

ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, МИКРОБИОЛОГИЯ

Научная статья
УДК 630*114.445(574)
doi: 10.26897/2949-4710-2023-1-35-45



Особенности бактериальных сообществ почв разной степени засоленности на примере Шаульдерского массива орошения Туркестанской области Республики Казахстан

*Ольга Валентиновна Селицкая¹, Мария Аменовна Ибраева²,
Анна Андреевна Ванькова¹, Андрей Владимирович Козлов¹*

¹ Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия

² Казахский научно-исследовательский институт почвоведения и агрохимии имени У.У. Успанова, Алматы, Республика Казахстан

Автор, ответственный за переписку: Андрей Владимирович Козлов, a.kozlov@rgau-msha.ru

Аннотация. Проведена сравнительная оценка бактериальных сообществ лугово-сероземной почвы разной степени засоления. Выявлены существенные различия в структуре микробиомов пахотных горизонтов слабозасоленной с очень сильнозасоленной лугово-сероземной почвы. Установлено значительное сокращение разнообразия микробиома на уровне филума при повышении степени засоления почв (на примере лугово-сероземных почв Шаульдерского массива орошения). Структура бактериальных сообществ лугово-сероземной очень сильнозасоленной почвы представлена 4 филумами бактерий: Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Proteobacteria, в то время как в слабозасоленной почве было выявлено 13 филумов бактерий (Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Verrucomicrobia, Acidobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Gemmatimonadetes, Planctomycetes, Saccharibacteria, Cyanobacteria, Chlorobi, Nitrospirae). Согласно индексу Шеннона видовое разнообразие микробиома лугово-сероземных почв Шаульдерского массива орошения примерно на 20% выше на слабозасоленных почвах по сравнению с очень сильнозасоленными. Индекс Chao1 и количество таксономических единиц (ОТЕ) также указывают на снижение примерно в два раза α -разнообразия в микробиоме очень сильнозасоленной почвы. Подтверждена экологическая значимость проблемы вторичного засоления почв. С повышением содержания солей в почвах видовое разнообразие бактериального сообщества сокращается, что можно считать одним из показателей деградации почвы.

Ключевые слова: бактериальные сообщества почв, микробиом, биоразнообразие, засоленные почвы, аридные территории, Шаульдерский массив орошения, Казахстан

Для цитирования: Селицкая О.В., Ибраева М.А., Ванькова А.А., Козлов А.В. Особенности бактериальных сообществ почв разной степени засоленности на примере Шаульдерского массива орошения Туркестанской области Республики Казахстан // Тимирязевский биологический журнал. 2023. № 1. С. 35–45. <http://dx.doi.org/10.26897/2949-4710-2023-1-35-45>

© Селицкая О.В., Ибраева М.А., Ванькова А.А., Козлов А.В.

PLANT PHYSIOLOGY, MICROBIOLOGY

Original article
doi: 10.26897/2949-4710-2023-1-35-45

Features of Soil Bacterial Communities of Varying Degree of Salinity on the Example of the Shoulder Irrigation Massif of the Turkestan Region of the Republic of Kazakhstan

Olga V. Selitskaya¹, Mariya A. Ibrayeva², Anna A. Vankova¹, Andrey V. Kozlov¹

¹ Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russia

² Kazakh Research Institute of Soil Science and Agrochemistry named after U.U. Usanov, Almaty, Republic of Kazakhstan

Corresponding author: Andrey V. Kozlov, a.kozlov@rgau-msha.ru

Abstract. A comparative assessment of bacterial communities of meadow-serozem soils of different degrees of salinity was carried out. Significant differences in the structure of microbiomes of arable horizons of weakly saline and highly saline meadow-serozem soil were revealed. A significant reduction in the diversity of the microbiome at the phylum level with an increase in the level of soil salinity was established (on the example of meadow-serozem soils of the Shoulder irrigation massif). The structure of bacterial communities of the meadow-serozem highly saline soil is represented by four bacterial phyla: (Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes, Proteobacteria), while 13 bacterial phyla were identified in weakly salinized soil (Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Verrucomicrobia, Acidobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Gemmatimonadetes, Planctomycetes, Saccharibacteria, Cyanobacteria, Chlorobi, Nitrospirae). According

to the Shannon index, the species diversity of the microbiome of the meadow-serozem soils of the Shoulder irrigation massif is about 20% higher on weakly saline soils compared to highly saline ones. The Chao1 index and the number of taxonomic units (OTUs) also indicate a roughly halving of alpha diversity in the highly saline soil microbiome. The ecological significance of the problem of secondary soil salinization was confirmed. With an increase of salt content in soils, the species diversity of the bacterial community decreases, which can be considered as one of the indicators of soil degradation.

Keywords: soil bacterial communities, microbiome, biodiversity, saline soils, arid territories, the Shoulder irrigation massif, Kazakhstan

For citation: Selitskaya O.V., Ibraeva M.A., Vankova A.A., Kozlov A.V. Features of Soil Bacterial Communities of Varying Degree of Salinity on the Example of the Shoulder Irrigation Massif of the Turkestan Region of the Republic of Kazakhstan // Timiryazev Biological Journal. 2023; 1:35–45. (In Rus.). <http://dx.doi.org/10.26897/2949-4710-2023-1-35-45>

Введение

Проблема засоления почв является одной из центральных для земледелия в зоне аридного климата. Во всем мире 950 млн га почв сельскохозяйственного назначения относятся к засоленным, 77 млн га орошаются соленой водой. Снижение урожайности за счет дефицита влаги и засоленности почв в ряде случаев достигает 50% [2, 14, 46].

Засоленные почвы – это солончаки, солонцы, а также лугово-черноземные, каштановые, лугово-каштановые, лугово-сероземные, бурые полупустынные почвы различной степени засоления [4]. Как правило, засоленные почвы имеют в своем составе легкорастворимые соли, повышенное содержание которых приводит к увеличению осмотического давления почвенных растворов и снижению доступности вводы для растений и микроорганизмов. Кроме того, некоторые соли, особенно гидрокарбонаты и хлориды, в больших количествах токсичны для растений [20].

Существует несколько причин засоления почв. Самые распространенные из них – это засоления в процессе выветривания горных пород, продукты извержения вулканов, эоловый перенос солей из водных источников с соленой водой. В засушливых районах также могут быть засолены грунтовые воды, которые могут являться непосредственной причиной засоления глубоко лежащих горизонтов. Причиной вторичного засоления почв может стать также использование сильноминерализованной воды при орошении и ирригации [2, 20].

В Республике Казахстан засоленные почвы занимают 111,6 млн га, что составляет 41,0% от общей площади [8, 17]. В настоящее время проблема деградации почв вследствие их засоления и дегумификации особенно остро стоит на орошаемых массивах Республики Казахстан, где за последние годы увеличились площади почв, подвергшихся вторичному засолению [20, 23].

Поиск параметров, которые могут выступать в качестве микробиологических индикаторов плодородия и экологических функций почв, сегодня является по-прежнему актуальным. Широкое внедрение в практику почвенной микробиологии молекулярно-биологических методов и их относительная доступность позволяют вывести этот вопрос на иной уровень, поскольку определяет выявление и анализ не только отдельных представителей почвенной биоты, но и все сообщество в целом [1, 22, 36]. Однако вследствие высокой вариабельности ряда показателей и сложности их интерпретации ключевой задачей является выбор параметров, обладающих наилучшей применимостью в качестве индикаторов плодородия и экологических функций почв. Кроме того, величины биоразнообразия почвенной биоты для большинства территорий мира до сих пор неизвестны [21, 38]. Высокая степень засоления почв способствует формированию специфических микробных сообществ [9, 10], поэтому почвы, максимально схожие по генезису и физико-химическим параметрам, но различающиеся по содержанию солей, представляются хорошим объектом таких исследований [9, 46, 47].

Цель работы: выявить общие черты и различия микробиомов лугово-сероземных почв различной степени засоления Шаульдерского массива орошения (Республика Казахстан) и оценить влияние засоления различной степени на структуру прокариотного сообщества.

Методика исследований

Объектом исследования служили образцы почв с разной степенью засоления, отобранные с земельных участков правобережной части Шаульдерского массива орошения (Отырарский район Туркестанской области Республики Казахстан). Почвы отнесены к типу лугово-сероземных (meadow-serozem soils) [8, 14, 20, 41].

Климат Отырарского района – резко континентальный. Среднегодовая температура составляет +9...+12°C. Средняя продолжительность теплого периода составляет 250–280 дней, а безморозного – 165–175 дней. Среднегодовое количество атмосферных осадков составляет 200–300 мм, 75–80% от годовой суммы приходится на зимне-весенний период [14, 20].

Почвенный покров представлен лугово-сероземными засоленными (солончаковыми и солончаковатыми) почвами, лугово-сероземными солончаковыми солонцами, а также солончаками на слабослоистых глинистых и суглинистых четвертичных древнеаллювиальных отложениях. На более тяжелых и засоленных породах в условиях сильной минерализации грунтовых вод формируются солонцы и солончаки. Для микропонижений рельефа характерны лугово-болотные засоленные почвы и сероземно-луговые солончаковые солонцы, луговые солончаки, а также обыкновенные солончаки. Преобладающий тип засоления – хлоридно-сульфатный и сульфатно-хлоридный, иногда с присутствием нормальной соды. Все почвы Шаульдерского массива карбонатны и характеризуются высокой (рН 8–9 ед. рН) щелочностью [20, 26].

Отбор почвенных образцов проводили в соответствии с ГОСТ 17.4.4.02–84 [5] методом конверта. Образец № 1 (P-253A) отбирался из пахотного горизонта слабозасоленной лугово-сероземной почвы, участок 139; образец № 2 (P-264A) – из очень сильнозасоленной лугово-сероземной почвы, соответственно 138 участок (рис. 1).

Согласно классификации засоленных почв почва участка 139 (P-253A) была отнесена к слабозасоленной (суммарное содержание солей в диапазоне 0,2–0,6%), а почва участка 138 (P-264A) – к очень сильнозасоленной (суммарное содержание солей >1,4%) (табл. 1).

При классификации почв по степени засоления были использованы градации, предложенные Н.И. Базилевич, Е.И. Панковой (1972) [2], для гипсоносных почв с хлоридно-сульфатным типом засоления. Характеристика почвенных образцов представлена в таблице 2.

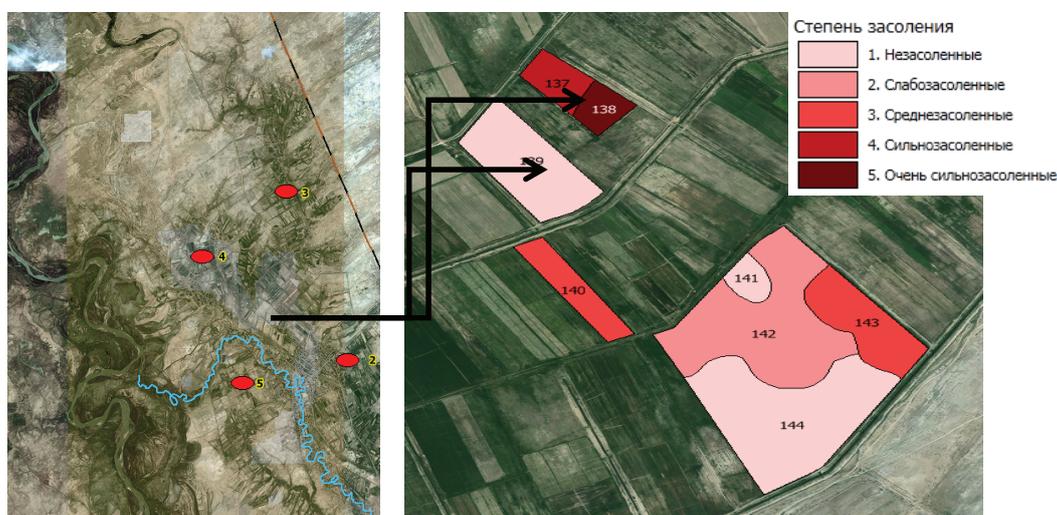


Рис. 1. Схема отбора образцов почв

Таблица 1

Группировка почв по степени засоления [2]

№	Группа	Общая сумма солей, %
1	Незасоленные	<0,2
2	Слабозасоленные	0,2–0,6
3	Среднезасоленные	0,6–0,9
4	Сильнозасоленные	0,9–1,4
5	Очень сильнозасоленные	>1,4

Таблица 2

Характеристики почвенных образцов

№ разреза	Глубина взятия образца, см	Координаты		Гумус общ., %	Азот, легкогидрол., мг/кг	P ₂ O ₅ подв., мг/кг	K ₂ O обмен., мг/кг	рН _{ксл}	Общая Σ солей, %
		Долгота	Широта						
P-253A	0–20	68,42183	42,7697	0,81	45,5	18	270	8,7	0,26
P-264A	0–20	68,41886	42,7790	0,39	61,6	31	610	9,1	2,29

Обе почвы характеризуются низкой гумусированностью и высокой щелочностью. Однако процентное содержание гумуса в слабозасоленной почве примерно в два раза ниже, чем в очень сильнозасоленной. В то же время слабозасоленная почва более бедна подвижными формами азота, фосфора и калия.

Выделение тотальной ДНК. Экстракцию тотальной ДНК из образцов почв проводили с помощью набора DNeasy Power Soil Kit (Qiagen, Германия) согласно протоколу производителя. Для экстракции использовали навески массой 0,5 г.

ДНК-метабаркодирование. Для проведения анализа проводили амплификацию V3-V4 региона гена 16S рНК с использованием универсальных праймеров 341F и 806R. На втором этапе к полученным ПЦР-фрагментам довели специальные адаптеры, необходимые для дальнейшего баркодирования ПЦР-фрагментов, что позволяет их секвенировать одновременно. Для этого проводили реамплификацию с праймерами: 341F_IL и 806R_IL.

Нуклеотидную последовательность полученных ПЦР-фрагментов определяли с помощью высокопроизводительного секвенатора MiSeq (Illumina, США).

Биоинформатический анализ результатов секвенирования. Обработку данных секвенирования проводили с использованием программы Flash [43]. Удаление технических последовательностей, низкокачественных чтений отдельных нуклеотидов, фильтрацию химерных последовательностей, выравнивание прочтений на референсную последовательность 16S рНК, кластеризацию всех полученных последовательностей по таксономическим единицам проводили с использованием Usearch [45]. Для определения размера кластеров (оперативных таксономических единиц – ОТЕ) в каждом образце все исходные объединенные чтения, включая синглтоны и низкокачественные прочтения, накладывались на репрезентативные последовательности ОТЕ с минимальной 97%-ной идентичностью на всей длине. Таксономическую классификацию полученных ОТЕ проводили по базе последовательностей 16S рНК RDP database [49]. Анализ проведен на базе Федерального исследовательского центра ЦКП «Биоинженерия» и Федерального исследовательского центра «Фундаментальные основы биотехнологии».

Статистические анализы проводили с использованием программ Microsoft Excel и Statistica. Общее разнообразие прокариотных сообществ (α -разнообразие) оценивали по следующим показателям: количество выделенных таксономических единиц (OTU), индекс Шеннона, индекс Чаяо 1 и индекс Симпсона [27].

Результаты и их обсуждение

Таксономическая структура бактериальных сообществ лугово-сероземных почв разной степени засоления. Как показал метагеномный анализ, бактериальные сообщества лугово-сероземных почв разной степени засоленности кардинально различаются. В слабозасоленных почвах прокариотный комплекс более разнообразен и представлен 13 филумами бактерий, 10 из которых (*Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Verrucomicrobia*, *Acidobacteria*, *Chloroflexi*, *Firmicutes*, *Gemmatimonadetes*, *Planctomycetes*, *Saccharibacteria*) (рис. 2) суммарно составляют примерно 99% прокариотного сообщества. Оставшийся 1% включает в себя фотосинтезирующих микроорганизмов *Cyanobacteria* и *Chlorobi*. Также стоит отметить представителей нитрифицирующих микроорганизмов филума *Nitrospirae*, которые осуществляют вторую стадию нитрификации.

Преобладают в слабозасоленной почве представители филума *Proteobacteria*, которые составляют 43% от общего числа. Протеобактерии, по данным ряда исследователей, часто доминируют в почвенных микробных ассоциациях [24, 48, 50]. Филум *Proteobacteria* – один из наиболее многочисленных, объединяющий грамотрицательные бактерии разнообразных морфологических типов с различными физиологическими функциями.

Протеобактерии подразделяются на классы *Alphaproteobacteria*, *Betaproteobacteria*, *Gammaproteobacteria*, *Deltaproteobacteria*, *Epsilonproteobacteria*, *Zetaproteobacteria*. В почве и ризосфере растений наиболее распространены *Alphaproteobacteria* и *Gammaproteobacteria*, среди которых встречаются как симбионты, так и фитопатогены. *Gammaproteobacteria* – наиболее многочисленный таксон, который включает в себя примерно 250 родов и является более богатым, чем все филумы бактерий, кроме *Firmicutes* [39, 48]. Представители этого класса демонстрируют широкий диапазон аэробности, трофики, включая в себя хемоавтотрофность и фотоавтотрофность, а также адаптации к температуре [44].

Второе место занимают *Actinobacteria* (19%), третье – *Bacteroidetes* (12%). Довольно значительное количество (7%) приходится на *Verrucomicrobia*. Согласно этим данным исследованная почва характеризуется высоким биоразнообразием. По данным М.В. Семенова и др. (2019), современный чернозем характеризуется доминированием 7 основных филумов прокариот [24].

Что касается сильнозасоленной лугово-сероземной почвы (рис. 3), то количество выявленных таксонов на уровне филума значительно ниже. Структура прокариотных сообществ представлена 4 филумами бактерий: *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Proteobacteria*. Доминируют грамположительные актинобактерии (31%), второе место занимают *Bacteroidetes* (24%), всего на 1% от них отстают *Firmicutes*.

Грамотрицательные протеобактерии, преобладающие в слабозасоленной почве, занимают лишь четвертое место (17%) в очень сильнозасоленной почве. Полученные данные согласуются с результатами, полученными при анализе микробиомов почв солонцового комплекса Прикаспийской низменности, где доминировали представители филумов *Actinobacteria* и *Proteobacteria* [28].

Следует отметить, что *Actinobacteria*, особенно их мицелиальные представители (актиномицеты), приспособлены к местообитаниям с низкой влажностью [9–11, 13]. Это дает им преимущество в распространении в условиях сухого жаркого климата. Поэтому доля представителей филума *Actinobacteria* в общей биомассе домена *Bacteria* в данных условиях возрастает [9].

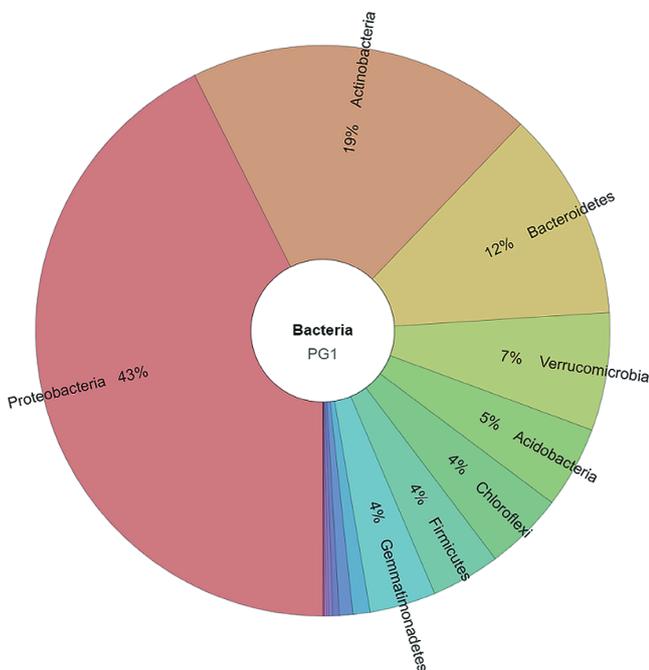


Рис. 2. Структура микробиома на уровне филума пахотного горизонта слабозасоленной лугово-сероземной почвы

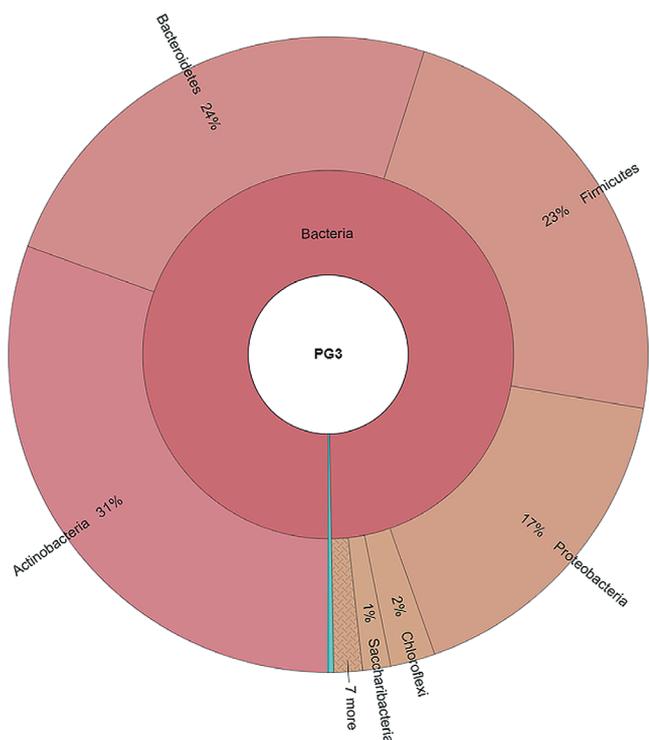


Рис. 3. Структура микробиома на уровне филума пахотного горизонта очень сильнозасоленной лугово-сероземной почвы

Увеличение доли представителей филума *Actinobacteria* в структуре микробиома очень сильнозасоленной лугово-сероземной почвы по сравнению со слабозасоленной почвой является вполне логичным, поскольку известно, что актинобактерии способны развиваться даже при низких коэффициентах доступности воды. А повышение засоленности почвы, и соответственно осмоларности, напрямую связано с доступностью свободной воды [12].

С достаточной степенью вероятности можно предполагать, что представители филума *Actinobacteria* в прокариотном комплексе исследуемой почвы более устойчивы к засолению, чем остальные представители домена *Bacteria*. В частности, стрептомицеты способны поддерживать высокое осмотическое давление в клетке, что объясняет их значительное распространение в засоленных почвах [10, 11, 13].

Firmicutes составляют 23% микробиома очень сильнозасоленной почвы, в то время как для слабозасоленной почвы их доля не превышала 4%. *Firmicutes* – грамположительные бактерии, преимущественно гидролитики, среди которых есть как аэробы, так и анаэробы (факультативные, облигатные и аэротолерантные), в большинстве своем культивируемые. Поэтому они считались преобладающими в почвенных микробных сообществах, когда для анализа использовали метод посева на чашки Петри [7, 19].

Представители филума *Verrucomicrobia* в очень сильнозасоленной почве выявлены не были. Имеются данные о том, что веррукомикробии реагируют на содержание органического вещества в почве [24].

Филум *Nitrospirae* в очень сильнозасоленной почве также не был выявлен. Это может быть связано как с низким уровнем плодородия исследуемых почв, так и с чувствительностью представителей данных таксонов к высокому содержанию солей. Ранее было высказано предположение [24] о том, что соотношение *Verrucomicrobia/Nitrospirae* может быть использовано в качестве диагностического показателя, указывающего, в частности, на обеспеченность органическим веществом.

М.А. Ибраевой с соавт. (2021) было проведено почвенно-агрохимическое обследование Шаульдерского массива орошения, результаты которого свидетельствуют о том, что 99,0%, или 1485,4 га почв обследованной территории, имеют очень низкое содержание гумуса. Эти результаты свидетельствуют о деградации почв, одним из факторов этой деградации является дегумификация [14, 20]. В то же время Т.И. Чернов и др. (2018) при исследовании

таксономической структуры погребенных почв установили, что доля филума *Verrucomicrobia* в микробиоме сильно снижается при погребении почвы и отрицательно связана с мощностью насыпи [30].

Таким образом, отсутствие представителей филума *Verrucomicrobia* в очень сильнозасоленной почве может быть связано как с низким содержанием органического вещества в пахотном горизонте, так и с засоленностью почвы, а также со снижением доступности кислорода.

Анализ данных видового разнообразия. α -разнообразие характеризует таксоны внутри сообщества, их богатство (количество таксонов в сообществе) и выравненность (относительное обилие). Видовое разнообразие в различных экосистемах рассчитывается по статистическим индексам, а именно по индексу Шеннона, индексу Симпсона и индексу Chao1 [18, 27, 35]. Первые два индекса позволяют оценить разнообразие видов и выравненность сообщества. Чем выше значение индекса Шеннона, тем стабильнее равновесие между всеми компонентами микробного сообщества.

Анализ данных показывает (табл. 3), что количество таксономических единиц (ОТЕ), выявленных в очень сильнозасоленной почве, примерно в два раза ниже, чем в слабозасоленной. В целом для анализируемых почв характерно весьма низкое количество таксономических единиц (845 в слабозасоленной и всего 410 – в очень сильнозасоленной лугово-сероземной почве). Аналогичная картина наблюдается при анализе разнообразия на основании индекса Chao1, позволяющего оценить реальное количество ОТЕ в сообществе [25].

Снижение видового разнообразия может быть связано как с токсичным действием солей, так и с нарушением водно-воздушного режима в очень сильнозасоленной почве. Т.И. Чернов и др. (2017) отмечали [27], что более существенными факторами, влияющими на биоразнообразие почв аридной зоны, в частности, солонцов, являются содержание влаги и плотность почвы. Кроме того, ранее было отмечено, что в исследуемых почвах содержание органического вещества крайне низкое.

Видовое разнообразие согласно индексу Шеннона примерно на 20% выше в слабозасоленных лугово-сероземных почвах. Данный факт подтверждается результатами таксономического анализа образцов. Спецификой этого индекса является то, что большое значение придается редким видам. Значения этого индекса для исследованных почв вполне сопоставимы со значениями, полученными другими исследователями [25, 28, 30].

Индекс Симпсона отображает меру доминирования вида. Этот показатель чувствителен к присутствию распространенных видов, но слабо отображает видовое богатство. Чем ярче выражено доминирование одной группы микроорганизмов в сообществе, тем выше значения индекса Симпсона [27]. Индекс Симпсона указывает на широкое распространение видов в обеих почвах без явного доминирования отдельных таксонов, однако наблюдается тенденция сокращения видового разнообразия в случае очень сильнозасоленных лугово-сероземных почв.

Таблица 3

Индексы видового разнообразия в микробиоме исследуемых почв

Наименование почвы	Количество таксономических единиц (ОТЕ)	Индекс Chao1	Индекс Шеннона	Индекс Симпсона
Слабозасоленная лугово-сероземная почва	845	857	8,828	0,99
Очень сильнозасоленная лугово-сероземная почва	410	463	6,782	0,98

Выводы

Установлено значительное сокращение разнообразия микробиома на уровне филума при повышении уровня засоления почв (на примере лугово-сероземных почв Шаульдерского массива орошения). Структура прокариотных сообществ лугово-сероземной очень сильзасоленной почвы представлена 4 филумами бактерий: *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes*, *Proteobacteria*, в то время как в слабозасоленной почве было выявлено 13 филумов бактерий (*Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Verrucomicrobia*, *Acidobacteria*, *Chloroflexi*, *Firmicutes*, *Gemmatimonadetes*, *Planctomycetes*, *Saccharibacteria*, *Cyanobacteria*, *Chlorobi*, *Nitrospirae*).

Видовое разнообразие микробиома лугово-сероземных почв Шаульдерского массива орошения согласно индексу Шеннона примерно на 20% выше на слабозасоленных почвах по сравнению с очень сильнозасоленными. Индекс Chao1 и количество таксономических единиц (ОТЕ) также указывают на снижение примерно в два раза α -разнообразия в микробиоме очень сильнозасоленной почвы.

Подтверждена экологическая значимость проблемы вторичного засоления почв. С повышением содержания солей в почвах видовое разнообразие бактериальной компоненты микробного сообщества сокращается, что можно считать одним из показателей деградации почвы.

Список источников

1. Андронов Е.Е., Петров С.Н., Пинаев А.Г., Першина Е.В., Рахимгалиева С.Ж., Ахмеденов К.М., Горобец А.В., Сергалиев Н.Х. Изучение структуры микробного сообщества почв разной степени засоления с использованием T-RFLP и ПЦР с детекцией в реальном времени // Почвоведение. – 2012. – № 2. – С. 173–183.
2. Базилевич Н.И., Панкова Е.И. Опыт классификации почв по содержанию токсичных солей и ионов // Бюллетень Почвенного института им. В.В. Докучаева. – 1972. – Вып. 5. – С. 36–40.
3. Галиев В.В., Цырульников А.О. Сравнение методов выделения метагеномной ДНК из образцов почвы // Вестник НГПУ. – 2011. – № 1. – С. 75–84.
4. Глазовский Н.Ф. Аральский кризис: Причины возникновения и пути выхода // Наука. – 1990. – 136 с.
5. ГОСТ Р 58595–2019. Почвы. Отбор проб. – Москва: Стандартинформ, 2019. – 6 с.
6. Гришко В.Н., Сыщикова О.В., Зенова Г.М., Кожевин П.А., Дуброва М.С., Лубсанова Д.А., Чернов И.Ю. Мицелиальные актинобактерии засоленных почв аридных территорий Украины и России // Почвоведение. – 2015. – № 1. – С. 81–86.
7. Добровольская Т.Г., Звягинцев Д.Г., Чернов И.Ю., Головченко А.В., Зенова Г.М., Лысак Л.В., Манучарова Н.А., Марфенина О.Е., Полянская Л.М., Степанов А.Л., Умаров М.М. Роль микроорганизмов в экологических функциях почв // Почвоведение. – 2015. – № 9. – 1087 с.
8. Дурасов А.М., Тазабеков Т.Т. Почвы Казахстана: Коллективная монография. – Алма-Ата: Кайнар, 1981. – 152 с.
9. Звягинцев Д.Г., Зенова Г.М. Экология актиномицетов. – М.: Изд-во ГЕОС, 2001. – 256 с.
10. Зенова Г.М., Манучаров А.С., Грачева Т.А., Степанова О.А., Звягинцев Д.Г. Экологические особенности актиномицетных комплексов засоленных почв // Почвоведение – продовольственной и экологической безопасности страны: Тезисы докладов VII съезда Общества почвоведов им. В.В. Докучаева и Всероссийской с международным участием научной конференции. – 2016. – С. 222–223.
11. Зенова Г.М., Звягинцев Д.Г., Манучарова Н.А., Степанова О.А., Чернов И.Ю. Актиномицетный комплекс светлого серозема предгорий Копетдага // Почвоведение. – 2016. – № 10. – С. 1214–1217. doi: 10.7868/S0032180X16100166.
12. Зенова Г.М., Дуброва М.С., Грачева Т.А., Кузнецова А.И., Степанова О.А., Чернов И.Ю., Манучаров А.С. Актиномицетные комплексы почв Приэльтона // Вестник Московского университета. Серия 17 «Почвоведение». – 2016. – № 4. – С. 43–46.
13. Зенова Г.М., Кожевин П.А., Манучарова Н.А., Лубсанова Д.А., Дуброва М.С. Экофизиологические особенности актиномицетов пустынных почв Монголии // Известия Российской академии наук. Серия биологическая. – 2014. – № 3. – С. 246.

References

1. Andronov E.E., Petrov S.N., Pinaev A.G., Pershina E.V., S.ZH. Rahimgaliev K.M. Ahmedenov, Gorobets A.V., Sergaliev N.Kh. Izuchenie struktury mikrobnogo soobshchestva pochv raznoy stepeni zasoleniya s ispol'zovaniem T-RFLP i PTsR s detektsiyey v real'nom vremeni [Studying the microbial community structure of soils of different salinity levels using T-RFLP and real-time PCR]. Pochvovedenie. 2012; 2: 173–183. (In Rus.).
2. Bazilevich N.I., Pankova E.I. Opyt klassifikatsii pochv po sodержaniyu toksichnykh soley i ionov [Experience in classifying soils by toxic salt and ion content]. Byul. Pochv. in-ta im. V.V. Dokuchaeva. 1972;5:36–40. (In Rus.).
3. Galiev V.V., Tsyryl'nikov A.O. Sravnenie metodov vydeleniya metagenomnoy DNK iz obraztsov pochvy [Comparison of methods for the isolation of metagenomic DNA from soil samples]. Vestnik NGPU. 2011;1:75–84. (In Rus.).
4. Glazovskiy N.F. Aral'skiy krizis: Prichiny vozniknoveniya i puti vykhoda [The Aral Sea crisis: Causes and solutions]. Nauka, 1990: 136. (In Rus.).
5. GOST R58595–2019 Pochvy. Otbor prob. [GOST R58595–2019 Soils. Sampling. Moscow: Standartinform. 2019: 6. (In Rus.).
6. Grishko V.N., Syshchikova O.V., Zenova G.M., Kozhevina P.A., Dubrova Lubsanova M.S., D.A., Chernov I.Yu. Mitselial'nye aktinobakterii zasolennykh pochv aridnykh territoriy Ukrainy i Rossii [Mycelial actinobacteria of saline soils in arid areas of Ukraine and Russia]. Pochvovedenie. 2015; 1: 81–86. (In Rus.).
7. Dobvol'skaya T.G., Zvyagintsev D.G., Chernov I.Yu., Golovchenko A.V., Zenova G.M., Lysak L.V., Manucharova N.A., Marfenina O.E., Polyanskaya L.M., Stepanov A.L., Umarov M.M. Rol' mikroorganizmov v ekologicheskikh funktsiyakh pochv [The role of microorganisms in the ecological functions of soils]. Pochvovedenie. 2015; 9: 1087. (In Rus.).
8. Durasov A.M., Tazabekov T.T. Pochvy Kazakhstana: Kollektivnaya monografiya. [Soils of Kazakhstan: collective monograph]. Alma-Ata, Kaynar, 1981: 152. (In Rus.).
9. Zvyagintsev D.G., Zhenova G.M. Ekologiya aktinomitsetov [Ecology of actinomycetes]. M.: Izd-vo GEOS, 2001: 256. (In Rus.).
10. Zhenova G.M., Manucharov A.S., Gracheva T.A., Stepanova O.A., Zvyagintsev D.G. Ekologicheskie osobennosti aktinomitsetnykh kompleksov zasolennykh pochv [Ecological features of actinomycete complexes in saline soils]. Pochvovedenie – proizvod'stvennoy i ekologicheskoy bezopasnosti strany. Tezisy dokladov VII s'ezda Obshchestva pochvedov im. V.V. Dokuchaeva i Vserossiyskot s mezhdunarodnym uchastiem nauchnoy konferentsii. 2016: 222–223. (In Rus.).
11. Zhenova G.M., Zvyagintsev D.G., Manucharova N.A., Stepanova O.A., Chernov I.Yu. Aktinomitsetnyy kompleks svetlogo serozema predgoriy Kopetdaga [Actinomycete complex of the light grey soil of the Kopetdag foothills]. Pochvovedenie. 2016; 10: 1214–1217. doi: 10.7868/S0032180X16100166 (In Rus.).
12. Zhenova G.M., Dubrova M.S., Gracheva T.A., Kuznetsova A.I., Stepanova O.A., Chernov I.Yu., Manucharov A.S. Aktinomitsetnye komplekсы pochv Priel'ton'ya [Actinomycete complexes of the soils of the Elton region]. Vestnik Moskovskogo universiteta. Seriya 17. Pochvovedenie. 2016; 4: 43–46. (In Rus.).
13. Zhenova G.M., Kozhevina P.A., Manucharova N.A., Lubsanova D.A., Dubrova M.S. Ekofiziologicheskie osobennosti aktinomitsetov pustynnykh pochv Mongolii [Ecophysiological features of actinomycetes of desert soils in Mongolia]. Izvestiya Rossiyskoy akademii nauk. Seriya biologicheskaya. 2014; 3: 246. (In Rus.).

14. *Ибраева М.А., Отаров А., Дуйсеков С., Бейсенова Г., Сулейменова А., Пошанов М.* Оценка основных показателей плодородия почв средней части Шаульдерского массива орошения по результатам почвенноагрохимической съемки // Почвоведение и агрохимия. – 2019. – № 2. – С. 30–45.
15. *Лебедева М.П., Конюшкова М.В.* Временные изменения микропризнаков в целинных и мелиорированных солонцах Джаныбекского стационара // Почвоведение. – 2011. – № 7. – С. 818–831.
16. *Лубсанова Д.А., Зенова Г.М., Кожевин П.А., Манучарова Н.А., Шваров А.П.* Мицелиальные актинобактерии засоленных почв аридных территорий // Вестник Московского университета. – 2014. – № 2. – С. 44–48. doi: 10.3103/S0147687414020057.
17. Международное информационное агентство «КазИнформ». – www.inform.kz.
18. *Мэггаран Э.* Экологическое разнообразие и его измерение. – М.: Мир, 1992. – 184 с.
19. *Никитин Д.А., Семенов М.В., Чернов Т.И., Ксенофонтова Н.А., Железова А.Д., Иванова Е.А., Хитров Н.Б., Степанов А.Л.* Микробиологические индикаторы экологических функций почв (обзор) // Почвоведение. – 2022. – № 2. – С. 228–243. doi: 10.31857/S0032180X22020095
20. *Отаров А., Ибраева М.А., Усипбеков М., Wilkomirski B., Suska-Malawska M.* Краткая характеристика почвенного покрова и анализ современного состояния плодородия почв Южно-Казахстанской области // Почвоведение и агрохимия. – 2008. – С. 70–76.
21. *Першина Е.В., Тамазян Г.С., Дольник А.С., Пинаев А.Г., Сергалиев Н.Х., Андронов Е.Е.* Изучение структуры микробного сообщества засоленных почв с использованием высокопроизводительного секвенирования // Экологическая генетика. – 2012. – Т. 10, № 2. – С. 32–40.
22. *Равин Н.В., Марданов А.В., Скрыбин К.Г.* Метагеномика как инструмент изучения «некультивируемых» микроорганизмов // Генетика. – 2015. – № 5. – С. 519–626. doi: 10.7868/S0016675815050069.
23. *Савин И.Ю., Отаров А.В., Жоголев А.В., Ибраева М.А., Дуйсеков С.* Выявление многолетних изменений площади засоленных почв Шаульдерского орошаемого массива по космическим снимкам Landsat // Бюллетень Почвенного института имени В.В. Докучаева. – 2014. – № 74. – С. 49–65. doi: 10.19047/0136-1694-2014-74-49-65.
24. *Семенов М.В., Чернов М.В., Семенов Т.И., Железова А.Д., Никитин Д.А., Тхакахова А.К., Иванова Е.А., Ксенофонтова Н.А., Сычева С.А., Колганова Т.В., Кутовая О.В.* Микробные сообщества межледниковых и интерстадиальных палеопочв позднего плейстоцена // Почвоведение. – 2020. – № 6. – С. 716–725. doi: 10.31857/S0032180X20060106.
25. *Тихонович И.А., Чернов А.Д., Железова А.К., Тхакахова Е.Е., Андронов О.В., Кутовая Т.И.* Таксономическая структура прокариотных сообществ почв разных биоклиматических зон // Бюллетень Почвенного института им. В.В. Докучаева. – 2018. – № 95. – С. 125–153. doi: 10.19047/0136-1694-2018-95-125-153.
14. *Ibraeva M., Otarov A., Duiysekov S., Beysenova G., Suleymenova A., Poshanov M.* Otsenka osnovnykh pokazateley plodorodiya pochv sredney chasti Shaul'derskogo massiva orosheniya po rezul'tatam pochvennoagrokhimicheskoy s'yemki [Assessment of the main soil fertility indicators of the middle part of the Shauldera irrigation massif based on the results of a soil-agrochemical survey]. Pochvovedenie i agrokimiya. 2019; 2: 30–45. (In Rus.).
15. *Lebedeva M.P., Konyushkova M.V.* Vremennyye izmeneniya mikropriznakov v tselinnykh i meliorirovannykh solonchakh Dzhan'yebkenskogo statsionara [Temporal changes in micro-signs in virgin and reclaimed solonchaks in the Dzhan'yebek stationary area]. Pochvovedenie #7. 2011: 818–831. (In Rus.).
16. *Lubsanova D.A., Zenova G.M., Kozhevin P.A., Manucharova N.A., Shvarov A.P.* Mitselial'nye aktinobakterii zasolennykh pochv aridnykh territoriy [Mycelial actinobacteria of saline soils in arid areas]. Vestnik Moskovskogo universiteta. 2014; 2: 44–48. doi: 10.3103/S0147687414020057 (In Rus.).
17. Mezhdunarodnoe informatsionnoe agentstvo "KazInform". [Electronic source]. URL: http://www.inform.kz (In Rus.).
18. *Megarran E.* Ekologicheskoe raznoobrazie i ego izmerenie [Ecological diversity and its measurement]. M.: Mir, 1992: 184. (In Rus.).
19. *Nikitin D.A., Semenov M.V., Chernov T.I., Ksenofontova N.A., Zhelezova A.D., Ivanova E.A., Khitrov N.B., Stepanov A.L.* Mikrobiologicheskie indikatory ekologicheskikh funktsiy pochv (obzor) [Microbiological indicators of soil ecological functions (overview)]. Pochvovedenie. 2022; 2: 228–243. doi: 10.31857/S0032180X22020095 (In Rus.).
20. *Otarov A., Ibraeva M.A., Usipbekov M., Wilkomirski B., Suska-Malawska M.* Kratkaya kharakteristika pochvennogo pokrova i analiz sovremennogo sostoyaniya plodorodiya pochv Yuzhno-Kazhanskoy oblasti [Brief characterisation of the soil cover and analysis of the current state of soil fertility in South Kazakhstan Oblast]. Pochvovedenie i agrokimiya. 2008: 70–76. (In Rus.).
21. *Pershina E.V., Tamazyan G.S., Dol'nik A.S., Pinaev A.G., Sergaliev N.H., Andronov E.E.* Izuchenie struktury mikrobnogo soobshchestva zasolennykh pochv s ispol'zovaniem vysokoproizvoditel'nogo sekvenirovaniya [Studying the microbial community structure of saline soils using high-throughput sequencing]. Ekologicheskaya genetika. 2012; 10 (2): 32–40. (In Rus.).
22. *Ravin N.V., Mardanov A.V., Skryabin K.G.* Metagenomika kak instrument izucheniya "nekul'tiviruemykh" mikroorganizmov [Metagenomics as a tool for the study of 'unculturable' micro-organisms]. Genetika #5. 2015: 519–626. doi: 10.7868/S0016675815050069 (In Rus.).
23. *Savin I.Yu., Otarov A.V., Zhogolev A.V., Ibraeva M.A., Duiysekov S.* Vyyavlenie mnogoletnykh izmeneniy ploshchadi zasolennykh pochv Shaulyderskogo oroshayemogo massiva po kosmicheskim snimkam Landsat [Identifying multi-year changes in the area of saline soils in the Shauldera irrigated area using Landsat satellite images]. Byulleten' Pochvennogo instituta imeni V.V. Dokuchaeva. 2014; 74: 49–65. doi: 10.19047/0136-1694-2014-74-49-65 (In Rus.).
24. *Semenov M.V., Chernov M.V., Semenov T.I., Zhelezova A.D., Nikitin D.A., Tkhakakhova A.K., Ivanova E.A., Ksenofontova N.A., Sycheva S.A., Kolganova T.V., Kutovaya O.V.* Mikrobnye soobshchestva mezhelednikovyykh i interstadial'nykh paleopochv pozdnego pleystotsena [Microbial communities of Late Pleistocene interglacial and interstadial palaeo-soils]. Pochvovedenie. 2020; 6: 716–725. doi: 10.31857/S0032180X20060106 (In Rus.).
25. *Tikhonovich I.A., Chernov T.I., Zhelezova A.D., Tkhakakhova A.K., Andronov E.E., Kutovaya O.V.* Taksonomicheskaya struktura prokariotnykh soobshchestv pochv raznykh bioklimaticheskikh zon [Taxonomic structure of prokaryotic communities of soils in different bioclimatic zones]. Byulleten' Pochvennogo instituta im. V.V. Dokuchaeva. 2018; 95: 125–153. doi: 10.19047/0136-1694-2018-95-125-153 (In Rus.).

26. *Tokseitova G.A.* Характеристика микростроения естественных и орошаемых лугово-сероземных почв юго-востока Казахстана // Почвоведение и агрохимия. – 2013. – С. 86–91.
27. *Чернов Т.И., Тхакахова А.К., Кутовая О.В.* Оценка различных индексов разнообразия для характеристики почвенного прокариотного сообщества по данным метагеномного анализа // Почвоведение. – 2015. – С. 462–468.
28. *Чернов Т.И., Лебедева М.П., Тхакахова А.К., Кутовая О.В.* Профильный анализ микробиомов сопряженных почв солонцового комплекса Прикаспийской низменности // Почвоведение. – 2017. – № 1. – С. 71–76. doi:10.7868/S0032180X1701004X.
29. *Чернов Т.И., Тхакахова А.К., Лебедева М.П., Железова А.Д., Бгажба Н.А., Кутовая О.В.* Микробиомы контрастных по засолению почв солонцового комплекса Волго-Уральского междуречья // Почвоведение. – 2018. – № 9. – С. 1115–1124. doi: 10.1134/S0032180X18090046.
30. *Чернов Т.И., Железова А.Д., Кутовая О.В., Макеев А.О., Тхакахова А.К., Бгажба Н.А., Курбанова Ф.Г., Русаков А.В., Пузанова Т.А., Хохлова О.С.* Сравнительная оценка структуры микробиомов погребенных и современных почв при помощи анализа микробной ДНК / Т.И. Чернов, // Микробиология. – 2018. – Т. 87, № 6. – С. 737–746. doi: 10.1134/S0026365618060071.
31. Экологические проблемы стран Азии и Африки / Под ред. Д.В. Стрельцова, Р.А. Алиева. – М.: Аспект Пресс, 2012. – 271 с.
32. *Balvanera P., Pfisterer A.B., Buchmann N., He J.S., Nakashizuka T., Raffaelli D., Schmid B.* Quantifying the evidence for biodiversity effects on ecosystem functioning and services // *Ecol Lett.* – 2006. – № 9. – Pp. 1146–1156.
33. *Blume E., Bischoff M., Reichert J., Moorman T., Konopka A., Turco R.* Surface and subsurface microbial biomass, community structure and metabolic activity as a function of soil depth and season // *Applied Soil Ecology.* – 2002. – V. 20. – № 3. – Pp. 171–181.
34. *Castro H.F., Classen A.T., Austin E.E., Norby R.J., Schadt C.W.* Soil microbial community responses to multiple experimental climate change drivers // *Applied and Environmental Microbiology.* – 2010. – V. 76, № 4. – Pp. 999–1007. doi: 10.1007/s00248-004-0211-7.
35. *Chao A.* Nonparametric estimation of the number of classes in a population // *Scandinavian Journal of Statistics.* – 1984. – V. 11. – Pp. 265–270. doi:10.2307/4615964.
36. *Clementino M.M., Vieira R.P., Cardoso A.M., Ventosa A., Martins O.B.* Prokaryotic diversity in one of the largest hypersaline coastal lagoons in the world // *Extremophiles.* – 2008. – 12 (4). – Pp. 595–604. doi:10.1007/s00792-008-0162-x.
37. *Forney L.J., Zhou X., Brown C.J.* Molecular microbial ecology: land of the one-eyed king // *Current Opinion in Microbiology.* – 2004. – V. 7. – № 3. – Pp. 210–220. doi: 10.1016/j.mib.2004.04.015.
38. *Jeffery S., Gardi C.* Soil biodiversity under threat – a review // *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae.* – 2010. – 74(1–2): 7–12.
26. *Tokseitova G.A.* Kharakteristika mikrostroeniya estestvennykh i oroshaemykh lugovo-serozemnykh pochv yugo-vostoka Kazakhstana [Characteristics of the microstructure of natural and irrigated meadow-sierozem soils in south-east Kazakhstan]. *Pochvovedenie i agrokhimiya.* 2013; 86–91. (In Rus.).
27. *Chernov T.I., Tkhakakhova A.K., Kutovaya O.V.* Otsenka razlichnykh indeksov raznoobraziya dlya kharakteristiki pochvennogo prokariotnogo soobshchestva po dannym metagenomnogo analiza [Assessment of different diversity indices to characterise the soil prokaryotic community by metagenomic analysis]. *Pochvovedenie.* 2015; 462–468. (In Rus.).
28. *Chernov T.I., Lebedeva M.P., Tkhakakhova A.K., Kutovaya O.V.* Profil'nyy analiz mikrobiomov sopryazhennykh pochv solontsovogo kompleksa Prikaspiyskoy nizmennosti [Profile analysis of microbiomes of conjugated soils of the solonetz complex of the Caspian lowland]. *Pochvovedenie.* 2017; 1: 71–76. doi:10.7868/S0032180X1701004X (In Rus.).
29. *Chernov T.I., Tkhakakhova A.K., Lebedeva M.P., Zhelezova A.D., Bgazhba N.A., Kutovaya O.V.* Mikrobiomy kontrastnykh po zasoleniyu pochv solontsovogo kompleksa Volgo-Ural'skogo mezhdurech'ya [Microbiomes of salinity contrasting soils of the Volga-Ural interfluv complex]. *Pochvovedenie.* 2018; 9: 1115–1124. doi: 10.1134/S0032180X18090046 (In Rus.).
30. *Chernov T.I., Zhelezova A.D., Kutovaya O.V., Makeev A.O., Tkhakakhova A.K., Bgazhba N.A., Kurbanova F.G., Rusakov A.V., Puzanova T.A., Khokhlova O.S.* Sravnitel'naya otsenka struktury mikrobiomov pogrebennykh i sovremennykh pochv pri pomoshchi analiza mikrobnoy DNK [Comparative assessment of the microbiome structure of buried and modern soils by microbial DNA analysis]. *Mikrobiologiya.* 2018; 87 (6): 737–746. doi: 10.1134/S0026365618060071 (In Rus.).
31. *Ekologicheskie problemy gosudarstv Sredney Azii i Kazakhstana* [Electronic source]. URL: otherreferats.allbest.ru/ecology/00162789_0.html (Access date: 15.05.2020) (In Rus.).
32. *Balvanera P., Pfisterer A.B., Buchmann N., He J-S, Nakashizuka T, Raffaelli D, Schmid B.* Quantifying the evidence for biodiversity effects on ecosystem functioning and services. *Ecol Lett.* 2006 Oct; 9(10): 1146–1156.
33. *Blume E., Bischoff M., Reichert J., Moorman T., Konopka A., Turco R.* Surface and subsurface microbial biomass, community structure and metabolic activity as a function of soil depth and season. *Applied Soil Ecology.* 2002; 20 (3): 171–181.
34. *Castro H.F., Classen A.T., Austin E.E., Norby R.J., Schadt C.W.* Soil microbial community responses to multiple experimental climate change drivers. *Applied and Environmental Microbiology.* 2010; 76 (4): 999–1007. doi: 10.1007/s00248-004-0211-7.
35. *Chao A.* Nonparametric estimation of the number of classes in a population. *Scandinavian Journal of Statistics.* 1984; 11: 265–270. doi:10.2307/4615964.
36. *Clementino M.M., Vieira R.P., Cardoso A.M., Ventosa A., Martins O.B.* Prokaryotic diversity in one of the largest hypersaline coastal lagoons in the world. *Extremophiles.* 2008; 12(4): 595–604. doi:10.1007/s00792-008-0162-x.
37. *Forney L.J., Zhou X., Brown C.J.* Molecular microbial ecology: land of the one-eyed king. *Current Opinion in Microbiology.* 2004; 7 (3): 210–220. doi: 10.1016/j.mib.2004.04.015.
38. *Jeffery S., Gardi C.* Soil biodiversity under threat – a review. *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae.* 2010; 74(1–2): 7–12.

Bohemicae. České Budějovice. – 2010. – V. 74 (1–2). – Pp. 7–12.

39. *Garrity G.M., Bell J.A., Lilburn T.* Class III. Gammaproteobacteria class. nov. // *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*. – 2005. – Vol. 2. – P. 1.

40. *Gilbert J.A., Dupont C.L.* Microbial Metagenomics: Beyond the Genome // *Annual Review of Marine Science*. – 2011. – V. 3 – Pp. 347–371. doi: 10.1146/annurev-marine-120709-142811

41. IUSS Working Group WRB. World Reference Base for Soil Resources 2014: International soil classification system for naming soils and creating legends for soil maps. World Soil Resources Reports 106. – FAO, Rome, 2014. – 181 p.

42. *Lombard N., Prestat E., Elsas J.D.V., Simonet P.* Soil-specific limitations for access and analysis of soil microbial communities by metagenomics // *FEMS Microbiology Ecology*. – 2011. – V. 78, № 1. – Pp. 31–49. doi: 10.1111/j.1574-6941.2011.01140.x.

43. *Reed H.E., Martiny J.B.H.* Testing the functional significance of microbial composition in natural communities // *FEMS Microbiol. Ecol.* – 2007. – V. 62. – Pp. 161–170. doi: 10.1111/j.1574-6941.2007.00386.x.

44. *Scott K.M., Sievert S., Abril F., Ball L., Barrett C., et al.* The genome of deep-sea vent chemolithoautotroph *Thiomicrospira crunogena* XCL-2 // *PLoS Biol.* – 2006. – V. 4. – 383 p.

45. *Bardgett R.D.* The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems // *Ecol. Lett.* – 2008. – V. 11. – Pp. 296–310. doi.org/10.1111/j.1461-0248.2007.01139.x.

46. *Ventosa A., Mellado E., Sanchez-Porro C., Marquez Halophilic C.* and halotolerant microorganisms from soils // *Microbiology of Extreme Soils*. – 2008. – Pp. 87–115. doi:10.1007/978-3-540-74231-9_5.

47. *Vera-Gargallo B., Chowdhury B., Brown T.R., Jansson J., Ventosa J.K.* Spatial distribution of prokaryotic communities in hypersaline soils // *Scientific Reports*. – 2019. – V. 9 (1). doi:10.1038/s41598-018-38339-z.

48. *Williams K.P., Kelly P., Joseph J., Bruno W. et al.* Phylogeny of Gammaproteobacteria // *Dickerman Journal of Bacteriology*. – 2010. – № 9. – V. 192. doi: 10.1128/JB.01480-09.

49. *Wang Q., Garrity G., Tiedje J., Cole J.* Naïve Bayesian Classifier for Rapid Assignment of rRNA Sequences into the New Bacterial taxonomy // *Appl. Environ. Microbiol.* – 2007. – 73 (16). – Pp. 5261–5267.

50. *Wooley J., Ye Y.* Metagenomics: Facts and artifacts, and computation challenges // *Journal of computer Science and Technology*. – 2009. – V. 1 (25). – Pp. 71–81. doi 10.1007/s11390-010-9306-4.

39. *Garrity G.M., Bell J.A., Lilburn T.* Class III. Gammaproteobacteria class. nov. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*. 2005; 2: 1.

40. *Gilbert J.A., Dupont C.L.* Microbial Metagenomics: Beyond the Genome. *Annual Review of Marine Science*. 2011; 3: 347–371. doi: 10.1146/annurev-marine-120709-142811.

41. IUSS Working Group WRB. World Reference Base for Soil Resources 2014: International soil classification system for naming soils and creating legends for soil maps. World Soil Resources Reports № 106. FAO, Rome, 2014: 181.

42. *Lombard N., Prestat E., van Elsas J.D., Simonet P.* Soil-specific limitations for access and analysis of soil microbial communities by metagenomics. *FEMS Microbiology Ecology*. 2011; 78 (1): 31–49. doi: 10.1111/j.1574-6941.2011.01140.x.

43. *Reed H.E., Martiny J.B.H.* Testing the functional significance of microbial composition in natural communities. *FEMS Microbiol Ecol*. 2007; 62: 161–170. doi: 10.1111/j.1574-6941.2007.00386.x.

44. *Scott K.M., Sievert S., Abril F., Ball L., Barrett C., et al.* The genome of deep-sea vent chemolithoautotroph *Thiomicrospira crunogena* XCL-2. *PLoS Biol*. 2006; 4: 383.

45. *Bardgett R.D.* The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecol Lett*. 2008; 11: 296–310. doi.org/10.1111/j.1461-0248.2007.01139.x.

46. *Ventosa A., Mellado E., Sanchez-Porro C., Marquez C.* Halophilic and halotolerant microorganisms from soils. *Microbiology of Extreme Soils*. 2008: 87–115. doi:10.1007/978-3-540-74231-9_5

47. *Vera-Gargallo V., Chowdhury B., Brown T.R., Jansson J., Ventosa J.K.* Spatial distribution of prokaryotic communities in hypersaline soils / V. Vera-Gargallo // *Scientific Reports*. 2019; 9(1). doi:10.1038/s41598-018-38339-z.

48. *Williams K.P., Kelly P., Joseph J., Bruno W., et al.* Phylogeny of Gammaproteobacteria. *Dickerman Journal of Bacteriology*. 2010; 192 (9). doi: 10.1128/JB.01480-09.

49. *Wang Q., Garrity G., Tiedje J., Cole J.* Naïve Bayesian Classifier for Rapid Assignment of rRNA Sequences into the New Bacterial taxonomy. *Appl Environ Microbiol*. 2007; 73(16): 5261–5267.

50. *Wooley J., Ye Y.* Metagenomics: Facts and artifacts, and computation challenges. *Journal of computer Science and Technology*. 2009; 1(25): 71–81. doi 10.1007/s11390-010-9306-4.

Сведения об авторах

Ольга Валентиновна Селицкая, к.б.н., доцент, доцент кафедры микробиологии и иммунологии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, 127434, Россия, г. Москва, ул. Тимирязевская, д.49, oselitskaya@rgau-msha.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4846-6363>.

Мария Аменовна Ибраева, к.с.-х.н., зав. отделом плодородия и биологии почв ТОО «Казахский научно-исследовательский институт почвоведения и агрохимии имени У.У. Успанова», 050060, Республика Казахстан, г. Алматы, пр. Аль-Фараби, 75 В, ibraevamar@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-8635-2909>.

Анна Андреевна Ванькова, к.б.н., доцент, доцент кафедры микробиологии и иммунологии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, 127434, Россия, г. Москва, ул. Тимирязевская, д.49, avankova@rgau-msha.ru, <https://orcid.org/0000-0001-5473-9714>.

Андрей Владимирович Козлов, д.б.н., доцент, зав. кафедрой микробиологии и иммунологии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, 127434, Россия, г. Москва, ул. Тимирязевская, д.49, a.kozlov@rgau-msha.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3034-6566>.

About the authors

Olga V. Selitskaya, CSc (Bio), Associate Professor, Associate Professor of Department of Microbiology and Immunology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy (49 Timiryazevskaya Str., Moscow, 127434, Russian Federation); E-mail: oselitskaya@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0003-4846-6363>.

Maria A. Ibraeva, CSc (Ag), Head of the Department of Soil Fertility and Biology, Kazakh Research Institute of Soil Science and Agrochemistry named after U.U. Uspanov (75 Al-Farabi Av., Almaty, 050060, Republic of Kazakhstan); E-mail: ibraevamar@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-8635-2909>.

Anna A. Vankova, CSc (Bio), Associate Professor, Associate Professor of the Department of Microbiology and Immunology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy (49 Timiryazevskaya Str., Moscow, 127434, Russian Federation); E-mail: avankova@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0001-5473-9714>.

Andrey V. Kozlov, DSc (Bio), Associate Professor, Head of the Department of Microbiology and Immunology, Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy (49 Timiryazevskaya Str., Moscow, 127434, Russian Federation); E-mail: a.kozlov@rgau-msha.ru; <https://orcid.org/0000-0003-3034-6566>.