

УДК 632.911.2

## ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИХ СВОЙСТВ ПОЧВЫ НА СТРУКТУРУ БАКТЕРИАЛЬНОГО СООБЩЕСТВА

*Л.Р. Бикташева, А.А. Савельев, С.Ю. Селивановская, П.Ю. Галицкая*  
*Казанский (Приволжский) федеральный университет, г. Казань, 420008, Россия*

### Аннотация

Физико-химические свойства почв определяют их важнейшие характеристики как среды обитания организмов. Они влияют на состояние почвенной флоры и фауны, в частности на разнообразие микробиома почв. В работе были определены гранулометрический состав, рН и содержание органического углерода в 25 почвенных образцах, относящихся к 8 различным типам. Установлено, что значения рН находились в диапазоне от 5.05 (образец № 4), до 7.29 (образец № 19),  $C_{\text{орг}}$  – от 0.72% (образец № 2) до 4.54% (образец № 19). Согласно анализу ГМС в большинстве образцов преобладали частицы размером 2–50 мкм и в двух образцах – размером более 50 мкм (образцы № 5, 6). Методом Illumina MiSeq оценен видовой состав и обилие бактерий в почвенных образцах. Всего в образцах выявлено 443 уникальных ОТЕ. К доминирующим таксонам на уровне типов относились Verrucomicrobia, Proteobacteria, Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Acidobacteria, при этом в образцах № 18, 12, 19 и 23 также доминировал тип Chloroflexi. Методом MDS (Multidimensional Scaling) определены сходства и различия между почвенными образцами на основании: 1) их физико-химических характеристик и 2) бактериального разнообразия. Показано, что физико-химические характеристики не являются единственными детерминирующими факторами для структуры бактериального сообщества почв.

**Ключевые слова:** физико-химические характеристики почв, почвенное микробное сообщество, секвенирование нового поколения

### Введение

Физико-химические свойства почв, такие как гранулометрический состав, рН, содержание органического углерода и ряд других, являются их важными характеристическими признаками при описаниях и классификациях. Эти абиотические факторы имеют дополнительное значение, поскольку во многом детерминируют состояние почвенной флоры и фауны, в частности их биологическое разнообразие и состав сообществ [1–4].

Влияние физико-химических свойств почв на почвенный микробиом изучено недостаточно [3, 5]. Одни авторы отмечают корреляцию структуры микробного сообщества почв с содержанием органического углерода [1, 6]. Другие показывают, что для функционирования микробного сообщества определяющими являются значения кислотности: близкие к нейтральным значения рН обеспечивают

наибольшее таксономическое разнообразие почвенной микрофлоры, которое сужается по мере подкисления и подщелачивания [7–9]. К существенным факторам, влияющим на структуру почвенных микробных сообществ, можно отнести содержание азота [10], влажность [11], гранулометрический состав [12] и растворимость солей почвы [13]. В научной литературе имеются предположения о том, что тип почвы, по сути объединяющий несколько их физико-химических характеристик, является определяющим для структуры микробных сообществ [14, 15], однако ряд публикаций опровергает такие предположения [1, 6]. Почвенная микрофлора характеризуется большим разнообразием организмов: бактерий, грибов, архей, вирусов и простейших [16]. Бактерии представляют собой основную долю микробиома [17–19], а также характеризуются наибольшей чувствительностью к изменениям почвенных условий [20–24].

Целью настоящей работы стала проверка гипотезы о наличии зависимости структуры бактериального сообщества от комплекса физико-химических характеристик почв. Для проверки гипотезы было отобрано 25 образцов почвы, относящихся к 8 различным типам. Для них были оценены содержание органического вещества, pH, гранулометрический состав, и для ряда образцов – структура микробного сообщества методом секвенирования нового поколения.

## 1. Материалы и методы

**1.1. Отбор проб.** Пробы почв были отобраны в разных районах республики Татарстан (см. рис. 1). Места отбора выбирались на основании почвенной и физической карт, а также карты распределения антропогенной нагрузки [25]. Места выбирали таким образом, чтобы наименьшее расстояние от дорог, магистралей и промышленных объектов составляло не менее 500 м; почвы не были задействованы в сельском хозяйстве. Пробы отбирали на площадках 10×10 м методом конверта с глубины 0–10 см после предварительного удаления растений. Из 5 отобранных проб готовили усредненную, массой 1 кг. Ее помещали в холщовые мешки и транспортировали в лабораторию для дальнейшей работы. Для химического и физического анализа образцы высушивали на воздухе, просеивали (размер ячейки размером 2 мм) и хранили при температуре 4 °С в темноте для дальнейшего использования. Образцы для молекулярно-биологического анализа хранили при –80 °С.

В табл. 1 представлены координаты отбора проб и типы почв, к которым относятся отобранные образцы.

**1.2. Агрохимические методы.** Общее содержание органического углерода в образцах отходов оценивалось в соответствии с ISO 14235:1998 [26], pH согласно ISO 10390:2005 [27]. Гранулометрический состав оценивали методом лазерной дифракции согласно ISO 13320:2009 и ISO/TS 17892-4:2004 [28, 29].

**1.3. Экстракция нуклеиновых кислот.** Тотальная геномная ДНК была выделена с помощью набора FastDNA®SPIN Kit for Soil (Bio101, Qiogene, Германия). Выделенная ДНК анализировалась сразу или хранилась при –20 °С.

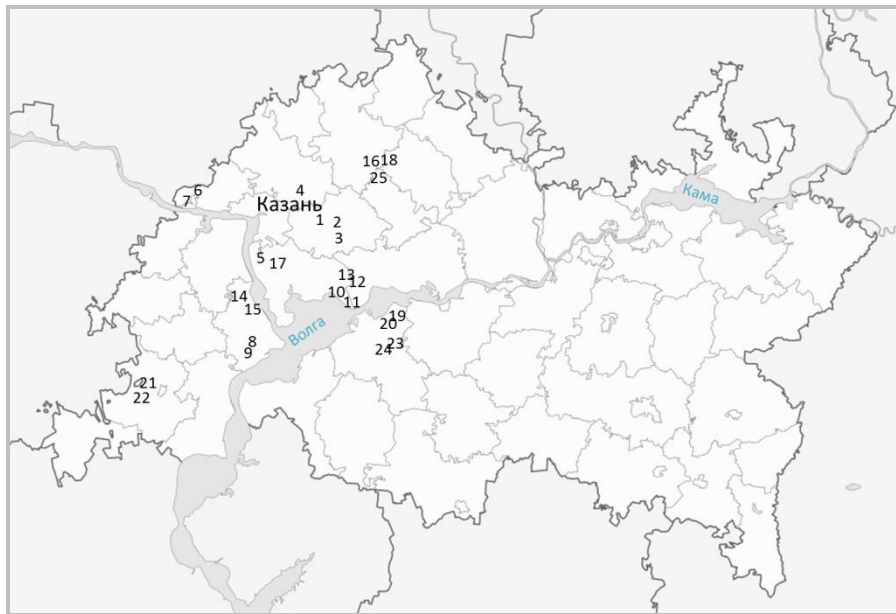


Рис. 1. Карта отбора проб

Табл. 1

Типы почвенных образцов и регионы отбора проб

Образец	Координаты отбора проб		Тип почв
	с.ш.	в.д.	
1	55°48'59.77"	49°20'24.51"	дерново-подзолистые
2	55°42'02.19"	49°24'06.31"	
3	55°47'16.35"	49°26'32.28"	
4	55°53'25.36"	49°01'48.73"	
5	55°37'42.49"	49°01'47.20"	
6	55°52'02.76"	48°26'34.53"	
7	55°53'48.76"	48°33'13.75"	
8	55°08'48.18"	49°09'00.47"	светло-серые лесные
9	55°10'23.46"	49°05'21.23"	
10	55°23'28.59"	49°46'49.22"	
11	55°23'20.46"	49°55'27.91"	
12	55°28'41.42"	49°54'49.98"	
13	55°30'12.58"	49°51'03.03"	дерново-карбонатные типичные
14	55°25'27.14"	49°00'17.08"	
15	55°24'50.26"	49°01'29.03"	темно-серые лесные
16	56°02'35.52"	49°44'46.62"	
17	55°33'31.85"	49°09'14.76"	
18	56°02'51.53"	49°47'43.88"	черноземы типичные
19	55°17'40.28"	50°06'53.99"	
20	55°17'25.44"	50°06'37.89"	черноземы выщелоченные
21	54°59'49.98"	48°17'40.28"	
22	55°00'58.40"	48°16'16.62"	черноземы оподзоленные
23	54°58'14.50"	50°24'41.35"	
24	55°00'50.73"	50°27'35.91"	
25	56°02'29.17"	49°40'24.73"	аллювиально-дерново-насыщенные

**1.4. Анализ структуры бактериального сообщества.** Подготовка геномной библиотеки была осуществлена согласно протоколу 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation Protocol (Illumina MiSeq). Первый раунд амплификации V3–V4 региона 16s рРНК проводили с помощью термоциклера DNA Engine Tetrad® 2 cycler (BioRad, Германия) с использованием специфических праймеров:

А (TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAGCCTACGGGNGGC WGCAG)

и

В (GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGGACTACHVGGG TATСТААТСС).

Амплификация проводилась по следующему режиму: 95 °С в течение 3 мин, 27 циклов 95 °С (30 с), 55 °С (30 с) и 72 °С (30 с), а также финальную элонгацию при 72 °С (3 мин). Ампликоны были очищены с помощью Agencourt AMPure XP purification kit (Beckman Coulter, США). Второй раунд был проведен с использованием тех же параметров амплификации. Концентрация ампликонов была измерена на приборе Qubit 2.0 Fluorometer (Invitrogen, США) с использованием Quant-iT™ dsDNA High-Sensitivity Assay Kit (Thermo Fisher, США). Секвенирование образцов было проведено на приборе MiSeq (Illumina, США), согласно инструкции.

Данные секвенирования были проанализированы с помощью программного обеспечения Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME) platform, version 1.6.0 [30]. Таксономическая структура была определена в сравнении с базой данных Greengenes с использованием программы USEARCH [31]. Операционные таксономические единицы были сгруппированы с порогом сходства 97%. ОТЕ были использованы для подсчета видового богатства и индексов разнообразия, а также относительного количества филогенетических групп в почве. Таксономическая классификация выполнена с помощью PyNAST метода [32].

**1.5. Статистическая обработка результатов.** Все исследования проводили не менее чем в трех повторностях. Полученные данные были обработаны с использованием программы Origin 8.5 (OriginLab, Northampton, США). Для оценки достоверности различий был использован критерий Фишера при  $\alpha = 0.05$ . Альфа- и бета-разнообразие было рассчитано с помощью программного обеспечения R [33]. Альфа-разнообразие было рассчитано с помощью следующих индексов: индекса Шеннона – Уивера ( $H$ ), индекса Симпсона ( $D$ ) и индекса ( $I$ ), представляющего собой число ОТЕ, полученных в результате секвенирования. Для визуализации данных методом многомерного шкалирования были построены MDS-графики, индексы схожести был рассчитаны с помощью коэффициента Брея – Кертиса [34].

## 2. Результаты и их обсуждения

**2.1. Анализ агрохимических характеристик образцов.** Гранулометрический состав определяет многие физико-химические, биологические функции, а также водно-воздушный режим почв и является одним из важных аспектов почвенного плодородия и функционирования микробного почвенного сообщества [12, 35]. На первом этапе работ нами было определено содержание песка

Табл. 2

## Гранулометрический состав исследованных почвенных образцов

Об-разец	Тип почвы	Содержание фракций, %			Наименование
		песок > 50 мкм	пыль 2–50 мкм	глина < 2 мкм	
1	дерново-подзолистые	28.3	64.94	6.76	пылеватый суглинок
2		28.09	64.33	7.58	пылеватый суглинок
3		28	64.32	7.68	пылеватый суглинок
4		39.52	57.74	2.74	суглинок
5		70.18	29.7	0.12	опесчаненный суглинок
6		64.39	35.11	0.5	опесчаненный суглинок
7		44.09	53.82	2.09	суглинок
8		13.42	74.36	12.22	пылеватый суглинок
9	светло-серые лесные	22.65	68.26	9.09	пылевато-глинистый суглинок
10		38.77	54.5	6.73	глинистый суглинок
11		28.63	63.17	8.2	пылеватый суглинок
12		13.65	76.66	9.69	пылеватый суглинок
13		13.67	76.74	9.59	пылеватый суглинок
14		14.77	75.2	10.03	пылеватый суглинок
15	дерново-карбонатные типичные	16.33	70.34	13.33	пылеватый суглинок
16		16.72	75.15	8.13	пылеватый суглинок
17	темно-серые лесные	14.9	75.63	9.47	пылеватый суглинок
18		18.44	71.25	10.31	пылеватый суглинок
19		26.89	67.72	5.39	пылеватый суглинок
20	черноземы типичные	12.94	76.58	10.48	пылеватый суглинок
21		23.11	71.44	5.45	пылеватый суглинок
22	черноземы выщелоченные	20.27	73.86	5.87	пылеватый суглинок
23		17.95	72.48	9.57	пылеватый суглинок
24		19.38	75.18	5.44	пылеватый суглинок
25	оподзоленные	19.02	73.26	7.72	пылеватый суглинок

(фракция > 50 мкм), пыли (фракция 2–50 мкм) и глина (фракция < 2 мкм) в почвенных образцах согласно международной почвенной классификации FAO [36]. Результаты представлены в табл. 2.

Согласно полученным результатам в большинстве образцов (23 из 25) преобладают частицы размером 2–50 мкм, и в двух образцах – размером более 50 мкм. Установлено, что большинство образцов относится к пылеватому суглинку, кроме № 4 и 7, относящихся к суглинкам, и образцов № 5 и 6, относящихся к опесчаненным суглинкам. Эти образцы относятся к типу дерново-подзолистых проб, механический состав которых может быть довольно разнообразным, варьируя от песчаного до глинистого. Факт опесчанивания верхнего горизонта можно наблюдать при ярко выраженном подзолообразовательном процессе [37]. Среди образцов светло-серой лесной почвы мы наблюдаем также два образца, не относящихся к пылеватому суглинку. Это образцы № 9 и 10 – пылевато-глинистый и глинистый суглинки соответственно.

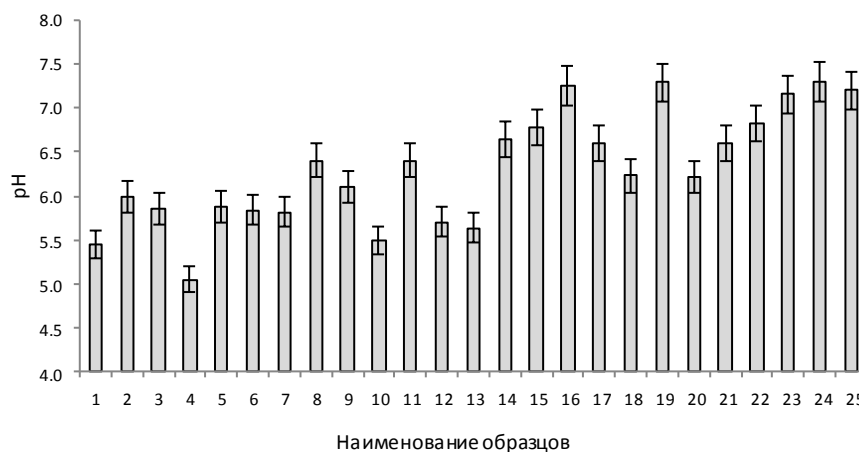


Рис. 2. рН водных вытяжек из исследуемых почвенных образцов

Показатель рН почвенной вытяжки является одним из факторов, оказывающих наибольшее прямое влияние на микроорганизмы. Кроме того, рН почвы влияет на них опосредованно: через растворимость различных соединений, как питательных, так и токсичных, и через функционирование растений [14]. На рис. 2 представлены результаты определения рН почвенных вытяжек.

Значение рН образцов № 1–7 (дерново-подзолистые) не превышало 6.0; образцов № 8–13 (светло-серые лесные) колебалось в диапазоне от 5.5 до 6.5. рН почвенных образцов, относящихся в другим типам, был в среднем несколько выше – он превышал 6.0. Наиболее высокие значения рН были отмечены для образцов № 16, 19, 23, 24 и 25 (более 7.0). Полученные результаты в целом согласуются с характерными для данных типов почв параметрами [38, 39]. Так, дерново-подзолистые почвы относились к наиболее закисленным и по результатам других исследователей [13]. Следует отметить, что при наличии общих тенденций внутри каждого почвенного типа был отмечен достаточно сильный разброс значений рН, например, между образцами № 16 и 18 или между образцами № 19 и 20. Это соответствует данным литературы, но при этом свидетельствует о том, что понятие «тип почв» объединяет почвенные образцы с достаточно сильно различающимися характеристиками. Поэтому оно, в частности, не может быть использовано в настоящем исследовании при построении зависимостей и проверке гипотезы.

Органический углерод почвы представляет собой углерод микробной биомассы, углерод, содержащийся в органическом веществе виде частиц, растительных остатков, а также в гумусе [40]. Содержание органического углерода называют одним из основных детерминантов почвенного плодородия и микробного разнообразия [41]. Этот параметр является достаточно стабильным: он практически не изменяется при смене времен года, стабилен от года к году (при отсутствии критических антропогенных нагрузок) [40]. Результаты оценки содержания органического углерода ( $C_{орг}$ ) в почвенных образцах представлены на рис. 3.

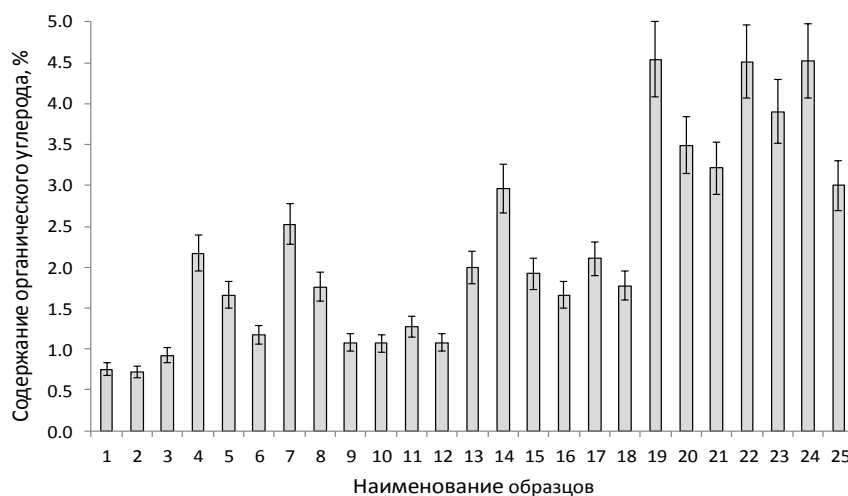


Рис. 3. Содержание органического углерода в исследуемых почвенных образцах

Из рисунка видно, что наименьшие значения (от 0.72% до 1.18%) наблюдались в образцах № 1–3, 6, 9–12, средние значения (от 1.66% до 3.00%) – в образцах № 4–8, 13–18 и 25, высокие (от 3.21% до 4.54%) – в образцах № 19–24. Интересно, что все образцы последней группы являлись черноземами (типичным, выщелоченным или оподзоленным), тогда как наименьшие значения  $C_{орг}$  были отмечены в почвах дерново-подзолистого и светло-серого лесного типов, что соответствует данным, представленным в [38, 40]. Вместе с тем, как и в случае pH, внутри группы почв, относящихся к одному типу, были отмечены значительные различия в  $C_{орг}$ , что подтверждает сделанный ранее вывод о невозможности использования типизации для построения зависимостей и проверки гипотезы в данном исследовании.

Исходя из вышеизложенного для проверки наличия зависимости между микробиомом почв и их физико-химическими свойствами необходимо было выбрать параметр, который бы комплексно характеризовать последние. В качестве такого параметра нами было выбрано расположение точки на плоскости, полученное при проведении линейной (метрической) ординации полученных и стандартизованных значений (рис. 4). На рис. 5 представлен график MDS с 25 образцами почвы, расстояние точек друг от друга характеризует сходство или различие образцов по определенным нами физико-химическим свойствам (гранулометрическому составу, pH, содержанию  $C_{орг}$ ): чем ближе друг к другу расположены точки, тем меньше такие различия.

Из рис. 5 видно, что точки, характеризующие образцы, относящиеся к одному подтипу почв, могут быть расположены как рядом друг с другом (образцы № 1–3 и 4–7, № 21 и 22), так и далеко друг от друга (№ 19 и 20, № 16 и 18).

Для проверки гипотезы о наличии зависимости между физико-химическими свойствами и микробиомом почв нами было выбрано три образца, наиболее далеко отстоящих друг от друга на графике MDS (№ 4, 18 и 19), а также по одной точке, наиболее близкой к каждому из них. Таким образом, были сформированы пары образцов: 4 и 5, 19 и 23, 12 и 18.

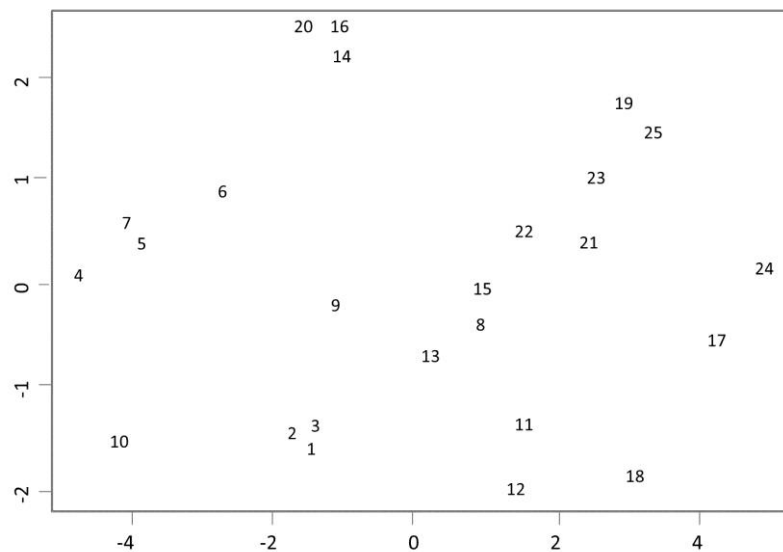


Рис. 4. MDS-график, представляющий разнообразие исследуемых почвенных образцов по совокупности трех физико-химических характеристик

**2.2. Анализ структуры микробного сообщества.** В выбранных на основании MDS-анализа шести почвенных образцах было проведено исследование структуры микробного сообщества методом секвенирования Illumina MiSeq. Данный метод позволяет определить наличие уникальных таксономических единиц (ОТЕ) в образцах и провести их видовую идентификацию, оценить их обилие и провести сравнение биологического разнообразия образцов между собой.

В процессе обработки результатов секвенирования ДНК, выделенных из шести образцов почв, было исключено 84054 химер, и для дальнейшей идентификации использовалось 224465 последовательностей. Всего в образцах было выявлено 443 уникальных бактериальных ОТЕ, относящихся к 176 порядкам и 30 типам. На рис. 5 представлено обилие ОТЕ в почвенных образцах, рассчитанное на уровне отдельных типов.

Видно, что во всех шести исследованных образцах можно выделить шесть доминирующих типов (*Verrucomicrobia*, *Proteobacteria*, *Gemmatimonadetes*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Acidobacteria*), при этом в образцах № 18, 12, 19 и 23 имеется дополнительный доминирующий тип – *Chloroflexi*. В целом, представители типов *Actinobacteria*, *Bacteroidetes* и *Proteobacteria* являются типичными обитателями почв [6, 14]. Представители типа *Acidobacteria* обычно обнаруживаются в образцах менее развитых почв с меньшим количеством органического вещества и более кислым значением pH [6, 42]. Однако в данном случае представители этого типа доминируют в двух образцах (№ 4 и 18), но не в других образцах этого же типа почвы и схожих значений физико-химических параметров.



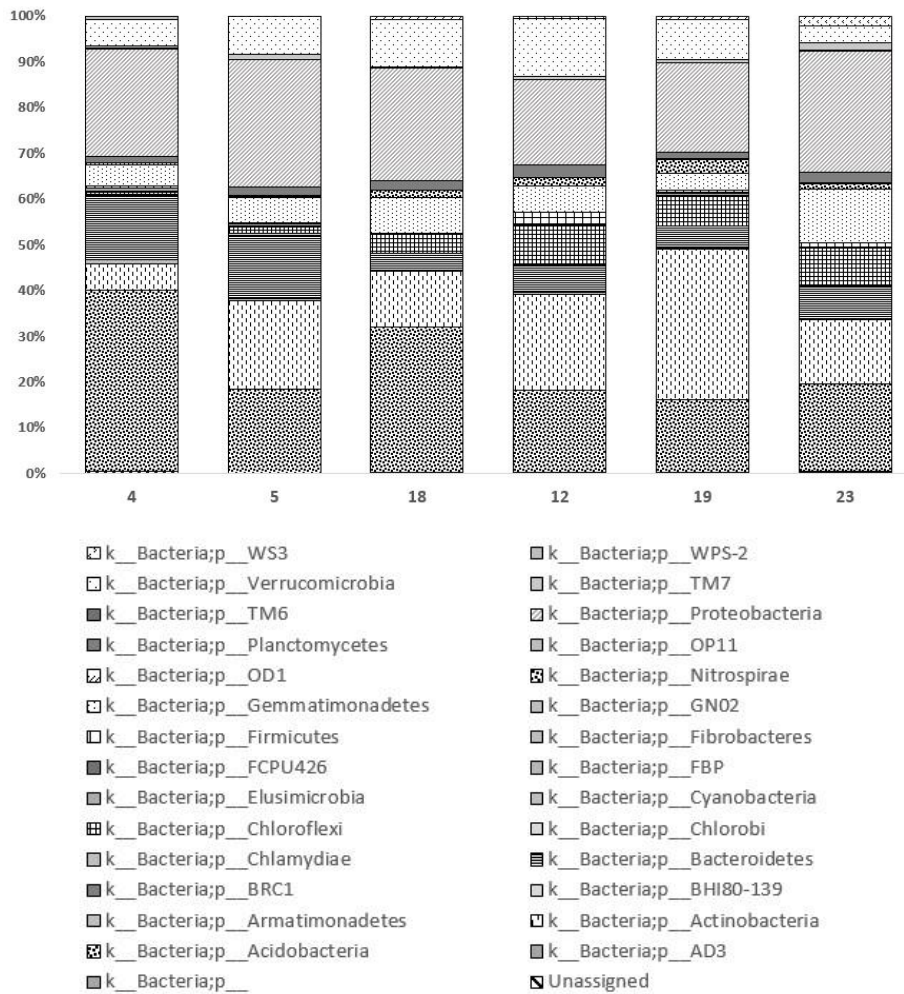


Рис. 5. Структура бактериального сообщества исследуемых почв

Для более детального анализа доминирующих таксонов в исследуемых почвенных образцах нами была составлена табл. 3, в которой представлены преобладающие микробы на уровне порядков. В таблицу вошли те таксоны, обилие которых превышало 2% хотя бы в одном из почвенных образцов.

Представители обнаруженных нами порядков ранее были описаны в незагрязненных почвах и другими авторами. Так, представители таксонов, имеющие наибольшее обилие в доминирующих типах, таких как семейства Koribacteraceae, Gaiellaceae и Sphingobacteriaceae, а также обнаруженные в нашем исследовании представители порядков Solirubrobacterales, Acidimicrobiales, Actinomycetales были ранее обнаружены в почвах разных типов, для которых характерны различные почвенные фитоценозы [4, 43]. Представители рода *DA101*, относящегося к семейству Chthoniobacteraceae, широко распространены в почвах [44]. Они способны потреблять сахара из растительной биомассы или участвовать в симбиозе с нематодами [44, 45]. Представители семейства Chitinophagaceae известны своей способностью разлагать хитин [46].

Табл. 3

Наиболее многочисленные бактериальные порядки, представленные в образцах почвы

Тип/Класс/Порядок	Относительное обилие бактериальных ОТЕ, %					
	№ 4	№ 5	№ 18	№ 12	№ 19	№ 23
Acidobacteria/Acidobacteria-6/iii1-15	1.67	3.01	3.27	4.24	4.52	11.25
Acidobacteria/Acidobacteriia/ Acidobacteriales	17.64	1.79	12.40	0.53	0.11	0.00
Acidobacteria/DA052/Ellin6513	5.43	0.62	3.21	0.07	0.04	0.28
Acidobacteria/Solibacteres/ Solibacterales_	13.18	3.12	7.17	1.94	0.94	1.21
Acidobacteria/Chloracidobacteria]/RB41	0.64	6.15	2.74	7.69	6.32	1.13
Actinobacteria/Acidimicrobiia/ Acidimicrobiales	1.42	5.62	3.44	4.29	4.36	4.27
Actinobacteria/Actinobacteria/ Actinomycetales	2.67	8.06	3.09	5.22	8.14	4.48
Actinobacteria/MB-A2-108/0319-7L14	0.01	0.10	1.18	3.17	6.86	2.40
Actinobacteria/Thermoleophilia/ Gaiellales	1.01	1.72	3.60	5.71	8.56	2.03
Actinobacteria/Thermoleophilia/ Solirubrobacterales	0.51	3.86	0.58	1.92	4.02	0.63
Bacteroidetes/Sphingobacteriia/ Sphingobacteriales	8.19	2.81	0.37	1.47	1.05	0.79
Bacteroidetes/[Saprospirae]/ [Saprospirales]	4.18	10.32	3.19	4.27	3.03	3.86
Chloroflexi/Ellin6529/_	0.18	0.76	1.15	2.63	2.91	3.39
Gemmatimonadetes/Gemm-1/_	0.28	0.58	1.48	1.30	2.45	5.77
Gemmatimonadetes/Gemmatimonadetes/ Gemmatimonadales	0.47	2.28	0.20	0.22	0.22	0.03
Gemmatimonadetes/Gemmatimonadetes/ N1423WL	1.65	0.70	3.98	3.09	0.52	1.37
Nitrospirae/Nitrospira/Nitrospirales	0.03	0.13	1.57	1.70	2.93	1.33
Proteobacteria/Alphaproteobacteria/ Ellin329	4.06	1.87	1.62	0.71	0.48	0.36
Proteobacteria/Alphaproteobacteria/ Rhizobiales	2.94	6.08	4.80	4.70	4.83	2.17
Proteobacteria/Alphaproteobacteria/ Rhodobacterales	2.90	1.77	2.11	0.77	0.99	0.47
Proteobacteria/Alphaproteobacteria/ Sphingomonadales	0.68	5.66	1.09	0.66	1.21	0.23
Proteobacteria/Betaproteobacteria/A21b	0.30	0.31	2.60	0.48	0.36	0.06
Proteobacteria/Betaproteobacteria/Ellin6067	0.81	0.84	2.04	1.03	0.50	0.38
Proteobacteria/Betaproteobacteria/MND1	0.18	0.34	0.37	0.87	0.70	4.69
Proteobacteria/Deltaproteobacteria/ Myxococcales	2.55	3.10	1.40	2.57	2.62	9.24
Proteobacteria/Gammaproteobacteria/ Xanthomonadales	5.03	1.44	1.53	1.62	1.95	1.99
Verrucomicrobia/[Pedosphaerae]/ [Pedosphaerales]	3.48	2.20	3.93	3.51	3.04	1.89
Verrucomicrobia/[Spartobacteria]/ [Chthoniobacterales]	1.92	5.23	5.97	7.65	4.32	0.57

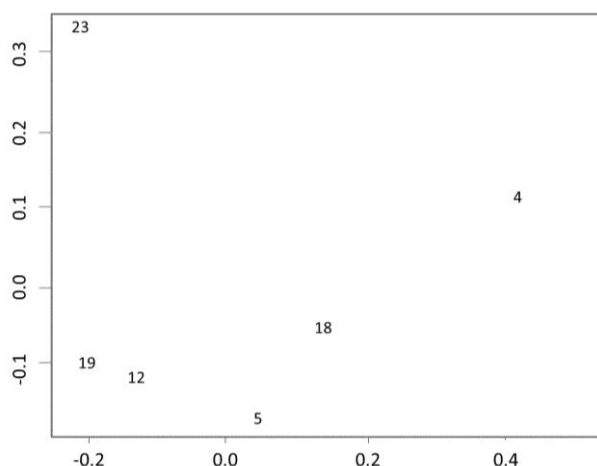


Рис. 6. MDS-график, представляющий разнообразие исследуемых почвенных образцов по структуре их бактериальных сообществ

При проведении сравнения внутри пар почвенных образцов схожесть в доминирующих порядках внутри пары не наблюдается. Например, согласно табл. 3, в образце № 4 доминируют представители порядков Acidobacteriales (17.6%) и Solibacterales (13.2%) и Sphingobacteriales (8%). А в близком к нему по физико-химическим характеристикам образце № 5 доминируют представители Saprospirales (10.3%) и Actinomycetales (8.1%). В образце № 18 доминируют представители Acidobacteriales (12.4) и Solibacterales (7.2%), а в образце № 12 – порядок RB41, относящийся к типу Acidobacteria, и порядок Chthoniobacteriales (7.7%). Аналогично, в образцах третьей пары (№ 19 и 23) схожих доминирующих порядков отмечено не было. Вместе с тем для различающихся по физико-химическим свойствам образцов № 4 и 18 были отмечены схожие доминирующие порядки – Acidobacteriales и Solibacterales, аналогично для образцов № 12 и 19 – порядки RB41, Actinomycetales и Gaiellales. Описанное выше ставит под сомнение возможность подтверждения выдвинутой в исследовании гипотезы. Поэтому на следующем этапе метод MDS-шкалирования был повторно использован нами, на этот раз для проверки схожести и различий между образцами с точки зрения структуры их микробных сообществ. Результаты представлены на рис. 6.

Из рисунка видно, что точки, обозначающие близкие по физико-химическим свойствам образцы № 4 и 5, в случае бактериального разнообразия отстоят далеко друг от друга, это же отмечено и для пары образцов № 19 и 23. Точки, соответствующие образцам № 12 и 18, расположены близко друг другу, однако на близком к ним расстоянии расположены и точки, соответствующие образцам № 19 и 5.

Таким образом, выдвинутая гипотеза о наличии зависимости трех физико-химических свойств почв (гранулометрического состава, pH и содержания  $C_{орг}$ ) и структуры их бактериальных сообществ не подтвердилась. По всей вероятности, это связано с высокой вариабельностью микробиома почв, на который влияют и другие факторы, в частности климатический орографический и ряд других [2–4, 47].

### Заключение

В работе была проведена оценка гранулометрического состава, рН и содержания  $C_{орг}$  25 почвенных образцов, относящихся к 8 почвенным типам. Установлено, что значения определяемых параметров соответствуют известным данным. С использованием MDS-анализа выявлены сходство и различия образцов по определенным физико-химическим параметрам и показано, что образцы не объединяются в группы в зависимости от их типа почв. Проведено сравнение полученных сходств и различий с таковыми, установленными на основании структуры бактериального сообщества почв, оцененной методом Illumina MiSeq. Показано, что зависимость между тремя определенными физико-химическими параметрами и разнообразием бактерий отсутствует.

**Благодарности.** Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект № 17-7420183).

### Литература

1. Szoboszlay M., Dohrmann, A.B., Poepflau C., Axel D., Tebbe C.C. Impact of land-use change and soil organic carbon quality on microbial diversity in soils across Europe // FEMS Microbiol. Ecol. – 2017. – V. 93, No 12. – P. 1–12. – doi: 10.1093/femsec/fix146.
2. Chmolewska D., Elhottová D., Křišťůfek V., Kozak M., Kapustka F., Zubek S. Functioning grouped soil microbial communities according to ecosystem type, based on comparison of fallows and meadows in the same region // Sci. Total Environ. – 2017. – V. 599–600. – P. 981–991. – doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.04.220.
3. Kang H., Gao H., Yu W., Yi Y., Wang Y., Ning M. Changes in soil microbial community structure and function after afforestation depend on species and age: Case study in a subtropical alluvial island // Sci. Total Environ. – 2018. – V. 625. – P. 1423–1432. – doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.12.180.
4. Иванова Е.А., Першина Е.В., Кутювая А.В., Сергалиева Н.Х., Нагиева А.Г., Жиенгалиев А.Т., Проворов Н.А., Андронов Е.Е. Сравнительный анализ микробных сообществ контрастных почвенных типов в условиях различных фитоценозов // Экология. – 2018. – № 1. – С. 34–44. – doi: 10.7868/S0367059718010043.
5. Liu D., Huang Y., An Sh., Sun H., Bhople P., Chen Zh. Soil physicochemical and microbial characteristics of contrasting land-use types along soil depth gradients // Catena. – 2018. – V. 162. – P. 345–353. – doi: 10.1016/j.catena.2017.10.028.
6. Sánchez-Marañón M., Miralles I., Aguirre-Garrido J.F., Anguita-Maeso M., Millán V., Ortega R., García-Salcedo J.A., Martínez-Abarca F., Soriano M. Changes in the soil bacterial community along a pedogenic gradient // Sci. Rep. – 2017. – V. 7, No 1. – Art. 14593, P. 1–11. – doi: 10.1038/s41598-017-15133-x.
7. Fierer N., Jackson R.B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities // Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. – 2006. – V. 103, No 3. – P. 626–631. – doi: 10.1073/pnas.0507535103.
8. Lauber C.L., Hamady M., Knight R., Fierer N. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale // Appl. Environ. Microbiol. – 2009. – V. 75, No 15. – P. 5111–5120. – doi: 10.1128/AEM.00335-09.
9. Jones R.T., Robeson M.S., Lauber C.L., Hamady M., Knight R., Fierer N. A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses // ISME J. – 2009. – V. 3, No 4. – P. 442–453. – doi: 10.1038/ismej.2008.127.

10. Fierer N., Lauber C.L., Ramirez K.S., Zaneveld J., Bradford M.A., Knight R. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients // ISME J. – 2012. – V. 6, No 5. – P. 1007–1017. – doi: 10.1038/ismej.2011.159.
11. Ma B., Wang H., Dsouza M., Lou J., He Y., Dai Zh., Brookes, P., Xu J., Gilbert J. Geographic patterns of co-occurrence network topological features for soil microbiota at continental scale in eastern China // ISME J. – 2016. – V. 10, No 8. – P. 1891–1901. – doi: 10.1038/ismej.2015.261.
12. Шинкарев А.А., Корнилова А.Г., Трофимова Ф.А., Гордеев А.С., Гиниятуллин К.Г., Лыгина Т.З. Сравнение методов седиментометрии и лазерной дифракции в анализе гранулометрического состава глинистой фракции почв // Учен. зап. Казан. ун-та. Сер. Естеств. науки. – 2010. – Т. 152, кн. 2. – С. 252–260.
13. Bystrianský L., Štofík M., Gryndler M. Soil-derived organic particles and their effects on the community of culturable microorganisms // Folia Microbiol. (Praha). – 2018. – V. 63, No 1. – P. 69–72. – doi: 10.1007/s12223-017-0537-4.
14. Jurelevicius D., Cotta S., Peixoto R., Rosado A., Seldin L. Distribution of alkane-degrading bacterial communities in soils from King George Island, Maritime Antarctic // Eur. J. Soil Biol. – 2012. – V. 51. – P. 37–44. – doi: 10.1016/j.ejsobi.2012.03.006.
15. Margesin R., Labbé D., Schinner F., Greer C.W., Whyte L.G. Characterization of hydrocarbon-degrading microbial populations in contaminated and pristine Alpine soils // Appl. Environ. Microbiol. – 2003. – V. 69, No 6. – P. 3085–3092. – doi: 10.1128/AEM.69.6.3085-3092.2003.
16. Noronha M.F., Lacerda J.G., Gilbert J., de Oliveira V. Taxonomic and functional patterns across soil microbial communities of global biomes // Sci. Total Environ. – 2017. – V. 609. – P. 1064–1074. – doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.07.159.
17. Благодатский С.А., Благодатская Е.В. Динамика микробной биомассы и соотношение эукариотных и прокариотных микроорганизмов в серой лесной почве // Почвоведение. – 1996. – № 12. – С. 1485–1490.
18. Velvis H. Evaluation of the selective respiratory inhibition method for measuring the ratio of fungal:bacterial activity in acid agricultural soils // Biol. Fertil. Soils. – 1997. – V. 25, No 4. – P. 354–360. – doi: 10.1007/s003740050325.
19. Schmidt N., Bolter M. Fungal and bacterial biomass in tundra soils along an arctic transect from Taimyr Peninsula, central Siberia // Polar Biol. – 2002. – V. 25, No 12. – P. 871–877. – doi: 10.1007/s00300-002-0422-7.
20. Li X., Lin X., Li P., Liu W., Wang L., Ma F., Chukwuka K.S. Biodegradation of the low concentration of polycyclic aromatic hydrocarbons in soil by microbial consortium during incubation // J. Hazard. Mater. – 2009. – V. 172, No 2–3. – P. 601–605. – doi: 10.1016/j.jhazmat.2009.07.044.
21. Martens R. Current methods for measuring microbial biomass C in soil: Potentials and limitations // Biol. Fertil. Soils. – 1995. – V. 19, No 2–3. – P. 87–99. – doi: 10.1007/BF00336142.
22. Colloff M.J., Wakelin S.A., Gomez D., Rogers S.L. Detection of nitrogen cycle genes in soils for measuring the effects of changes in land use and management // Soil Biol. Biochem. – 2008. – V. 40, No 7. – P. 1637–1645. – doi: 10.1016/j.soilbio.2008.01.019.
23. Macdonald C.A., Thomas N., Robinson L., Tate K., Ross D., Dando J., Singh B. Physiological, biochemical and molecular responses of the soil microbial community after afforestation of pastures with *Pinus radiata* // Soil Biol. Biochem. – 2009. – V. 41, No 8. – P. 1642–1651. – doi: 10.1016/j.soilbio.2009.05.003.

24. *Anderson T.H., Domsch K.H.* Soil microbial biomass: The eco-physiological approach // *Soil Biol. Biochem.* – 2010. – V. 42, No 12. – P. 2039–2043. – doi: 10.1016/j.soilbio.2010.06.026.
25. *Ермолаев О.П., Игонин М.Е., Бубнов А.Ю., Павлова С.В.* Ландшафты Республики Татарстан. Региональный ландшафтно-экологический анализ. – Казань: Слово, 2007. – 411 с.
26. ISO 14235:1998(en). Soil quality — determination of organic carbon by sulfochromic oxidation. – 1998. – 5 p.
27. ISO 10390:2005(E). Soil quality – determination of pH. – 2005. – 5 p.
28. ISO 13320:2009(en). Particle size analysis – laser diffraction methods. – 2009. – 51 p.
29. ISO/TS 17892-4:2004. Geotechnical investigation and testing – laboratory testing of soil – Part 4: Determination of particle size distribution. – 2010. – 10 p.
30. *Saporaso J.G., Kuczynski J., Stombaugh J., Bittinger K., Bushman F.D., Costello E.K., Fierer N., Peña A.G., Goodrich J.K., Gordon J.I.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data // *Nat. Methods.* – 2010. – V. 7, No 5. – P. 335–336. – doi: 10.1038/nmeth.f.303.
31. *Edgar R.C.* Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST // *Bioinformatics.* – 2010. – V. 26, No 19. – P. 2460–2461. – doi: 10.1093/bioinformatics/btq461.
32. *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. – V. 73, No 16. – P. 5261–5267. – doi: 10.1128/AEM.00062-07.
33. Team R. R development core team // *R A Lang. Environ. Stat. Comput.* – 2013. – V. 55. – P. 275–286.
34. *Faith D.P., Minchin P.R., Belbin L.* Compositional dissimilarity as a robust measure of ecological distance // *Vegetatio.* – 1987. – V. 69, No 1–3. – P. 57–68. – doi: 10.1007/BF00038687.
35. *Вершинин А.А., Петров, А.М., Акайкин, Д.В., Игнатъев, Ю.А.* Оценка биологической активности дерново-подзолистых почв разного гранулометрического состава в условиях нефтяного загрязнения // *Почвоведение.* – 2014. – №. 2. – С. 250–256.
36. Soil Texture Triangle // *Natural Resources Conservation Service Soils.– United States Department of Agriculture.* – URL: [https://www.nrcs.usda.gov/wps/portal/nrcs/detail/soils/survey/?cid=nrcs142p2\\_054167](https://www.nrcs.usda.gov/wps/portal/nrcs/detail/soils/survey/?cid=nrcs142p2_054167).
37. World Reference Base for Soils Resources. World Soil Resource Report No. 103. – Rome, Italy: FAO, 2006. – 145 p.
38. *Ковда В.А., Розанов Б.Г.* Почвоведение. Ч. 2. Типы почв, их география и использование. – М.: Высш. шк., 1988. – 368 с.
39. *Иванов А.Л., Шоба С.А.* Единый государственный реестр почвенных ресурсов России. – URL: <http://infosoil.ru/reestr/content/1sem.php>.
40. *Lefèvre C., Rekik F., Alcantara V., Wiese L.* Soil Organic Carbon: The Hidden Potential. – Rome, Italy: FAO, 2017. – 90 p.
41. *Villarino S.H., Studdert G., Laterra P., Cendoya M.* Agricultural impact on soil organic carbon content: Testing the IPCC carbon accounting method for evaluations at county scale // *Agric. Ecosyst. Environ.* – 2014. – V. 185. – P. 118–132. – doi: 10.1016/j.agee.2013.12.021.
42. *Lauber C.L., Strickland M., Bradford M., Fierer N.* The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types // *Soil Biol. Biochem.* – 2008. – V. 40, No 9. – P. 2407–2415. – doi: 10.1016/j.soilbio.2008.05.021.
43. *Думова В.А., Першина, Е.В., Мерзлякова, А.В., Круглов, Ю.В., Андронов, Е.Е.* Основные тенденции в формировании почвенного микробного сообщества в условиях

- стационарного полевого опыта по данным высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S-rPHK // Сельскохозяйственная биология. – 2013. – № 5. – С. 87–92.
44. Brewer T.E., Handley K., Carini P., Gilbert J., Fierer N. Genome reduction in an abundant and ubiquitous soil bacterium “Candidatus Udaeobacter copiosus” // Nat. Microbiol. – 2016. – V. 2. – Art. 16198. P. 1–7. – doi: 10.1038/nmicrobiol.2016.198.
45. Sangwan P., Chen X., Hugenholtz P., Janssen P. *Chthoniobacter flavus* gen. nov., sp. nov., the first pure-culture representative of subdivision two, *Spartobacteria* classis nov., of the phylum *Verrucomicrobia* // Appl. Environ. Microbiol. – 2004. – V. 70, No 10. – P. 5875–5881. – doi: 10.1128/AEM.70.10.5875-5881.2004.
46. Eichorst S.A., Varanasi P., Stavila V., Zemla M., Auer M., Singh S., Simmons B., Singer S. Community dynamics of cellulose-adapted thermophilic bacterial consortia // Environ. Microbiol. – 2013. – V. 15, No 9. – P. 2573–2587. – doi: 10.1111/1462-2920.12159.
47. Wu S.H., Huang B.H., Huang Ch.L., Li G., Liao P.Ch. The aboveground vegetation type and underground soil property mediate the divergence of soil microbiomes and the biological interactions // Microb. Ecol. – 2018. – V. 75, No 2. – P. 434–446. – doi: 10.1007/s00248-017-1050-7.

Поступила в редакцию  
12.03.18

---

**Бикташева Лилия Рамилевна**, младший научный сотрудник НИЛ «Биоконтроль» Института экологии и природопользования

Казанский (Приволжский) федеральный университет  
ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, 420008, Россия  
E-mail: [biktasheval@mail.ru](mailto:biktasheval@mail.ru)

**Савельев Анатолий Александрович**, доктор биологических наук, профессор кафедры моделирования экологических систем

Казанский (Приволжский) федеральный университет  
ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, 420008, Россия  
E-mail: [Anatoly.Saveliev.aka.saa@gmail.com](mailto:Anatoly.Saveliev.aka.saa@gmail.com)

**Селивановская Светлана Юрьевна**, доктор биологических наук, профессор кафедры прикладной экологии

Казанский (Приволжский) федеральный университет  
ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, 420008, Россия  
E-mail: [svetlana.selivanovskaya@kpfu.ru](mailto:svetlana.selivanovskaya@kpfu.ru)

**Галицкая Полина Юрьевна**, кандидат биологических наук, доцент кафедры прикладной экологии

Казанский (Приволжский) федеральный университет  
ул. Кремлевская, д. 18, г. Казань, 420008, Россия  
E-mail: [gpolina33@yandex.ru](mailto:gpolina33@yandex.ru)

**Assessment of the Effect of Soil Physico-Chemical Properties  
on the Bacterial Community Structure***L.R. Biktasheva*<sup>\*</sup>, *A.A. Saveliev*<sup>\*\*</sup>, *S.Y. Selivanovskaya*<sup>\*\*\*</sup>, *P.Y. Galitskaya*<sup>\*\*\*\*</sup>*Kazan Federal University, Kazan, 420008 Russia*E-mail: <sup>\*</sup>*biktasheval@mail.ru*, <sup>\*\*</sup>*Anatoly.Saveliev.aka.saa@gmail.com*,  
<sup>\*\*\*</sup>*svetlana.selivanovskaya@kpfu.ru*, <sup>\*\*\*\*</sup>*gpolina33@yandex.ru*

Received March 12, 2018

**Abstract**

The physico-chemical properties of soils determine their potential as a habitat for living species. They influence the state of soil flora and fauna, the diversity of soil microbiome in particular. In the present study, particle size distribution, pH, and organic carbon content have been analyzed in 25 soil samples representing 8 different soil types. It has been found that the pH values vary in the range from 5.05 (sample no. 4) to 7.29 (sample no. 19), while the organic carbon content change from 0.72% (sample no. 2) to 4.54% (sample no. 19). According to the analysis of particle size distribution, particles of 2–50 µm in size dominate in the majority of samples and particles greater 50 µm occur in samples no. 5 and 6. The species composition and abundance of bacteria in the soil samples have been estimated by the Illumina MiSeq method. A total of 443 unique OTUs have been identified in 6 soil samples. The dominant taxa at the phylum level include Verrucomicrobia, Proteobacteria, Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, Actinobacteria, Acidobacteria, while Chloroflexi phylum is also abundant in samples no. 18, 12, 19, and 23. The MDS (multidimensional scaling) method has been used to determine the similarities and differences between the soil samples based on: 1) their physico-chemical characteristics and 2) bacterial diversity. It has been shown that the physico-chemical characteristics are not the only determinants for the structure of soil bacterial community.

**Keywords:** physico-chemical characteristics of soils, soil microbial community, next-generation sequencing

**Acknowledgments.** The study was supported by the Russian Science Foundation (project no. 17-7420183).

**Figure Captions**

Fig. 1. Map of sampling sites.

Fig. 2. pH of water extracts from the soil samples under study.

Fig. 3. Total organic carbon content in the soil samples under study.

Fig. 4. MDS plots representing the diversity of soil samples on the basis of three physico-chemical characteristics.

Fig. 5. Structure of the bacterial community of soils under study.

Fig. 6. MDS plots representing the diversity of soil samples on the basis of bacterial community structure.

**References**

1. Szoboszlay M., Dohrmann, A.B., Poehlau C., Axel D., Tebbe C.C. Impact of land-use change and soil organic carbon quality on microbial diversity in soils across Europe. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 2017, vol. 93, no. 12, pp. 1–12. doi: 10.1093/femsec/fix146.



2. Chmolewska D., Elhottová D., Křišťůfek V., Kozak M., Kapustka F., Zubek S. Functioning grouped soil microbial communities according to ecosystem type, based on comparison of fallows and meadows in the same region. *Sci. Total Environ.*, 2017, vol. 599–600, pp. 981–991. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.04.220.
3. Kang H., Gao H., Yu W., Yi Y., Wang Y., Ning M. Changes in soil microbial community structure and function after afforestation depend on species and age: Case study in a subtropical alluvial island. *Sci. Total Environ.*, 2018, vol. 625, pp. 1423–1432. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.12.180.
4. Ivanova E.A., Pershina E.V., Kutovaya A.V., Sergalieva N.Kh., Nagieva A.G., Zhiengaliev A.T., Provorov N.A., Andronov E.E. Comparative analysis of microbial communities of contrasting soil types in different phytocenoses. *Ekologiya*, 2018, no. 1, pp. 34–44. doi: 10.7868/S0367059718010043. (In Russian)
5. Liu D., Huang Y., An Sh., Sun H., Bhople P., Chen Zh. Soil physicochemical and microbial characteristics of contrasting land-use types along soil depth gradients. *Catena*, 2018, vol. 162, pp. 345–353. doi: 10.1016/j.catena.2017.10.028.
6. Sánchez-Marañón M., Miralles I., Aguirre-Garrido J.F., Anguita-Maeso M., Millán V., Ortega R., García-Salcedo J.A., Martínez-Abarca F., Soriano M. Changes in the soil bacterial community along a pedogenic gradient. *Sci. Rep.*, 2017, vol. 7, no. 1, art. 14593, pp. 1–11. doi: 10.1038/s41598-017-15133-x.
7. Fierer N., Jackson R.B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 2006, vol. 103, no. 3, pp. 626–631. doi: 10.1073/pnas.0507535103.
8. Lauber C.L., Hamady M., Knight R., Fierer N. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2009, vol. 75, no. 15, pp. 5111–5120. doi: 10.1128/AEM.00335-09.
9. Jones R.T., Robeson M.S., Lauber C.L., Hamady M., Knight R., Fierer N. A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses. *ISME J.*, 2009, vol. 3, no. 4, pp. 442–453. doi: 10.1038/ismej.2008.127.
10. Fierer N., Lauber C.L., Ramirez K.S., Zaneveld J., Bradford M.A., Knight R. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients. *ISME J.*, 2012, vol. 6, no. 5, pp. 1007–1017. doi: 10.1038/ismej.2011.159.
11. Ma B., Wang H., Dsouza M., Lou J., He Y., Dai Zh., Brookes, P., Xu J., Gilbert J. Geographic patterns of co-occurrence network topological features for soil microbiota at continental scale in eastern China. *ISME J.*, 2016, vol. 10, no. 8, pp. 1891–1901. doi: 10.1038/ismej.2015.261.
12. Shinkarev A.A., Kornilova A.G., Trofimova F.A., Gordeev A.S., Ginijatullin K.G., Lygina T.Z., Comparison of sedimentometric analysis with laser grain size analysis for the determination of particle-size distribution of the soil clay fraction. *Uchenye Zapiski Kazanskogo Universiteta. Seriya Estestvennyye Nauki*, 2010, vol. 152, no. 2, pp. 252–260. (In Russian)
13. Bystrianský L., Štofík M., Gryndler M. Soil-derived organic particles and their effects on the community of culturable microorganisms. *Folia Microbiol. (Praha)*, 2018, vol. 63, no. 1, pp. 69–72. doi: 10.1007/s12223-017-0537-4.
14. Jurelevicius D., Cotta S., Peixoto R., Rosado A., Seldin L. Distribution of alkane-degrading bacterial communities in soils from King George Island, Maritime Antarctic. *Eur. J. Soil Biol.*, 2012, vol. 51, pp. 37–44. doi: 10.1016/j.ejsobi.2012.03.006.
15. Margesin R., Labbé D., Schinner F., Greer C.W., Whyte L.G. Characterization of hydrocarbon-degrading microbial populations in contaminated and pristine Alpine soils. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2003, vol. 69, no. 6, pp. 3085–3092. doi: 10.1128/AEM.69.6.3085-3092.2003.
16. Noronha M.F., Lacerda J.G., Gilbert J., de Oliveira V. Taxonomic and functional patterns across soil microbial communities of global biomes. *Sci. Total Environ.*, 2017, vol. 609, pp. 1064–1074. doi: 10.1016/j.scitotenv.2017.07.159.
17. Blagodatskii S.A., Blagodatskaya E.V. Dynamics of microbial biomass and ratio of eukaryote and prokaryote microorganisms in grey forest soil. *Pochvovedenie*, 1996, no. 12, pp. 1485–1490. (In Russian)
18. Velvis H. Evaluation of the selective respiratory inhibition method for measuring the ratio of fungal:bacterial activity in acid agricultural soils. *Biol. Fertil. Soils*, 1997, vol. 25, no. 4, pp. 354–360. doi: 10.1007/s003740050325.

19. Schmidt N., Bolter M. Fungal and bacterial biomass in tundra soils along an arctic transect from Taimyr Peninsula, central Siberia. *Polar Biol.*, 2002, vol. 25, no. 12, pp. 871–877. doi: 10.1007/s00300-002-0422-7.
20. Li X., Lin X., Li P., Liu W., Wang L., Ma F., Chukwuka K.S. Biodegradation of the low concentration of polycyclic aromatic hydrocarbons in soil by microbial consortium during incubation. *J. Hazard. Mater.*, 2009, vol. 172, nos. 2–3, pp. 601–605. doi: 10.1016/j.jhazmat.2009.07.044.
21. Martens R. Current methods for measuring microbial biomass C in soil: Potentials and limitations. *Biol. Fertil. Soils*, 1995, vol. 19, nos. 2–3, pp. 87–99. doi: 10.1007/BF00336142.
22. Colloff M.J., Wakelin S.A., Gomez D., Rogers S.L. Detection of nitrogen cycle genes in soils for measuring the effects of changes in land use and management. *Soil Biol. Biochem.*, 2008, vol. 40, no. 7, pp. 1637–1645. doi: 10.1016/j.soilbio.2008.01.019.
23. Macdonald C.A., Thomas N., Robinson L., Tate K., Ross D., Dando J., Singh B. Physiological, biochemical and molecular responses of the soil microbial community after afforestation of pastures with *Pinus radiata*. *Soil Biol. Biochem.*, 2009, vol. 41, no. 8, pp. 1642–1651. doi: 10.1016/j.soilbio.2009.05.003.
24. Anderson T.H., Domsch K.H. Soil microbial biomass: The eco-physiological approach. *Soil Biol. Biochem.*, 2010, vol. 42, no. 12, pp. 2039–2043. doi: 10.1016/j.soilbio.2010.06.026.
25. Ermolaev O.P., Igonin M.E., Bubnov A.Yu., Pavlova S.V. *Landshafty Respubliki Tatarstan. Regional'nyi landshaftno-ekologicheskii analiz* [Landscapes of Tatarstan Republic. Regional Landscape and Ecological Analysis]. Ermolaev O.P. (Ed.). Kazan, Slovo. 2007. 411 p. (In Russian)
26. ISO 14235:1998(en). Soil quality – determination of organic carbon by sulfochromic oxidation. 1998. 5 p.
27. ISO 10390:2005(E). Soil quality – determination of pH. 2005. 5 p.
28. ISO 13320:2009(en). Particle size analysis – laser diffraction methods. 2009. 51 p.
29. ISO/TS 17892-4:2004. Geotechnical investigation and testing – Laboratory testing of soil. Part 4: Determination of particle size distribution. 2010. 10 p.
30. Caporaso J.G., Kuczynski J., Stombaugh J., Bittinger K., Bushman F.D., Costello E.K., Fierer N., Peña A.G., Goodrich J.K., Gordon J.I. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat. Methods*, 2010, vol. 7, no. 5, pp. 335–336. doi: 10.1038/nmeth.f.303.
31. Edgar R.C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, 2010, vol. 26, no. 19, pp. 2460–2461. doi: 10.1093/bioinformatics/btq461.
32. 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, vol. 73, no. 16, pp. 5261–5267. doi: 10.1128/AEM.00062-07.
33. Team R. R development core team. *R A Lang. Environ. Stat. Comput.*, 2013, vol. 55, pp. 275–286.
34. Faith D.P., Minchin P.R., Belbin L. Compositional dissimilarity as a robust measure of ecological distance. *Vegetatio*, 1987, vol. 69, nos. 1–3, pp. 57–68. doi: 10.1007/BF00038687.
35. Vershinin A.A., Petrov A.M., Akaikin D.V., Ignatev Yu.A. Assessing the biological activity of oil-contaminated soddy-podzolic soils with different textures. *Eurasian Soil Sci.*, 2014, no. 2, pp. 250–256. (In Russian)
36. Soil Texture Triangle. In: *Natural Resources Conservation Service Soils*. United States Department of Agriculture. Available at: [https://www.nrcs.usda.gov/wps/portal/nrcs/detail/soils/survey/?cid=nrcs142p2\\_054167](https://www.nrcs.usda.gov/wps/portal/nrcs/detail/soils/survey/?cid=nrcs142p2_054167).
37. *World Reference Base for Soils Resources. World Soil Resource Report No. 103*. Rome, Italy, FAO, 2006. 145 p.
38. Kovda V.A., Rozanov B.G. *Pochvovedenie. Ch. 2. Tipy pochv, ikh geografiya i ispol'zovanie* [Soil Science: Soil Types, Their Geography, and Use]. Moscow, Vyssh. Shk., 1988. 368 p. (In Russian)
39. Ivanov A.L., Shoba S.A. Unified State Register of Soil Resources of Russia. Available at: <http://infosoil.ru/reestr/content/1sem.php>. (In Russian)
40. Lefèvre C., Rejik F., Alcantara V., Wiese L. *Soil Organic Carbon the Hidden Potential*. Rome, Italy, FAO, 2017. 90 p.

41. Villarino S.H., Studdert G., Lateral P., Cendoya M. Agricultural impact on soil organic carbon content: Testing the IPCC carbon accounting method for evaluations at county scale. *Agric., Ecosyst. Environ.*, 2014, vol. 185, pp. 118–132. doi: 10.1016/j.agee.2013.12.021.
42. Lauber C.L., Strickland M., Bradford M., Fierer N. The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types. *Soil Biol. Biochem.*, 2008, vol. 40, no. 9, pp. 2407–2415. doi: 10.1016/j.soilbio.2008.05.021.
43. Dumova V.A., Pershina E.B., Merzlykova A.V., Kruglov Yu.V., Andronov E.E. The main trends in formation of the soil microbial community under the conditions of stationary field experiment from the data of next-generation sequencing of the 16S rRNA gene libraries. *S-kh. Biol.*, 2013, no. 5, pp. 87–92. (In Russian)
44. Brewer T.E., Handley K., Carini P., Gilbert J., Fierer N. Genome reduction in an abundant and ubiquitous soil bacterium “Candidatus Udaeobacter copiosus”. *Nat. Microbiol.*, 2016, vol. 2, art. 16198, pp. 1–7. doi: 10.1038/nmicrobiol.2016.198.
45. Sangwan P., Chen X., Hugenholtz P., Janssen P. *Chthoniobacter flavus* gen. nov., sp. nov., the first pure-culture representative of subdivision two, *Spartobacteria* classis nov., of the phylum *Verrucomicrobia*. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2004, vol. 70, no. 10, pp. 5875–5881. doi: 10.1128/AEM.70.10.5875-5881.2004.
46. Eichorst S.A., Varanasi P., Stavila V., Zemla M., Auer M., Singh S., Simmons B., Singer S. Community dynamics of cellulose-adapted thermophilic bacterial consortia. *Environ. Microbiol.*, 2013, vol. 15, no. 9, pp. 2573–2587. doi: 10.1111/1462-2920.12159.
47. Wu S.H., Huang B.H., Huang Ch.L., Li G., Liao P.Ch. The aboveground vegetation type and underground soil property mediate the divergence of soil microbiomes and the biological interactions. *Microb. Ecol.*, 2018, vol. 75, no. 2, pp. 434–446. doi: 10.1007/s00248-017-1050-7.

**Для цитирования:** Бикташева Л.Р., Савельев А.А., Селивановская С.Ю., Галицкая П.Ю. Оценка влияния физико-химических свойств почвы на структуру бактериального сообщества // Учен. зап. Казан. ун-та. Сер. Естеств. науки. – 2018. – Т. 160, кн. 2. – С. 240–258.

**For citation:** Biktasheva L.R., Saveliev A.A., Selivanovskaya S.Y., Galitskaya P.Y. Assessment of the effect of soil physico-chemical properties on the bacterial community structure. *Uchenye Zapiski Kazanskogo Universiteta. Seriya Estestvennye Nauki*, 2018, vol. 160, no. 2, pp. 240–258. (In Russian)