Changes in the taxonomic structure of the microbiome of chernozem southern of the rhizosphere *Triticum aestivum* L. under the influence of associative bacteria strains

Melnichuk T.¹, Egovtseva A.¹, Abdurashitov S.¹, Andronov E.², Abdurashitova E.¹, Radchenko A.¹, Ganotskaya T.¹, Radchenko L.¹

¹FSBSI "Research Institute of Agriculture of Crimea", Simferopol; ²FSBIS "All-Russian Research Institute of Agricultural Microbiology", St. Petersburg, Russia
E-mail: melnichuk7@mail.ru

Key message. The influence of strains associated with *Triticum aestivum* L. has been established on the taxonomic structure of the rhizosphere of the southern chernozem of Crimean Steppe. Seventeen dominant families and 126 families with a minor share are defined in the prokaryotic biome.

Keywords: associative bacteria, *Triticum aestivum* L., rhizosphere, prokaryotic biome, families

The search for effective microsymbionts and the introduction of strains into the rhizosphere of plants are relevant and promising areas of research for solving the problem of biologization of agricultural technologies for growing wheat, which occupies a leading position in the southern regions. The aim is to study the taxonomic structure of the microbiome of the southern chernozem of rhizosphere *Triticum aestivum* L. under the influence of associative bacteria strains.

Bacterial strains associated with *Triticum aestivum* L. were isolated by a method based on obtaining roots isolated from the external environment in a Leonard vessel. The influence of five of them on the taxonomic structure of the rhizosphere of winter wheat of the Ermak variety was evaluated in the conditions of the Chernozem of the southern Steppe of Crimea. The taxonomic structure of the prokaryotic rhizosphere biome was studied using high-performance sequencing of 16S rRNA gene libraries.

The influence of strains on their representation is shown at the level of the dominant seventeen families. A decrease in the proportion of archaea of the *Nitrososphaeraceae* family, bacterial families *Bacillaceae* and *Beijerinckiaceae*, while an increase in the proportion of *Microscillaceae* and *Chitinophagaceae*, which is an indicator of increased nutrients in the soil, was observed in all variants, except for the L1 strain. An increase in the representation of the *Sphingomonadaceae* family that reacts to arable conditions by 1.1-1.3 times was found under the influence of all the studied strains.

126 families with a minor share not exceeding 1 %, the total amount of which was from 19.47 to 21.78% in the prokaryotic biome of the wheat rhizosphere. Inoculation with the P4 strain contributed to the appearance in the rhizosphere of representatives of the families *Methanomicrobiaceae* and *Phycisphaeraceae*, in their absence in the control, and, conversely, to a decrease in the proportion of *Deinococcaceae* and *Trueperaceae* to 0.0 %, while the L1 strain increased them by 1.4 and 4.0 times, respectively, in comparison with the control. Bacteria of the *Chthoniobacteraceae* family serve as an indicator of a rich environment and favorable soil conditions, the share of their representatives in the chernozem southern of rhizosphere of wheat tended to increase under the influence of P4 and M3 strains.

The work was carried out within the framework of the state task of fundamental research No. 0834-2019-0005 and with the support of the RFBR grant A18-016-00197.

Изменения в таксономической структуре микробиома чернозема южного ризосферы *Triticum aestivum* L. под влиянием ассоциативных штаммов бактерий

Мельничук Т.Н.¹, Еговцева А.Ю.¹, Абдурашитов С.Ф.¹, Андронов Е.Е.², Абдурашитова Э.Р.¹, Радченко А.Ф.¹, Ганоцкая Т.Л.¹, Радченко Л.А.¹

¹ФГБУН «Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Крыма», Симферополь; ²ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии», Санкт-Петербург, Россия

Аннотация. На черноземе южном Степи Крыма установлено влияние ассоциативных с *Triticum aestivum* L. штаммов на таксономическую структуру ризосферы. В прокариотном биоме определено семнадцать доминирующих семейств и 126 семейств с минорной долей.

Ключевые слова: ассоциативные бактерии, *Triticum aestivum* L., ризосфера, прокариотный биом, семейства

Поиск эффективных микросимбионтов и интродукция штаммов в ризосферу растений являются актуальными и перспективными направлениями исследований для решения проблемы биологизации агротехнологий выращивания пшеницы, занимающей лидирующие позиции в южных регионах. Цель – изучить таксономическую структуру микробиома чернозема южного ризосферы *Triticum aestivum* L. под влиянием ассоциативных штаммов бактерий.

Ассоциативные с *Triticum aestivum* L. штаммы бактерий выделяли, используя основанный на получении изолированных от внешней среды корней в сосуде Леонарда метод. Влияние пяти из них на таксономическую структуру ризосферы озимой пшеницы сорта Ермак оценивали в условиях чернозема южного Степи Крыма. Изучение таксономической структуры прокариотного биома ризосферы проводили с использованием высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S рРНК.

На уровне доминирующих семнадцати семейств показано влияние штаммов на их представительство. Во всех вариантах, кроме штамма L1, отмечено уменьшение доли архей семейства *Nitrososphaeraceae*, бактериальных семейств *Bacillaceae* и *Beijerinckiaceae*, при этом увеличение доли *Microscillaceae* и *Chitinophagaceae*, являющегося индикатором повышения питательных веществ в почве. Увеличение представительства семейства *Sphingomonadaceae*, реагирующего на пахотные условия, в 1,1-1,3 раза установлено под влиянием всех исследуемых штаммов.

В прокариотном биоме чернозема южного ризосферы пшеницы определено 126 семейств с минорной долей, не превышающей 1 %, общая сумма которых составила по вариантам от 19,47 до 21,78 %. Инокуляция штаммом P4 способствовала появлению в ризосфере представителей семейств *Methanomicrobiaceae* и *Phycisphaeraceae*, при их отсутствии в контроле и, наоборот, снижению доли среди *Deinococcaceae* и *Trueperaceae* до 0,0 %, тогда как штаммом L1 – их увеличению в 1,4 и 4,0 раза соответственно в сравнении с контролем. Показателем богатой среды и благоприятных почвенных условий служат бактерии семейства *Chthoniobacteraceae*, доля их представителей в черноземе южном ризосферы пшеницы имела тенденции к увеличению под влиянием штаммов P4 и M3.

Работа выполнена в рамках государственного задания фундаментальных исследований № 0834-2019-0005 и при поддержке гранта РФФИ A18-016-00197.