

## Микробиом разновозрастных подзолов карьерно-отвальных комплексов Ленинградской области

*Абакумов Е., Першина Е., Иванова Е., Кимеклис А., Гладков Г., Зверев А., Андронов, Е., Поляков В., Кичко А.*

Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург; [e\\_abakumov@mail.ru](mailto:e_abakumov@mail.ru),  
[e.abakumov@spbu.ru](mailto:e.abakumov@spbu.ru)

Хроносерию почв используют для оценки скоростей линейной эволюции почв и почвенных процессов в различных субстратно-фитоценологических комбинациях на территориях карьерно-отвальных комплексов. Разновозрастные почвы на одном типе почвообразующей породы могут быть информативными и для микробиологических исследований. В связи с этим проведены лабораторные метагеномные исследования проб почв хроносерию разновозрастных подзолов формирующихся на отвалах карьеров по добыче песчано-гравийных отложений. При сравнительном анализе эмбриопodzола, а также предклимаксовой и климаксовой стадии почв было установлено постепенное увеличение численности бактерий, грибов (преимущественно в верхних частях профиля) и архей (в минеральных горизонтах) в ходе развития почвообразовательного процесса. Число ОТЕ (операционных таксономических единиц, альфа-разнообразие) достоверно снижалось на поздних стадиях сукцессии. При анализе бета-разнообразия была проиллюстрирована эволюция микробиома, сопряженная с дифференциацией генетических горизонтов и почвенных профилей: на начальной стадии сукцессии микробиомы «зарождающихся» почвенных горизонтов имели сходную структуру, по мере развития почвы наблюдалось все более явная дифференциация микробиомов, соответствующих определенным генетическим горизонтам. Сообщества ранних стадий сукцессии имели более богатый таксономический состав, по сравнению с сообществами. В их состав входили филы, состоящие в основном из слабоохарактеризованных и, по большей части, некультивируемых бактерий: *Patescibacteria*, *Nitrospira*, *Gemmatimonadetes*, *Latescibacteria*, *Entotheonellaeota*; также здесь отмечалось сравнительное увеличение обилия архей группы *Thaumarchaeota* (до 11%). Для сообществ поздних стадий сукцессии характерно увеличение доли типичных почвенных фил - *Verrucomicrobia*, *Firmicutes*, *Actinobacteria*. В ходе эволюции органогенного горизонта О отмечалась смена таксономического состава ацидобактерий, в эмбриональной почве доминировали в основном ацидобактерии из сем. *Bacteroidetes*, а также pp. *Subtercola* и *Arthrobacter*, в то время как в почвах более поздних стадий сукцессии бактерии pp. *Acidicapsa*, *Occaltibacter*, *Bryobacter* и *Candidatus Solibacter*, при этом в почвах климаксовой стадии разнообразие ацидобактерий увеличивалось на порядок. Происходила смена сообществ микроорганизмов-копиотрофов (*Pedobacter* (*Bacteroidetes*), *Candidatus Saccharibacteria* (*Patescibacteria*), *Comamonas*, *Variovorax* (*Proteobacteria*)) на сообщества микроорганизмов-олиготрофов (фил *Chloroflexi*, *Planctomycetes*, *Verrucomicrobia*, *Bacteroidetes* (сем. *Cytophagales*), *Proteobacteria* (сем. *Acetobacteraceae*, *Caulobacteraceae*, *Micropepsaceae*) и др.). Наряду с общим повышением уровня разнообразия увеличивалась доля почвенных бактерий, ассоциированных с корнями растений, а именно, бактерий из рода *Bradyrhizobium* и *Burkholderia*, а также сем. *Cytophagaceae*. Наиболее яркие изменения связаны с увеличением доли протеобактерий из группы WD260 в климаксовом сообществе. Эволюция подзолистого (Е) горизонта во многом напоминала эволюцию органогенного горизонта, главным отличием было увеличение обилия и разнообразия ацидобактерий. Было проведено выделение ДНК и РНК в образцах трех разных генетических горизонтов (О, Е и ВС) эмбриопodzола. Анализ альфа-разнообразия не выявил значимых различий между образцами ДНК и РНК, однако анализ бета-разнообразия выявил существенные качественные и количественные различия в таксономическом составе микробиомов сравниваемых образцов. Таксономический анализ

выявил присутствие суперфилы Patescibacteria и филы Thaumarchaeota только на уровне ДНК. Увеличение доли филы Proteobacteria во всех трех горизонтах происходит за счет увеличения разнообразия доминирующих групп бактерий – для горизонта О и Е это бактерии из группы RGPB (plant-growth promoting bacteria) – Bradyrhizobium и Comamonas, для горизонта ВС – бактерии из рода Stenotrophomonas. В горизонте ВС при анализе ДНК библиотек было обнаружено достаточно разнообразное микробное сообщество, состоящее из типичных почвенных бактерий – представителей фил Acidobacteria и Bacteroidetes, в то время как на уровне РНК эти данные не были подтверждены. Однако в данном горизонте выделялось два отчетливых пика численности цианобактерий Nostoc PCC-73102 и альфапротеобактерий р. Bradyrhizobium, присутствие которых может объясняться «заносом» этих групп микроорганизмов из вышележащих почвенных горизонтов.

Таким образом, модель экогенетической эволюции подзолов от нулевой стадии до стадии климаксного подзола охарактеризована с помощью методов почвенной метагеномики впервые, что позволило выявить основные микробиологические драйверы начального почвообразования. Полученные данные в будущем могут быть использованы для разработки природоподобных технологий рекультивации техногенно-нарушенных земель.

*Работа выполнена при поддержке РФФ, грант № 17-16-01030.*