

УДК 579.64:631.461

DOI: 10.36305/0513-1634-2021-141-120-129

СТРУКТУРА МИКРОБИОМА ЧЕРНОЗЕМА ЮЖНОГО РИЗОСФЕРЫ ПШЕНИЦЫ ОЗИМОЙ В УСЛОВИЯХ ПРИМЕНЕНИЯ АССОЦИАТИВНЫХ ШТАММОВ МИКРООРГАНИЗМОВ

Анна Юрьевна Еговцева, Татьяна Николаевна Мельничук,
Сулейман Февзиевич Абдурашитов, Людмила Анатольевна Радченко

ФГБУН «Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма»
295043, Республика Крым, г. Симферополь, ул. Киевская, 150
E-mail: eau82@mail.ru, melnichuk7@mail.ru, asuleyman83@rambler.ru,
l-radchenko@ukr.net.

Представлены результаты анализа данных таксономической структуры микробного сообщества ризосферы пшеницы озимой трех сортов в условиях применения штаммов микроорганизмов с высоким ассоциативным потенциалом. Целью работы являлось изучение влияния интродукции ассоциативных штаммов бактерий в ризосферное сообщество *Triticum aestivum* L. на изменения таксономической структуры микробиома. В результате исследований ризосферы пшеницы озимой определено 312 и 422 операционных таксономических единиц на уровне рода в условиях 2019 и 2020 г. соответственно. Доля unclassified *Chitinophagaceae* являлась максимальной среди всех представителей атрибутируемых до семейства родов. На сорте Ермак в условиях 2019 г. наблюдалось наибольшее влияние применения ассоциативных штаммов на увеличение представленности доли данного сообщества на 14,9-22,1% в сравнении с вариантом без обработки (6,8%). Анализ главных компонент позволил выявить существенные различия между большинством вариантов с инокуляцией ассоциативными штаммами и контролем.

Ключевые слова: ассоциативные штаммы микроорганизмов; таксономическая структура; ризосфера; *Triticum aestivum* L.; чернозем южный

Введение

В современных условиях развития сельского хозяйства в связи с ростом численности населения и, как следствие, ожидаемым увеличением спроса на продукты питания, возрастанием экологически разрушительной деятельности человека, остро стоит проблема снижения почвенного плодородия и экологической устойчивости агроландшафтов. Одним из направлений снижения химической нагрузки на агроэкосистемы является применение микробных препаратов, изготовленных на основе стимулирующих рост ризобактерий (plant growth-promoting rhizobacteria — PGPR), ассоциативных к конкретному виду растения. Они оказывают многостороннее положительное влияние на растения: являются актуальным средством стимуляции роста, развития растений, защиты их от фитопатогенов, способствуют подавлению стрессовых реакций у растений, что повышает их устойчивость к неблагоприятным внешним факторам [13]. Учитывая экологическую безопасность микробных препаратов, технологии формирования ризосферы растений с использованием ассоциативных бактерий способствуют повышению устойчивости агроэкосистем и сохранению окружающей среды. В связи с этим, поиск эффективных штаммов среди аборигенной почвенной микробиоты, формирование и изучение растительно-микробных систем является перспективным и актуальным направлением исследований, в том числе для использования в конкретной почвенно-климатической зоне.

Значимость биоразнообразия и деятельности микроорганизмов для функционирования почв в целом хорошо изучена [3], но влияние ассоциативных

штаммов на таксономическую структуру микробного сообщества в конкретной почвенно-климатической зоне недостаточно исследовано. Для лучшего использования микробного разнообразия становится важным понимание процессов, происходящих в ризосфере растений при применении штаммов микроорганизмов с высоким ассоциативным потенциалом, в том числе, с помощью современных методов молекулярно-генетического анализа, позволяющие оценить особенности микробиома и расширить знания о таксономической структуре.

Цель работы – изучить влияние интродукции ассоциативных штаммов бактерий в ризосферное сообщество пшеницы озимой трех сортов на изменения таксономической структуры микробиома на уровне рода.

Объекты и методы исследования

Исследования по изучению влияния предпосевной обработки семян ассоциативными штаммами бактерий к пшенице мягкой на её продуктивность, выделенными в результате экспедиции 2018 г., проводили в 10-польном селекционном севообороте полевого опыта отдела интродукции и технологий в полеводстве и животноводстве ФГБУН «НИИСХ Крыма» (Красногвардейский район, с.Клепинино). Высевалась пшеница озимая в оптимальный для зоны срок сева (вторая декада октября) по предшественнику чёрный пар. Подготовка черного пара, как и технология выращивания озимых зерновых, были общепринятыми для региона. Опыты проводили согласно общепринятым методикам [2].

Исследования проводили на сортах пшеницы озимой: Ермак, Багира и Лидия. Варианты опыта: 1) P4 (*Pseudomonas fluorescens*), 2) M3 (*Paenarthrobacter nitroguajacolicus*), 3) L1 (*P. nitroguajacolicus*), 4) B5 (*Bacillus wiedmanni*), 5) R1 (*Agrobacterium tumefaciens*) и 6) С – (контроль, без обработки семян). Выделение штаммов из ризосферы пшеницы озимой мягкой (*Triticum aestivum* L.). проводили при помощи оригинального методического подхода для получения изолированных от внешней среды корней в сосуде Леонарда [4]. Выделенные из апикальной части корней пшеницы штаммы идентифицированы методом секвенирования гена 16S рПНК (табл. 1).

Таблица 1

Идентификация штаммов

Штамм	Ближайший гомолог в ГенБанке	Уровень гомологии, %	Семейство	Класс	Фила
<i>Bacillus wiedmanni</i> B5 [MH443749]	<i>Bacillus thuringiensis</i> ZLynn500-22 [KY316414.1]	99	<i>Bacillaceae</i>	<i>Bacilli</i>	<i>Firmicutes</i>
<i>Paenarthrobacter nitroguajacolicus</i> M3 [MH443746]	<i>Paenarthrobacter nitroguajacolicus</i> BF-R19 [KY292435.1]	99	<i>Micrococcaceae</i>	<i>Actinobacteria</i>	<i>Actinobacteria</i>
<i>Paenarthrobacter nitroguajacolicus</i> L1 [MH443747]	<i>Paenarthrobacter nitroguajacolicus</i> G2-1 [NR_027199.1]	99			
<i>Agrobacterium tumefaciens</i> R1 [MH443751]	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> HAMBI 105 [LT899998.1]	99	<i>Rhizobiaceae</i>	<i>Alpha-proteobacteria</i>	<i>Proteobacteria</i>
<i>Pseudomonas fluorescens</i> P4 [MH443745]	<i>Pseudomonas fluorescens</i> 90F12-2 [KT695840.1]	99	<i>Pseudomonadaceae</i>	<i>Gamma-proteobacteria</i>	

Исследования ризосферы *Triticum aestivum* L. проводили в условиях 2019-2020 гг. на трех сортах. Сорт Багира создан в Ставропольском НИИСХ, устойчив к поражению бурой ржавчиной и мучнистой росой, умеренно устойчив к септориозу и фузариозу колоса. Среднезимостойкий сорт, имеет выше средней устойчивость к полеганию и засухе. Сорт Ермак и Лидия выведены в АНЦ «Донской», устойчивы к бурой ржавчине, слабовосприимчивы к пыльной головне. Сорта отличаются высокой засухоустойчивостью и зимостойкостью выше среднего.

Отборы растений проводили в фазе цветения пшеницы озимой.

Чернозем южный степной зоны Крыма, слабо гумусированный, развит на четвертичных желто-бурых лессовидных легких глинах. Мощность гумусового горизонта составляет 24-36 см, всей гумусовой толщи 57-70 см. Содержание гумуса в пахотном горизонте составляет 2,4-2,7%. В верхнем горизонте почвы реакция слабощелочная (рН 7,7-7,9). Легкогидролизуемого азота содержится 5,2 мг, 1,0-2,5 мг фосфора, 42 мг калия на 100 г абсолютно сухой почвы.

Погодные условия в годы исследований были контрастными. Период выращивания пшеницы озимой в условиях 2018-2019 гг. характеризовался благоприятными по влагообеспеченности условиями в осенний период, когда выпало 160 мм осадков. Метеорологические условия в период перезимовки озимых культур отличались от среднегодовых значений повышенным, на 2-4°C выше нормы, температурным режимом. Всего за вегетацию озимых выпало 558,9 мм осадков, что на 130,9 мм больше нормы. Вегетационный период озимых культур 2019-2020 гг. характеризовался неблагоприятными погодными условиями: длительное отсутствие осадков в осенние месяцы, повышенный температурный режим, значительный недобор осадков в зимний период, атмосферная и почвенная засуха в период колошения. Условия для влагонакопления были неудовлетворительные, гидротермический коэффициент за весенний период 2020 г. составил 0,25.

Обработку полученных результатов проводили статистическими методами [2] с использованием программы Excel 2016.

В процессе исследований использованы современные подходы изучения структуры ризосферного микробиома с использованием высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S рРНК. Для этого выделена тотальная ДНК из почвенных образцов с помощью набора Power Soil DNA Isolation Kit (Qiagen, Германия), на приборе Vortex Genee-2 (Mo-bio, США) по протоколу производителя. Очистка ДНК проводилась электрофоретически с последующей экстракцией из агарозного геля [1]. 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) [5], а также присоединением адаптеров и уникальных баркодов компании Illumina. Последующая подготовка библиотек и секвенирование проводились в соответствии с рекомендациями производителя на платформе «Illumina MiSeq» (Illumina, США) с использованием набора реагентов MiSeq® ReagentKit v3 (600 cycle) с двусторонним чтением (2*300 н).

Первоначальная обработка полученных данных, а именно, демультиплексирование образцов и удаление адаптеров, проводилась ПО Illumina (Illumina, США). Для последующего деноизинга, объединения последовательностей, удаления химерных прочтений, восстановления исходных филоотипов (ASV, Amplicon sequence variant) и дальнейшей таксономической классификации полученных ASV использовались программные пакеты dada2 [6], phyloseq [11] и DECIPHER [14], работа которых осуществлялась в программной среде R. Для представления данных таксономического анализа использовались средства программного пакета QIIME [7].

Использован таксономический и статистический анализ полученных результатов с использованием программных пакетов PAST3 с помощью метода АГК (анализ главных компонент) [9].

Библиотеки геномов и метагеномов создавали и секвенировали на базе ресурсного центра «Генетические технологии» Санкт-Петербургского университета и ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ.

Результаты и обсуждение

В результате анализа таксономической структуры микробиома ризосферы пшеницы озимой трех сортов в условиях 2019 г. определено 312 операционных таксономических единиц (ОТЕ) на уровне рода. В состав доминирующих (доля выше 1%) родов вошли двадцать восемь. Изменения в таксономической структуре в результате применения штаммов с высоким ассоциативным потенциалом показаны на рисунке 1. На сорте Ермак и Багира в вариантах применения штаммов B5, P4 и M3 возрастала представленность неклассифицированного рода семейства *Blastocatellaceae* на 21,4-83,3 % относительно контроля. В этих же вариантах на сорте Багира происходило увеличение доли родов *Sphingomonas* (12,2-32,7%), unclassified *Chitinophagaceae* (38,3-46,8%), сообщество которого увеличивалось на сорте Ермак во всех вариантах кроме L1 на 5-33,3% в сравнении с контролем. Представители этого семейства известны тем, что способны к разложению сложных веществ и обладают рост стимулирующими свойствами (рис. 1).

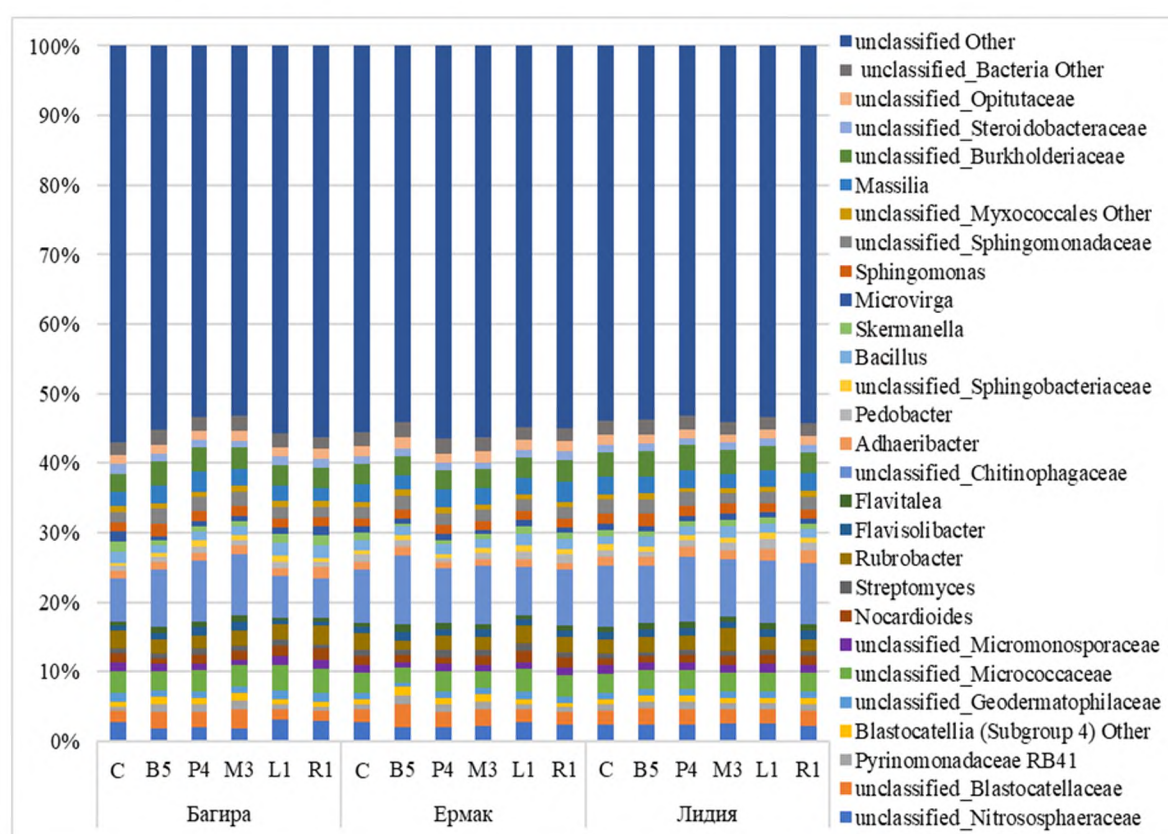


Рис. 1 Влияние штаммов ассоциативных бактерий на таксономическую структуру (на уровне рода) микробиома ризосферы пшеницы озимой (2019 г.)

Примечание: P4 – *Ps. fluorescens*, M3 и L1 – *P. nitroguajacolicus*, B5 – *B. wiedmanni*, R1 – *A. tumefaciens*, C - контроль без обработки семян.

Сорт Лидия оказался наименее восприимчивым к инокуляции в условиях 2019 г. относительно представленности родов, так как ризосферные сообщества в меньшей степени по сравнению с другими сортами отличались от контрольного варианта. За исключением представителей рода *Rubrobacter*, численность которого увеличивалась на 60,0% в варианте применения штамма МЗ. Актинобактерии, принадлежащие к роду *Rubrobacter*, известны своими мультиэкстремофильными условиями роста, они высоко радиационно-стойкие, галотолерантные, термотолерантные и термофильные, способные производить глутатион [10].

В ризосфере сорта Ермак наблюдалось увеличение представленности бактерий рода *Flavitalea* в вариантах В5, Р4 и МЗ на 24,5-64,2%, на сорте Багира эти штаммы микроорганизмов приводили к еще большему увеличению численности бактерий данного рода на 66,7-88,9% в сравнении с вариантом без обработки. Эта группа микроорганизмов первоначально описана относительно недавно, в 2011 г., исследования показали, что бактерии рода *Flavitalea* могут способствовать биоремедиации почв.

В ризосфере сорта Багира происходило увеличение доли неатрибутируемого рода unclassified *Burkholderiaceae* на 10,0-35,0% во всех вариантах относительно контроля. Известно, что некоторые рода данного семейства обладают симбиотическими свойствами. На сорте Ермак и Лидия инокуляция штаммами R1 и В5, соответственно, способствовала тенденции увеличения представленности unclassified *Burkholderiaceae*.

В результате исследований таксономической структуры микробиома ризосферы пшеницы озимой трех сортов в условиях 2020 г. определено 422 ОТЕ на уровне рода. Значительную долю составляли неопределенные представители, показатели которых варьировали в пределах 18,3-21,8% в зависимости от сорта и его инокуляции штаммом. В состав доминирующих родов прокариот вошли двадцать три.

На уровне родов происходили следующие изменения таксономического состава в ризосфере пшеницы озимой трех сортов. Представительство unclassified *Nitrososphaeraceae* увеличивалось в результате применения инокуляции на сортах Багира (кроме штамма R1) и Лидия на 8,9-22,2% и 4,3-46,8% соответственно.

Pedobacter – род бактерий известный своей устойчивостью к экстремальным условиям и способностью продуцировать β-лактамазы, благодаря чему они устойчивы к большинству антибиотиков (экологические супербактерии) [15]. Метагеномный анализ ризосферы трех сортов пшеницы озимой на представленность родов показал, что доля этого рода снижалась в результате инокуляции всеми штаммами семян сорта Лидия и Ермак в 1,4-2,5 раза. Избирательным было влияние на сорте Багира, где наблюдалось увеличение представленности в вариантах Р4 и В5 (в 1,1 и 1,3 раза соответственно) относительно контроля.

Доля unclassified *Chitinophagaceae*, представители семейства которого способны разлагать сложные органические вещества, такие как хитин и целлюлоза, была максимальной среди всех представителей атрибутируемых до семейства родов. На сорте Ермак наблюдалось наибольшее влияние применения ассоциативных штаммов на увеличение представленности их доли на 14,9-22,1% в сравнении с вариантом без обработки (6,8%).

Представленность рода *Rubrobacter*, приспособленного для жизни в полувлажных условиях, и численность которого указывает на здоровое почвенное сообщество, [12] изменялась в результате применения штаммов в зависимости от сорта пшеницы. Так увеличение доли наблюдалось во всех вариантах на сорте Лидия. В варианте применения штамма L1 на сорте Багира доля рода *Rubrobacter* возросла в 1,3 раза в сравнении с контролем. В 1,1-1,4 раза увеличилась представленность рода

Gemmatimonas в результате применения всех штаммов на сортах Лидия и Ермак, относительно варианта без инокуляции. Известно, что представители данного рода, катализируя терминальную стадию денитрификации, являются единственным биологическим поглотителем N₂O (парниковый газ) [8], таким образом играют важную экологическую роль (рис. 2).

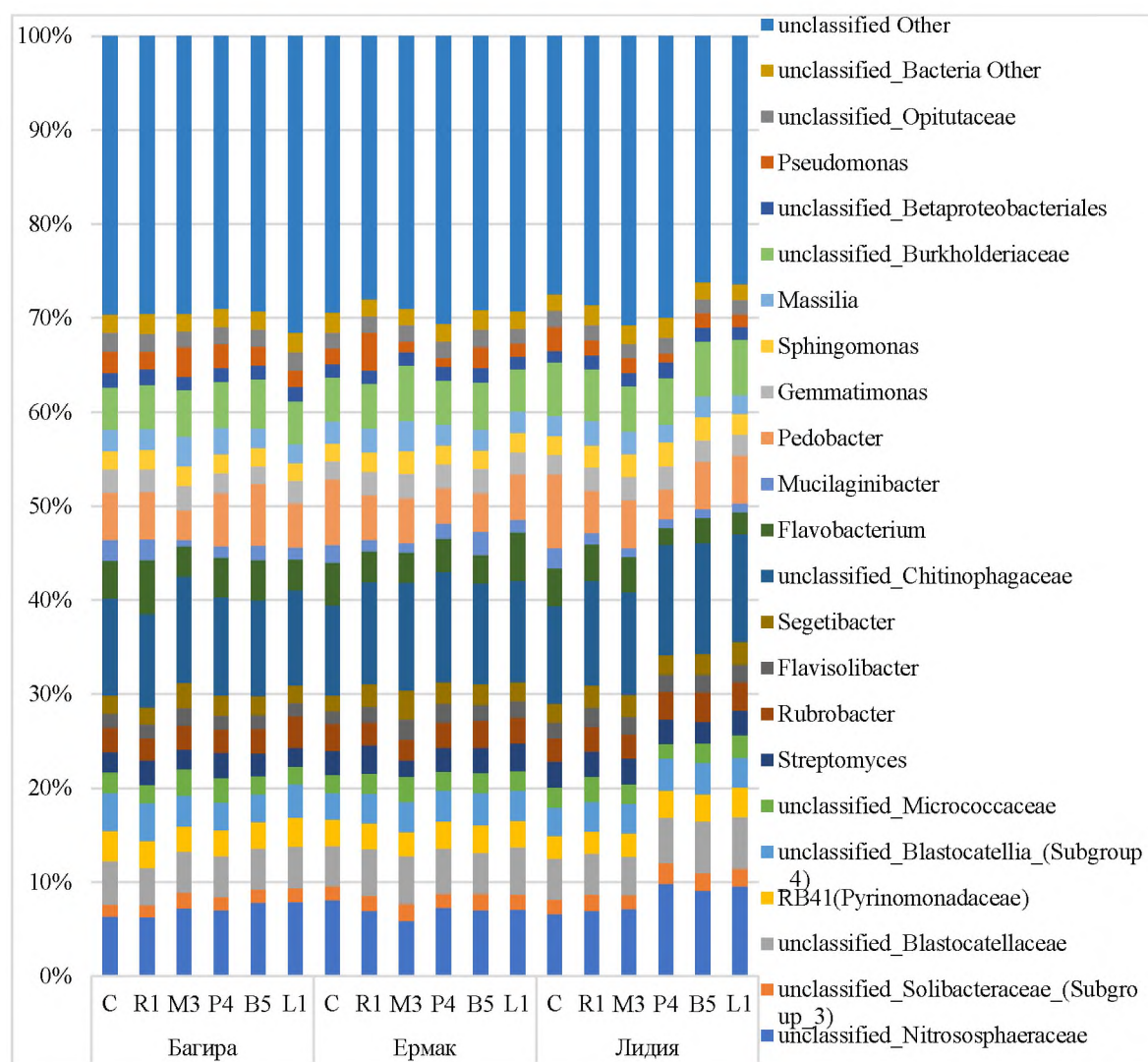


Рис. 2 Влияние штаммов ассоциативных бактерий на таксономическую структуру (на уровне рода) микробиома ризосферы пшеницы озимой (2020 г.)

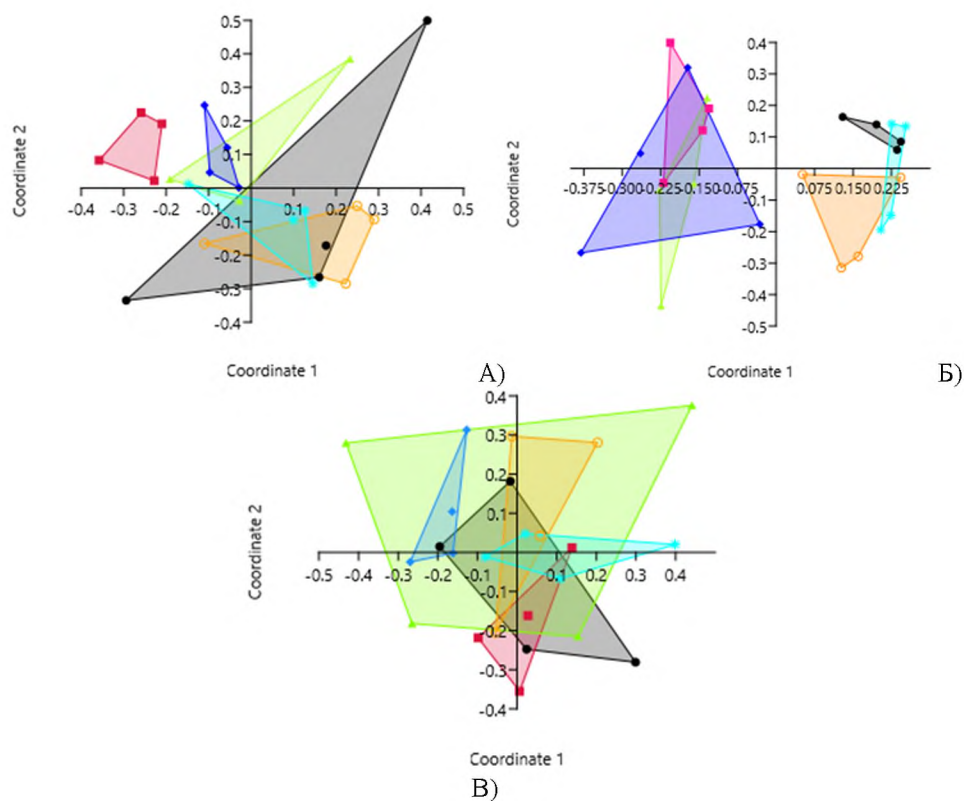
Примечание: P4 – *Ps. fluorescens*, M3 и L1 – *P. nitroguajacolicus*, B5 – *B. wiedmanni*, R1 – *A. tumefaciens*, C – контроль без обработки семян.

Широко распространен в окружающей среде род бактерий *Massilia*, некоторые изоляты которого способны проявлять признаки, связанные со стимулированием роста растений, включая продукцию ИУК, сидерофоров и антагонизм по отношению к фитопатогенам. В ризосфере сорта Багира и Ермак сообщество данного рода максимально увеличилось в варианте применения штамма M3 на 37,5 и 43,8% в сравнении с контролем соответственно.

Для оценки данных необходимо применять методы многофакторного анализа, среди которых большое распространение получил анализ главных компонентов (АГК). АГК представленных родов прокариот в ризосфере пшеницы озимой сортов Ермак и

Багира, выявил существенные различия между некоторыми вариантами в условиях более мягкого по погодным данным 2019 г. (рис. 3).

1)



2)

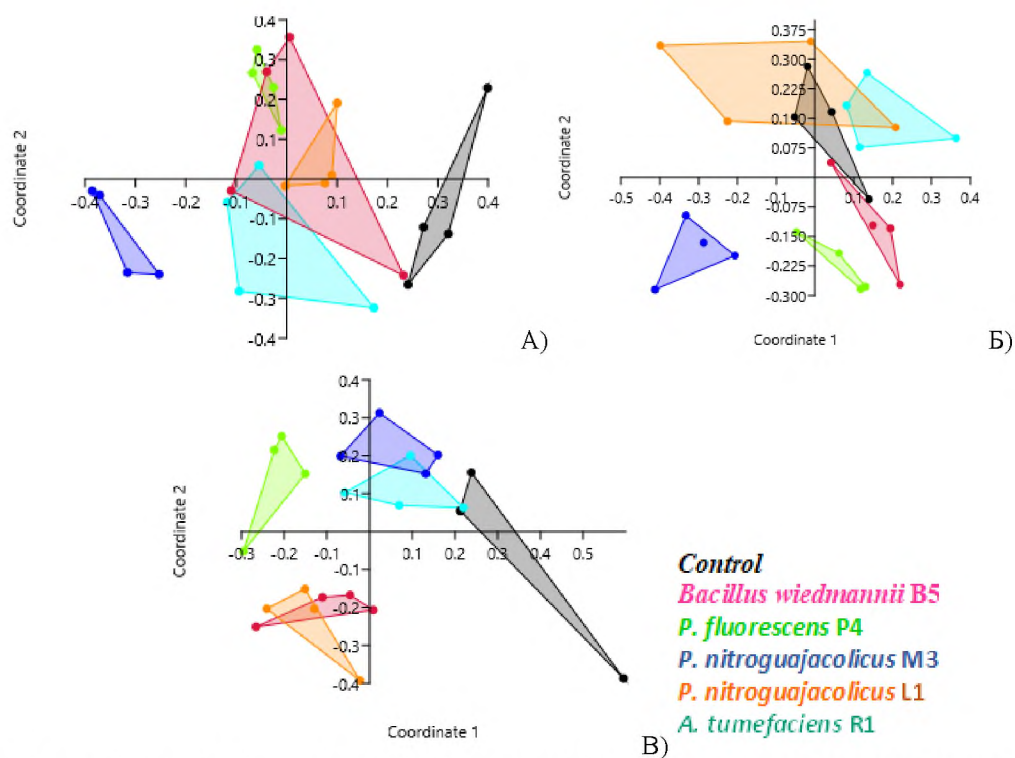


Рис. 3 Анализ главных компонент (РСоА) чернозема южного на уровне рода для микробных сообществ ризосферы пшеницы сортов Ермак (А), Багира (Б) и Лидия (В) с метрикой Брея-Кертиса в условиях 2019 (1) и 2020 гг. (2)

Полученный результат свидетельствует о том, что обработка штаммами семян значительно влияет на изменение таксономической структуры микробиома ризосферы пшеницы сорта Ермак и Багира (см. рис. 3). Близкими по влиянию на состав микробиома показаны штаммы Р4 и М3, независимую позицию занял штамм В5 в ризосфере сорта Ермак, тогда как L1 и R1 имели незначительные отличия с контролем. На сорте Лидия данный анализ не выявил существенных различий таксономического состава в сравнении с данными в варианте без инокуляции. Полученный результат свидетельствует о том, что обработка штаммами семян не значительно влияла на изменение состава микробиома ризосферы пшеницы сорта Лидия в условиях 2019 г.

В условиях 2020 г. метод АГК позволил выявить существенные различия таксономической структуры на уровне рода в ризосфере пшеницы озимой трех сортов. Замечены значительные различия между большинством вариантов с инокуляцией ассоциативными штаммами и контрольным кластером. На сорте Лидия близкими по влиянию на состав микробиома показаны штаммы В5 и L1. На сортах Ермак и Багира штамм М3 занял независимую позицию.

Таким образом, полученные результаты свидетельствуют о способности изучаемых ризобактериальных ассоциативных штаммов оказывать воздействие на изменения таксономической структуры микробиома ризосферы *Triticum aestivum* L. в условиях чернозема южного степной зоны Крыма.

Выводы

Таким образом, установлено, что предпосевная обработка штаммами ассоциативных микроорганизмов семян *T. aestivum* L. влияет на изменение таксономической структуры микробиома ризосферы в условиях полевого опыта на черноземе южном степной зоны Крыма и зависит от сорта и условий года.

Определено в результате исследований таксономической структуры микробиома ризосферы 312 и 422 ОТЕ на уровне рода в условиях 2019 и 2020 гг. соответственно. Метагеномный анализ ризосферы пшеницы трех сортов на уровне рода показал, что значительную долю составляли неопределенные представители. Выявлено положительное влияние интродуцируемых бактерий на относительную численность метаболически значимых родов микроорганизмов. Так доля *unclassified_Chitinophagaceae*, представители которого способны разлагать сложные органические вещества, являлась максимальной среди всех представителей атрибутируемых до семейства родов. В условиях 2020 года наблюдалось наибольшее влияние применения ассоциативных штаммов на увеличение представленности данного сообщества на сорте Ермак, на 14,9-22,1% в сравнении с вариантом без обработки (6,8%). В условиях более мягкого по погодным данным 2019 г. доля *unclassified_Chitinophagaceae* еще больше увеличивалась на сорте Багира и Ермак, достигая 46,8% в сравнении с контролем.

Анализ главных компонент, представленных в ризосфере пшеницы родов прокариот, позволил выявить существенные различия между большинством вариантов с инокуляцией ассоциативными штаммами и контролем, за исключением сорта Лидия, таксономический анализ структуры микробиома ризосферы которого не показал существенных различий в условиях 2019 г. Однако в засушливых условиях 2020 г. изменения в результате применения ассоциативных микроорганизмов в структуре микробиома на данном сорте преобладали в сравнении с сортами Ермак и Багира. Установлено, что применение микробных препаратов на основе микроорганизмов с высоким ассоциативным потенциалом приводят к изменению структуры микробиома ризосферы *T. aestivum* L.

Работа выполнена в рамках государственного задания № 0834-2015-0005 и при поддержке гранта РФФИ А18-016-00197 и ЦКП «Геномные технологии, протеомика и клеточная биология» ФГБНУ ВНИИСХМ

Список литературы

1. Андронов Е.Е., Пинаев А.Г., Перишина Е.В. Выделение ДНК из образцов почвы. – Санкт-Петербург: ПК "Объединение Вента", 2011. – 27 с.
2. Доспехов Б.А. Методика полевого опыта с основами статистической обработки результатов исследований. – М.: Агропроиздат, 1985. – 351 с.
3. Орлова О.В., Чирак Е.Л., Воробьев Н.И., Свиридова О.В., Лусина Т.О., Андронов Е.Е. Таксономический состав и организация микробного сообщества дерново-подзолистых почв после внесения соломы зерновых культур и использования препарата Баркон // Сельскохозяйственная биология. – 2019. – Т. 54. – № 1.
4. Шерстобоев Н.К., Мельничук Т.Н. Методологический подход к изучению ассоциативных микроорганизмов // Вестник Одесского национального университета. – 2005. – Т. 10. – № 7. – С. 311–315.
5. 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 J. – 2011. – № 5. – P. 908-917.
6. 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. – P. 581-583. doi: 10.1038/nmeth.3869.
7. Caporaso J.G., Kuczynski J., Stombaugh J. et al. QIIME allows analysis of highthroughput community sequencing data. Nature methods. – 2010. – Vol. 7(5). – P. 335-336. doi: HYPERLINK "https://dx.doi.org/10.1038/nmeth.f.303" \t "pmc_ext" 10.1038/nmeth.f.303.
8. Chee-Sanford J., Tian D., Sanford R. Consumption of N₂O and other N-cycle intermediates by *Gemmatimonas aurantiaca* strain T-27 // Microbiology. – 2019. – Vol. 165. – № 12. – P. 1345-1354.
9. 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). – 9 p.
10. Kouřilová X., Schwarzerová J., Pernicová I., Sedlář K., Mrázová K., Krzyžánek V., Obruča S. The First Insight into Polyhydroxyalkanoates Accumulation in Multi-Extremophilic *Rubrobacter xylanophilus* and *Rubrobacter spartanus* // Microorganisms. – 2021. – Vol. 9. – № 5. – P. 909.
11. McMurdie P.J., Holmes S. phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. PLoS One. – 2013. – Vol. 22. – № 8(4). – P. e61217. doi: 10.1371/journal.pone.0061217. PMID: 23630581; PMCID: PMC3632530.
12. Pickett B., Irvine I.C., Bullock E., Arogyaswamy K., Aronson E. Legacy effects of invasive grass impact soil microbes and native shrub growth // Invasive Plant Science and Management. – 2019. – Vol. 12. – № 1. – P. 22-35.
13. Salas-González I., Reyt G., Flis P., Custódio V., Gopaulchan D., Bakhoun N., Dew T.P., Suresh K., Franke R.B., Dangl J.L., Salt D.E., Castrillo G. Coordination between microbiota and root endodermis supports plant mineral nutrient homeostasis // Science. – 2021. – Vol. 371. – № 6525. DOI: 10.1126/science.abd0695.
14. Wright E.S. "Using DECIPHER v2.0 to Analyze Big Biological Sequence Data in R." The R Journal. – 2016. – Vol. 8. – № 1. – P. 352-359.

15. Viana A.T., Caetano T., Covas C., Santos T., Mendo S. Environmental superbugs: The case study of *Pedobacter* spp. //Environmental Pollution. – 2018. – Vol. 241. – P. 1048-1055.

Статья поступила в редакцию 22.11.2021 г.

Egovtseva A.Yu., Melnichuk T.N., Abdurashitov S.F., Radchenko L.A. The structure of the microbiome of the southern chernozem of rhizosphere of winter wheat under the conditions of the use of associative strains of microorganisms // Bull. Of the State Nikita Botan. Gard. – 2021. – № 141. – P. 120-129

The results of the analysis of data on the taxonomic structure of the microbial community of the rhizosphere of three cultivars of winter wheat under the conditions of the use of microorganisms strains with high associative potential are presented. The aim of this work was to study the effect of the introduction of associative bacterial strains into the rhizosphere community of winter wheat on changes in the taxonomic structure of the microbiome. 312 and 422 OTUs were determined at the genus level as a result of studies of the rhizosphere of winter wheat in the conditions of 2019 and 2020, respectively. The share of unclassified *Chitinophagaceae* was the highest among all representatives of the genera attributed to the family. The greatest positive effect of the use of associative strains on the representation of their share was observed on 'Ermak' cultivar under the conditions of 2019 by 14.9-22.1% in comparison with the variant without treatment (6.8%). Principal Coordinate Analysis made it possible to reveal significant differences between the majority of variants with inoculation by associative strains and control.

Key words: *associative strains of microorganisms; taxonomic structure; rhizosphere; Triticum aestivum L.; southern chernozem*