

## Таксономическое разнообразие микробиома чернозема южного под влиянием сидерата фацелии и целлюлозолитической ассоциации

А. Ю. Еговцева<sup>✉</sup>, И. А. Каменева, А. И. Якубовская, С. Ф. Абдурашитов, М. В. Гритчин, И. И. Смирнова

Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма, Симферополь, Россия

<sup>✉</sup>E-mail: [cau82@mail.ru](mailto:cau82@mail.ru)

**Аннотация.** Практика использования зеленого удобрения набирает популярность в рамках интегрированных сельскохозяйственных систем, ориентированных на экологичность. Учитывая факт медленного разложения растительных остатков, актуальным является применение микробных препаратов на основе целлюлозоразлагающих микроорганизмов, а также исследования количественного и качественного состава сапрофитной микробиоты, участвующих в трансформации растительной массы в почве. **Цель.** Исследование направлено на изучение таксономического разнообразия микробиома чернозема южного при применении растительного сидерата фацелии и целлюлозолитической ассоциации (ЦА). **Методы.** Исследования проводили в 2018 и 2019 гг. в условиях полевого опыта на черноземе южном малогумусном на лессовидных глинах. Растения фацелии в фазу цветения обрабатывали водной суспензией ЦА (1 л/га) с одновременным измельчением фитомассы и заделкой в почву на глубину 10–15 см. Таксономический анализ почвенных образцов проводили методом высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S rPHK. Подготовка библиотек и секвенирование выделенной ДНК проводились на платформе Illumina MiSeq на базе Центра коллективного пользования научным оборудованием «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ «ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии» (Санкт-Петербург). **Результаты.** Анализ главных компонент бактериального комплекса показал, что органический субстрат и внесение целлюлозолитической ассоциации существенно влияют на изменения в микробном сообществе на уровне фил и родов. Результаты исследования свидетельствуют о способности такого технологического приема, как внесение сидерата фацелии и применение ЦА для ускорения разложения, оказывать воздействие на изменение таксономической структуры прокариотного сообщества чернозема южного в условиях степи. **Научная новизна.** Впервые проведен метагеномный анализ таксономической структуры сообщества почвенных микроорганизмов, инициированных сидеральными культурами и ЦА в условиях чернозема южного Степи Крыма.

**Ключевые слова:** микробиом, таксономическая структура, целлюлозолитическая ассоциация, сидераты

**Благодарности.** Исследование выполнено в рамках госзадания Министерства образования и науки Российской Федерации № FNZW-2022-0004 «Закономерности функционирования агрофитоценозов чернозема южного под влиянием различных систем земледелия и приемов биологизации, направленных на улучшение плодородия почвы».

**Для цитирования:** Еговцева А. Ю., Каменева И. А., Якубовская А. И., Абдурашитов С. Ф., Гритчин М. В., Смирнова И. И. Таксономическое разнообразие микробиома чернозема южного под влиянием сидерата фацелии и целлюлозолитической ассоциации // Аграрный вестник Урала. 2025. Т. 25, № 09. С. 1316–1328. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2025-25-09-1316-1328>.

**Дата поступления статьи:** 24.01.2025, **дата рецензирования:** 31.03.2025, **дата принятия:** 03.06.2025.

# Taxonomic diversity of the microbiome of southern chernozem under the influence of phacelia green manure and cellulolytic association

A. Yu. Egovtseva<sup>✉</sup>, I. A. Kameneva, A. I. Yakubovskaya, S. F. Abdurashitov, M. V. Gritchin, I. I. Smirnova

Research Institute of Agriculture of Crimea, Simferopol, Russia

<sup>✉</sup>E-mail: eau82@mail.ru

Agrotechnologies

**Abstract.** The practice of using green manure is gaining popularity within the framework of integrated agricultural systems focused on ecology. The use of microbial preparations based on cellulose-decomposing microorganisms, as well as studies of the quantitative and qualitative composition of saprophytic microbiota involved in the transformation of plant mass in the soil, is relevant. **The purpose.** The study was aimed at investigating the taxonomic diversity of the southern chernozem microbiome using phacelia as a green manure and cellulolytic association (CA). **Methods.** The studies were conducted in 2018 and 2019 under field experimental conditions on low-humus southern chernozem on loess-like clays. Phacelia plants in the flowering phase were treated with an aqueous suspension of CA (1 l per hectare) with simultaneous crushing of the phytomass and incorporation into the soil to a depth of 10–15 cm. Taxonomic analysis of soil samples was carried out by high-throughput sequencing of 16S rRNA gene libraries. The preparation of libraries and sequencing of isolated DNA were carried out on the Illumina MiSeq platform at the Center for Collective Use of Scientific Equipment “Genomic Technologies, Proteomics and Cell Biology” of the All-Russian Research Institute of Agricultural Microbiology (St. Petersburg). **Results.** Principal component analysis showed that organic substrate and the introduction of a cellulolytic association significantly affect changes in the microbial community at the phyla and genera level. The results of the study indicate the ability of such a technological method as the introduction of phacelia green manure and the use of CA to accelerate decomposition, to influence the change in the taxonomic structure of the prokaryotic community of southern chernozem in steppe conditions. **Scientific novelty.** For the first time, a metagenomic analysis of the taxonomic structure of the community of soil microorganisms initiated by green manure crops and CA in the conditions of the chernozem of the southern Steppe of Crimea was carried out.

**Keywords:** microbiome, taxonomic structure, cellulolytic association, green manure, phacelia

**Acknowledgements.** The study was carried out within the framework of the state assignment of the Ministry of Education and Science of the Russian Federation No. FNZW-2022-0004 “Patterns of functioning of agrophytonoses of southern chernozem under the influence of various farming systems and biologization techniques aimed at improving soil fertility.”

**For citation:** Egovtseva A. Yu., Kameneva I. A., Yakubovskaya A. I., Abdurashitov S. F., Gritchin M. V., Smirnova I. I. Taxonomic diversity of the microbiome of southern chernozem under the influence of phacelia green manure and cellulolytic association. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2025; 25 (09): 1316–1328. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2025-25-09-1316-1328>. (In Russ.)

**Date of paper submission:** 24.01.2025, **date of review:** 31.03.2025, **date of acceptance:** 03.06.2025.

## Постановка проблемы (Introduction)

Почва – основа сельскохозяйственного производства. Как природный ресурс она постоянно подвергается природным и антропогенным воздействиям. Интенсивное сельское хозяйство является одной из основных характеристик современных методов ведения сельского хозяйства, что приводит к неблагоприятному воздействию на окружающую среду, включая усиление эрозии почвы, вымывание питательных веществ в результате интенсивного внесения удобрений и снижение микробного разнообразия почвы и потери плодородия [1; 2]. В связи

с этим ведется поиск эффективных способов оздоровления почв – дополнительных источников органических удобрений, обеспечивающих воспроизводство почвенного плодородия и удовлетворение потребностей сельскохозяйственных культур в элементах питания. Одним из перспективных направлений в агропроизводстве, а также традиционной и ценной практикой для управления агроэкосистемами является использование сидератов как средств новообразования гумуса [3; 4]. Большое количество исследований доказало положительное влияние применения сидератов на улучшение сельскохозяй-

© Egovtseva A. Yu., Kameneva I. A., Yakubovskaya A. I., Abdurashitov S. F., Gritchin M. V., Smirnova I. I., 2025

ственного производства в различных регионах. Полезные эффекты можно резюмировать следующим образом: недопущение почвенной эрозии и уменьшение стока в паровой период; снижение плотности почвы и увеличение содержания гумуса, азота, фосфора, калия и других веществ и, следовательно, сокращение применения химических удобрений; увеличение биоразнообразия микробиоценоза и биологической активности, а также ускорение трансформации питательных веществ в почве; обеспечение возможности борьбы с сорняками, вредителями и болезнями, что также способствует сокращению использования пестицидов; и наконец, повышение урожайности и прибыли сельскохозяйственных производителей [5; 6].

Однако существует проблема медленного разложения растительных остатков, что особенно актуально в засушливых условиях. Это обусловлено особенностями биохимического состава растительных субстратов, такими как высокое содержание лигнина, целлюлозы и низкое – азота, что является сдерживающим фактором более широкого применения их в качестве удобрения. Приблизительно через 3–4 года после внесения растительных остатков происходит полное их разложение [7]. Также препятствием применения данной технологии является то, что создаются благоприятные условия для развития фитопатогенной микрофлоры из-за длительного нахождения остатков растений на поверхности почвы. Поэтому одним из эффективных приемов увеличения эффективности биологизации путем активизации процесса разложения растительного субстрата и повышения коэффициента гумификации послеуборочных остатков является внесение микробных препаратов на основе микроорганизмов – целлюлозолитиков – перед заделкой в почву, обеспечивающее интродукцию биологически активных штаммов микроорганизмов на сидераты и в почву. Биопрепараты на основе целлюлозоразлагающих микроорганизмов имеют ряд преимуществ перед синтетическими агрохимикатами: экологическая безопасность для организмов; эффективные производственные технологии; стоимость; повышение продуктивности [8]. Фацелия – однолетнее растение семейства бобовых, которое часто используется в качестве сидерата в агропроизводстве. Есть исследования, подтверждающие, что обработка биопрепаратами перед заделкой в почву фитомассы способствует активизации микробиологических процессов, увеличению содержания в почве  $N-NO_3$ ,  $P_2O_5$ ,  $K_2O$ , также оказывает положительное влияние на ростстимуляцию [9; 10]. Ранее нами были получены результаты исследования, показывающие активизирующее влияние внесения в почву фитомассы фацелии и соломы озимой пшеницы на биологические процессы почвы [11].

В настоящее время все чаще используют современные молекулярно-генетические методы, помогающие учесть некультивируемых представителей почвенного микробиома [12], который играет важную роль в системах сельскохозяйственного производства. С помощью данных методов появляется возможность уловить генетическую и функциональную информацию об организмах, находящихся в состоянии покоя, в физиологически неактивном состоянии. Понимание сложной структуры микробного сообщества и реакции на традиционные по сравнению с органическими системы возделывания имеют решающее значение для устойчивого производства и здоровья экосистем [13]. Известно, что органическое вещество почвы, общий и гидролизующий азот достоверно коррелируют с разнообразием прокариот, а количество органического вещества прямо пропорционально связано с их численностью [14]. Также прокариотические клетки составляют наибольшую часть биомассы почвы, и были проведены исследования, посвященные структуре их сообществ и факторам окружающей среды, влияющим на жизнеспособность микроорганизмов [15]. В результате появились две общепринятые теории, связывающие характеристики почвы с микробными сообществами: 1) виды растений и их корневая система напрямую влияют на разнообразие и структуру прокариотических сообществ, изменяя свойства почвы; 2) плодородие почвы, ее физические, абиотические характеристики, такие как pH, типы почв и содержание микроэлементов, могут сильно влиять на состав микробиома и являются основными факторами, влияющими на разнообразие микроорганизмов [16]. В связи с этим актуальны исследования структуры и разнообразия микробиома как показателей экологического состояния почвы.

Целью исследования было изучить таксономическую структуру и разнообразие микробиома чернозема южного при внесении сидерата фацелии и целлюлозолитической ассоциации.

#### Методология и методы исследования (Methods)

Исследования проведены в условиях полевых опытов 2018 и 2019 годов. Образцы почвенного профиля, отобранные с опытных участков лаборатории земледелия Научно-исследовательского института сельского хозяйства Крыма с заделанной растительной массой фацелии пижмолистной (*Phacelia tanacetifolia* Bent.) в качестве органического удобрения и микробным препаратом на основе целлюлозолитической ассоциации (ЦА), были приняты в качестве объектов исследования.

Почва – чернозем южный малогумусный на лесовидных глинах (Красногвардейский район, с. Клепинино). Мощность гумусового горизонта – до 40 см. Количество гумуса (по Тюрину) – 2,1–2,5 %, подвижного фосфора (по Мачигину) – 5,5–9,0 мг, обменного калия – 37,3–42,2 мг на 100 г почвы.

Погодные условия в период весенней вегетации растений, заделки в почву растительной массы и начального этапа ее разложения (через 14 дней после закладки) были критическими по количеству осадков и температуре. За период с марта по май на фоне повышенного температурного режима (среднесуточные температуры превышали норму на 2,0–2,7 °C) выпало 53,0 мм осадков, что составляет 52,5 % от среднесуточных показателей. В июне – июле среднесуточные температуры воздуха достигали 23,1–23,8 °C при максимальных показателях в 33,1–33,9 °C. В летний период (июнь и третья декада июля) выпали интенсивные осадки, не оказавшие большого влияния на пополнения почвенных запасов влаги.

Схема опыта: контроль – черный пар с традиционной технологией его возделывания, варианты с внесением растительного субстрата, обработанного ЦА и без обработки. Целлюлозолитическую ассоциацию культивировали в жидкой питательной среде Гетчинсона – Клейптона с измельченной соломой пшеницы. Рабочий раствор готовили путем суспендирования ЦА из расчета 1 л/га. Препарат вносили при помощи опрыскивателя ОП-2000 в агрегате с трактором МТЗ-82 в фазу цветения фацелии. Растительную массу измельчали и заделывали в почву при помощи дисковой бороны БДТ-6 на глубину 10–15 см. Опыты закладывали в трехкратной повторности. Постановку полевых опытов осуществляли по Б. А. Доспехову [17]. Почву отбирали с глубины 0–16 см. через 14 дней после закладки опытов. Статистическую обработку полученных результатов проводили с использованием программы Microsoft Excel 2010 и Statistica 2010.

В процессе исследований применен современный подход изучения структуры почвенного микробиома, активизированного растительным субстратом сидеральной культуры с использованием высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S рРНК. Выделение тотальной ДНК из почвенных образцов проводили с помощью набора PowerSoil DNA Isolation Kit (Qiagen, Германия) на приборе Vortex Genee-2 (Mo-bio, США). Очистка ДНК была проведена электрофоретически с последующей экстракцией из агарозного геля [18]. Далее очищенные препараты ДНК использовались для создания библиотек маркерного гена 16S рРНК методом ПЦР с применением универсальных праймеров на вариабельный участок V4: F515/R806 (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA / GGACTACVSGGGTATCTAAT) [19], а также присоединением адаптеров и уникальных бар-кодов компании Illumina. Последующая работа (подготовка библиотек и секвенирование) проводилась на платформе Illumina MiSeq (Illumina, США) в соответствии с рекомендациями производителя на базе Центра коллективного пользования научным оборудованием «Геномные технологии, протеомика

и клеточная биология» ФГБНУ «ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии» (Санкт-Петербург).

Первоначальная обработка полученных данных (демультиплексирование образцов и удаление адаптеров) проводилась ПО Illumina (Illumina, США). Для деноизинга, объединения последовательностей, удаления химерных прочтений, восстановления исходных фило-типов (ASV, Amplicon sequence variant) и дальнейшей таксономической классификации ASV применены программные пакеты dada2 [20], phyloseq [21] и DECIPHER [22], работа которых осуществлялась в программной среде R. Таксономический и статистический анализ полученных результатов проведен с использованием программных пакетов QIIME [23], PAST3 [24].

### Результаты (Results)

По результатам высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S рРНК чернозема южного таксономический анализ на уровне фил и родов показал изменения в микробиоме как при внесении растительного субстрата фацелии, так и при предварительной обработке целлюлозолитической ассоциацией (рис. 1).

Так, количество неатрибутируемых фил было меньше на 8,7–11,8 % при заделке сидерата фацелии и в варианте совместного применения растительного субстрата и ЦА. Представленность *Proteobacteria*, *Actinobacteria* и *Acidobacteria* была максимальной среди наиболее значимых фил.

Доля фил *Actinobacteria* и *Gemmatimonadetes* снижалась в среднем от 28,6 % до 37,4 % в результате внесения фацелии отдельно и с ЦА по сравнению с контролем. Есть данные, что *Actinobacteria* выполняет важную экофизиологическую роль в разложении растительных остатков, поскольку их представители обладают большим количеством ферментов. Но также известно, что их функциональные гены и межвидовые взаимодействия проявляются наиболее выражено в менее плодородных почвах [25]. К мажорным филам, доля которых снижалась при внесении сидерата фацелии и ЦА, относилась *Acidobacteria*. Представители данной филы обладают олиготрофной природой или экологической К-стратегией и преимущественно распространены в средах с повышенным содержанием CO<sub>2</sub> и низким уровнем pH [26].

Доля филы *Firmicutes* возрастала при внесении растительного субстрата на уровне тенденции, а при совместном применении сидерата и ЦА увеличение составило 46,7 % по сравнению с контролем. Микроорганизмы, относящиеся к филе *Firmicutes*, выполняют центральную роль в разрушении лигноцеллюлозы, в том числе в деградации гемицеллюлозы, при этом представители филы *Proteobacteria*, доля которых увеличивалась в результате внесения сидерата (на 20,9 %), способствуют деградации целлюлозы [27].



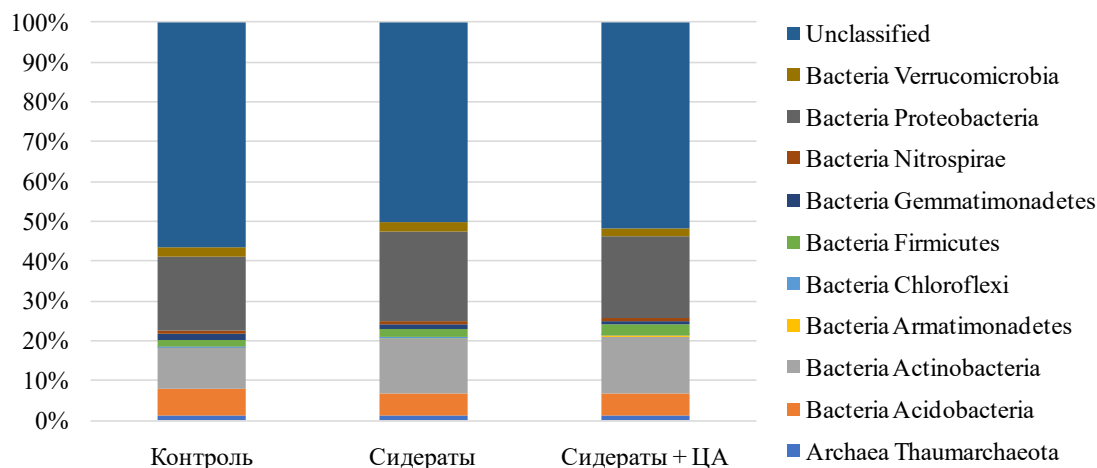


Рис. 1. Наиболее значимые филы прокариот в сообществе чернозема южного при внесении сидератов и ЦА ( $p \leq 0,05$ )

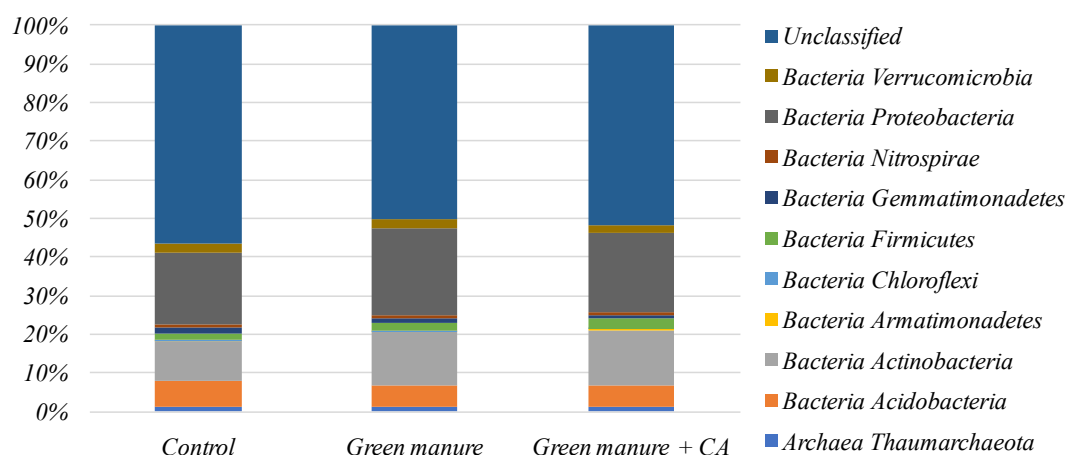


Fig. 1. The most significant phyla of prokaryotes in the southern chernozem community with the introduction of green manure and CA ( $p \leq 0.05$ )

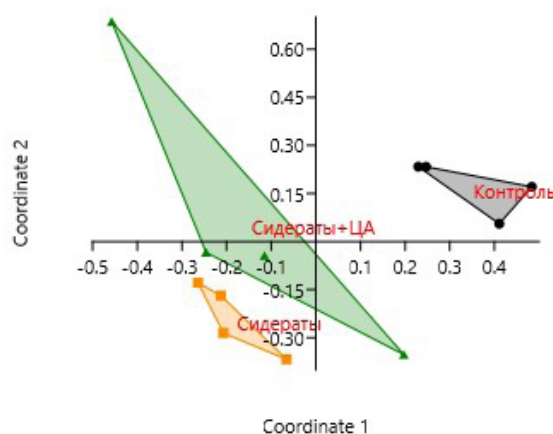


Рис. 2. Сравнение  $\beta$ -разнообразия метагеномов прокариот на уровне фил в черноземе южном с заделкой сидератов и ЦА на основе анализа главных компонент с применением метрики Брея – Кертиса

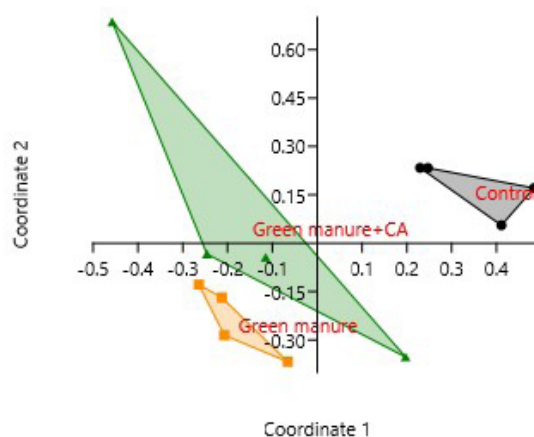


Fig. 2. Comparison of  $\beta$ -diversity of prokaryotic metagenomes on the phyla level in southern chernozem with the incorporation of green manure and CA based on Principal Component Analysis using the Bray – Curtis distance

Известно, что наличие в сообществе специфических нитрифицирующих микроорганизмов (*Nitrospira*) может играть важную роль в формировании эффективных сообществ, так как роль азотного обмена в каталитических почвенных системах недооценивается, поскольку, помимо конкуренции

за источники углерода, следует учитывать высокую конкуренцию за свободный азот [28]. Наши исследования показали увеличение доли представителей филы *Nitrospira* при заделке фацелии на 29,8 %, а в варианте совместного применения фацелии и ЦА – на 42,1 %.

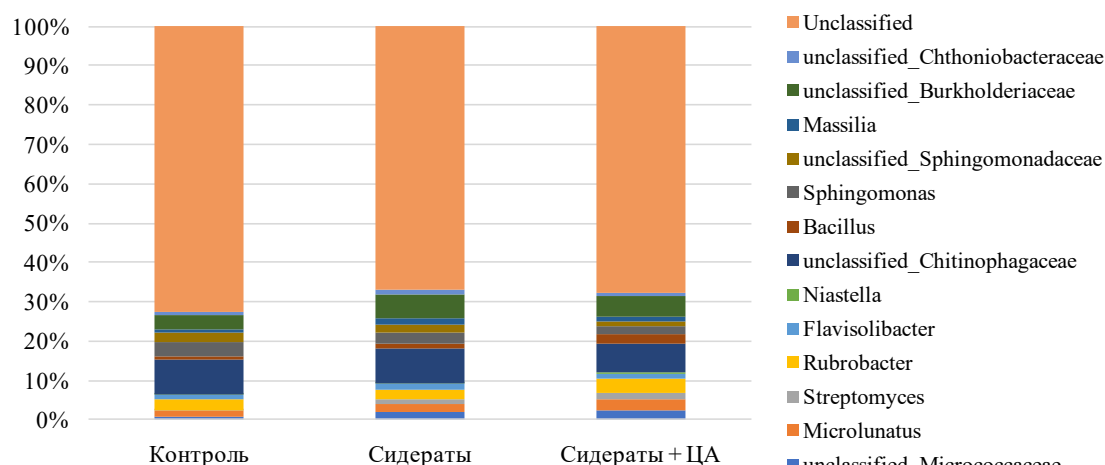


Рис. 3. Наиболее значимые рода прокариот в сообществе чернозема южного при внесении сидератов и ЦА ( $p \leq 0,05$ )

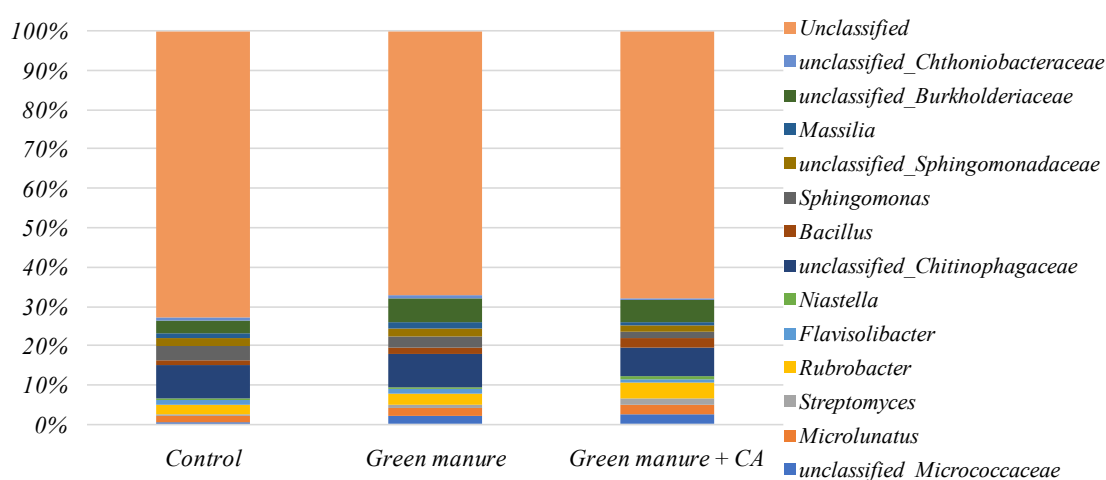


Fig. 3. The most significant genera of prokaryotes in the southern chernozem community with the introduction of green manure and CA ( $p \leq 0.05$ )

Представители филы *Chloroflexi* известны широким спектром метаболического разнообразия, их можно использовать в биотехнологических целях благодаря производству биоразлагаемых органических и питательных веществ, а также деструкции труднорастворимых молекул [29]. Доля представителей данной филы снижалась при заделке сидерата, а при предварительной обработке ЦА растительного субстрата увеличивалась.

Анализ бета-разнообразия бактериального сообщества на уровне фил выявил различия между разными вариантами. Анализ главных компонент показал значительное влияние как внесения растительного субстрата, так и ЦА на разнообразие метабеномов (рис. 2), так как отсутствует перекрытие между вариантами опыта и наблюдается дифференцировка в разные стороны плоскости.

По долям присутствия родов прокариот в сообществе чернозема южного при внесении сидерата и ЦА также были выявлены различия в сравнении с контрольным вариантом (рис. 3).

В результате внесения сидерата отдельно и совместно с ЦА увеличение доли *unclassified Micrococcaceae* наблюдалось в 2,6 и 2,4 раза соответственно. Представители данного семейства известны способностью к деструкции труднодоступных органических соединений [30].

Род *Streptomyces* является наиболее распространенным и важным видом актиномицетов – хороший источник биологически активных соединений, антибиотиков и внеклеточных ферментов [31]; он реагировал существенным увеличением доли при заделке фацелии в 2,4 раза, а с ЦА – в 3,4 раза.

При внесении сидерата фацелии доля *unclassified Burkholderiaceae*, известных своей способностью разлагать ксенобиотики [32], увеличилась в 1,7 раза по сравнению с контролем.

Представители рода *Microlunatus* встречаются в различных почвах и имеют способность к эндоситному существованию в растениях, участвуют в метаболизме фосфатов [33; 34]. Внесение фацелии способствовало значимому увеличению их доли в 1,4 раза, при совместном применении с ЦА – 1,3 раза.

Таблица 1  
Альфа-разнообразие прокариот в черноземе южном с внесением сидератов и микробных препаратов

| Показатели           | Контроль       | Сидераты       | Сидераты + ЦА |
|----------------------|----------------|----------------|---------------|
| Количество филотипов | 1887,5 ± 204,6 | 1985,0 ± 286,9 | 2030,5 ± 90,4 |
| Количество ОТЕ родов | 200,3 ± 14,3   | 211,3 ± 15,6   | 218,7 ± 12,8  |
| Индекс Шеннона       | 6,62 ± 0,09    | 6,71 ± 0,05    | 6,66 ± 0,16   |
| Выравненность        | 0,40 ± 0,04    | 0,41 ± 0,04    | 0,39 ± 0,06   |
| Индекс Маргалефа     | 177,3 ± 14,8   | 185,9 ± 21,7   | 188,5 ± 6,1   |
| Индекс Фишера α      | 406,5 ± 28,5   | 430,1 ± 43,7   | 430,9 ± 11,8  |
| Chao-1               | 1901 ± 198     | 1980 ± 285     | 2044 ± 95     |

Table 1  
Alpha diversity of prokaryotes in southern chernozem with the introduction of green manure and CA

| Indicators           | Control        | Green manure   | Green manure + CA |
|----------------------|----------------|----------------|-------------------|
| Number of phylotypes | 1887.5 ± 204.6 | 1985.0 ± 286.9 | 2030.5 ± 90.4     |
| Number of OTU genera | 200.3 ± 14.3   | 211.3 ± 15.6   | 218.7 ± 12.8      |
| Shannon index        | 6.62 ± 0.09    | 6.71 ± 0.05    | 6.66 ± 0.16       |
| Evenness             | 0.40 ± 0.04    | 0.41 ± 0.04    | 0.39 ± 0.06       |
| Margalef index       | 177.3 ± 14.8   | 185.9 ± 21.7   | 188.5 ± 6.1       |
| Fisher index α       | 406.5 ± 28.5   | 430.1 ± 43.7   | 430.9 ± 11.8      |
| Chao-1               | 1901 ± 198     | 1980 ± 285     | 2044 ± 95         |

Внесение субстрата способствовало снижению доли бактерий рода *Flavisolibacter*: незначительному при заделке фацелии и в 1,8 раза после ее инокуляции ЦА. Увеличение количества представителей рода *Niastella*, выполняющие важную роль в круговороте азота [35], в 3,0 раза при внесении фацелии, а после инокуляции в 5,8 раза. Представители рода *Massilia* известны способностью синтезировать множество вторичных метаболитов и ферментов, солубилизации фосфора, деградации фенантрена [36]. Представленность данного рода значимо возросла в 1,6 раза в варианте заделки фацелии.

Три ключевые целлюлазы (эндоглюканызы, экзоглюканызы, β-глюкозидазы), продуцируемые бактериями рода *Bacillus* требуются для полного разложения целлюлозы [37]. Внесение фацелии способствовало значимому увеличению доли данного рода в 1,2 и 1,5 раза при инокуляции ЦА. Доля рода *Sphingomonas* достоверно уменьшалась в результате внесения субстрата фацелии в 1,3 раза и при применении сидерата с ЦА в 2,8 раза. Многочисленные штаммы данного рода были выделены из сред, загрязненных поллютантами, где они способны использовать токсичные вещества в качестве питательных [38]. Бактерии семейства *Chthoniobacteraceae* реагировали увеличением доли в 1,2 раза при внесении растительного субстрата фацелии. Известно, что численность данного таксона положительно коррелирует с содержанием органического углерода и азота в почве [39; 40].

Одним из инструментов изучения видового разнообразия и изменения сообществ являются альфа- и бета-разнообразие, использующиеся как показатель сложности биологической системы, разнокачественности ее компонентов [41].

Оценка биоразнообразия микробиома чернозема южного показала наибольшее альфа-разнообразие при использовании фацелии: индекс Шеннона превышал контроль без обработки (таблица 1). В варианте с совместным внесением сидерата и ЦА количество филотипов было выше на 143 единицы по сравнению с контролем. Среди некоторых других показателей биоразнообразия также наблюдалась тенденция увеличения при внесении растительного субстрата и ЦА.

В результате проведенных исследований выявлено, что органический субстрат оказывал влияние на изменения в микробном сообществе. Установленные различия между вариантами по таксономическому составу микробиома почвенных образцов, выявленные методом главных компонент, который используется для снижения размерности данных с минимальной потерей объема информации, отображены на рис. 4.

Наиболее близко в пространстве расположены варианты с внесением растительного субстрата и предварительной обработкой ЦА. Также показано, что данные сообщества удалены от контрольного варианта.

#### Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

В результате проведенного исследования установлено, что при внесении растительного субстрата увеличились доли агрономически значимых родов прокариот: *Microthumatus* и *Streptomyces* в 1,4 и 2,4 раза, *Niastella*, *Bacillus* – в 3,0 и 1,2 раза соответственно; более выраженное увеличение долей данных родов, до 5,8 раза в сравнении с черным паром, установлено при совместном применении растительного субстрата и ЦА. Доля фил *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Nitrospirae*, *Chloroflexi*, *Actinobacteria* увеличивалась в результате применения сидерата отдельно и с ЦА.

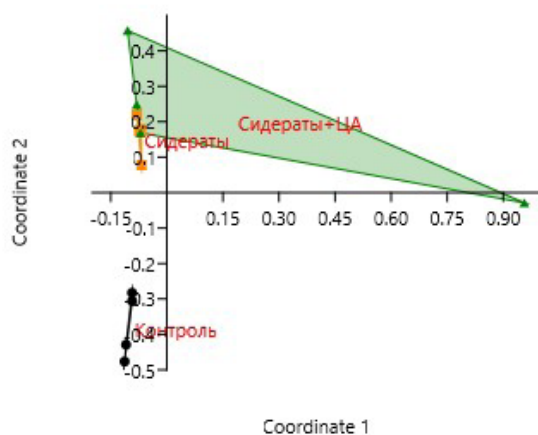


Рис. 4. Сравнение  $\beta$ -разнообразия метагеномов прокариот на уровне родов в черноземе южном с заделкой сидератов и ЦА на основе анализа главных компонент с применением метрики Брея – Кертиса

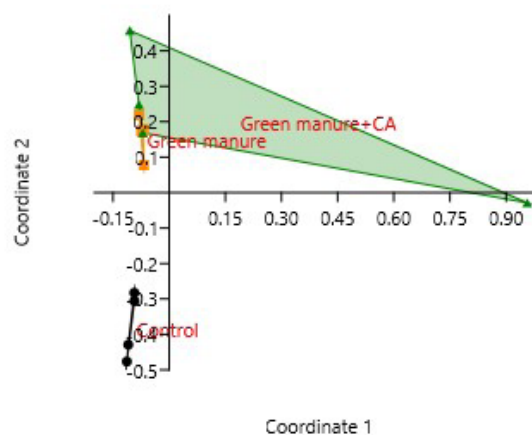


Fig. 4. Comparison of  $\beta$ -diversity of prokaryotic metagenomes on the genus level in southern chernozem with the incorporation of green manure and CA based on Principal Component Analysis using the Bray – Curtis distance

Выявлено, что внесение сидерата фацелии оказывает влияние на биоразнообразие микробиома, выражающееся в увеличении доли неопределенных родов, представителей семейств *Micrococcaceae* и *Chthoniobacteraceae* в сравнении с контролем. Количество неатрибутируемых фил было меньше на 8,7–11,8 % при заделке сидерата фацелии и в варианте совместного применения растительного субстрата и ЦА. Анализ главных компонент показал, что органический субстрат и внесение целлюлозолитической ассоциации существенно влияет на изменения в микробном сообществе на уровне фил

и родов. Выявлено, что среди показателей биоразнообразия наблюдалась тенденция увеличения при внесении растительного субстрата, наиболее выраженная в сочетании с ассоциацией.

Таким образом, полученные результаты исследования свидетельствуют о способности изучаемых технологий применения сидерата фацелии и целлюлозолитической ассоциации оказывать влияние на изменения таксономической структуры микробиома почвы на уровне родов и фил в условиях чернозема южного Степи Крыма.

### Библиографический список

1. Csambalik L., Divéky-Ertsey A., Gál I., Madaras K., Sipos L., Székely G., Pusztai P. Sustainability perspectives of organic farming and plant factory systems – from divergences towards synergies // *Horticulturae*. 2023. Vol. 9, No. 8. Article number 895. DOI: 10.3390/horticulturae9080895.
2. Wan L. J., Tian Y., He M., Zheng Y. Q., Lyu Q., Xie R. J., Yi S. L. Effects of chemical fertilizer combined with organic fertilizer application on soil properties, citrus growth physiology, and yield // *Agriculture*. 2021. Vol. 11, No. 12. Article number 1207. DOI: 10.3390/agriculture11121207.
3. Куликова А. Х. Яшин Е. А., Черкасов Е. А., Волкова Е. С. Роль органических удобрений (соломы, сидератов, пожнивно-корневых остатков) в воспроизводстве и сохранении гумуса в почве // *Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии*. 2022. № 4 (60). С. 53–58. DOI: 10.18286/1816-4501-2022-4-53-58.
4. Tkachuk O., Aliksieiev O. Influence of siderates on the agro-ecological condition of the soil. Riga: Publishing House “Baltija Publishing”, 2023. 211 p.
5. Bill M., Chidamba L., Gokul J. K., Labuschagne N., Korsten L. Bacterial community dynamics and functional profiling of soils from conventional and organic cropping systems // *Applied Soil Ecology*. 2021. Vol. 157. Article number 103734. DOI: 10.1016/j.apsoil.2020.103734.
6. Ma D., Yin L., Ju W., Li X., Liu X., Deng X., Wang S. Meta-analysis of green manure effects on soil properties and crop yield in northern China // *Field Crops Research*. 2021. Vol. 266. Article number 108146. DOI: 10.1016/j.fcr.2021.108146.
7. Брескина Г. М., Чуян Н. А. Влияние приемов биологизации на урожайность сельскохозяйственных культур // *Земледелие*. 2020. № 3. С. 30–33. DOI: 10.24411/0044-3913-2020-10308.
8. Никитин Д. А., Семенов М. В., Ксенофонтова Н. А., Тхакахова А. К., Русакова И. В., Лукин С. М. Влияние свежего органического вещества соломы на микробиологические показатели дерново-подзолистой почвы // *Почвоведение*. 2023. № 5. С. 640–653. DOI: 10.31857/S0032180X22601189.
9. Bhatia T., Bose D., Sharma D., Patel D. A Review on Cellulose Degrading Microbes and its Applications // *Industrial Biotechnology*. 2024. Vol. 20, No. 1. Pp. 26–39. DOI: 10.1089/ind.2023.0025.



10. Володина Т. И., Шлапакова М. В., Козлов Н. С. Влияние биопрепарата Байкал ЭМ на скорость разложения соломы различных культур // Приоритетные направления развития АПК и сельских территорий: сборник материалов конференции. Великие Луки, 2021. С. 80–83.
11. Каменева И. А., Мельничук Т. Н., Якубовская А. И., Гритчин М. В., Приходько А. В., Смирнова И. И., Зубоченко А. А., Еговцева А. Ю., Караева Н. В. Влияние целлюлозолитической ассоциации микроорганизмов на биоразнообразие чернозема южного // Известия сельскохозяйственной науки Тавриды. 2019. № 20 (183). С. 38–50.
12. Clagnan E., Costanzo M., Visca A., Di Gregorio L., Tabacchioni S., Colantoni E., Sevi F., Sbarra F., Sbarra F., Bindo A., Bindo A., Nolfi L., Nolfi L., Alessandra R., Rosaria M., Magarelli A., Trupo M., Ambrico A., Bevivino A. Culturomics-and metagenomics-based insights into the soil microbiome preservation and application for sustainable agriculture // *Frontiers in Microbiology*. 2024. Vol. 15. Article number 1473666. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1473666.
13. Erdal N. B., Hakkarainen M. Degradation of cellulose derivatives in laboratory, man-made, and natural environments // *Biomacromolecules*. 2022. Vol. 23, No. 7. Pp. 2713–2729. DOI: 10.1021/acs.biomac.2c00336.
14. Hou X.-Y., Qiao W.-T., Gu J.-D., Liu C.-Y., Hussain M. M., Du D.-L., Zhou Y., Wang Y.-F., Li Q. Reformation of *Cunninghamia lanceolata* changes the relative abundances of important prokaryotic families in soil // *Frontiers in Microbiology*. 2024. Vol. 15. Article number 1312286. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1312286.
15. Sokol N. W., Slessarev E., Marschmann G. L., Nicolas A., Blazewicz S. J., Brodie E. L. et al. Life and death in the soil microbiome: how ecological processes influence biogeochemistry // *Nature Reviews Microbiology*. 2022. Vol. 20. No. 7. Pp. 415–430. DOI: 10.1038/s41579-022-00695-z.
16. Vargas L. K., da Costa P. B., Beneduzi A., Lisboa B. B., Passaglia L. M., Granada C. E. Soil fertility level is the main modulator of prokaryotic communities in a meta-analysis of 197 soil samples from the Americas and Europe // *Applied Soil Ecology*. 2023. Vol. 186. Article number 104811. DOI: 10.1016/j.apsoil.2023.104811.
17. Доспехов Б. А. Методика полевого опыта. Москва: Альянс, 2015. 315 с.
18. Андронов Е. Е., Пинаев А. Г., Першина Е. В. Выделение ДНК из образцов почвы. Санкт-Петербург: ПК «Объединение Вента», 2011. 27 с.
19. Bates S. T., Berg-Lyons J. G., Caporaso W. A., Walters W. A., Knight R., Fierer N. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil // *ISME Journal*. 2010. No. 5. Pp. 908–917.
20. Callahan B. J., McMurdie P. J., Rosen M. J., Han A. W., Johnson A. J. A., Holmes S. P. “DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data” // *Nature Methods*. 2016. Vol. 13, No. 7. Pp. 581–583. DOI: 10.1038/nmeth.3869.
21. McMurdie P. J., Holmes S. Phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data // *PloS One*. 2013. Vol. 8, No. 4. Article number e61217. DOI: 10.1371/journal.pone.0061217.
22. Wright E. S. Using decipher v2.0 to analyze big biological sequence data in R // *The R Journal*. 2016. Vol. 8, No. 1. Pp. 352–359.
23. Caporaso J. G., Kuczynski J., Stombaugh J., Bittinger K., Bushman F. D., Costello E. K., Fierer N., Pena A. G., Goodrich J. K., Gordon J. I., Huttley G. A., Kelley S. T., Knights D., Koenig J. E., Ley R. E., Lozupone C. A., McDonald D., Muegge B. D., Pirrung M., Reeder J., Sevinsky J. R., Turnbaugh P. J., Walters W. A., Widmann J., Yatsunenko T., Zaneveld J., Knight R. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data // *Nature Methods*. 2010. Vol. 7, No. 5. Article number 335. DOI: 10.1038/nmeth.f.303.
24. Hammer O., Harper D. A. T., Ryan P. D. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis // *Palaeontologia Electronica*. 2001. Vol. 4 (1). Pp. 2–9. DOI: 10.1016/j.bcp.2008.05.025.
25. Bao Y., Dolfig J., Guo Z., Chen R., Wu M., Li Z., et al. Important ecophysiological roles of non-dominant Actinobacteria in plant residue decomposition, especially in less fertile soils // *Microbiome*. 2021. Vol. 9. Article number 84. DOI: 10.1186/s40168-021-01032-x.
26. Kalam S., Basu A., Ahmad I., Sayyed R. Z., El-Enshasy H. A., Dailin D. J., Suriani N. L. Recent understanding of soil acidobacteria and their ecological significance: a critical review // *Frontiers in Microbiology*. 2020. Vol. 11. Article number 580024. DOI: 10.3389/fmicb.2020.580024.
27. Gavande P. V., Basak A., Sen S., Lepcha K., Murmu N., Rai V., et al. Functional characterization of thermotolerant microbial consortium for lignocellulolytic enzymes with central role of Firmicutes in rice straw depolymerization // *Scientific Reports*. 2021. Vol. 11, No. 1. Article number 3032. DOI: 10.1038/s41598-021-82163-x.
28. Kimeklis A. K., Gladkov G. V., Orlova O. V., Afonin A. M., Gribchenko E. S., Aksenova T. S., Kichko A. A., Pinaev A. G., Andronov E. E. The succession of the cellulolytic microbial community from the soil during oat straw decomposition // *International Journal of Molecular Sciences*. 2023. Vol. 24, No. 7. Article number 6342. DOI: 10.3390/ijms24076342.

29. Freches A., Fradinho J. C. The biotechnological potential of the Chloroflexota phylum // *Applied and Environmental Microbiology*. 2024. Article number e01756–23. DOI: 10.1128/aem.01756-23.
30. Hui C., Jiang H., Liu B., Wei R., Zhang Y., Zhang Q., Zhao Y. Chitin degradation and the temporary response of bacterial chitinolytic communities to chitin amendment in soil under different fertilization regimes // *Science of the Total Environment*. 2020. Vol. 705. Article number 136003. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.136003.
31. Omar A. F., Abdelmageed A. H., Al-Turki A., Abdelhameid N. M., Sayyed R. Z., Rehan M. Exploring the plant growth-promotion of four *Streptomyces* strains from rhizosphere soil to enhance cucumber growth and yield // *Plants*. 2022. Vol. 11, No. 23. Article number 3316. DOI: 10.3390/plants11233316.
32. Chen J., Yang Y., Ke Y., Chen X., Jiang X., Chen Ch., Xie Sh. Sulfonamide-metabolizing microorganisms and mechanisms in antibiotic-contaminated wetland sediments revealed by stable isotope probing and metagenomics // *Environment International*. 2022. Vol. 165. Article number 107332. DOI: 10.1016/j.envint.2022.107332.
33. Chen L., Wang C., Li Y., Xie X., Deng X., Chen H., Qiu G. Metabolisms of microlunatus phosphovorus NM-1 using glucose, glutamate, and aspartate as carbon sources for enhanced biological phosphorus removal // *ACS ES&T Water*. 2024. Vol. 4, No. 9. Pp. 4150–4164. DOI: 10.1021/acsestwater.4c00429.
34. Chen L., Chen H., Hu Z., Tian Y., Wang C., Xie P., et al. Carbon uptake bioenergetics of PAOs and GAOs in full-scale enhanced biological phosphorus removal systems // *Water Research*. 2022. Vol. 216. Article number 118258. DOI: 10.1016/j.watres.2022.118258.
35. Khmelevtsova L. E., Sazykin I. S., Azhogina T. N., Sazykina M. A. Influence of agricultural practices on bacterial community of cultivated soils // *Agriculture*. 2022. Vol. 12, No. 3. Article number 371. DOI: 10.3390/agriculture12030371.
36. Baek J. H., Baek W., Ruan W., Jung H. S., Lee S. C., Jeon C. O. *Massilia soli* sp. nov., isolated from soil // *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2022. Vol. 72, No. 2. Article number 005227. DOI: 10.1099/ijsem.0.005227.
37. Dobrzyński J., Wróbel B., Górka E. B. Taxonomy, ecology, and cellulolytic properties of the genus *Bacillus* and related genera // *Agriculture*. 2023. Vol. 13, No. 10. Article number 1979. DOI: 10.3390/agriculture13101979.
38. Choi I., Srinivasan S., Kim M. K. *Sphingomonas immobilis* sp. nov., and *Sphingomonas natans* sp. nov. bacteria isolated from soil // *Archives of Microbiology*. 2024. Vol. 206, No. 6. Article number 278. DOI: 10.1007/s00203-024-04006-3.
39. Sant'Anna G. S. L., de Carvalho L. A. L., da Silva M. S. R., Gonçalves J. V., Pinheiro D. G., Zonta E., Coelho I. Short-term effects of poultry litter and cattle manure on soil's chemical properties and bacterial community // *Agronomy*. 2024. Vol. 14 (7). Article number 1382. DOI: 10.3390/agronomy14071382.
40. Tang X., Zhong R., Jiang J., He L., Huang Z., Shi G., Wu H., Liu J., Xiong F., Han Z. Cassava/peanut intercropping improves soil quality via rhizospheric microbes increased available nitrogen contents // *BMC Biotechnology*. 2020. Vol. 20. Article number 13. DOI: 10.1186/s12896-020-00606-1.
41. Поляков В. И., Петров А. А., Абакумов Е. В., Кимеклис А. К., Гладков Г. В., Андронов Е. Е. Микробиом постагрогенных пашевых почв центральной Якутии // *Бюллетень Почвенного института имени В. В. Докучаева*. 2024. № 119. С. 6–29. DOI: 10.19047/0136-1694-2024-119-6-29.

#### Об авторах:

**Анна Юрьевна Еговцева**, научный сотрудник лаборатории экологии и физиологии микроорганизмов, Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма, Симферополь, Россия; ORCID 0000-0002-3638-0194, AuthorID 925336. E-mail: [eau82@mail.ru](mailto:eau82@mail.ru)

**Ирина Алексеевна Каменева**, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории экологии и физиологии микроорганизмов, Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма, Симферополь, Россия; ORCID 0000-0003-3914-7184, AuthorID 904450. E-mail: [irina.kameneva.7@mail.ru](mailto:irina.kameneva.7@mail.ru)

**Алла Ивановна Якубовская**, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории экологии и физиологии микроорганизмов, Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма, Симферополь, Россия; ORCID 0000-0001-8434-2689, AuthorID 806301. E-mail: [yakubovskaya\\_alla@mail.ru](mailto:yakubovskaya_alla@mail.ru)

**Сулейман Февзиевич Абдурашитов**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, протеомики и биоинформатики, Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма, Симферополь, Россия; ORCID 0000-0003-1631-4840, AuthorID 775657. E-mail: [asuleyman83@rambler.ru](mailto:asuleyman83@rambler.ru)

**Максим Владимирович Гритчин**, научный сотрудник лаборатории экологии и физиологии микроорганизмов, Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма, Симферополь, Россия; ORCID 0009-0009-7398-602X, AuthorID 924496. E-mail: [maxim\\_gmv@mail.ru](mailto:maxim_gmv@mail.ru)

**Ирина Игоревна Смирнова**, младший научный сотрудник лаборатории экологии и физиологии микроорганизмов, Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма, Симферополь, Россия; ORCID 0009-0007-2684-3363, AuthorID 924495. E-mail: [irina\\_smirnova86@bk.ru](mailto:irina_smirnova86@bk.ru)

### References

1. Csambalik L., Divéky-Ertsey A., Gál I., Madaras K., Sipos L., Székely G., Pusztai P. Sustainability perspectives of organic farming and plant factory systems – from divergences towards synergies. *Horticulturae*. 2023; 9 (8): 895. DOI: 10.3390/horticulturae9080895.
2. Wan L. J., Tian Y., He M., Zheng Y. Q., Lyu Q., Xie R. J., Yi S. L. Effects of chemical fertilizer combined with organic fertilizer application on soil properties, citrus growth physiology, and yield. *Agriculture*. 2021; 11 (12): 1207. DOI: 10.3390/agriculture11121207.
3. Kulikova A. Kh. Yashin E. A., Cherkasov E. A., Volkova E. S. The role of organic fertilizers (straw, green manure, crop-root remains) in humus reproduction and preservation in the soil. *Bulletin of the Ulyanovsk State Agricultural Academy*. 2022; 4 (60): 53–58. DOI: 10.18286/1816-4501-2022-4-53-58. (In Russ.)
4. Tkachuk O., Aliksieiev O. *Influence of siderates on the agro-ecological condition of the soil*. Riga: Publishing House “Baltija Publishing”, 2023. 211 p.
5. Bill M., Chidamba L., Gokul J. K., Labuschagne N., Korsten L. Bacterial community dynamics and functional profiling of soils from conventional and organic cropping systems. *Applied Soil Ecology*. 2021; 157: 103734. DOI: 10.1016/j.apsoil.2020.103734.
6. Ma D., Yin L., Ju W., Li X., Liu X., Deng X., Wang S. Meta-analysis of green manure effects on soil properties and crop yield in northern China. *Field Crops Research*. 2021; 266: 108146. DOI: 10.1016/j.fcr.2021.108146.
7. Breskina G. M., Chuyan N. A. Influence of biologization techniques on the yield of agricultural crops. *Zemledelie*. 2020; 3: 30–33. DOI: 10.24411/0044-3913-2020-10308. (In Russ.)
8. Nikitin D. A., Semenov M. V., Ksenofontova N. A., Tkhakakhova A. K., Rusakova I. V., Lukin S. M. Influence of fresh organic matter of straw on the microbiological parameters of sod-podzolic soil. *Soil Science*. 2023; 5: 640–653. DOI: 10.31857/S0032180X22601189. (In Russ.)
9. Bhatia T., Bose D., Sharma D., Patel D. A Review on Cellulose Degrading Microbes and its Applications. *Industrial Biotechnology*. 2024; 20 (1): 26–39. DOI: 10.1089/ind.2023.0025.
10. Volodina T. I., Shlapakova M. V., Kozlov N. S. The effect of Baikal EM biologics on the decomposition rate of straw of various crops. *Priority directions of development of the agro-industrial complex and rural areas: conference materials collection*. Velikie Luki, 2021. 80. (In Russ.)
11. Kameneva I. A., Melnichuk T. N., Yakubovskaya A. I., Gritchin M. V., Prihodko A. V., Smirnova I. I., Zubochenko A. A., Egovtseva A. Yu., Karaeva N. V. Influence of cellulolytic association of microorganisms on biodiversity of southern chernozem. *Transactions of Taurida Agricultural Science*. 2019; 20 (183): 38–50. (In Russ.)
12. Clagnan E., Costanzo M., Visca A., Di Gregorio L., Tabacchioni S., Colantoni E., Sevi F., Sbarra F., Sbarra F., Bindo A., Bindo A., Nolfi L., Nolfi L., Alessandra R., Rosaria M., Magarelli A., Trupo M., Ambrico A., Bevivino A. Culturomics-and metagenomics-based insights into the soil microbiome preservation and application for sustainable agriculture. *Frontiers in Microbiology*. 2024; 15: 1473666. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1473666.
13. Erdal N. B., Hakkarainen M. Degradation of cellulose derivatives in laboratory, man-made, and natural environments. *Biomacromolecules*. 2022; 23 (7): 2713–2729. DOI: 10.1021/acs.biomac.2c00336.
14. Hou X.-Y., Qiao W.-T., Gu J.-D., Liu C.-Y., Hussain M. M., Du D.-L., Zhou Y., Wang Y.-F., Li Q. Re-forestation of *Cunninghamia lanceolata* changes the relative abundances of important prokaryotic families in soil. *Frontiers in Microbiology*. 2024; 15: 1312286. DOI: 10.3389/fmicb.2024.1312286.
15. Sokol N. W., Slessarev E., Marschmann G. L. et al. Life and death in the soil microbiome: how ecological processes influence biogeochemistry. *Nature Reviews Microbiology*. 2022; 20: 415–430. DOI: 10.1038/s41579-022-00695-z.
16. Vargas L. K., da Costa P. B., Beneduzi A., Lisboa B. B., Passaglia L. M., Granada C. E. Soil fertility level is the main modulator of prokaryotic communities in a meta-analysis of 197 soil samples from the Americas and Europe. *Applied Soil Ecology*. 2023; 186: 104811. DOI: 10.1016/j.apsoil.2023.104811.
17. Dospekhov B. A. *Methodology of field experiment*. Moscow: Al'yans, 2015. 315 p. (In Russ.)
18. Andronov E. E., Pinaev A. G., Pershina E. V. *DNA extraction from soil samples*. Saint Petersburg: PK “Ob”edinenie Venta”, 2011. 27 p. (In Russ.)
19. Bates S. T., Berg-Lyons J. G., Caporaso W. A., Walters W. A., Knight R., Fierer N. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil. *ISME Journal*. 2010; 5: 908–917.

20. Callahan B. J., McMurdie P. J., Rosen M. J., Han A. W., Johnson A. J. A., Holmes S. P. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*. 2016; 13 (7): 581–583. DOI: 10.1038/nmeth.3869.
21. McMurdie P. J., Holmes S. Phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PloS One*. 2013; 8 (4): DOI: 10.1371/journal.pone.0061217.
22. Wright E. S. Using DECIPHER v2.0 to analyze big biological sequence data in R. *The R Journal*. 2016; 8 (1): 352–359.
23. Caporaso J. G., Kuczynski J., Stombaugh J., Bittinger K., Bushman F. D., Costello E. K., Fierer N., Pena A. G., Goodrich J. K., Gordon J. I., Huttley G. A., Kelley S. T., Knights D., Koenig J. E., Ley R. E., Lozupone C. A., McDonald D., Muegge B. D., Pirrung M., Reeder J., Sevinsky J. R., Turnbaugh P. J., Walters W. A., Widmann J., Yatsunenko T., Zaneveld J., Knight R. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*. 2010; 7 (5): 335. DOI: 10.1038/nmeth.f.303.
24. Hammer O., Harper D. A. T., Ryan P. D. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*. 2001; 4 (1): 9.
25. Bao Y., Dolfig J., Guo Z., Chen R., Wu M., Li Z., et al. Important ecophysiological roles of non-dominant Actinobacteria in plant residue decomposition, especially in less fertile soils. *Microbiome*. 2021; 9: 84. DOI: 10.1186/s40168-021-01032-x.
26. Kalam S., Basu A., Ahmad I., Sayyed R. Z., El-Enshasy H. A., Dailin D. J., Suriani N. L. Recent understanding of soil acidobacteria and their ecological significance: a critical review. *Frontiers in Microbiology*. 2020; 11: 580024. DOI: 10.3389/fmicb.2020.580024.
27. Gavande P. V., Basak A., Sen S., Lepcha K., Murmu N., Rai V., et al. Functional characterization of thermotolerant microbial consortium for lignocellulolytic enzymes with central role of Firmicutes in rice straw depolymerization. *Scientific Reports*. 2021; 11 (1): 3032. DOI: 10.1038/s41598-021-82163-x.
28. Kimeklis A. K., Gladkov G. V., Orlova O. V., Afonin A. M., Gribchenko E. S., Aksenova T. S., Kichko A. A., Pinaev A. G., Andronov E. E. The Succession of the Cellulolytic Microbial Community from the Soil during Oat Straw Decomposition. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023; 24 (7): 6342. DOI: 10.3390/ijms24076342.
29. Freches A., Fradinho J. C. The biotechnological potential of the *Chloroflexota* phylum. *Applied and Environmental Microbiology*. 2024: e01756–23. DOI: 10.1128/aem.01756-23.
30. Hui C., Jiang H., Liu B., Wei R., Zhang Y., Zhang Q., Zhao Y. Chitin degradation and the temporary response of bacterial chitinolytic communities to chitin amendment in soil under different fertilization regimes. *Science of the Total Environment*. 2020; 705: 136003. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2019.136003.
31. Omar A. F., Abdelmageed A. H., Al-Turki A., Abdelhameid N. M., Sayyed R. Z., Rehan M. Exploring the plant growth-promotion of four *Streptomyces* strains from rhizosphere soil to enhance cucumber growth and yield. *Plants*. 2022; 11 (23): 3316. DOI: 10.3390/plants11233316.
32. Chen J., Yang Y., Ke Y., Chen X., Jiang X., Chen Ch., Xie Sh. Sulfonamide-metabolizing microorganisms and mechanisms in antibiotic-contaminated wetland sediments revealed by stable isotope probing and metagenomics. *Environment International*. 2022; 165: 107332. DOI: 10.1016/j.envint.2022.107332.
33. Chen L., Wang C., Li Y., Xie X., Deng X., Chen H., Qiu G. Metabolisms of *Microbunatus phosphovorus* NM-1 Using Glucose, Glutamate, and Aspartate as Carbon Sources for Enhanced Biological Phosphorus Removal. *ACS ES&T Water*. 2024; 4 (9): 4150–4164. DOI: 10.1021/acsestwater.4c00429.
34. Chen L., Chen H., Hu Z., Tian Y., Wang C., Xie P. et al. Carbon uptake bioenergetics of PAOs and GAOs in full-scale enhanced biological phosphorus removal systems. *Water Research*. 2022; 216: 118258. DOI: 10.1016/j.watres.2022.118258.
35. Khmelevtsova L. E., Sazykin I. S., Azhogina T. N., Sazykina M. A. Influence of agricultural practices on bacterial community of cultivated soils. *Agriculture*. 2022; 12 (3): 371. DOI: 10.3390/agriculture12030371.
36. Baek J. H., Baek W., Ruan W., Jung H. S., Lee S. C., Jeon C. O. *Massilia soli* sp. nov., isolated from soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2022; 72 (2): 005227. DOI: 10.1099/ijsem.0.005227.
37. Dobrzyński J., Wróbel B., Górska E. B. Taxonomy, ecology, and cellulolytic properties of the genus *Bacillus* and related genera. *Agriculture*. 2023; 13 (10): 1979. DOI: 10.3390/agriculture13101979.
38. Choi I., Srinivasan S., Kim M. K. *Sphingomonas Immobilis* sp. nov., and *Sphingomonas natans* sp. nov. bacteria isolated from soil. *Archives of Microbiology*. 2024; 206 (6): 278. DOI: 10.1007/s00203-024-04006-3.
39. Sant’Anna G. S. L., de Carvalho L. A. L., da Silva M. S. R., Gonçalves J. V., Pinheiro D. G., Zonta E., Coelho I. Short-term effects of poultry litter and cattle manure on soil’s chemical properties and bacterial community. *Agronomy*. 2024; 14 (7): 1382. DOI: 10.3390/agronomy14071382.



40. Tang X., Zhong R., Jiang J., He L., Huang Z., Shi G., Wu H., Liu J., Xiong F., Han Z. Cassava/peanut intercropping improves soil quality via rhizospheric microbes increased available nitrogen contents. *BMC Biotechnology*. 2020; 20: 13. DOI: 10.1186/s12896-020-00606-1.

41. Polyakov V. I., Petrov A. A., Abakumov E. V., Kimeklis A. K., Gladkov G. V., Andronov E. E. Soil microbiome of plaggic anthrosol and calcic cryosols in Central Yakutia. *Dokuchaev Soil Bulletin*. 2024; 119: 6–29. DOI: 10.19047/0136-1694-2024-119-6-29. (In Russ.)

#### Authors' information:

**Anna Yu. Egovtseva**, researcher of the laboratory of ecology and physiology of microorganisms, Research Institute of Agriculture of Crimea, Simferopol, Russia; ORCID 0000-0002-3638-0194, AuthorID 925336.

*E-mail: eau82@mail.ru*

**Irina A. Kameneva**, candidate of agricultural sciences, leading researcher of the Laboratory of ecology and physiology of microorganisms, Research Institute of Agriculture of Crimea, Simferopol, Russia;

ORCID 0000-0003-3914-7184, AuthorID 904450. *E-mail: irina.kameneva.7@mail.ru*

**Alla I. Yakubovskaya**, candidate of biological sciences, leading researcher of the Laboratory of ecology and physiology of microorganisms, Research Institute of Agriculture of Crimea, Simferopol, Russia;

ORCID 0000-0001-8434-2689, AuthorID 806301. *E-mail: yakubovskaya\_alla@mail.ru*

**Suleyman F. Abdurashitov**, candidate of biological sciences, senior researcher of the Laboratory of molecular genetics, proteomics and bioinformatics, Research Institute of Agriculture of Crimea, Simferopol, Russia;

ORCID 0000-0003-1631-4840, AuthorID 775657. *E-mail: asuleyman83@rambler.ru*

**Maksim V. Gritchin**, researcher of the laboratory of ecology and physiology of microorganisms, Research Institute of Agriculture of Crimea, Simferopol, Russia; ORCID 0009-0009-7398-602X, AuthorID 924496. *E-mail:*

*maxim\_gmv@mail.ru*

**Irina I. Smirnova**, junior researcher of the laboratory of ecology and physiology of microorganisms, Research Institute of Agriculture of Crimea, Simferopol, Russia; ORCID 0009-0007-2684-3363, AuthorID 924495.

*E-mail: irina\_smirnova86@bk.ru*