

APRECIERE ECOLOGICĂ A DIVERSITĂȚII COMUNITĂȚILOR PROCARIOTE DIN SOL

Nina FRUNZE,

Universitatea Tehnică a Moldovei

Studiul diversității taxonomice a microbiomului procariotic din cernoziomul carbonatic al RM la nivel de încrengături are loc în premieră. S-a constatat că spectrul comunităților procariote e format din 17 componente, ceea ce denotă o varietate biologică a procariotelor aparent înaltă. Evaluarea diversității procariote prin indicii ecologici Shannon, Margalef și Jacquard a relevat, însă, prin faptul că aceste comunități procariote nu numai că se caracterizează printr-o diversitate biologică joasă. În funcție de tipul și cantitatea fertilizantului, diversitatea lor biologică se află în continuă scădere, înregistrând și o similaritate înaltă între opțiuni. Această situație poate condiționa diminuarea sănătății solului și, cel mai important – a sănătății umane. Având în vedere relația complexă dintre microorganismele solului și microbiomul uman, conservarea și/sau sporirea diversității microorganismelor solului devine o sarcină extrem de importantă pentru umanitate întru susținerea și menținerea vieții pe Pământ.

Cuvinte-cheie: *procariote, analiza metagenomică, gena 16S ARNr, diversitate biologică, indici ecologici, cernoziom carbonatic.*

ECOLOGICAL ASSESSMENT OF COMMUNITY DIVERSITY SOIL PROKARYOTES

The study of the taxonomic diversity of the prokaryotic microbiome in the carbonate chernozem of the Republic of Moldova at the phylum level is taking place for the first time. It was found that the spectrum of prokaryotic communities consists of 17 components, which denotes an apparently high biological variety of prokaryotes. The assessment of prokaryotic diversity using the Shannon, Margalef and Jacquard ecological indices revealed, however, that prokaryotic communities are not only characterized by low biological diversity. Depending on the type and amount of fertilizer, their biological diversity is constantly decreasing, also recording a high similarity between options. This situation may condition the decline of soil health and, most importantly, human health. Given the complex relationship between soil microorganisms and the human microbiome, the preservation and/or increase of the diversity of soil microorganisms becomes an extremely important task for humanity in order to support and maintain life on Earth.

Keywords: *prokaryotes, metagenomic analysis, 16S rRNA gene, biological diversity, ecological indices, carbonate chernozem.*

Introducere

Odată cu descoperirea celui de-al treilea domeniu al vieții – Archaea [27], procariotele includ două domenii – Bacteria și Archaea, reprezentând „unitatea elementară și baza universală a vieții” [6]. Aproximativ 5% din numărul total de procariote de pe Pământ, estimat la 10^{28} – 10^{30} organisme, sunt concentrate în sol [4]. Diversitatea microbiotei solului în general și a procariotelor, în particular, este un factor important în stabilitatea biologică a solului, intensitatea și direcția multor procese biochimice din sol și un instrument de biodiagnostic cu un potențial informativ larg [32]. La evaluarea diversității comunităților biologice se utilizează diverși indici – indicatori numerici calculați pe baza numărului de taxoni dintr-o comunitate și a numărului de indivizi din diferiți taxoni. Important este ca aprecierea să includă două componente: bogăția (numărul de taxoni) și uniformitatea (abundența relativă) a taxonilor. Metagenomica utilizează o varietate de indici de diversitate, inclusiv cei clasici, utilizați pe scară largă în ecologie pentru analiza comunităților de organisme superioare și unii mai specifici, propuși relativ recent [33]. Unii dintre cei mai simpli indici de diversitate, care nu iau în considerare abundența relativă a taxonilor sunt indicele Margalef. Calculul lor ia în considerare doar numărul de taxoni detectați – S și numărul total de indivizi – N. Totodată, similaritatea structurii comunităților bacteriene se determină conform indicelui Jaccard. Cel mai frecvent indice utilizat pentru caracterizarea diversității comunităților microbiene este indicele Shannon, uneori numit și indicele Shannon-Wiener – H [32].

Metagenomul solului este specific prin structura sa, caracterizat printr-o diversitate taxonomică extrem de mare a microorganismelor [6] și, de regulă, prin absența unor dominanți clar exprimați la un nivel taxonomic scăzut, de aceea numai aplicarea unor indici potriviți de apreciere a diversității comunităților microbiene poate releva adevărata diversitatea lor. Cu toate acestea, în timp ce în ecologia clasică, aplicarea diferiților indici de diversitate și a limitelor variabilității lor sunt bine cunoscute, pentru datele metagenomice aceste aspecte abia se conturează.

Scopul studiului de față l-a constituit determinarea diversității comunităților procariote din sol și aprecierea ei cu ajutorul unor indici ecologici de diversitate.

Metode și materiale aplicate

Obiectul studiului a fost reprezentat de comunitățile microbiene ale cernoziomului carbonatic: ușor lutos cu 2,5-3,0% humus, 0,8-1,5 mg /100 g fosfor mobil (după Machigin), 18-22 mg/100 g potasiu schimbabil și 1,8-2,2% carbonați în stratul de sol de 0-20 cm. Studiile au fost efectuate în perioada 2020-2022 în cadrul unui experiment staționar de lungă durată a Universității Agrare „Chetrosu”, raionul Anenii-Noi (înființat în 1950). Probele de sol au fost colectate primăvara de sub plantele de grâu de toamnă dintr-o rotație de culturi cu opt câmpuri, în următoarele variante: 1 – fără îngrășăminte din 1950, 2 – îngrășăminte minerale, 3 – îngrășăminte organice și 4 – pârloagă. Ratele de îngrășământ: total pentru rotația culturilor: N675P480K480 (N90P60K60 pentru fiecare cultură de porumb boabe, N120P60K60 pentru grâu de toamnă înainte de porumb și înainte de floarea-soarelui, N45P60K60 pentru floarea-soarelui și mazăre). Total pentru rotația culturilor: 144 t/ha de gunoi de grajd semi-putrezit (40 t pentru fiecare cultură de porumb/ boabe, 22 t pentru grâu de toamnă înainte de porumb și înainte de floarea-soarelui, 20 t pentru floarea-soarelui).

Analiza metagenomică la prima etapă a inclus extragerea ADN-ului din probele de sol. Pentru aceasta a fost utilizat un kit de reactivi MACHEREY-NAGEL NucleoSpin Soil de la MACHEREY-NAGEL (Germania), conform instrucțiunilor producătorului. Analiza taxonomică a comunității procariote a fost determinată pe baza analizei bibliotecilor de ampliconi a fragmentelor de operoni ribozomali, aplicând primerii universali F515/R806 pe regiunea variabilă a genei 16S rRNA-v4 (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA/GGACTACVSGGGTATCTAAT). Acești primeri sunt specifici pentru o gamă largă de microorganisme, inclusiv bacterii și arhei [1]. Toți primerii aveau secvențe de serviciu care conțineau linkeri și barcoduri (necesare pentru secvențiere, folosind tehnologia Illumina). Reacția în lanț a polimerazei (RLP) a fost efectuată într-un amestec de reacție de 15 ml conținând 0,5-1,0 unități de activitate Q5® High-Fidelity ADN Polymerase (NEB, SUA), 5 pM fiecare primer direct și invers, 10 ng de ADN șablon și 2 nM din fiecare dNTP (Life Technologies). Amestecul a fost denaturat la 94°C timp de 1 minut, urmat de 35 de cicluri de 94°C timp de 30 s, 50°C timp de 30 s și 72°C timp de 30 s. Elongarea finală a fost efectuată la 72°C timp de 3 minute. Produsele RLP au fost purificate conform metodei recomandate de Illumina folosind AM-PureXP (BeckmanCoulter, SUA). Prepararea ulterioară a bibliotecilor a fost efectuată conform Ghidului de preparare a kitului de reactivi MiSeq (Illumina). (https://support.illumina.com/documents/documentation/chemistry_documentation/16s/16s-metagenomic-library-prep-guide-15044223-b.pdf). Bibliotecile au fost secvențiate conform instrucțiunilor producătorului pe un instrument Illumina MiSeq (Illumina, SUA) utilizând MiSeq® ReagentKit v3 (600 cicluri) cu citire dublă (2x300 nt). Datele obținute ca urmare a secvențierii probelor au fost procesate utilizând pachetele software „Trimmomatic” [3] și „QIIME” [4]. Identificarea taxonomică a fost efectuată folosind baza de date SILVA. Analiza metagenomică a fost efectuată folosind echipamentele Centrului Rus de Cercetare: Tehnologii Genomice, Proteomică și Biologie Celulară al Institutului de Microbiologie Agricolă, Sankt Petersburg, Rusia.

Pe baza datelor obținute a fost calculată diversitatea ecologică a procariotelor, precum și diverși indici ecologici de diversitate a lor [31, 32]. Diversitatea alfa (adică diversitatea în cadrul unei comunități microbiene): indicii Margalef ($d1 = S - 1/\ln N$). Diversitatea generală: indicii Shannon ($H^* = -\sum (ni/N) \log(ni/N)$), unde S – este numărul de specii procariote, N – este masa totală, ni – este estimarea „contribuției” masei fiecărei încrângături. Diversitatea beta (diversitatea dintre comunități): indicele Jaccard, $Kj = c/a+b+c$, unde a – este numărul de specii din prima parcelă de probă, b – este numărul de specii din a doua parcelă de probă și c – este numărul de specii comune primei și celei de-a doua parcele.

Conținut (procese descrise și rezultate obținute)

Secvențierea de randament înalt a genei 16S rARN a relevat că spectrul comunității procariote a cernoziomului carbonatic este format din 17 încrengături (Tab. 1): Actinomycetota, Pseudomonadota, Bacteroidota, Bacillota, Acidobacteriota, Verrucomicrobiota, Planctomycetota, Myxococcota, Nitrospirota, Gemmatimonadota, Cyanobacteriota, Patescibacteriota, Chloroflexota, Fibrobacterota, Abditibacteriota, Bdellovibrionata și Nitrososphaerota, fiind un număr incomparabil de mare cu informația obținută prin metoda tradițională de studiu [4, 5]. Primele 16 încrengături reprezintă domeniul Bacteria, iar încrengătura Nitrososphaerota aparține domeniului

Tabelul 1. Încrengăturile procariote ale cernoziomului carbonatic din Republica Moldova*

Denumire științifică internațională	Sinonime	Scurtă descriere, sursa bibliografică
Actinomycetota , Goodfellow, 2021 [16]	Actinobacteriota Oren et al. 2015 Actinobacteria, Goodfellow. 2012	Formează relații simbiotice cu plantele, participă la descompunerea azotului și fixarea lui. Se întâlnesc în medii bogate în nutrienți. Multe forme sunt patogene. Multe dintre ele formează substanțe biologice active [16].
Pseudomonadota , Garrity et al. 2021 [16]	Proteobacteria, Stackebrandt et al. 1988 Garrity et al. 2005	Sunt omniprezente în sol și apă. Trăiesc în simbioză cu plantele, fixând azotul. Conțin mulți agenți patogeni și sunt surse de antibiotice [20-21].
Nitrososphaerota , Brochier-Armanet et al. 2021 [16]	Thaumarchaeota, Brochier-Armanet et al. 2008	Arhei răspândite în mediile terestre, cu strămoși termofili. Sunt oxidanți de amoniac și joacă un rol important în ciclurile azotului și carbonului [27].
Bacillota , Gibbons and Murray 2021 [16]	Firmicutes, Garrity & Holt 2001, Bacillota, Whitman et al. 2018	Specii simbiotice, extrem de adaptate la tractul gastrointestinal. Sunt răspândite și în rizosferă [16].
Bacteroidota , Krieg et al. 2021 [16]	Bacteroidaeota, Oren et al. 2015	Alcătuiesc ~30% din microbiomul intestinal al șoarecilor și omului, multe produc endospori în condiții extreme din diverse medii și includ agenți patogeni [12].
Acidobacteriota , Thrash, Coates, [16]	Acidobacteria, Thrash and Coates. 2010	Acestea sunt abundente și omniprezente în sol și participă la ciclurile carbonului și azotului [12, 18],
Verrucomicrobiota , Hedlund 2021 [16]	Verrucomicrobaeota, Oren et al. 2015	Sunt răspândite în mediu, relativ inactive. Consumă pentoze sulfatate, metil în timpul înfloririi diatomeelor din apă [12].
Myxococcota , Waite et al. 2021 [16]	Myxococcia, Cavalier-Smith 2020	Bacterii alunecătoare, predominant aerobe, se disting prin comportamentele lor sociale complexe, inclusiv prădarea cooperativă, motilitatea planantă și formarea de corpuri fructifere multicelulare sub stres nutritiv. Se găsesc în medii acvatice și terestre. În ciclurile carbonului și azotului oxidează amoniul [16].
Planctomycetota , Garrity, Holt [16]	Planctomycetaeota, Oren et al. 2015	Larg răspândite în habitate acvatice și terestre. Joacă un rol semnificativ în ciclurile globale ale carbonului și azotului, multe specii fiind capabile de oxidare anaerobă a amoniului, cunoscute și sub numele de anammox [12].
Nitrospirota , Garrity & Holt [16]	Nitrospiraeota, Oren et al. 2015	Conțin taxoni care oxidează nitriții în nitrați (bacterii care oxidează nitriții) [16].
Gemmatimonadota , Zhang et al. 2021	Gemmatimonadaeota, Oren et al. 2015 [16]	Alcătuiesc ~2% din comunitățile bacteriene din sol și mai puțin din mediile acvatice [28].

Patescibacteriota , Parks et al. 2018 Candidate phyla radiation, CPR [7]	Patescibacteria, Parks et al. 2018 Patescibacteriota, Dutkiewicz et al. 2025	Bacterii foarte mici, trăiesc pe suprafața altor bacterii și pe contul acestora. Elimină nutrienți și restabilesc resursele în stațiile de epurare a apelor uzate [7].
Cyanobacteriota , Oren et al. 2022 [16]	Cyanobacteria, Woese et al. 1985	Microorganisme fotosintetice care trăiesc în diverse medii acvatic și sol. Fixează azotul atmosferic [17].
Chloroflexota , Garrity and Holt 2021 [16]	Chloroflexi, Garrity and Holt 2001, Chlorobacteria, Cavalier-Smith. 2006	Bacterii metabolic diverse, variază de la fototrofe anoxi- gene la anaerobe stricte implicate în respirația organohalo- genurilor și degradarea materiei organice. Omniprezente în medii terestre, acvatic și extreme, cum ar fi izvoarele termale, sistemele de epurare a apelor uzate și sedimentele marine adânci. Utilizează compuși cu sulf redus ca tiosul- fatul sau sulfurul elementar [16].
Fibrobacterota , Garrity & Holt [16]	Fibrobacteraeota, Oren et al. 2015	Încrângătură bacteriană mică, ce include multe dintre principalele bacterii din rumen, facilitând degradarea celulozei vegetale la animalele ruminante [16].
Abditibacteriota . Tahon et al. 2018 [21]	Abditibacteriota, Tahon, 2018 Candidate division FBP, Phylum FBP	Răspândite în medii extreme de pe Pământ, în habita- te cu conținut scăzut de nutrienți, chemoheterotrofe. Au rezistență extremă la antibiotice și compuși toxici.
Bdellovibrionota , Waite et al. 2021 [25]	Bdellovibrionota, Waite et al. 2020, Oligoflexaeota	Prădători obligatorii ai altor bacterii. Sunt diverși și omni- prezente în mediul înconjurător. Microbi mici, în formă de vibron, renumiți prin stilul lor de viață prădător obligato- riu, în care invadează și consumă alte bacterii.

**Notă – propuse ca file noi, publicație validă*

Archaea. Conform Comitetului Internațional pentru Taxonomie Procariotă (2021), încrângăturile sunt noi, identificate și/sau confirmate prin analiză metagenomică [8-10, 16]. Procariotele identificate au fost similare în ceea ce privește compoziția componentelor pe parcursul perioadei de studiu, dar abundența lor a variat în funcție de variantă. Toate încrângăturile (17) au fost prezente doar în solul nefertilizat al rotației culturilor (control). În variantele fertilizate, au fost identificați câte 15 reprezentanți, în timp ce în solul lăsat pârloagă au fost identificați doar 13. Încrângăturile au diferit și în proporția lor relativă în comunitate. Conform tabelului 1, de fapt, multe procariote sunt omniprezente în sol și apă [16, 28], au o gamă largă de însușiri: formează relații simbiotice cu rădăcinile plantelor, sunt fixatori de azot și/sau participă la descompunerea materiei organice moarte, fac parte din microbiomul intestinal al oamenilor și animalelor, au capacitatea de a fixa azotul atmosferic în sol [17], contribuie la sănătatea solului prin reciclarea nutrienților și descompunerea deșeurilor [7] și pot juca un rol important în ciclurile azotului și carbonului [12, 18, 27]. În același timp, acestea includ mulți agenți patogeni pentru plante, animale și oameni și sunt, de asemenea, surse excelente de antibiotice și alte substanțe biologice active [20-21] etc. Pot fi găsite în medii cu disponibilitate ridicată/redușă a nutrienților. Cu toate acestea, trăsăturile adaptive care facilitează răspândirea lor nu au fost încă studiate în mod adecvat pentru toate mediile [18]. Această imagine este în general tipică pentru comunitățile din sol. Literatura de specialitate indică prezența unui număr mare de Actinobacterii, Bacteroidetes și Proteobacterii, chiar și în soluri de diferite origini și tipuri. Diferența constă în abundența microorganismelor, relația sa cu alte componente și ponderea sa relativă în comparație cu totalul procariotelor [12].

Ca alternativă la condițiile de sol, bacteriile s-au identificat în următoarea secvență: sol nefertilizat → fond organic → fond mineral → fond natural (pârloagă), în timp ce arheile – au preferat condițiile solului în direcție opusă: fond natural (pârloagă) → fond mineral → fond organic → fond nefertilizat.

Tabelul 2. Structura taxonomică a comunităților procariote și abundența încrengăturilor pe diferite fonduri ale rotației de culturi din cernoziomului carbonatic, cultura – grâu de toamnă

Nr. d/o	Încrengătura	Fondurile experimentale			
		nefertilizat	mineral	organic	natural
1.	Actinomycetota	46,53±0,8747	38,55±0,7247	38,17±0,7176	38,17±0,7176
2.	Pseudomonadota	27,02±0,5188	25,72±0,4938	22,40±0,4301	19,80±0,3802
3.	Nitrososphaerota	7,32±0,1369	13,25±0,2478	13,04±0,2439	22,40±0,4189
4.	Bacteroidota	6,68±0,0131	8,55±0,1676	12,42±0,2434	5,11±0,1002
5.	Bacillota	6,08±0,1179	7,06±0,1369	6,90±0,1339	6,08±0,0608
6.	Acidobacteriota	1,94±0,0361	2,03±0,0378	2,09±0,0389	3,32±0,0618
7.	Verrucomicrobiota	1,37±0,0260	1,71±0,0321	1,37±0,0258	2,09±0,0393
8.	Myxococcota	1,09±0,0207	1,19±0,0225	1,71±0,0323	1,19±0,0225
9.	Nitrospirota	0,52±0,0098	0,65±0,0124	0,65±0,0124	0,48±0,0092
10.	Planctomycetota	0,58±0,0113	0,58±0,0109	0,58±0,0109	0,65±0,0122
11.	Gemmatimonadota	0,44±0,0086	0,36±0,0069	0,36±0,0069	0,58±0,0113
12.	Patescibacteriota	0,19±0,0037	0,19±0,0017	0,17±0,0032	0,08±0,0015
13.	Cyanobacteriota	0,08±0,0015	0,08±0,0016	0,03±0,0006	0,08±0,0016
14.	Chloroflexota	0,03±0,00057	0,07±0,0014	0,06±0,0012	neidentificat
15.	Fibrobacterota	0,05±0,00095	0,01±0,0002	0,03±0,0006	neidentificat
16.	Abditibacteriota	0,07±0,0013	neidentificat	neidentificat	neidentificat
17.	Bdelovibronota	0,01±0,00019	neidentificat	neidentificat	neidentificat

Evaluarea cantitativă a conținutului de procariote din diferite grupuri filogenetice din sol ne permite să concluzionăm că comunitatea bacteriană este cea mai sensibilă la tipul de utilizare a cernoziomului. Printre procariotele identificate, cea mai mare abundență a fost înregistrată pentru microorganismele din domeniul Bacteria (77,60–92,68%). Lideri printre acestea au fost reprezentanții încrengăturii Actinomycetota (38,17-46,53%), atingând cea mai mare valoare în solul fără îngrășămintă și cea mai mică – în solul fertilizat pe termen lung cu îngrășămintă organice, precum și în solul lăsat pârloagă. În continuare, printre majoritatea componentelor comunității procariote, s-au întâlnit pe scară largă reprezentanți ai încrengăturii Pseudomonadota (19,80-27,02%), care, în general, au fost de aproape 2 ori inferiori ca număr, înregistrând totodată variante de dezvoltare similare actinobacteriilor. Al treilea în ceea ce privește reprezentativitatea a fost încrengătura arheală Nitrososphaerota (7,32-22,40%). În ciuda faptului că a avut o pondere de cca jumătate din a celei anterioare, aceasta a înregistrat cele mai mari proporții în solul de pârloagă și cele mai mici în solul nefertilizat, în timp ce în variantele fertilizate aportul arheilor la comunitatea procariotă s-a dublat (13,04-13,25%) față de solul nefertilizat (7,32%), observându-se în același timp o prezență dublă în solul de pârloagă (22,40%) față de variantele fertilizate (13,04-13,25%) și un exces de aproape 4 ori față de solul nefertilizat al asolamentului (7,32%). Încrengătura Bacillota (6,08-12,42%) a fost, de asemenea, caracterizată prin indicatori înalți, distingându-se prin cele mai mari valori ale abundenței sale în solul fondului organic și cele mai mici – în solul neprelucrat de pârloagă. Procariotele din încrengătura Bacteroidota au manifestat o pondere de 5,11-8,55%, cele mai mari valori fiind înregistrate în variantele fertilizate (6,90-8,55%). Remarcabile au fost și încrengăturile: Acidobacteriota (1,94-3,32%), Verrucomicrobiota (1,37-2,09%) și Myxococcota (1,09-1,71%), care nu s-au distins nici prin fluctuații mari, nici prin valori ridicate ale abundenței în comunitate. Acestea au înregistrat cele mai mari valori în solul fondului organic sau în solul de pârloagă, iar cele mai mici – în solul fondului nefertilizat. Dintre acestea, încrengătura Acidobacteriota a înregistrat cele mai mari valori (3,32-1,94%), iar încrengătura Myxococcota cele mai mici, în timp ce Verrucomicrobiota (1,37-2,09%) a ocupat o poziție intermediară printre ele. Următoarele 9 încrengături s-au distins printr-o contribuție foarte mică la abundența comunităților procariote.

Dintre ele, primele 5 încrângături: Nitrospirota (0,15-0,65%), Planctomycetota (0,58-0,65%), Gemmatimonadota (0,36-0,58%), Patescibacteriota (0,08-0,19%) și Cyanobacteriota (0,03-0,08%) au fost comparativ mai frecvente și au prezentat o contribuție de 0,03-0,07%, comparativ cu celelalte. Fibrobacterota (0,01-0,05%) și Chloroflexota (0,03-0,07%) au lipsit în solul fondului natural. Iar încrângăturile Abditibacteriota (0,00-0,07%) și Bdellovibrionota (0,00-0,01%), cu o contribuție de doar 0,01-0,07% au fost identificate numai în solul fondului nefertilizat.

Evaluarea diversității biologice a comunităților microbiene cu ajutorul indicilor ecologici a demonstrat că în cernoziomul carbonatic studiat diversitatea biologică a procariotelor aparent înaltă, de facto, nu numai că este joasă, dar și în continuă scădere. Astfel, conform indicilor Margalef (d1), diversitatea alfa a scăzut cu 12-25% față de martor, iar variantele studiate se succed în următoarea ordine descrescătoare după acest indicator: nefertilizat (16,63) → mineral (14,63) → organic (14,63) → natural (12,45). Per total, diversitatea generală după indicele Shannon a relevat că probele solului lăsat pârloagă au demonstrat cele mai înalte niveluri de diversitate: indicii Shannon aici au crescut semnificativ (deși aceste valori se consideră scăzute și foarte scăzute [31]). În timp ce valoarea acestui indicator (H) în solul fondului natural a fost de 1,2, în solul fondului organic (0,59), mineral (0,62) și nefertilizat (0,60) aceasta a scăzut semnificativ. Diversitatea beta, conform indicelui Jaccard a arătat o similaritate înaltă și nesemnificativă între variante: 0,9981-1,000. Cea mai mare asemănare (1,000) a fost constatată între solul fondului mineral și celui organic, iar cea mai mică – între variantele arate și solul pârloagă de 75 de ani (0,9981). Indicele Jacquard pentru celelalte variante a fost de 0,9992.

Așadar, complexul procariot al cernoziomului carbonatic este format în principal din reprezentanți ai 17 încrângături, ceea ce denotă o diversitate biologică a procariotelor aparent înaltă. Însă aprecierea ecologică relevă, ca ea nu numai că este joasă, dar și în continuă scădere [11, 13, 30]. Compoziția procariotelor și abundența acestora au fost similare cu spectrul identificat în alte regiuni [20, 23]. Studii comparative ale microbiomului solului cu cel al organismului uman au arătat că încrângăturile dominante de procariote sunt similare, în ciuda reprezentării lor cantitative diferite [22, 24]. Mai puține potriviri între microbii din sol și cei intestinali au fost găsite la niveluri taxonomice inferioare.

Solurile din întreaga lume sunt diverse, la fel ca și microbii lor. Există doar câteva specii care pot fi depistate în toate solurile, în timp ce există numeroase specii rare care se găsesc doar în anumite soluri sau zone geografice [23, 26]. Industrializarea crescândă a agriculturii condiționează diminuarea biodiversității solului [2, 14], ceea ce, la rândul său, dă naștere la o serie de probleme pentru umanitate.

1. Schimbările rezultate în ecosistemele microbiene pot afecta, de asemenea, ciclurile biogeochimice, ducând la o deficiență a multor nutrienți în sol, deși solul conține tot de ce au nevoie plantele [15]. Problema constă în disponibilitatea nutrienților ușor absorbiți de plante, ceea ce se realizează cu participarea microorganismelor din sol. Solurile sărace în nutrienți pot provoca carențe ale anumitor micronutrienți la plante, care, la rândul lor, condiționează deficiențe în organismul uman [19, 22].

2. Diminuarea diversității microorganismelor din sol induce diminuarea diversității microbiomului uman și, prin urmare, scăderea sănătății umane și a calității vieții omului [29]. Adică, diminuarea diversității microbiomului solului nu înseamnă doar scăderea sănătății solului. Există o relație complexă între microorganismele solului și microbiomul uman, în care interacțiunile cu mediul și nutriția joacă un rol crucial în menținerea vieții și sănătății umane [34], confirmând că biodiversitatea în general și biodiversitatea microorganismelor solului în special sunt esențiale pentru sănătatea umană.

Având în vedere relația complexă dintre microorganismele solului și microbiomul uman, conservarea și/sau sporirea diversității microorganismelor solului devine o sarcină extrem de importantă pentru umanitate întru susținerea și menținerea vieții pe Pământ. Înțelegerea și interpretarea acestor relații necesită cercetări suplimentare.

Concluzii

1. S-a stabilit că spectrul comunităților procariote ale cernoziomului carbonatic, conform datelor metagenomice, este alcătuit din 17 componente noi, identificate și/sau confirmate prin analiză metagenomică cu randament înalt de secvențiere a genei 16S ARNr. Diversitatea biologică a lor a constat din următoarele încrângături:

Actinomycetota (38,17-46,53%), Pseudomonadota (19,80-27,02%), Nitrososphaerota (7,32-22,40%), Bacillota (6,08-12,42%), Bacteroidota (5,11-8,55%), Acidobacteriota (1,94-3,32%), Verrucomicrobiota (1,37-2,09%), Myxococcota (1,09-1,71%), Planctomycetota (0,58-0,65%), Nitrospirota (0,15-0,65%), Gemmatimonadota (0,36-0,58%), Patescibacteriota (0,08-0,19%), Cyanobacteriota (0,05-0,08%), Chloroflexota (0,03-0,07%), Fibrobacterota (0,01-0,05%), Abditibacteriota (0,01-0,011%) și Bdellovibrionata (0,01-0,07%).

2. Aceasta denotă o diversitate biologică a procariotelor aparent înaltă. Însă, evaluarea ei prin indicii ecologici de diversitate Shannon, Margalef și Jacquard a relevat, că comunitățile procariote nu numai că se caracterizează printr-o diversitate biologică joasă. În funcție de tipul și cantitatea fertilizantului, diversitatea lor biologică se află în continuă scădere, înregistrând și o similaritate înaltă între opțiuni.

3. Utilizarea pe termen lung a cernoziomului carbonatic a condiționat scăderea diversității microorganismelor procariote, ceea ce poate condiționa în cele din urmă un declin nu numai al sănătății solului în sine, ci și al sănătății și calității vieții oamenilor. Având în vedere relația complexă dintre microorganismele din sol și microbiomul uman, conservarea și sporirea diversității microorganismelor din sol este o sarcină dificilă pentru umanitate întru păstrarea viații pe Pământ.

Bibliografie:

1. BATES, S. T., BERG-LYONS, D., CAPORASO, J. G., WALTERS, W. A. et al., 2011. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil. În: *ISME J.* 2011, nr.5. pp. 908–917. <https://doi.org/10.1038/ismej.2010.171>.
2. BENDER, S. F., WAGG, C., VAN DER HEIJDEN, M. G. A. An underground revolution: Biodiversity and soil ecological engineering for agricultural sustainability. In: *Trends Ecol. Evol.* 2016, nr. 31, pp. 440–452. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2016.02.016>
3. BOLGER, A.M., LOHSE, M., USADEL, B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. In: *Bioinformatics.* 2014. nr. 1:30 (15), pp. 2114–20. doi: 10.1093/bioinformatics/btu170
4. CAPORASO, 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, nr. 7 (5), pp. 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>.
5. CHRIRAK, E. L., PERSHINA, E. V., KUTOVAYA, O. V. et al. Taxonomic structure of microbial Association in different soils investigated by high-throughput. În: *Sel'skokhozyaistvennaya Biol. Agric. Biol.* 2013, nr.3, pp. 100–109. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2013.3.100> eng.
6. DANIEL, R. The metagenomics of soil. In: *Nature Reviews Microbiology.* 2005, V. 3, pp. 470–478. doi: 10.1038/nrmicro1160
7. DUTKIEWIC, Z., SINGLETON, C. M., SERETKA, M. et al. Proposal of Patescibacterium danicum gen. nov., sp. nov. in the ubiquitous bacterial phylum Patescibacteriota phyl. nov. In: *ISME Commun.* 2025, nr. 5: Issue 1. doi. org.10.1093/ismeco/ ycae147
8. GOKER, M. Filling the gaps: missing taxon names at the ranks of class, order and family. In: *Int. Syst. Evol. Microbiol.* 2022, nr. 72, pp. 56–38. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.005638>
9. GOKER, Markus , OREN, Aharon. Valid publication of four additional phylum names. In: *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2023, nr. 73(9). doi: 10.1099/ijsem.0.006024.
10. GOKER, M., OREN, A. Valid publication of names of two domains and seven kingdoms of prokaryotes. In: *Int J Syst Evol Microbiol.* 2024. nr. 74. pp. 62–42. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.006242>
11. IVANOVA, E. A., KUTOVAYA, O. V., TKHAKAKHOVA, A. K. et al. The Structure of Microbial Community in Aggregates of a Typical Chernozem Aggregates under Contrasting Variants of Its Agricultural Use. In: *Eurasian Soil Sciences.* 2015, V. 48 (11), pp. 1242–1256. doi: 10.1134/S1064229315110083
12. KRIEG, N. R., LUDWIG, W., WHITMAN, W. B. et al. The Bacteroidetes, Spirochaetes, Tenericutes (Mollicutes), Acidobacteria, Fibrobacteres, Fusobacteria, Dictyoglomi, Gemmatimonadetes, Lentisphaerae, Verrucomicrobia, Chlamydiae, and Planctomycetes. In: *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology.* 2010, Vol. 4 (2nd ed.). New York: Springer. pp. 908. ISBN 978-0-387-95042-6.

13. KUTOVAYA, O. V., TKHAKAKHOVA, A. K. CHEVERDIN, Yu. Effects of surface flooding on biological properties of meadow-chnozems in Kamennaya steppe. In: *Dokuchaev Soil Bulletin*. 2017, V. 82, pp. 56–71. doi: 10.19047/0136-1694- 2016-82-56-70.
14. LUPWAYI, N.Z., LAFOND, G.P., ZIADI, N., GRANT, C.A. Soil microbial response to nitrogen fertilizer and tillage in barley and corn. În: *Soil Tillage Res.* 2012, v. 118, pp. 139–146. doi: 10.1016/j.still.2011.11.006
15. MARCEL, G.A.; VAN Der, H., MARTIN, H. Networking in the Plant Microbiome. In: *PLoS Biol.* 2016, nr. 14, e1002378. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002378>
16. OREN, A., GARRITY, G.M. Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes. In: *Int J. Syst. Evol. Microbiol.* 2021, nr. 71 (10), pp. 50-56. [https://doi: 10.1099/ijsem.0.005165](https://doi.org/10.1099/ijsem.0.005165)
17. OREN, Aharon; MARES, Jan, RIPPKAF, Rosmarie. Validation of the names Cyanobacterium and Cyanobacterium stanieri, and proposal of Cyanobacteriota phyl. nov. In: *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2022, nr. 72 (10):005528. PMID: 36251754 doi:10.1099/ijsem.0.005528.
18. 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, nr. 50 (2), pp. 563–575. [https://doi: 10.1046/j.1365-2958.2003.03707](https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2003.03707)
19. SHENKIN, A. Micronutrients in health and disease. In: *Postgrad. Med. J.* 2006, nr. 82, pp. 559–567. <https://doi.org/10.1136/pgmj.2006.047670>
20. SPAIN, A. M., KMUMHOLZ, L. R., ELSHAHED, M. S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. In: *ISME J.* 2009, nr. 3(8), pp. 992-1000. <https://doi.org/10.1038/ismej.2009.43>
21. TAHON, Guillaume, TYTGAT, Bjorn, LEBBE, Liesbeth et al. Abditibacterium utsteinense sp. nov., the first cultivated member of candidate phylum FBP, isolated from ice-free Antarctic soil samples. In: *Systematic and Applied Microbiology*. 2018, nr. 4 (4), pp. 279-290. doi:10.1016/j.syapm.2018.01.009. PMID 29475572. S2C ID 3515091.
22. TASNIM, N., ABULIZI, N., PITHER, J. et al. Linking the Gut Microbial Ecosystem with the Environment: Does Gut Health Depend. on Where We Live? In: *Front. Microbiol.* 2017, nr. 8, pp. 19-35. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01935>
23. TIKHONOVICI, I. A., CHERNOV, T. I., ZHELEZOVA, A. D. et al. Taxonomic structure of prokaryotic communities in soils of different bioclimatic zones. In: *Dokuchaev Soil Bulletin*. 2018, v. 95, pp. 125–153. [https://doi: 10.19047/0136-1694-2018-95-125-153](https://doi.org/10.19047/0136-1694-2018-95-125-153)
24. VAAHTOVUO, J., KORKEAMAKI, M., MUNUKKA, E. et al. Quantification of bacteria in human feces using 16S rRNA-hybridization, DNA-staining and flow cytometry. In: *J. Microbiol. Methods*. 2005, nr. 63, pp. 276–286. [https://doi: 10.1016/j.mimet.2005.03.017](https://doi.org/10.1016/j.mimet.2005.03.017). Epub 2005 Jun 1.
25. WAITE, D.W., CHUVOCHINA, M., PELIKAN, C. et al. Proposal to reclassify the proteobacterial classes Deltaproteobacteria and Oligoflexia, and the phylum Thermodesulfobacteria in to four phyla reflecting major functional capabilities. In: *Int J Syst Evol Microbiol.* 2020, nr. 70 (11), pp. 5972–6016. [https://doi:10.1099/ijsem.0.004213](https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004213). PMID 33151140.
26. WALL, D. H., NIELSEN, U. N., SIX, J. Soil biodiversity and human health. In: *Nature*. 2015, nr. 528, pp. 69–76. doi: 10.1038/nature15744. Epub 2015 Nov 23.
27. WOESE, C.R., KANDLER, O., WHEELIS, M.L. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. In: *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1990, nr. 87(12), pp. 4576-4579. [https://doi: 10.1073/pnas.87.12.4576](https://doi.org/10.1073/pnas.87.12.4576).
28. ZHENG, Xiaowei, DAI, Xin, ZHU, Yaxin et al. (Meta)Genomic Analysis Reveals Diverse Energy Conservation Strategies Employed by Globally Distributed Gemmatimonadota. In: *Msystems*. 2022, volume 7, issue 4. e0022822. doi: 10.1128/msystems.00228-22
29. ZHOU, D.R., BAI, Z.M., ZHANG, H.L. et al. Soil is a key factor influencing gut microbiota and its effect is comparable to that exerted by diet for mice. In: *Fl000Research*. 2018, nr. 7, pp. 15-88. doi: 10.12688/fl000research.14870.1
30. ZVEREV, A. O., KICHKO, A. A., PINAEV, A. G. et al. Diversity Indices of Plant Communities and Their Rhizosphere Microbiomes: An Attempt to Find the Connection. In: *Microorganisms*. 2021, nr. 9, pp. 2339. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9112339>

31. ЗАВАРЗИН, Г. А., КОЛОТИЛОВА, Н. Н. *Введение в природоведческую микробиологию*. Учебное пособие. М.: Книжный дом «Университет». 2001. 256 с. ISBN: 978-5-19-011982-4
32. МЭГЭРАН, Э. *Экологическое разнообразие и его измерение*. М.: Мир, 1992. 184 р. ISBN 5-03-002404-2
33. ЧЕРНОВ, Т. И. , ТХАКАХОВА, А. К. , КУТОВАЯ, О. В. Оценка различных индексов разнообразия для характеристики почвенного прокариотного сообщества по данным метагеномного анализа*. In: *Почвоведение*, 2015, nr. 4, pp. 462–468. ISSN (PRINT) : 0032-180X
34. ЧЕРНОВ, В.М. , КНЯЗЕВА, О. А. Влияние почвенных микроорганизмов на микробиом человека. In: *«Международный студенческий научный вестник»*. Башкирский Государственный Педагогический Университет. 2025. ISSN 2409-529X.

N. B.: Lucrarea a fost îndeplinită în cadrul Proiectului Instituțional nr. 020101 „Soluții biotehnologice inovatoare pentru agricultură, medicină și protecția mediului”.

Date despre autor:

Nina FRUNZE, doctor habilitat, cercetător științific principal, Institutul de Microbiologie și Biotehnologie, Universitatea Tehnică a Moldovei.

ORCID: 0000-0001-7263-5863

E-mail: ninafrunze@maiul.ru

Prezentat : 01.03.2026

Recenzat: 19.03.2026

Acceptat spre publicare: 20.05.2026