CZU: 631.46 **https://doi.org/10.59295/sum1(181)2025_12**

PROCARIOTELE EDAFICE – PARTE COMPONENTĂ IMPORTANTĂ A SOLULUI ȘI INDICE SENSIBIL DE SĂNĂTATE AL ACESTUIA

Nina FRUNZE,
Universitatea Tehnică a Moldovei

S-a stabilit că spectrul comunităților procariote ale cernoziomului studiat este format din 15 filumuri: *Pseudomonadota, Actinomycetota, Nitrosophaerota, Bacteroidota, Bacillota, Acidobacteriota, Verrucomicrobiota, Myxococcota, Cyanobacteria, Gemmatimonadota, Nitrospirota, Patescibacteria, Planctomycetota, Chloroflexota* și *Fibrobacterota*. Dintre aceștia, 14 sunt reprezentanți ai domeniului *Bacteria* (91,85-88,37%) și unul – *Nitrosophaerota* – este reprezentant al domeniului *Archaea* (8,15-11,63%). Reprezentanții puțin studiati, dar potențiali prezenți în sol de la începutul timpurilor, ai domeniului *Archaea* au fost identificați în toate variantele experimentale. Numai filumurile *Gemmatimonadota, Nitrospirota, Patescibacteria, Planctomycetota, Chloroflexota* și *Fibrobacterota* au avut o pondere <1% și au constituit procariotele rar întâlnite.

Procariotele edafice, având o pondere însemnată în structura substanței vii din soluri, la interacțiunea sa cu părțile nevii în concurența pentru substanțele nutritive, determină formarea de comunități microbiene diferențiate și reprezintă, astfel, nu numai o parte componentă importantă a solului și un factor principal de formare a lui, dar și un indice sensibil al stării de sănătate al acestuia.

Cuvinte-cheie*: procariote, arhei, bacterii, cernoziom tipic, asolamente furajere, sănătatea solului.*

SOIL PROKARYOTES – AN IMPORTANT COMPONENT OF SOIL AND A SENSITIVE INDEX OF ITS HEALTH

It was established that the spectrum of prokaryotic communities of the studied chernozem is formed by 15 phyla: *Pseudomonadota, Actinomycetota, Nitrosophaerota, Bacteroidota, Bacillota, Acidobacteriota, Verrucomicrobiota, Myxococcota and Cyanobacteria, Gemmatimonadota, Nitrospirota Patescibacteria, Planctomycetota, Chloroflexota* and *Fibrobacterota*, 14 of which are representatives of the *Bacteria* domain (91.85-88.37%) and one, *Nitrosophaerota* – representative of the *Archaea* domain (8.15-11.63%). Little-studied, but potentially present in soil since the beginning of time, representatives of the Archaea domain were identified in all experimental variants. Only the phyla *Gemmatimonadota, Nitrospirota, Patescibacteria, Planctomycetota, Chloroflexota* and *Fibrobacterota* had a share <1% and constituted the rarely encountered prokaryotes.

Edaphic prokaryotes, having a significant share in the structure of the living substance in soils, in its interaction with the non-living parts in the competition for nutrients, determine the formation of differentiated microbial communities and thus represent not only an important component of the soil and a main factor in its formation, but also a sensitive index of its health.

Keywords*: prokaryotes, archaea, bacteria, typical chernozem, forage rotations, soil health.*

Introducere

După descoperirea celui de al treilea domeniu al vieții – domeniul arheilor [1], procariotele au fost împărțite inițial în *Eubacteria* и *Archaebacteria.* În prezent, procariotele – „unitatea elementară și baza universală a vieții” [2] sunt constituite din două domenii: *Bacteria* (fostă *Eubacteria*) și *Archaea* (fostă *Archaebacteria*). Aproximativ 5% din numărul total de procariote de pe Pământ, estimat la 10^{28}–10^{30} de organisme, este concentrat în sol [3], caracterizând mediul solului drept cel mai mare rezervor de diversitate microbiană. Majoritatea aparțin bacteriilor, în timp ce arheile reprezintă de la 0,5 până la 3,8% din numărul total al tuturor procariotelor, care locuiesc în solurile aerobe din zona climatică temperată. În studii separate, arheile din sol au reprezentat 12-38% din grupul de gene 16S rARN. Cu toate acestea, nivelul ridicat de diversitate genetică a microcosmosului solului în totalitatea lor a rămas necunoscut timp de mulți ani [4-5]. Doar apariția unor noi metode de ecologie moleculară a microorganismelor a relevat faptul, că numai o parte nesemnificativă din diversitatea speciilor microbiotei solului a fost caracterizată prin izolarea cultu-

rilor de microorganisme, în timp ce majoritatea sunt necultivabile și rămân necunoscute [6]. Conform datelor recente, din cauza faptului că comunitățile microbiene naturale sunt compuse din 90-99% microorganisme, care nu sunt detectate prin metodele tradiționale de cultivare pe medii nutritive, doar aproximativ 0,1% din diversitatea microbiană totală a biosferei este cultivată în prezent [7]. Adică, cunoștințele obținute cu ajutorul metodelor tradiționale despre biodiversitatea microbiană din sol sunt incomplete și/sau nu corespund realității.

Diversitatea microorganismelor din sol determină amploarea funcțiilor ecologice ale solurilor studiate, în care are loc interacțiunea dintre părțile vii și nevii ale solului, determinând astfel formarea de comunități microbiene diferențiate [8]. Deaceea, studierea diversității taxonomice a microbiomului din sol este de mare importanță teoretică pentru înțelegerea structurii comunității microbiene și a participării microorganismelor la procesele de formare a solului [9-11]. Odată cu introducerea metodelor de ecologie moleculară a microorganismelor, știința a obținut acces la analiza comunităților microbiene în întregime, or analizând ADN-ul total izolat dintr-o probă de sol, se poate judeca despre adevărata compoziție și structură a comunităților microbiene, diversitatea biologică a solului studiat etc [12-13]. Numai odată cu apariția secvențierii cu randament ridicat, a devenit posibilă dezvoltarea metagenomicii și descrierea comunităților microbiene în cel mai complet mod, luând în considerare nu numai formele de microorganisme cultivabile, ci și cele necultivabile [14-15].

În nicio altă țară din lume, cernoziomul – regele solurilor, nu predomină în compoziția solurilor ca în Moldova [16]. Marea majoritate a lor (circa 86%) au destinație agricolă [17]. Cu toate acestea, din punct de vedere al studierii structurii taxonomice a comunităților procariote prin metode biologice moleculare, cernoziomurile Moldovei rămân a fi totalmente nestudiate.

Scopul acestui studiu a fost determinarea structurii taxonomice a procariotelor din variante contraste de utilizare agricolă a cernoziomului tipic, folosind reacția în lanț a polimerazei (RLP).

Obiectul și metodele de studiu

Obiectul cercetării l-au constituit comunitățile microbiene ale cernoziomului tipic slab humifer din zona pedo climatică Centrală a Moldovei.

Studiile s-au efectuat pe două sisteme de utilizare a terenului: în centura forestieră și pe terenul arat al Staționarului de lungă durată „Biotron”, Chișinău. Parcelele arate, selectate pentru studiu au fost ocupate de plantele a două asolamente de culturi furajere: asolamentul cu lucernă (porumb) și asolamentul fără participarea lucernei (triticale) în trei variante: 1 – fond nefertilizat (martor); 2 – fond mineral (îngrășăminte minerale); 3 – fond organic (gunoi de grajd: bălegar de bovine). Asolamentul cu participarea lucernei era la a cincea rotație cu următoarea alternanță a culturilor: lucernă anul 1 (1995, 2002, 2009, 2016), lucernă anul 2 (1996, 2003, 2010, 2017), lucernă anul 3 (1997, 2004, 2011, 2018), grâu de toamnă (1998, 2005, 2012, 2019), porumb pentru grăunțe (1999, 2006, 2013, 2020), soie sau mazăre/grăunțe (2000, 2007, 2014, 2021), grâu de toamnă (2001, 2008, 2015, 2022). Asolamentul fără participarea lucernei, la fel, era la a cincea rotație cu următoarea alternanță a culturilor: sfeclă furajeră (1995, 2003, 2016, 2023), soie sau mazăre/grăunțe (1996, 2003, 2010, 2017), porumb pentru silos (1997, 2004, 2011, 2018), grâu de toamnă (1998, 2005, 2012, 2019), triticale pentru grăunțe (1999, 2006, 2013, 2020), soie sau mazăre/grăunțe (2000, 2007, 2014, 2021), grâu de toamnă (2001, 2008, 2015, 2022).

Suprafața parcelelor experimentale era de circa 260 m^2. Îngrășămintele au fost aplicate în funcție de cultură, în așa fel, încât să compenseze conținutul cantitativ de NPK utilizat – conform înstrăinării lor, de aceea opțiunile se considerau echivalente. Astfel, fondul mineral al ambelor asolamente includea $N_{45-90}P_{30-60}K_{60-90}$ și dozele de îngrășăminte sunt indicate nu fixe, ci plutitoare. Fondul organic al asolamentului cu participarea lucernei: 10-12 t/ha gunoi de grajd/bălegar de bovine/o dată/rotație, fondul organic al asolamentului fără participarea lucernei: de două ori pe rotație câte 20-24 t/ha gunoi de grajd de bovine.Calculele pentru gunoiul de grajd aplicat au fost efectuate având în vedere conținutul în 100 tone gunoi de grajd, kg: a $N_{450}P_{109}K_{470}$. Etalon în evaluarea comparativă a stării microbiologice a variantelor experimentale a servit solul biocenozei naturale din centura forestieră, amplasată alături.

Solul parcelelor experimentale a fost cernoziomul tipic, lutos, slab humifer. Conținutul humusului în stratul 0-60 cm se cuprindea între 2,2 și 3,4%. Conținutul mediu inițial de P_2O_5, K_2O și NO_3–N în stratul de 0-20 cm a fost de 3,70; 19,10 mg/100 g și, respectiv, 1,43 mg/kg. Suma bazelor absorbite în stratul de 0-50

cm a fost de 28-30 mg-eqv/100 g sol, reacția mediului din sol a fost slab alcalină (pH=7,8), greutatea specifică a solului a fost de 2,6 g/cm^3, porozitatea – cca 50-60 %, densitatea în vrac – 1,06-1,30 g/cm^3. Probele de sol din stratul de 0-20 cm au fost prelevate în primăvara anului 2020, conform cerințelor microbiologice. Anul a fost caracterizat de precipitații insuficiente. Seceta de primăvară a durat tot anul. Umiditatea solului în stratul arabil nu a depășit 8-10%.

Analiza metagenomică a microbiomilor din sol a fost efectuată utilizând tehnologia de secvențiere cu randament ridicat. Compoziția taxonomică a comunității bacteriene a fost determinată pe baza analizei bibliotecilor de ampliconi ale fragmentelor de operoni ribozomali, cu primeri universali F515/R806 pentru regiunea variabilă a genei 16S rRNA-V4 (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA/GGACTACVSGGGTATCTAAT), specifică pentru o gamă largă de microorganisme, inclusiv bacterii și arhei [18]. Bibliotecile au fost secvențiate conform instrucțiunilor producătorului la dispozitivul Illumina Mi Seq (Illumina, SUA) utilizând un MiSeq® ReagentKit v3 (ciclu 600) cu citire pe două fețe (2*300 n). Datele obținute din secvențierea probelor au fost procesate folosind pachetele software Trimmomatic și QIIME [19-20]. În analiza comunităților bacteriene a fost utilizată culegerea de novo a UTO (în studiile metagenomice, secvențe de nucleotide similare ale genei 16S ARNr, obținute ca rezultat al secvențierii sunt combinate în UTO – unități taxonomice operaționale, care pot fi apoi atribuite taxonomiei filogenetice de diferite niveluri. În acest caz, termenul „filotip" are un înțeles similar cu „UTO"). Identificarea taxonomică a UTO a fost efectuată utilizând baza de date RDP (SILVA).

Lucrarea a fost realizată cu echipamentele Centrului de Utilizare Colectivă „Tehnologii Genomice, Proteomică și Biologie Celulară" al Instituției Științifice Bugetare de Stat Federale VNIISHM, Sankt Petersburg, Rusia.

Rezultate și discuții

Pirosecvențierea cu randament înalt a ADN-ului amplificat (secvențierea regiunii variabile V4 a genei 16S) a relevat, că cernoziomul tipic din ambele asolamente furajere de scurtă rotație se caracterizează printr-o diversitate genetică, spectrul cărora este alcătuit din 15 filumuri (tabel): *Pseudomonadota, Actinomycetota, Bacteroidota, Bacillota, Acidobacteriota; Verrucomicrobiota, Planctomycetota, Myxococcota, Nitrospirota, Gemmatimonadota, Cyanobacteria, Patescibacteria, Chloroflexota, Fibrobacterota* și *Nitrososphaerota*. Primele 14 aparțineau domeniului *Bacteria,* iar ultimul – domeniului *Archaea.* După cum rezidă din tabel, majoritatea dintre ele în fond sunt omniprezente în sol și apă, formează legături simbiotice cu rădăcinile plantelor, sunt fixatoare de azot și/sau participă la descompunerea substanțelor organice moarte, sunt parte a microbiomului intestinal uman și animal, au capacitatea de a fixa azotul atmosferic în sol, contribuie la sănătatea solului prin efectuarea ciclului de nutrienți și descompunerea deșeurilor. Concomitent includ și mulți agenți patogeni pentru plante animale și om, sunt remarcabile și ca surse de antibiotice și alte substanțe biologic active etc.

Tabel. Filumurile procariote, înregistrate în cernoziomul tipic al RM și funcția lor ecologică

Filumul	**Sinonime**	**Funcția ecologică în sol a procariotelor, sursa bibliografică**
Pseudomonadota, Garrity et al. 2021 [21]	Proteobacteria, Stackebrandt et al. 1988	Formează relații simbiotice cu rădăcinile plantelor, participă la fixarea dioxidului de carbon, descompunerea compușilor de azot și fixarea lui. Pot fi găsite în medii cu disponibilitate ridicată de nutrienți. Contribuie la sănătatea solului prin efectuarea ciclului de nutrienți și descompunerea deșeurilor, includ mulți agenți patogeni [21].
Actinomycetota, Goodfellow 2021 [21]	Actinobacteraeota Oren et al. 2015 Actinobacteria, Goodfellow, 2012	Omniprezente în sol și apă. Trăiesc simbiotic cu plantele, fixând azot. Participă la descompunerea materiei organice moarte. Includ agenți patogeni importanți, însă sunt remarcabile și ca surse de antibiotice [21].

Nitrososphaerota, Brochier-Armanet et al. 2021 [21]	Thaumarchaeota, Brochier-Armanet et al. 2008	Arhei cu strămoși termofili, pot fi și marini, oxidanți de amoniac chemolitoautotrofi și pot juca roluri importante în ciclurile azotului și carbonului [21].
Bacteroidota, Krieg et al. 2021 [21]	Bacteroidaeota, Oren et al. 2015	Specii simbiotice foarte adaptate la tractul gastrointestinal. Sunt, de asemenea, abundente în rizosferă [21].
Bacillota, Gibbons and Murray 2021 [21]	Firmicutes, corrig. Gibbons and Murray 1978 (Approved Lists 1980)	Reprezintă ~ 30% din microbiomul intestinal al șoarecelui și uman, multe produc endospori, care sunt rezistenți la uscare și pot supraviețui în condiții extreme. Se găsesc în diverse medii, includ și agenți patogeni [22].
Acidobacteriota, Thrash and Coates, 2021 [21]	Acidobacteria, Thrash and Coates, 2010	Abundenți și omniprezenti pe sol. Participă la ciclul carbonului și al azotului [23, 24].
Verrucomicrobiota Hedlund 2021 [21]	Verrucomicrobaeota, Oren et al. 2015	Abundentă în mediu, deși relativ inactivă. Consumă metil, pentoze sulfatate în timpul înfloririi diatomeelor din apă [21].
Planctomycetota, Garrity and Holt 2021 [21]	Planctomycetaeota, Oren et al. 2015	Distribuite în habitatele acvatice și în cele terestre. Joacă un rol considerabil în ciclurile globale ale carbonului și azotului, multe specii oxidează anaerob amoniul, numite și anammox [21].
Myxococcota Waite et al. 2021 [21]	Myxococcia, Cavalier-Smith 2020	Se dezvoltă în sol bogat în materie organică, lemn putrezit, bălegar de animale și mediu marin [21].
Nitrospirota, Garrity & Holt 2021 [21]	Nitrospiraeota, Oren et al. 2015	Nitrospirota conține taxoni nitrificanți, care oxidează nitriții în nitrat (bacteriile de oxidare a nitriților), [21].
Gemmatimonadota Zhang et al. 2021 [25]	Gemmatimonadaeota, Oren et al. 2015	Alcătuiesc aproximativ 2% din comunitățile bacteriene din sol. Un număr mai mic a fost găsit și în diverse medii acvatice [21, 25].
Cyanobacteria, Stanier, 1973 Cavalier-Smith, 2002 [26]	Cyanophyta Cyanobacteriota	Produc oxigen, pot fi utile în agricultură, deoarece au capacitatea de a fixa azotul atmosferic în sol [26].
Patescibacteria, Parks et al. 2018 [27]		Trăiesc la suprafața altor bacterii și pe seama lor. Sunt responsabile pentru îndepărtarea nutrienților și recuperarea resurselor în stațiile de tratare a apelor uzate [27].
Chloroflexota, Garrity and Holt 2021 [21]	Chloroflexi, Garrity and Holt 2001	Fototrofe, dar nu produc oxigen ca cianobacteriile. Folosesc compuși cu sulf redus, ca tiosulfatul sau sulful elementar [21].
Fibrobacterota, Garrity & Holt 2021 [21]	Fibrobacteraeota, Oren et al. 2015	Degradează celuloza, includ multe dintre bacteriile majore din rumen [21].

Filumurile aveau o prestanță diferită în comunitatea procariotelor. Astfel, în solul rotației de de culturi furajere fără participarea lucernei, dintre bacterii cea mai mare abundență (fig.1) a înregistrat filumul *Pseudomonado*ta (33,01%), atingând cele mai mari valori în solul fondului mineral, cele mai mici identificându-se în solul fondului nefertilizat (31,27%). Acesta a fost urmat de filumul *Actinomycetota* cu cea mai mare abundență, de asemenea, în solul fondului mineral (27,99%) și cea mai mică – în solul fondului nefertilizat (25,24%). Reprezentanții filumului arhean *Nitrososphaerota* (8,15-9,75%), *Bacteroidota* (12,50-14,63%) și *Acidobacteriota* (5,00-5,56%) invers, atingeau cele mai înalte valori în solul nefertilizat și pe cele mai

mici – în solul fondurilor fertilizate. O prestație similară au manifestat și bacteriile *Bacteroidota*, preferând condițiile solului nefertilizat (14,63%), pe când cele ale solului cu adaus de substanțe organice erau mai puțin agreate (12,5%). Filumul *Bacillota,* care, după cum se știe, cuprinde bacterii, capabile să descompună substanțe organice complexe sau greu accesibile, înregistra abundența sa maximă în solul fondului mineral și organic (7,24%) și cea minimă – în solul fondului nefertilizat (7,02%), variind neînsemnat pe variante. Pentru microorganismele, care aparțineau filelor *Verrucomicrobiota, Myxococcota și Cyanobacteria* mai acceptate erau condițiile fondului organic (2,48; 1,91 și 2,03%, respectiv), în comparație cu cele ale fondului mineral (2,00; 1,85 și 1,04%, corespunzător). Bacteriile *Gemmatimonadota* și *Nitrospirota* au înregistrat cele mai înalte valori, de asemenea, în solul fondului organic (0,88 și 0,46%), corespunzător, semnificativ, nedeosebindu-se pe variante, pe când cele de *Patescibacteria* – în solul fondului nefertilizat (0,19%). Reprezentanții filumurilor *Planctomycetota, Chloroflexota* și *Fibrobacterota* au fost identificați în toate variantele doar în mărime de cca 0,01%.

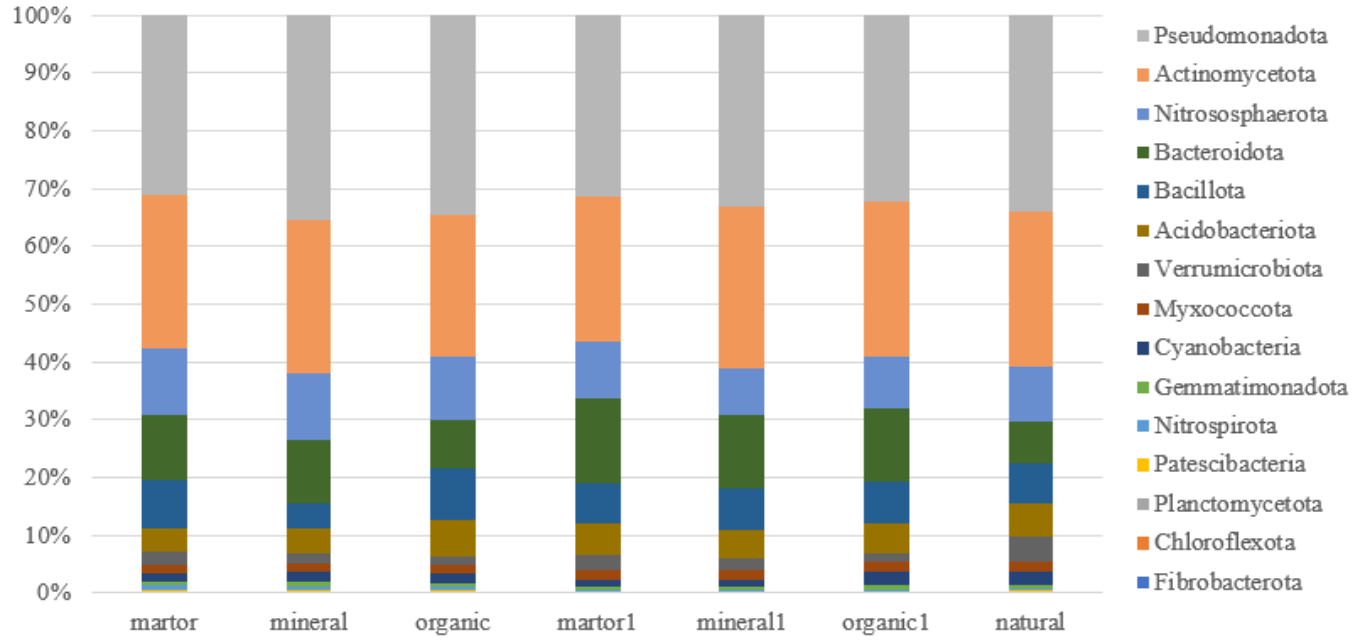


Figura 1. Spectrul filelor de procariote ale cernoziomului tipic și abundența lor în fondurile experimentale: martor, mineral, organic – asolamentul cu lucernă și martor1, mineral1, organic1 – asolamentul fără participarea lucernei, natural – fâșie forestieră, %

În solul asolamentului cu lucernă, prezența procariotelor a fost șimilară, deși se deosebea numeric: filumurile *Pseudomonadot*a și *Actinomycetota* au atins cele mai înalte valori, de asemenea, în solul fondului mineral (35,46 și 26,47%), respectiv și cele mai mici – în solul fondului nefertilizat și organic *Pseudomonadot*a (31,12%) și respectiv *Actinomycetota* (24,44%). Arheile *Nitrososphaerota*, spre deosebire de cele din solul asolamentului fără lucernă aveau valori mai mari de abundență și s-au plasat pe locul 3 după valorile acestui indicator (11,2-11,63%), întrecând bacteriile *Bacteroidota* (8,23-11,20%). Arheile *Nitrososphaerota* preferau mai mult condițiile fondului nefertilizat și mineral (11,63%) și mai puțin pe cele din fondul organic (11,20%), pe când *Bacteroidota*, invers, se dezvoltau masi bine în condițiile fondului nefertilizat (11,20%), cele ale fondului organic fiind mai puțin acceptate (8,23%), cedând după valorile sale celor din asolamentul fără participarea lucernei. Filumul *Bacillota* înregistra abundența sa maximă în solul fondului organic (9,05%) și cea minimă – în solul fondului mineral (4,20%). Iar reprezentanții filumului *Acidobacteriota* atingeau cele mai înalte valori în solul fondului organic (6,13%) și pe cele mai mici – în cel ale fondului nefertilizat (4,12%). Pentru microorganismele, care aparțineau filelor *Verrucomicrobiota și Myxococcota* mai acceptat era mediul fondului nefertilizat (2,21 și 1,57%), respectiv, în comparație cu cel al fondului mineral și organic (1,79 și 1,46% și 1,57 și 1,38%), corespunzător. Bacteriile *Cyanobacteria* înregistrau o abundență mai înaltă în solul fondului organic și mineral (1,79% și corespunzător 1,57%) și o

abundență mai joasă – în solul fondului nefertilizat (1,28%). *Gemmatimonadota* a înregistrat cele mai înalte valori în solul fondului mineral și nefertilizat (0,86 și 0,84%), corespunzător, și cele mai mici – în solul fondului organic (0,65%), semnificativ, nedeosebindu-se pe variante. Reprezentanții de *Nitrospirota* preferau mai mult solul fondului nefertilizat (0,72%), apoi condițiile celui mineral (0,59%) și organic (0,43%), pe când cele de *Patescibacteria* – au avut o prestație iniformă pe variante (0,58-0,59%). Reprezentanții filumurilor *Planctomycetota, Chloroflexot*a și *Fibrobacterota* au avut o pondere similară cu cei din asolamentul fără participarea lucernei.

În solul fondului natural al fâșiei forestiere au fost înregistrate, în majoritatea cazurilor, valori medii de abundență, cu cele mai înalte valori evidențiindu-se *Verrucomicrobiota* (4,36%) și *Cyanobacteria* (2,15%), iar cele mai mici – pentru *Bacteroidota* (7,38), *Nitrospirota* (0,43%) și *Patescibacteria* (0,52%), neavând nici un filum cu abundența ≥5%. Astfel, constatăm că, comunitatea microbiană este ca o „oglindă”, care reflectă caracteristicile habitatului, iar diversitatea acestuia reprezintă posibilitățile ascunse ale microcosmosului solului [28-29]. În legătură cu aceasta, caracterizarea metagenomică a solurilor este solicitată pentru evaluarea stabilității ecosistemelor solului sub influența factorilor naturali și antropici. De aici rezidă, că procariotele ar trebui să fie clasate în Registre de evidență și ocrotite de stat de rând cu alți reprezentanți ai lumii vii. Nemaivorbind despre faptul, că multe procariote sunt cunoscute ca microorganisme-indicatoare. Deci, peste ani la identificarea lor se poate stabili: aceste microorganisme persistă, au dispărut, le-a crescut numărul sau a scăzut, au apărut forme noi etc

În fig. 2 e prezentată forma curbelor de dominanță procariotă, demonstrând că variantele studiate se disting după abundență prin individualitatea sa. Conform principiilor ecologice, cu cât curba este mai mare și mai netedă, cu atât este mai mare diversitatea lor pentru un anumit număr de taxoni. Din figură se poate observa, că cea mai înaltă și cea mai uniformă curbă aparține fondului natural. În mod similar, se formează curba fondului mineral, organic și nefertilizat, ce conturează o distanță strictă între ele. Astfel, distanța dintre curbele fondului natural, organic, mineral și nefertilizat se distinge bine la nivelul filelor cu abundența ≥5%, apoi scade, apărând fie deasupra, fie sub conturul limitei (planului) la nivelul celor cu abundența 1-5% și dispare complet în gama celor ce au avut o pondere <1%. O astfel de analiză nu numai că a confirmat regularitățile stabilite anterior, dar a relevat și faptul că filumurile indiferent de abundența sa se manifestă ca active, fie privându-se, fie dobândind un nou statut în comunitate. Cel mai mult, ele s-au manifestat în solul fondului mineral, apoi nefertilizat, natural și organic, în comparație cu analiza anterioară. Aceasta este o dovadă suplimentară că, indiferent de statutul ierarhic al microorganismului, ele sunt în interacțiune constantă și sunt foarte importante pentru funcționarea echilibrată a comunității microbiene. Deci, diversitatea microorganismelor din sol determină amploarea funcțiilor ecologice ale solurilor studiate, în care are loc interacțiunea dintre părțile vii și nevii ale solului în concurența sa pentru sursele de nutriție, determinând astfel formarea de comunități microbiene diferențiate [8].

Prin urmare, analiza metagenomică a cernoziomului tipic al Moldovei, reflectând diversitatea reală a comunităților procariote din sol, indică o modificare a abundenței procariotelor sub influența generală pe termen lung a factorilor de mediu și antropici. Individualitatea dezvăluită a microbiomilor și diferențele stabilite în compoziția taxonomică a procariotelor, de-facto, se prezintă sub mai multe aspecte. În primul rând, prezența unui număr egal de filumuri atât numeric cât și calitativ relevă faptul, că variantele cernoziomului tipic studiat sunt înrudite. În al doilea rând, abundența diferențiată a lor mărturisește că ele sunt active, interacționea între ele unele devenind dominante, altele – obișnuit sau rar întâlnite. În al treilea rând, procariotele având o pondere însemnată în structura substanței vii pot ascunde urme ale unor procese evolutive foarte vechi, care „la suprafaţă” scot la iveală întrebări legate de influenţa factorilor de mediu asupra structurii comunităţilor microbiene din sol, o serie de probleme, asociate cu fertilitatea solului şi folosirea terenurilor agricole, în timp ce „în profunzime” există probleme asociate nu numai cu evoluția biosferei, ci și cu originea vieții pe Pământ [4, 30-33]. Tot odată, în competiția lor pentru substratul nutritiv sărac al solurilor antropice și în manifestarea potențialului ridicat de adaptare la condițiile mereu schimbătoare de mediu, determină amploarea funcțiilor ecologice ale cernoziomului cu conținut de humus scăzut, în care se produce interacțiunea între părţile vii şi cele nevii ale solului [34].

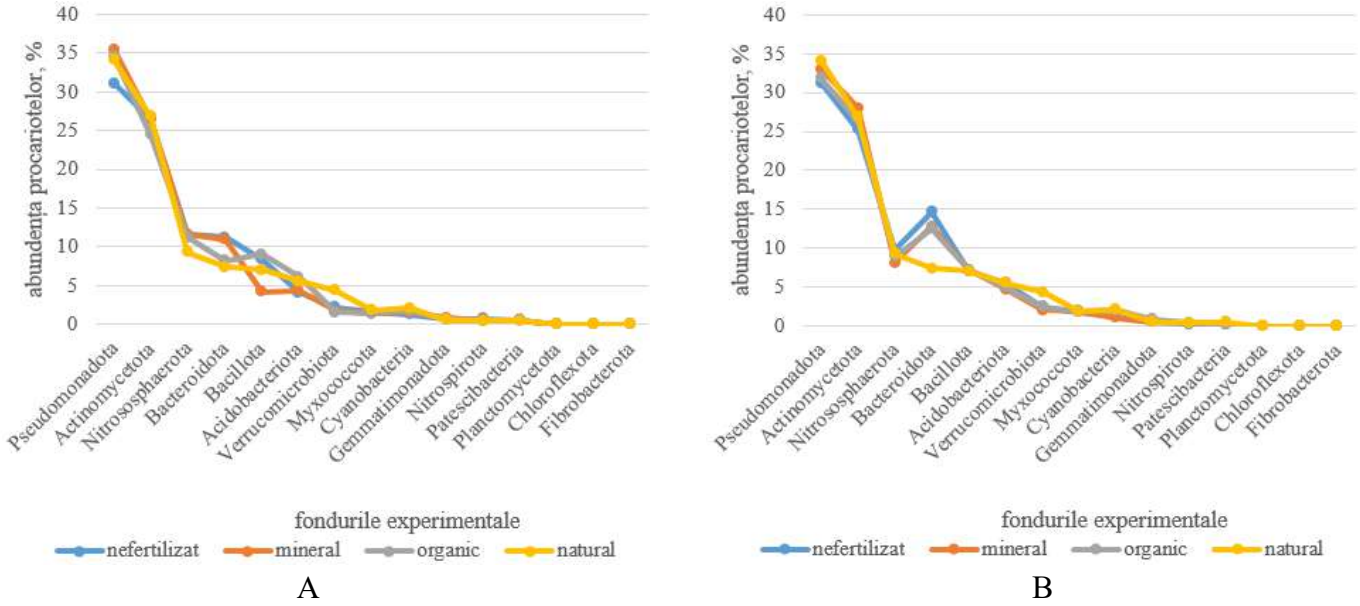


Figura 2. Forma curbelor de dominanță-diversitate a filumelor procariote din cernoziomul tipic al Staționarului de Câmp al Academiei de Științe „Biotron”, aranjate în funcție de „semnificația lor”, %: A – asolamentul cu participarea lucernei, B – asolamentul fără participarea lucernei

Acest lucru ne permite să percepem comunitățile microbiene ca o unitate funcțională, care, pe de o parte, depinde complet de condițiile habitatului și, pe de altă parte, să conștientizăm, că ele reprezintă unul din principalii factori în formarea acestuia [28]. Totodată, este evident, că diversitatea lor reflectă însușirile habitatului, care la rândul său sunt strâns legate de multifuncționalitatea și caracteristicile specifice ale microorganismelor și că însușirile microbiomului solului, la rândul său, pot servi ca un indicator universal și foarte sensibil al stării de sănătate a solului, inclusiv la optimizarea și biologizarea sistemelor agricole.

Datorita acestui fapt, procariotele joacă un rol excepțional în determinarea specificității comportamentului lor în mediul biologic studiat, precum și în rolul pe care îl joacă ca elemente de construcție a substanței organice din sol. Aceste proprietăți sunt cele care caracterizează procariotele ca elemente structurale ale substasnței vii din sol, care alcătuiesc motoarele moleculare ce produc funcții esențiale în sistemele vii.

Concluzii

1. Conform datelor metagenomice s-a stabilit că, spectrul comunităților procariote ale cernoziomului studiat este format din 15 filumuri: *Pseudomonadota, Actinomycetota, Nitrosophaerota, Bacteroidota, Bacillota, Acidobacteriota, Verrucomicrobiota, Myxococcota* și *Cyanobacteria, Gemmatimonadota, Nitrospirota Patescibacteria, Planctomycetota, Chloroflexota și Fibrobacterota,* 14 dintre care fiind reprezentanți ai domeniului *Bacteria* (91,85-88,37%) și unul, *Nitrosophaerota* – reprezentant al domeniului *Archaea* (8,15-11,63%). Primele nouă dintre ele au înregistrat o abundență ≥1%, iar filele *Pseudomonadota* (31,12-35,46%) și *Actinomycetota* (31,12-35,46%) au avut cea mai mare proporție în microbiomii solului.

2. În toate variantele experimentale au fost identificați reprezentanții puțin studiati, dar potențial prezenți în sol de la începutul timpurilor, ai domeniului *Archaea.* Cea mai mare pondere a lor a fost identificată în microbiomii cernoziomului antropic, aparținând grupului filogenetic *Nitrososphaerota* (8,15-11,63%). Filumurile *Gemmatimonadota, Nitrospirota, Patescibacteria, Planctomycetota, Chloroflexot*a și *Fibrobacterota* au avut o pondere <1% și au constituit procariotele rar întâlnite.

3. Procariotele edafice, având o pondere însemnată în structura substanței vii din soluri, la interacțiunea sa cu părțile nevii în concurența pentru substanțele nutritive, determină formarea de comunități microbiene diferențiate și reprezintă, astfel, nu numai o parte componentă importantă a solului și un factor principal de formare a lui, dar și un indice sensibil al stării de sănătate al acestuia.

Bibliografie:

1. WOESE, C. R. *Bacterial Evolution*. În: *Microbiological Review NCBI*. 1987.51 no. 2: 221 271. ISSN 0146-0749.
2. DANIEL, R. *The metagenomics of soil*. In: *Nature Reviews Microbiology*. 2005. v. 3, p. 470-478. ISSN 1740-1534.
3. CAPORASO, J. G. *Ultra-high-throughput microbial community analysis on the Illumina HiSeq and MiSeq platforms* / J. G. Caporaso, C. L. Lauber, W. A. 100 Walters, D. Berg-Lyons, J. Huntley, N. Fierer, S. M. Owens, J. Betley, L. Fraser, M. Bauer, N. Gormley, J. A. Gilbert, G. Smith, R. Knight. În: *The ISME Journal*. 2012. v. 6, p. 1621-1624. ISSN 1751-7370.
4. ANDRONOV, E. E., PETROVA, S. N., PINAEV, A. G., PERSHINA, E. V., AKHMEDENOV, K. M., GOROBETS, A. V. and SERGALIEV, N. K. A*nalysis of the Structure of Microbial Community in Soils with Different degrees of Salinization Using T_RFLP and Real Time PCR Techniques.* În: *Eurasian Soil Science*. 2012. vol. 45, No. 2, pp. 147–156. ISSN 1064-2293.
5. PERSHINA, E. V., IVANOVA, E. A., KOVRIGO, I. O., CHIRAKA, E. L., SERGALIEV, H., ABAKOMOV, E. V., PROVOROV, N. A., ANDRONOV, E. E. *Investigation of the core microbiome in main soil types from the East European plain.* In: *Science of the Total Environment*. 2018. v. 631–632 :1421–1430. ISSN 0048-9697.
6. SEMENOV, M. V., CHERNOV, T. I., TKHAKAKHOVA, A. K. et al. *Distribution of prokaryotic communities throughout the Chernozem profiles under different land uses for over a century*. In: *Appl Soil Ecol*. 2018. 127:8-18. ISSN: 0929-1393.
7. ASLAM, Z. *Too much bacteria still unculturable* / Z. Aslam, M. Yasir, A. Khaliq, K. Matsui, R. Chung. In: *Crop & Environment*. 2010. v. 1, p. 59–60. ISSN 1435-0645
8. IVANOVA, E. A., KUTOVAYA, O. V., TKHAKAKHOVA, A. K., CHERNOV, T. I., PERSHINA, E. V., MARKINA, L. G., ANDRONOV, E. E., KOGUT, B. M. *The structure of microbial community in aggregates of a typical chernozem aggregates under contrasting variants of its agricultural use*. In: *Eurasian Soil Sci.* 2015. 48:1242–1256. ISSN 1064- 2293.
9. DORAN, J. W., SARRANTONIO, M., LIEBIG, M. A. *Soil Health and Sustainability.* In: *Advances in Agronomy.* San Diego: Academic Press. 1996. v. 56, p. 1-54. ISSN 0065-2113.
10. DORAN, J. W., ZEISS, M. R. *Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality.* In: *Appl. Soil Ecol.* 2000. v. 15, p. 3–11. ISSN: 0929-1393.
11. CHOUDHARY, M., SHARMA, P.C., JAT, H.S. *et al. Soil bacterial diversity under conservation agriculture-based cereal systems in Indo-Gangetic Plains.* In: *Biotech.* 2018. 8, 304. ISSN 2673-6284.
12. CHIRAK, E. L., PERSHINA, E. V., KUTOVAYA, O. V., VASILENKO, E. S., KOGUT. B. M., ANDRONOV, E. E., T*axonomic structure of microbial Association in different soilsinvestigated by high-throughput*. In: *Sel'skokhozyaistvennaya Biol. Agric. Biol.* 2013: 100–109. ISSN 0131-6397.
13. CHIRAK, E. R., KIMEKLIS, A. K., KSARASEV, E. S., KOPAT, V. V., SAFRONOVA, V. I., BELIMOV, A. A., AKSENOVA, T. S., KABILOV, M. R., PROVOROV, N. A., ANDRONOV, E. E. *Search for ancestral features in genomes of Rhizobium leguminosarum bv. Viciae strains isolated from the relict legume Vavilovia formosa*. In: *Genes*, 2019. 10 (12): 990. ISSN 2073-4425.
14. KIMEKLIS, A. K., DMITRAKOVA, Y. A., PERSHINA, E. V., IVANOVA E. A., ZVEREV, A. O., GLADKOV, G. V., KICHKO, A., ANDRONOV, E. E., ABAKUMOV, E. V. *Analysis of microbiome of recultivated soils of the kingisepp area of F. phosphorite Mining.* In: *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya. Agricultural Biology*. 2020. 55: 137-152. ISSN 0131-6397.
15. CHERNOV, T. I., LEBEDEVA, M. P., TKHAKAKHOVA, A. K., KUTOVAYA, O. V. *Profile analysis of microbiomes in soils of solonetz complex in the Caspian Lowland.* In: *Eurasian Soil Sci.* 2017. 50:64–69. ISSN 1064-2293.
16. URSU, ANDREI, CURCUBĂT, STELA. *Istoria cernoziomului moldovenesc*. In: *Buletinul AŞM, Ştiinţele vieţii.* 2018. Nr. 1 (334) 2018, p.156-163. ISSN 1857-064X.
17. CERBARI, V. *Monitoringul calităţii solurilor Repudlicii Moldova.* Chişinău: Pontos, 2010. 475 p. ISBN 978-9975-51-138-4
18. BATES, S.T., BERG-LYONS, D., CAPARASO, J.G., WALTERS, W.A., KNIGHT, R. FIERRER, N. *Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil.* In: *The ISME Journal*. 2011. 5: 908–917. ISSN 1751-7370.

19. BOLGER, A. M., LOHSE, M., USADEL, B. *Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data.* In: *Bioinformatics.* 2014. 1:30 (15): 2114-20. ISSN 1367-4811.
20. CAPAROSO, J. G., KUCZYNSKI, J., STOMBAUGH, J. et al. *Correspondence QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data Intensity normalization improves color calling in SOLiD sequencing*. In: *Nature Publishing Group.* 2010. 7 (5): 335-336. ISSN 1476-4687.
21. OREN, A., GARRITY, GM. *Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes*. În: *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2021. 71 (10): 5056. ISSN 1466-5026
22. WOLF, M., MULLER, T., DANDEKAR, T., POLLACK, JD. *Phylogeny of Firmicutes with special reference to Mycoplasma (Mollicutes) as inferred from phosphoglycerate kinase amino acid sequence data*. În: *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* (Comparative Study). 2004. 54 (Pt 3): 871–5. ISSN 1466-5026.
23. BARNS, SM, CAIN, EC, SOMMERVILLE, L., KUSKE, CR. *Acidobacteria phylum sequences in uranium-contaminated subsurface sediments greatly expand the known diversity within the phylum*. În: *Appl. Environ. Microbiol.* 2007.73 (9): 3113–6. ISSN 0099-2240, 1098-5336
24. QUAISER, A., OCHSENREITER, T., LANZ, C. et al. *Acidobacteria form a coherent but highly diverse group within the bacterial domain: evidence from environmental genomics.* În: *Mol. Microbiol.* 2003. 50 (2):563–75. Online ISSN:1365-2958, Print ISSN:0950-382X.
25. ZHANG, H., SEKIGUCHI, Y., HANADA, S., HUGENHOLTZ, P., KIM H., KAMAGATA, Y., NAKAMURA, K. *Gemmatimonas aurantiaca gen. nov., sp. nov., a gram-negative, aerobic, polyphosphate-accumulating micro-organism, the first cultured representative of the new bacterial phylum Gemmatimonadetes phyl. nov.* În: *Int J Syst Evol Microbiol*. 2003. 53 (Pt 4): 1155–63. ISSN: 1466-5026.
26. KOMAREK, J., KASTOVSKY, J., MARES, J., JOHANSEN, JR. Taxonomic classification of cyanoprokaryotes (cyanobacterial genera) 2014, using a polyphasic approach (PDF). În: *Preslia*. 2014. 86: 295–335. Online ISSN:2570-950X, Print ISSN: 0032-7786.
27. PARKS, DH., CHUVOCHINA, M., WAITE, DW., RINKE, C., SKARSHEWSKI, A., CHAUMEIL, PA., HUGENHOLTZ, P. *A standardized bacterial taxonomy based on genome phylogeny substantially revises the tree of life.* În: *Nat Biotechnol.* 2018. 36:996-1004. Online ISSN:1546-1696, Print ISSN:1087-0156.
28. KUTOVAYA, O. V., LEBEDEVA, M. P., TKHAKAKHOVA, A. K., IVANOVA, E. A., ANDRONOV, E. E. *Metagenomic Characterization of Biodiversity in the Extremely Arid Desert Soils of Kazakhstan.* În: *Eurasian Soil Scienc*e, 2015, Vol. 48, No. 5, pp. 493–500. ISSN 1064-2293.
29. ZVEREV, A. O., KICHKO, A. A., PINAEV, A. G., PROVOROV, N. A. and ANDRONOV, E. E. *Diversity Indices of Plant Communities and Their Rhizosphere Microbiomes:* In: *Microorganisms*. 2021, 9, 2339. ISSN 2076-2607.
30. TORSVIK, V. *Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems* / V. Torsvik, L. Øvreås. În: *Current Opinion in Microbiology*. 2002. V. 5. I. 3. P. 240–245.ÎSSN 1369-5274, 1879-0364.
31. TARGULIAN, V. O., BRONNIKOVA, M. A. *Soil memory: theoretical basics of the concept, its current state, and prospects for development.* In: *Eurasian Soil Science.* 2019. 52:229-243. ISSN 1064- 2293.
32. ANNE, M., LEE, R., KRUMBOLZ et MOSTAFA, S. ELSHAHED. *Taxonomic and functional diversity of soil microbiome derived from alternative crops in a crop rotation system.* In: *The ISME Journal*. 2009. 3: 992-1000. ISSN 1751-7370.
33. SPAIN, A. M., KNUMHOLZ, L. R., ELSHAHED, M. S. *Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria.* În: *The ISME J.* 2009. 3 (8): 992-1000. ISSN 1751-7370.
34. VERNADSKY, V. I. *Selected Works (Academy of Sciences of USSR).* Moscow. 1960. vol. 5, 185 c. ISBN 10-387-98368X.

Date despre autor:
Nina FRUNZE, doctor habilitat, cercetător științific principal, Universitatea Tehnică din Moldova.
ORCID: 0000-0001-7263-5863
E-mail: ninafrunze@mail.ru
nina.frunze@imb.utm.md

Prezentat: 06.03.2025