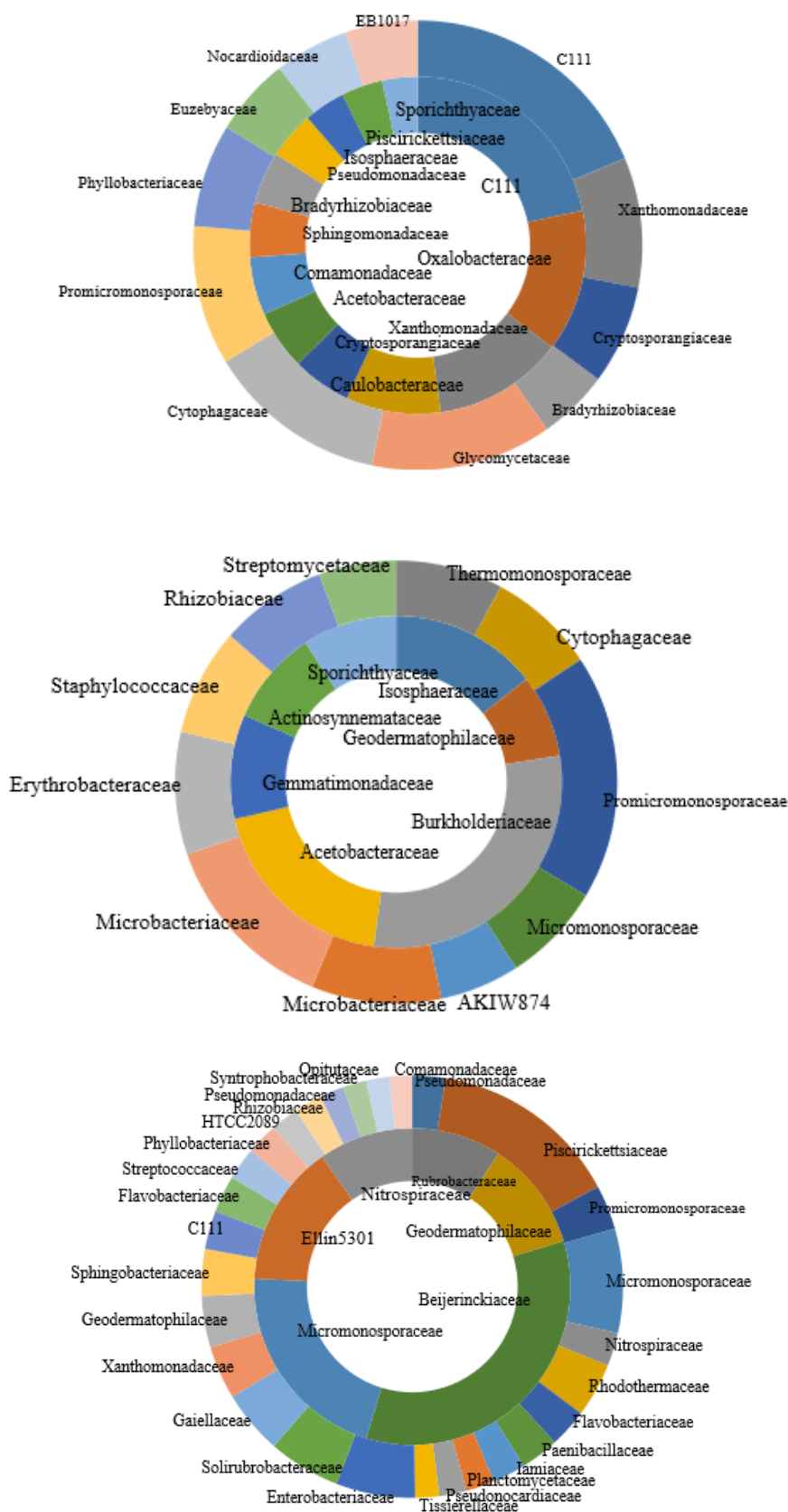


Рисунок 2 – Сравнительный анализ таксонов контрастных генетических горизонтов по видам пользования (целина, пашня, пастбище)
(Ряд 1 (внутренний) – горизонт А; Ряд 2 (внешний) – горизонт В₂)

На пашне совпадений таксонов между сравнительными генетическими горизонтами не выявлено, разнообразие микробиомов в горизонтах А_п и В₂ отличаются между собой. Так, горизонт А_п представлен семейством *Isosphaeraceae* (8,9%), *Geodermatophilaceae* (5,0%), *Burkholderiaceae* (18,4%), *Acetobacteraceae* (11,9%), *Gemmatimonadaceae* (6,3%), *Actinosynnemataceae* (5,7%), *Sporichthyaceae* (5,7%); горизонт В₂ - *Thermomonosporaceae* (4,3%), *Cytophagaceae* (4,3%), *Promicromonosporaceae* (9,8%), *Micromonosporaceae* (4,0%), AKIW874 (3,2%), *Microbacteriaceae* (5,2%), *Microbacteriaceae* (7,4%), *Erythrobacteraceae* (4,9%), *Staphylococcaceae* (4,3%), *Rhizobiaceae* (4,3%), *Streptomyetaceae* (3,1%).

Совпадения таксонов на пастбище в горизонтах А₁ и В₂ представлены семействами *Micromonosporaceae* (8,3% и 13,8% соответственно), *Nitrospiraceae* (3,8% и 4,4%). Однако обитание микробиомов отдельно по горизонтам без совпадений отражает другую картину. Так, А₁ горизонт имеет семейства *Rubrobacteraceae* (3,6%), *Geodermatophilaceae* (4,4%), *Beijerinckiaceae* (13,5%), *Ellin5301* (5,7%); горизонт В₂ - *Pseudomonadaceae* (4,4%) *Piscirickettsiaceae* (25,3%), *Promicromonosporaceae* (5,9%), *Rhodothermaceae* (7,2%), *Flavobacteriaceae* (5,1%),

Paenibacillaceae (5,1%), *Iamiaceae* (4,4%), *Planctomycetaceae* (3,8%), *Pseudonocardiaceae* (3,6%), *Tissierellaceae* (3,2%), *Enterobacteriaceae* (10,5%), *Solirubrobacteraceae* (9,6%), *Gaiellaceae* (8,4%), *Xanthomonadaceae* (7,1%), *Geodermatophilaceae* (6,8%), *Sphingobacteriaceae* (6,2%), C111 (5,1%), *Flavobacteriaceae* (4,9%), *Streptococcaceae* (4,3%), *Phyllobacteriaceae* (4,2%), HTCC2089 (3,7%), *Rhizobiaceae* (3,7%), *Pseudomonadaceae* (3,2%), *Syntrophobacteraceae* (3,1%), *Opitutaceae* (3,1%), *Comamonadaceae* (3,0%).

В сравнительном описании горизонт В₂ превосходит в разнообразии таксонов горизонта А₁, что можно объяснить тем, что несмотря на повышенную нагрузку микроорганизмы имеют свойство устойчивости и выживаемости в критических ситуациях. Минимальность маркерных таксонов в сравнительных горизонтах может быть не выносимостью к стрессовым факторам на почву, что заставил переход их в нижние слои с более возможными условиями для местообитания микроорганизмов.

Данный сравнительный анализ маркерных таксонов между контрастными горизонтами описывает изменение численности таксонов в генетических горизонтах почв, различных по видовому и количественному составу. Притом что, такой анализ с описанием их сочетаний дополненный данными о филогенетическом составе позволило оценить на новом уровне обмен между типами почв, видами угодий и контрастными почвенными горизонтами. Несмотря распространенным взглядом о том, что экстремальные местообитания отличаются низкими уровнями биоразнообразия [29], сейчас приводятся все больше свидетельств (к числу которых принадлежит и данное исследование) о возможности почвенных микроорганизмов к созданию в этих местообитаниях полноценных сообществ, сравнительно биоразнообразие с неэкстремальными местообитаниями.

Выводы. Несмотря на засушливый климат, щелочную реакцию почвы, малогумусность и антропогенную нагрузку биоразнообразие почвенных микробных сообществ в исследуемых почвах показали огромный запас и варьирование в сравниваемых контрастных генетических горизонтах исследуемой почвы, которые могут оказывать благоприятное воздействие на почвенные свойства. В сравнительном соотношении угодий солонцовых почв на состав почвенной микробиоты, предпочтение в преимуществе доминантов отдано пастбищному участку, вопреки критическому состоянию угодия; при сравнении контрастных горизонтов превосходство отдано на целине верхнему горизонту, чему способствовало аэрация, разнообразие растительности, на пастбище – подгумусовому горизонту В₂, на пашне – равномерное распределение таксонов, но различных по качеству. С помощью молекулярных маркеров отобраны устойчивые таксоны, сохраняющиеся в экстремальных условиях. Таким образом, использование маркерных таксонов в наших исследованиях позволило выйти на новый уровень понимания организации и эволюции геномов изучаемого объекта, отличающийся востребованностью и постоянно развивающимся методом анализа.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- 1 Wang, Q.J. Soil chemical properties and microbial biomass after 16 years of no-tillage farming on the Loess Plateau, China [Text] / Q.J. Wang // *Geoderma*. 2008. Vol.144. P. 502–508
- 2 Schlöter, M. Indicators for evaluating soil quality [Text] / M. Schlöter // *Agriculture, Ecosystems and Environment*. 2003. Vol. 98. P. 255–262
- 3 Livia, B. Microbial biomass, enzyme activities and microbial community structure in two European long-term field experiments [Text] / B. Livia // *Agriculture, Ecosystems and Environment*. 2005. Vol. 109. P. 141–152
- 4 Tripathia, S. Enzyme activities and microbial biomass in coastal soils of India [Text] / S. Tripathia // *Soil Biology and Biochemistry*. 2007. Vol.39, № 11. P. 2840–2848
- 5 Yusuf, A.A. Rotation effects of grain legumes and fallow on maize yield, microbial biomass and chemical properties of an Alfisol in the Nigerian savanna [Text] / A.A. Yusuf // *Agriculture, Ecosystems and Environment*. 2009. Vol. 129. P. 325–331
- 6 Rozema, J. Crops for a salinized world [Text] / J. Rozema., T. Flowers // *Science*. – 2008 – V.322. – P. 478–1480.
- 7 Arora, S. Halophilic microbe interactions with plants to mitigate salt stress [Text] / S. Arora., D. Sahni // *Salt stress, microbes, and plant interactions: causes and solution*. M. S. Akhtar (Eds.). – 2019 – Springer: Singapore. – P. 249–272
- 8 Чернов, Т.И. Микробиомы контрастных по засолению почв солонцового комплекса волго-уральского междуречья [Текст] / Т.И. Чернов, А.К. Тхакахова, М.П. Лебедева, А.Д. Железова, Н.А. Бражба, О.В. Кутовая // *Почвоведение*. – 2018 – №9. – С. 1115–1124.
- 9 Chenard, C. Introduction [Text] / C. Chenard., F.M. Lauro // *Microbial Ecology of extreme environments*. C. Chenard., F.M. Lauro (Eds.). – 2017– Springer: Switzerland. – P. 1–6.
- 10 Burke, D. J. Interactions among plant species and microorganisms in salt marsh sediments [Text] / D.J. Burke., P. E. Hamerlynck., D. Hahn // *Applied and Environmental Microbiology*. – 2002 – p. 1157–1164.
- 11 Willey, J.M. Prescott's principles of microbiology [Text] / J.M. Willey., L.M. Sherwood., Ch.J. Woolverton // New York: The McGraw-Hill Companies, Inc. – 2009 – P. 969.
- 12 Першина, Е.В. Изучение структуры микробного сообщества засоленных почв с использованием высокопроизводительного секвенирования [Текст] / Е.В. Першина, Г.С. Тамазян., А.С. Дольник, А.Г. Пинаев, Н.Х. Сергалиев, Е.Е. Андронов // *Экологическая генетика*. – 2012 – Т.10(2). – С. 32–39.
- 13 de Souza-Silva, C. M. Effect of Salinity on Soil Microorganisms [Text] / C. M. de Souza-Silva, E. F. Fay // *Soil Health and Land Use Management*. M. C. Hernandez - Soriano (Eds.). – 2012 – P. 177–198.
- 14 Elmajdoub, B. Response of microbial activity and biomass to soil salinity when supplied with glucose and cellulose [Text] / B. Elmajdoub., P. Marschner // *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*. – 2015 – V.15 (4) – P. 816–832.
- 15 Singh, K. Microbial and enzyme activities of saline and sodic soils [Text] / K. Singh // *Land Degradation and Development*. – 2016 – V.27. – P. 706–718.
- 16 Yakutina, M. V. The effect of salinization on the biomass of microorganisms in the soils of different ages in the forest-steppe zone of western Siberia [Text] / M. V. Yakutina., L.Yu. Anopchenko., V. S. Andrievskii // *Eurasian Soil Science*. – 2016. V.49(12). – P. 1414–1418.
- 17 Forney, L. J. Molecular microbial ecology: land of the one-eyed king [Text] / L. J. Forney, X. Zhou, C. J. Brown // *Current Opinion in Microbiology*. – 2004. – V. 7. – I. 3. – P. 210–220.
- 18 Zhou, J. Bacterial phylogenetic diversity and a novel candidate division of two humid region, sandy surface soils [Text] / J. Zhou, B. Xia, H. Huang, D. S. Treves, L. J. Hauser, R. J. Mural, A. V. Palumbo, J. M. Tiedje // *Soil Biology and Biochemistry*. – 2003. – V. 35. – I. 7. – P. 915–924.
- 19 Tyson, G. W. Cultivating the uncultivated: a community genomics perspective [Text] / G. W. Tyson, J. F. Banfield // *Trends in Microbiology*. – 2005. – V. 9. – I. 13. – P. 411–415.

- 20 Tringe, S. G. A renaissance for the pioneering 16S rRNA gene [Text]/ S. G. Tringe, P. Hugenholtz // *Current Opinion in Microbiology*. – 2009. – V. 11. – I. 5. – P. 442–446.
- 21 Pace, N. R. Mapping the tree of life: progress and prospects [Text]/ N. R. Pace // *Microbiology and molecular biology reviews*. – 2009. – V. 73. – No. 4. – P. 565–576.
- 22 Lombard, N. Soil-specific limitations for access and analysis of soil microbial communities by metagenomics [Text]/ N. Lombard, E. Prestat, J. D. V. Elsas, P. Simonet // *FEMS Microbiology Ecology*. – 2011. – V. 78. – I. 1. – P. 31–49.
- 23 Daniel, R. The metagenomics of soil [Text] / R. Daniel // *Nature Reviews Microbiology*. – 2005. – V. 3. – P. 470–478.
- 24 Mackelprang, R. Metagenomic analysis of a permafrost microbial community reveals a rapid response to thaw [Text] / R. Mackelprang, M. P. Waldrop, K. M. DeAngelis, M. M. David, K. L. Chavarria, S. J. Blazewicz, E. M. Rubin, J. K. Jansson // *Nature*. – 2011. – V. 480. – P. 368–371.
- 25 Андронов, Е. Е. [Text] Научно-методические рекомендации по выделению высокоочищенных препаратов ДНК из объектов окружающей среды / Е. Е. Андронов, А. Г. Пинаев, Е. В. Першина, Е. П. Чижевская // СПб.: ВНИИСХМ РАСХН, 2011. – 23 с.
- 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. – I. 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. – I. 3. – P. 610–618.
- 28 Blume, E. Surface and subsurface microbial biomass, community structure and metabolic activity as a function of soil depth and season [Text] / E. Blume, M. Bischoff, J. Reichert, T. Moorman, A. Konopka, R. Turco // *Applied Soil Ecology*. – 2002. – V. 20. – I. 3. – P. 171–181.
- 29 Fierer, N. Variations in microbial community composition through two soil depth profiles [Text] / N. Fierer, J. P. Schimel, P. A. Holden // *Soil Biology and Biochemistry*. – 2003. – V. 35 – P. 167–176.

REFERENCES

- 1 Wang, Q.J. Soil chemical properties and microbial biomass after 16 years of no-tillage farming on the Loess Plateau, China [Text] / Q.J. Wang // *Geoderma*. 2008. Vol.144. P. 502–508
- 2 Schlöter, M. Indicators for evaluating soil quality [Text] / M. Schlöter // *Agriculture, Ecosystems and Environment*. 2003. Vol. 98. P. 255–262
- 3 Livia, B. Microbial biomass, enzyme activities and microbial community structure in two European long-term field experiments [Text] / B. Livia // *Agriculture, Ecosystems and Environment*. 2005. Vol. 109. P. 141–152
- 4 Tripathia, S. Enzyme activities and microbial biomass in coastal soils of India [Text] / S. Tripathia // *Soil Biology and Biochemistry*. 2007. Vol.39, № 11. P. 2840–2848
- 5 Yusuf, A.A. Rotation effects of grain legumes and fallow on maize yield, microbial biomass and chemical properties of an Alfisol in the Nigerian savanna [Text] / A.A. Yusuf // *Agriculture, Ecosystems and Environment*. 2009. Vol. 129. P. 325–331
- 6 Rozema, J. Crops for a salinized world [Text] / J. Rozema., T. Flowers // *Science*. – 2008 – V.322. – P. 478–1480.
- 7 Arora, S. Halophilic microbe interactions with plants to mitigate salt stress [Text] / S. Arora., D. Sahni // *Salt stress, microbes, and plant interactions: causes and solution*. M. S. Akhtar (Eds.). – 2019 – Springer: Singapore. – P. 249–272
- 8 Chernov, T.I. Mikrobiomy kontrastnykh po zasoleniyu pochv soloncovogo kompleksa volgo-ural'skogo mezhdurech'ya [Tekst] / T.I. Chernov, A.K. Thakahova, M.P. Lebedeva, A.D. Zhelezova, N.A. Bgazhba, O.V. Kutovaya // *Pochvovedenie*. – 2018 – №9. – S. 1115–1124.

- 9 Chenard, C. Introduction [Text] / C. Chenard., F.M. Lauro // *Microbial Ecology of extreme environments*. C. Chenard., F.M. Lauro (Eds.). – 2017– Springer: Switzerland. – P. 1-6.
- 10 Burke, D. J. Interactions among plant species and microorganisms in salt marsh sediments [Text] / D.J. Burke., P. E. Hamerlynck., D. Hahn // *Applied and Environmental Microbiology*. – 2002 – p. 1157–1164.
- 11 Willey, J.M. Prescott's principles of microbiology [Text] / J.M. Willey., L.M. Sherwood., Ch.J. Woolverton // New York: The McGraw-Hill Companies, Inc. – 2009 – P. 969.
- 12 Pershina, E.V. Izuchenie struktury mikrobnogo soobshchestva zasolennykh pochv s ispol'zovaniem vysokoproizvoditel'nogo sekvenirovaniya [Tekst] / E.V. Pershina, G.S. Tamazyan., A.S. Dol'nik, A.G. Pinaev, N.H. Sergaliev, E.E. Andronov // *Ekologicheskaya genetika*. – 2012 – T.10(2). – S. 32–39.
- 13 de Souza-Silva, C. M. Effect of Salinity on Soil Microorganisms [Text] / C. M. de Souza-Silva, E. F. Fay // *Soil Health and Land Use Management*. M. C. Hernandez - Soriano (Eds.). – 2012 – P. 177-198.
- 14 Elmajdoub, B. Response of microbial activity and biomass to soil salinity when supplied with glucose and cellulose [Text] / B. Elmajdoub., P. Marschner // *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*. – 2015 – V.15 (4) – P. 816-832.
- 15 Singh, K. Microbial and enzyme activities of saline and sodic soils [Text] / K. Singh // *Land Degradation and Development*. – 2016 – V.27. – P. 706-718.
- 16 Yakutina, M. V. The effect of salinization on the biomass of microorganisms in the soils of different ages in the forest-steppe zone of western Siberia [Text] / M. V. Yakutina., L.Yu. Anopchenko., V. S. Andrievskii // *Eurasian Soil Science*. – 2016. V.49(12). – P. 1414–1418.
- 17 Forney, L. J. Molecular microbial ecology: land of the one-eyed king [Text] / L. J. Forney, X. Zhou, C. J. Brown // *Current Opinion in Microbiology*. – 2004. – V. 7. – I. 3. – P. 210–220.
- 18 Zhou, J. Bacterial phylogenetic diversity and a novel candidate division of two humid region, sandy surface soils [Text] / J. Zhou, B. Xia, H. Huang, D. S. Treves, L. J. Hauser, R. J. Mural, A. V. Palumbo, J. M. Tiedje // *Soil Biology and Biochemistry*. – 2003. – V. 35. – I. 7. – P. 915–924.
- 19 Tyson, G. W. Cultivating the uncultivated: a community genomics perspective [Text] / G. W. Tyson, J. F. Banfield // *Trends in Microbiology*. – 2005. – V. 9. – I. 13. – P. 411–415.
- 20 Tringe, S. G. A renaissance for the pioneering 16S rRNA gene [Text] / S. G. Tringe, P. Hugenholtz // *Current Opinion in Microbiology*. – 2009. – V. 11. – I. 5. – P. 442–446.
- 21 Pace, N. R. Mapping the tree of life: progress and prospects [Text] / N. R. Pace // *Microbiology and molecular biology reviews*. – 2009. – V. 73. – No. 4. – P. 565–576.
- 22 Lombard, N. Soil-specific limitations for access and analysis of soil microbial communities by metagenomics [Text] / N. Lombard, E. Prestat, J. D. V. Elsas, P. Simonet // *FEMS Microbiology Ecology*. – 2011. – V. 78. – I. 1. – P. 31–49.
- 23 Daniel, R. The metagenomics of soil [Text] / R. Daniel // *Nature Reviews Microbiology*. – 2005. – V. 3. – P. 470–478.
- 24 Mackelprang, R. Metagenomic analysis of a permafrost microbial community reveals a rapid response to thaw [Text] / R. Mackelprang, M. P. Waldrop, K. M. DeAngelis, M. M. David, K. L. Chavarria, S. J. Blazewicz, E. M. Rubin, J. K. Jansson // *Nature*. – 2011. – V. 480. – P. 368–371.
- 25 Andronov, E. E. [Text] Nauchno-metodicheskie rekomendacii po vydeleniyu vysokoochishchennykh preparatov DNK iz ob'ektov okruzhayushchej sredy / E.E. Andronov, A. G. Pinaev, E. V. Pershina, E. P. CHizhevskaya // SPb.: VNIISKHM RASKHN, 2011. – 23 s.
- 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. – I. 7. – P. 5069–5072.
- 27 Mc Donald, 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. – I. 3. – P. 610–618.
- 28 Blume, E. Surface and subsurface microbial biomass, community structure and metabolic activity as a function of soil depth and season [Text] / E. Blume, M. Bischoff, J. Reichert, T. Moorman, A. Konopka, R. Turco // *Applied Soil Ecology*. – 2002. – V. 20. – I. 3. – P. 171–181.

29 Fierer, N. Variations in microbial community composition through two soil depth profiles [Text] / N. Fierer, J. P. Schimel, P. A. Holden // Soil Biology and Biochemistry. – 2003. – V. 35 – P. 167–176.

ТҮЙІН

Мақалада ауыл шаруашылығында пайдалану жағдайында құрамы өзгеретін топырақ микроорганизмдері туралы зерттеулер берілген. Микробтық биомасса топырақ сапасының маңызды көрсеткіші болып табылады, ол органикалық заттардың трансформациясы мен айналымының өкілі қызметін атқарады және өсімдік қоректік заттардың көзі және топырақ ферменттерінің потенциалды көзі болып табылады. Дүние жүзінде әртүрлі сортаңданған топырақтар 800 млн га-дан астам топырақты алып жатыр, құрғақ аймақтармен шектелген, жоғары сортаңдану дәрежесімен, ылғалдың жетіспеушілігімен сипатталады және оңтайлы егіншілікке кедергі келтіреді. Сонымен қатар, мұндай топырақтар микроорганизмдердің таралуы, систематикасы, экологиясы жағынан әлі толық зерттелмеген. Қазіргі уақытта топырақ микроорганизмдерін анықтау мен зерттеуде микроорганизмдердің сапалық және сандық құрамын, олардың қасиеттерін таза дақылдарға бөліп алмай зерттеуге мүмкіндік беретін молекулалық биологиялық әдістер басымдыққа ие. Олардың ішінде генетикалық ақпараттың үлкен көлемін талдауға мүмкіндік беретін ДНҚ нуклеотидтер тізбегін дешифрлеудің заманауи технологиясының – жоғары өнімді секвенирлеудің дамуы арқасында қол жеткізілген метагеномдық тәсіл ерекше орын алады. ДНҚ маркерлерінің әртүрлі геномдық тізбектерді сынаудағы артықшылықтары бар; геном бойынша біркелкі бөлінген маркерлерді іздеу; ДНҚ үлгілерін сақтау ұзақтығы және бір үлгіде шектеулер мен қайталанатын маркер тізбегі жоқ.

ӨОЖ: 633.28: 631.53.04

DOI 10.52578/2305-9397-2023-3-2-12-19

FTAXP:68.35.47;68.29.19

Мусина М. К., ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, **негізгі автор**, <https://orcid.org/0000-0002-2242-1864>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, 090000, Жәңгір хан көш., 51, Орал қ., Қазақстан Республикасы, meyrangul_70@mail.ru

Нурғалиева Г. К., ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, <https://orcid.org/0000-0002-0085-4212>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, 090000, Жәңгір хан көш., 51, Орал қ., Қазақстан Республикасы, Gulbaram.nurgalieva.71@bk.ru

Губашева Б. Е., ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, <https://orcid.org/0000-0003-2084-9434>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, 090000, Жәңгір хан көш., 51, Орал қ., Қазақстан Республикасы, bibigul690305@mail.ru

Mussina M.K., candidate of Agricultural Sciences, **the main author**, <https://orcid.org/0000-0002-2242-1864>

Zhangir khan West Kazakhstan Agrarian and Technical University, 090009, Uralsk, st. Zhangir Khan, 51, Republic of Kazakhstan, meyrangul_70@mail.ru

Nurgaliyeva G. K., candidate of Agricultural Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-0085-4212>

Zhangir khan West Kazakhstan Agrarian and Technical University, 090009, Uralsk, st. Zhangir Khan, 51, Republic of Kazakhstan, Gulbaram.nurgalieva.71@bk.ru

Gubasheva B.E., candidate of Agricultural Sciences, <https://orcid.org/0000-0003-2084-9434>

Zhangir khan West Kazakhstan Agrarian and Technical University, 090009, Uralsk, st. Zhangir Khan, 51, Republic of Kazakhstan, bibigul690305@mail.ru