

УДК 631.4, 579.266.2

DOI: <https://doi.org/10.33814/AFP-2222-5366-2023-1-39-49>

## ВЛИЯНИЕ БИОЛОГИЗИРОВАННОГО ПОМЕТА КУР КЛЕТОЧНОГО СОДЕРЖАНИЯ НА ПАТОГЕННУЮ МИКРОФЛОРУ ДЕРНОВО-ПОДЗОЛИСТОЙ ПОЧВЫ

**Н.Н. Щукин<sup>1</sup>**, кандидат сельскохозяйственных наук  
**В.Д. Соболев<sup>2</sup>**, кандидат биологических наук

<sup>1</sup>*Верхневолжский федеральный аграрный научный центр  
602060, Россия, Владимирская область, Суздальский район,  
п. Новый, ул. Центральная, д. 3  
[n9159803437@yandex.ru](mailto:n9159803437@yandex.ru)*

<sup>2</sup>*ООО «БИОТРОФ»,  
196602, Россия, г. Пушкин, г. Санкт-Петербург, ул. Малиновская, 8А, пом.-7М*

## EFFECT OF BIOLOGIZED MANURE FROM CHICKENS KEPT IN CAGES ON THE PATHOGENIC MICROFLORA OF SOD-PODZOLIC SOIL

**N.N. Shchukin<sup>1</sup>**, Candidate of Agricultural Sciences  
**B.D. Sobolev<sup>2</sup>**, Candidate of Biological Sciences

<sup>1</sup>*Upper Volga Federal Agrarian Scientific Center  
602060, Russia, Vladimir region, Suzdal district, Novyi village, Tsentralnaya str., 3  
[n9159803437@yandex.ru](mailto:n9159803437@yandex.ru)*

<sup>2</sup>*ООО "BIOTROF"  
196602, Russian Federation, Pushkin, St. Petersburg, Malinovskaya str., 8A, room-7M,*

Секвенирование метагеномов почвенных образцов показало, что в результате внесения ферментированного бактериями пробиотиков помета филогенетический состав почвенного микробиома сохранялся, но изменялась его таксономическая структура и функциональность в связи с увеличением общей численности бактерий микробиома (при различной активности таксонов). В опыте использована доза биологизированного свежего помета кур 120 т/га, внесенная разбрасыванием под вспашку, контроль — без органики. В пахотном горизонте удобренной почвы отмечено увеличение общего обилия бактерий: в первый срок отбора образцов — с  $6,9 \cdot 10^7$  до  $1,3 \cdot 10^8$  копий/г почвы гена 16S рРНК бактерий, а через 30 дней — с  $1,6 \cdot 10^7$  до  $1,3 \cdot 10^8$  копий/г. В целях экологической безопасности применения биологизированного помета для окружающей среды исследовалось наличие в удобренной почве и в контроле патогенной и условно-патогенной микрофлоры, представители которых обнаружены во всех почвенных образцах: более высокая доля энтеробактерий отмечена в контрольном образце (0,6%), а с пометом — не превышала 0,15%; содержание патогенных бактерий на удобренном фоне в первый срок отбора почвы практически не изменялось (0,7–0,8%), но во второй — резко снизилось по отношению к контролю (с 2,5 до 1,1%). Такое снижение содержания патогенных бактерий сопровождалось увеличением их численного обилия (с  $3,9 \cdot 10^5$  до  $1,4 \cdot 10^6$  копий/г), преимущественно бактерий *Pseudomonas* sp. (с  $2,1 \cdot 10^5$  до  $9,3 \cdot 10^5$  копий/г),

что является следствием общего роста обилия бактерий в микробиоме на фоне обогащения почвы органикой и повышения почвенного плодородия. На указанном этапе исследований существенно негативного микробиологического влияния биологизированного свежего куриного помета на экологическое состояние почвы не выявлено.

**Ключевые слова:** патогены, почва, биологизированный помет, пробиотики, филогенетический состав, метабеном.

Sequencing of the metagenomes of soil samples showed that as a result of the introduction of a litter fermented with probiotics by bacteria, the phylogenetic composition of the soil microbiome was preserved, but its taxonomic structure and functionality changed due to an increase in the total number of microbiome bacteria (with different taxon activity). The experiment used a dose of biologized fresh chicken droppings — 120 t/ha, introduced by spreading for plowing, control — without organic matter. In the arable horizon of fertilized soil, an increase in the total abundance of bacteria was noted: in the 1st sampling period — from  $6.9 \cdot 10^7$  to  $1.3 \cdot 10^8$  copies/g of the soil of the 16S rRNA gene of bacteria, and after 30 days — from  $1.6 \cdot 10^7$  to  $1.3 \cdot 10^8$  copies/g. In order to ensure the environmental safety of the use of biologized litter for the environment, the presence of pathogenic and conditionally pathogenic microflora in fertilized soil and in the control was investigated, representatives of which were found in all soil samples: a higher proportion of enterobacteria was noted in the control sample (0.6%), and with litter — did not exceed 0.15%; the content of pathogenic bacteria on the fertilized background in the 1st period of soil sampling practically did not change (0.7–0.8%), but in the 2nd it sharply decreased in relation to the control (from 2.5 to 1.1%). Such a decrease in the content of pathogenic bacteria was accompanied by an increase in their numerical abundance (from  $3.9 \cdot 10^5$  to  $1.4 \cdot 10^6$  copies/g), mainly *Pseudomonas* sp. bacteria (from  $2.1 \cdot 10^5$  to  $9.3 \cdot 10^5$  copies/g), which is a consequence of the general increase in the abundance of bacteria in the microbiome against the background of soil enrichment with organic matter and increased soil fertility. At this stage of research, no significant negative microbiological effect of biologized fresh chicken manure on the ecological state of the soil was revealed.

**Keywords:** pathogens, soil, biologized litter, probiotics, phylogenetic composition, metagenome.

Внедрение в молекулярную экологию методов секвенирования нуклеотидных последовательностей позволило полнее исследовать почвенные микроорганизмы и изучить микробиологические особенности прокариотных сообществ почвы [1; 2].

Выявлено, что в почве, включая ризосферу растений, существуют так называемые некультивируемые микроорганизмы, присутствие которых невозможно детектировать традиционными методами на питательных средах. По различным оценкам, обилие некультивируемой микрофлоры составляет 90–99% состава почвенных микробиомов [3]. К ним относятся ранее неизвестные виды и формы микроорганизмов, пре-

кращающие рост на питательных средах под влиянием неблагоприятных факторов, но сохраняющие жизнеспособность и возобновляющие пролиферацию при улучшении условий культивирования. Некультивируемое состояние (реакция на среду обитания) обнаружено у многих видов бактерий, включая патогенные [4].

Патогенные свойства бактерий связаны с особенностями их ферментов и токсинов, которые обладают не только определенной патогенностью по отношению к растениям и животным, но и пестицидной активностью против сорняков, грибов, насекомых и нематод. В полной мере это относится к бактериям *Burkholderia* sp. Одни штаммы этого ви-

да (таксона) вызывают бактериозы зерновых, овощных культур и картофеля, а другие — выделяют продукты, обладающие гербицидной (против двудольных и осоковых сорняков), фунгистатической (против грибных заболеваний) или инсектицидной (против насекомых и нематод) активностью [5; 6].

Высокой фитопатогенностью по отношению к сельскохозяйственным культурам обладают бактерии видов *Pseudomonas* sp. и *Xanthomonas* sp. — возбудители бактериальных заболеваний, которые в сочетании с грибными инфекциями, например зерновых культур, являются причинами слабого кущения (с признаками, напоминающими азотно-фосфорное голодание растений), карликовости стеблей, стерилизации колоса, почернения зерен у основания, неразвитости корневой системы и корневых гнилей, неустойчивости растений к засухе, снижения зимостойкости и полегания; падения урожайности и устойчивости к неблагоприятным природным (абиотическим) факторам и других [6].

В обычных условиях совместная бактериально-грибная инфекция трудно распознаваема, а признаки болезней часто приписываются одним грибам или недостаткам элементов питания в почве. При этом использование фунгицидов только против грибных инфекций усиливает бактериальные, а внесение минеральных удобрений не приносит желаемого результата.

Кроме того, бактерии *Pseudomonas* могут деградировать значительную группу токсических соединений (гербициды, инсектициды и др.) и обладают редкой способностью выделять белок — активатор замерзания воды, который снижает ее температуру в период зимов-

ки озимых зерновых, в результате чего даже успешно перезимовавшие растения могут погибнуть весной после возобновления вегетации [6; 7].

Эффективность применения пробиотиков в кормлении птицы широко известна, но ранее не изучалось побочное действие их ферментов на патогенную микрофлору помета, возможное его оздоровление — биологизации ферментами пробиотиков.

*Задачей данных исследований* является изучение таксономического состава, численности и функциональных изменений почвенного микробиома, в том числе патогенной микрофлоры, в результате внесения свежего биологизированного помета в малоплодородную дерново-подзолистую почву, исключая стадию обеззараживания и доработки (компостирования или высушивания помета) в навозохранилищах, при соблюдении норм экологической безопасности окружающей среды.

Применение биологизированного свежего помета кур клеточного содержания в растениеводстве, после изучения его экологической безвредности для окружающей среды, может позволить снизить затраты птицефабрик на утилизацию помета и использовать его для более эффективного возделывания сельскохозяйственных культур на малоплодородных землях.

**Материалы и методы.** Ферментацию помета кур клеточного содержания производили путем включения в рацион их кормления пробиотиков. Свежий помет из птичников вывозили в течение одного–двух дней на поля прицепом-разбрасывателем (емкостью 25 м<sup>3</sup>), исключая стадию промежуточного хранения и обеззараживания в навозохрани-

лище. Далее помет в дозе 120 т/га разбрасывали под весновспашку, которую провели после внесения органики. Опыт закладывали в двух вариантах (контроль — без удобрения и удобренный — 120 т/га биологизированного помета), а участок засеяли яровой пшеницей. Размещение опытных делянок (площадью 1 га) — систематическое. Образцы почвы отбирали по общепринятой методике в два срока: 1 июля (в слое 0–20 и 20–40 см) — в фазу трубкования пшеницы и 30 июля (в слое 0–20 см) — в фазу молочной спелости зерна.

В молекулярно-генетической лаборатории ООО «БИОТРОФ» (г. Санкт-Петербург) проведено изучение таксономической структуры бактериального сообщества почвы с использованием NGS-секвенирования нуклеотидных последовательностей и подсчет численности копий бактерий в реальном времени (real-time PCR) при помощи количественной ПЦР препаратов ДНК, выделенных из образцов суглинистой дерново-подзолистой почвы под посевами яровой пшеницы по вариантам без удобрений (контроль) и на фоне последствий внесения биологизированного свежего помета кур.

Аmplификация проведена с использованием ДНК-амплификатора Verity («Life Technologies, Inc.», США) с помощью эубактериальных праймеров (IDT) 343F (CTCCTACGGRRSGCAGCAG-3) и 806R (GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3), фланкирующих участок V1V3 гена 16S рНК.

Метагеномное секвенирование осуществляли на геномном секвенаторе MiSeq («Illumina, Inc.», США) с набором MiSeqReagentKit V3 («Illumina, Inc.»,

США). Максимальная длина полученных последовательностей составила 2\*300 нт. Химерные последовательности были исключены из анализа с помощью программы «USEARCH 7.0».

Обработка полученных ридов 2\*300 нт происходила с помощью биоинформатической платформы «CLC Bio GW 7.0» («Qiagen», Нидерланды) и включала в себя перекрывание, фильтрацию по качеству ( $QV > 15$ ) и триммирование праймеров. Определение таксономической принадлежности микроорганизмов до рода проводили с применением программы RDP Classifier.

Погрешность прибора MiSeq, на котором проводили NGS-секвенирование, составляла 5%.

**Результаты и их обсуждение.** Данные секвенирования нуклеотидных последовательностей и подсчета методом ПЦР численности копий гена 16S рНК бактерий из различных почвенных горизонтов по вариантам опыта представлены ниже (табл. 1). Распределение бактерий по горизонтам почвы отличалось неравномерностью: в пахотном слое 0–20 см численность бактерий варьировала в пределах  $6,9 \cdot 10^7$ – $1,3 \cdot 10^8$  копий/г почвы и снижалась примерно на 2 порядка в слое 20–40 см.

Внесение помета способствовало росту обилия микроорганизмов в почве по сравнению с контролем в образцах от 1 июля: с  $6,9 \cdot 10^7$  до  $1,3 \cdot 10^8$  в слое 0–20 см и с  $6,3 \cdot 10^5$  до  $1,5 \cdot 10^6$  копий/г в слое 20–40 см. Через 30 дней в пахотном слое контрольного варианта наблюдалось снижение численности бактерий (до  $1,6 \cdot 10^7$  копий/г) и их стабильность на удобренном фоне (в начале и конце опыта — по  $1,3 \cdot 10^8$  копий/г).

## 1. Влияние последействия помета на обилие бактерий в почве

Сроки отбора образцов	Удобрение	Слой почвы, см	Количество копий бактерий, копий/г (lg копий/г)
1 июля	Без удобрений (контроль)	0–20	$6,9 \cdot 10^7$ (7,84)
		20–40	$6,3 \cdot 10^5$ (5,80)
	Последействие 120 т/га	0–20	$1,3 \cdot 10^8$ (8,11)
		20–40	$1,5 \cdot 10^6$ (6,17)
30 июля	Без удобрений (контроль)	0–20	$1,6 \cdot 10^7$ (7,20)
	Последействие 120 т/га	0–20	$1,3 \cdot 10^8$ (8,11)

Заметное увеличение (на 1 порядок) обилия бактерий в удобренной почве — показатель активности процессов, инициируемых группами микроорганизмов углеродного и азотного циклов в аэробных и анаэробных условиях, вследствие повышения содержания в почве органических питательных веществ (запасов минерального азота — от низкого до очень высокого), а также снижения кислотности (рН — от слабокислой до близкой к нейтральной) в результате внесения помета.

Согласно проведенному филогенетическому анализу (рис. 1), таксономический состав микробного сообщества бактерий сформирован преимущественно представителями 10 фил бактерий (*Proteobacteria*, *Acidobacteria*, *Actinobacteria*, *Bacteroidetes*, *Chloroflexi*, *Firmicutes*, *Gemmatimonadetes*, *Verrucomicrobia*, *Parcubacteria* и *Plantomicetis*), суммарная доля которых в образцах пахотного слоя почвы оставалась постоянной (около 91–93%), но резко уменьшалась с глубиной: с 93 до 67% на удобренном фоне и с 92 до 48% на контроле, что связано с изменением условий аэрации почвы с глубиной.

Вглубь по профилю почвы возрастала доля неопределенных последователь-

ностей ДНК (с 4–5% в слое 0–20 см до 30–49% в слое 20–40 см). В разнице содержания неидентифицируемых микроорганизмов в подпахотном горизонте, на фоне последействия помета (30%) и на контроле (49%), также усматривается взаимосвязь с плодородием почвы.

Наиболее широко в таксономическом составе микробиома представлена фила *Proteobacteria* с вкладом в сообщество 18–31%, далее следуют *Actinobacteria* (8–25%), *Acidobacteria* (4–18%), *Bacteroidetes* (5–9%), *Verrucomicrobia* (2–7%), *Firmicutes* (1–7%) и *Plantomicetis* (1–5%) (рис. 1). Обозначенные филы включают в себя широкий спектр бактерий с разными эколого-физиологическими функциями, а динамика их долевого участия в сообществе бактерий зависит от плодородия, кислотности, температуры, влажности и глубины отбора почвенных образцов.

Последействие внесения помета сопровождалось повышением таксономического значения представителей одних фил и подавлением других. Усилением активности на улучшение плодородия почвы отзывались бактерии *Actinobacteria* (их доля возросла с 15–19 до 21–25%) и *Acidobacteria* (с 13–16 до 18%). Подобная реакция характерна и для представи-

телей *Bacteroidetes* и *Firmicutes*. При этом долевое участие в микробиоме про-

теобактерий несколько снижалось (с 29–31 до 26%).

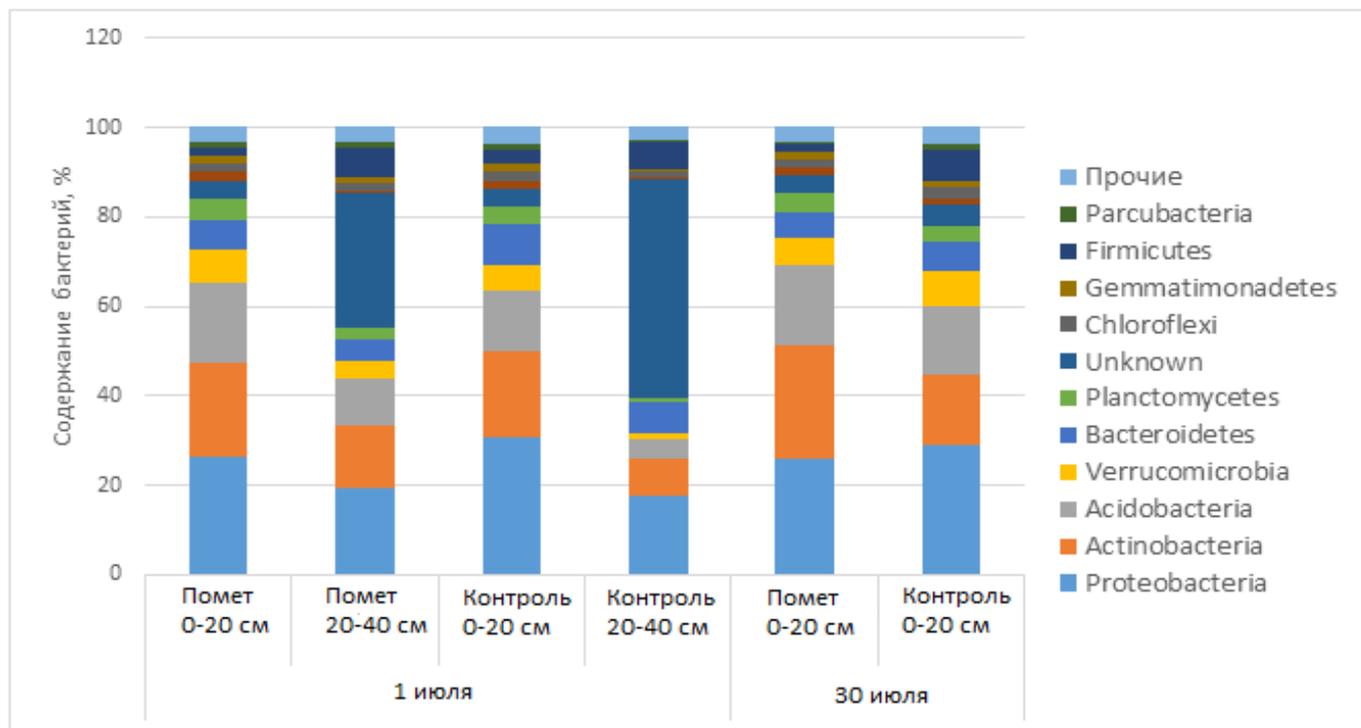


Рис. 1. Влияние последствия помета на разнообразие бактериального сообщества на уровне фил

На уровне порядков в почвенном микробиоме доминировали: *Actinomycetales* (7,3–13,9%, фила *Actinobacteria*), *Burkholderiales* (2,4–9,2%, фила *Proteobacteria*), *Rhizobiales* (2,6–7,3%, фила *Proteobacteria*), *Xanthomonadales* (1,3–7,3%, фила *Proteobacteria*), *Gaiellales* (2,4–4,5%, фила *Actinobacteria*), *Planctomycetales* (1,8–4,3%, фила *Planctomycetes*), *Sphingobacteriales* (1,7–4,3%, фила *Bacteroidetes*), *Solirubrobacterales* (0,7–3,5%, фила *Actinobacteria*), *Sphingomonadales* (0,5–3,0%, фила *Proteobacteria*) (рис. 2).

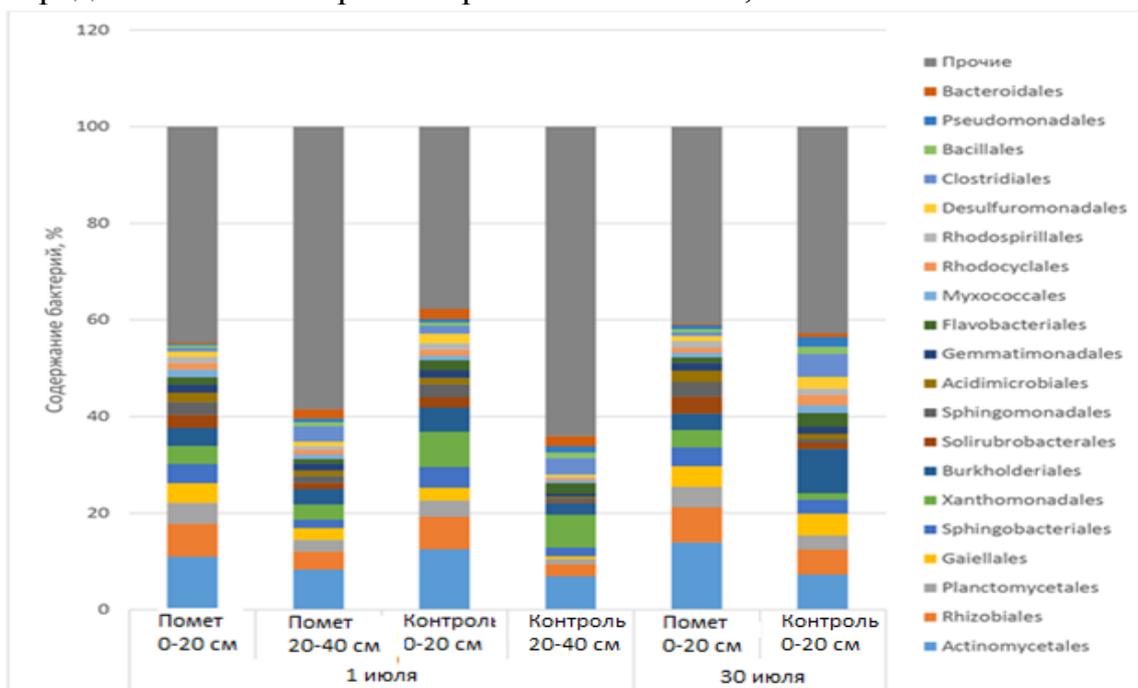
Улучшение плодородия почвы по-разному отражалось на реакции представителей отдельных порядков. Например, возросшая активность доминирующих видов, посредством внесения помета, подавляла развитие бактерий

порядка *Burkholderiales* (многие виды которых вызывают вспышки патогенных инфекций), поэтому в контрольном образце пахотного слоя почвы их содержалось значительно больше (5,0–9,2%), чем на удобренном фоне (3,4–3,7%). Положительной отзывчивостью на внесение органики выделялись бактерии порядка *Actinomycetales*, долевое участие которых возросло с 7,2–11,0 до 12,5–13,9%.

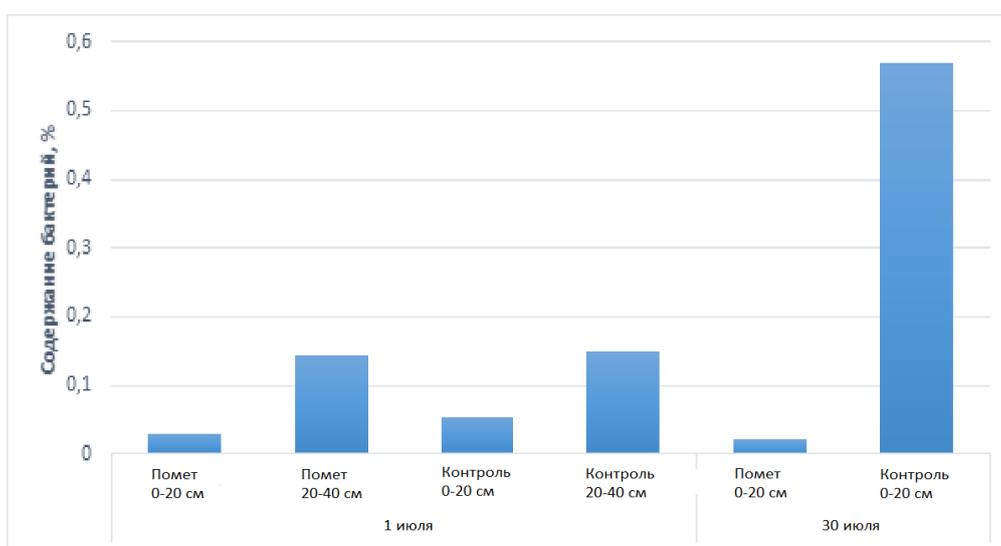
Учитывая, что в опытах изучалось последствие внесения в почву высокой дозы свежего биологизированного помета без предварительной специальной обработки (обеззараживания в хранилищах, компостирования или высушивания), поэтому в целях проверки экологической безопасности окружающей среды проводились исследования на присутст-

вие в почве условно-патогенных и патогенных микроорганизмов. Условно-патогенные энтеробактерии (семейство *Enterobacteriaceae* и др.) распространены повсеместно: в почве, воде, входят в состав микробиоты животных и человека. Во всех исследованных образцах почвы выявлены представители энтеробактерий с

незначительной в бактериальном сообществе долей, которая слабо изменялась по вариантам (рис. 3). Относительно большее содержание энтеробактерий обнаружено в контрольных образцах почвы в конце июля (0,6%). В остальных образцах доля энтеробактерий не превышала 0,15%.



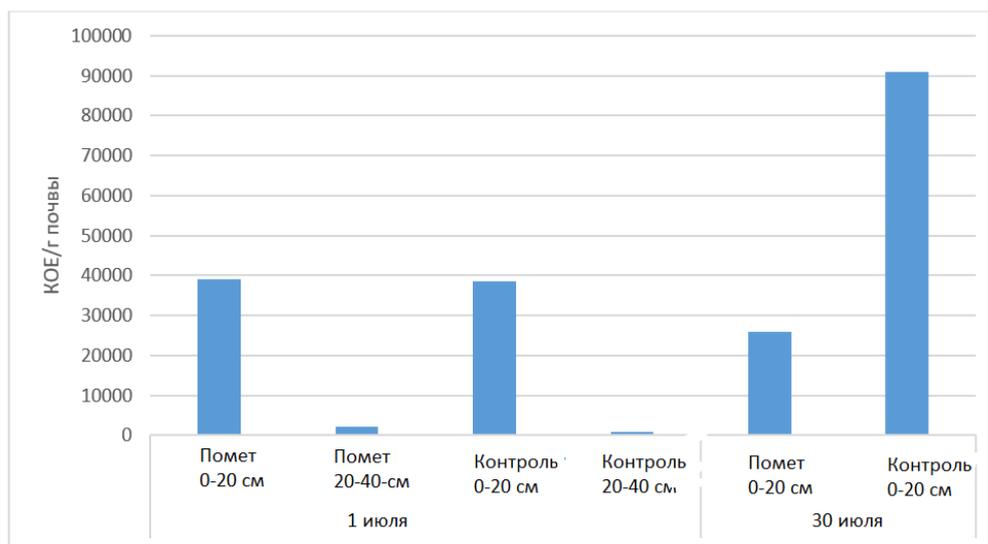
**Рис. 2. Влияние последствия помета на разнообразие бактериального сообщества на уровне порядков**



**Рис. 3. Влияние последствия помета на содержание энтеробактерий в почве в относительном количестве**

В начале опыта обилие энтеробактерий в слое почвы 0–20 см в удобренном и контрольном образцах не различалось и составляло около  $3,9 \cdot 10^4$  копий/г почвы (рис. 4). Нижний слой почвы (20–40 см) характеризовался значительно меньшим (на 2 порядка) обилием услов-

но-патогенных бактерий ( $9,1 \cdot 10^2$ – $2,1 \cdot 10^3$  копий/г). К концу опыта доля энтеробактерий в верхнем горизонте почвы несколько снизилась на фоне последействия помета (до  $2,6 \cdot 10^4$  копий/г почвы), но повысилась в контроле (до  $9,1 \cdot 10^4$  копий/г почвы).

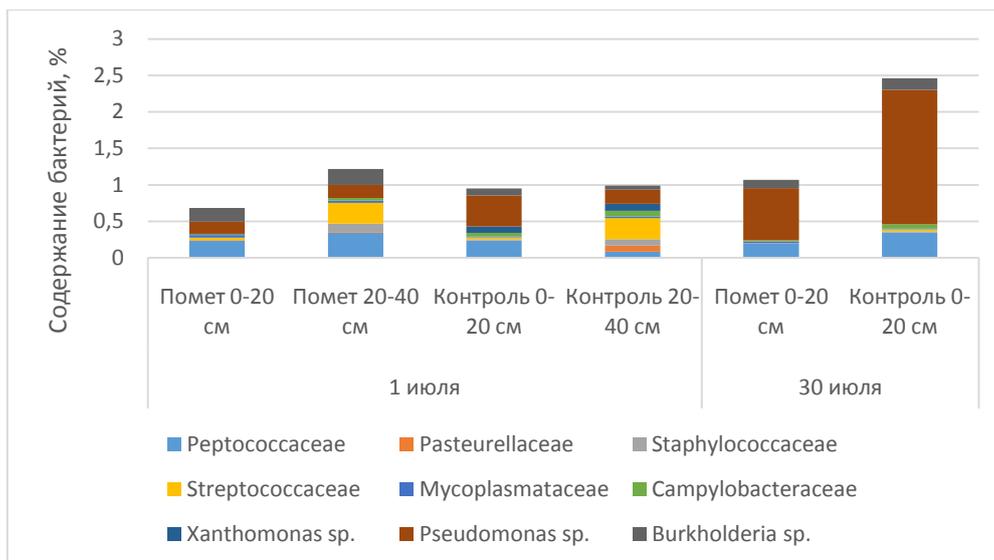


**Рис. 4. Влияние последействия помета на обилие энтеробактерий в почве в реальном количестве**

В почве выявлены патогенные таксоны животных и растений, принадлежащие семействам *Peptococcaceae*, *Pasteurellaceae*, *Staphylococcaceae*, *Streptococcaceae*, *Peptococcaceae* (фила *Firmicutes*), *Mycoplasmataceae* (фила *Tenericutes*) и *Campylobacteraceae* (фила *Proteobacteria*), а также относящиеся к видам *Xanthomonas* sp. (семейство *Xanthomonadaceae*), *Pseudomonas* sp. (семейство *Pseudomonadaceae*) и *Burkholderia* sp. (семейство *Burkholderiaceae*).

Обнаруженные в почве патогены составляли незначительную долю в микробиомах (0,7–2,5%, рис. 5). В начале опыта в верхнем горизонте почвы отмечена наименьшая доля патогенных бактерий, которая по вариантам практически не отличалась (0,7–0,8%). На глубине 20–40 см

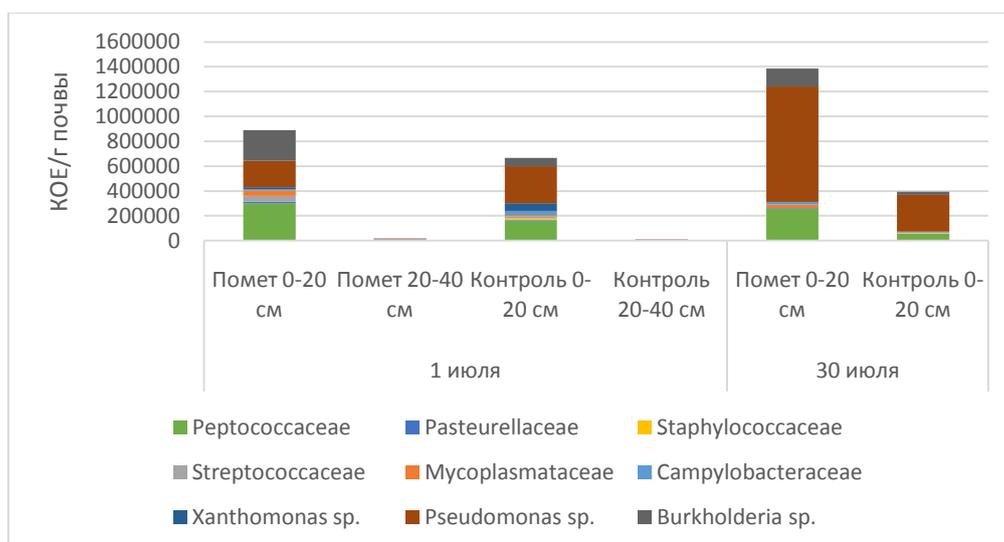
их содержание несколько повышалось (до 1,3% на удобренном варианте и до 1,0% на контроле), в основном вследствие активности анаэробных патогенов (*Peptococcaceae* и *Streptococcaceae*). Во второй срок (в сравнении с первым) отбора образцов в горизонте почвы 0–20 см содержание патогенов в удобренной почве изменилось незначительно (повысилось с 0,7 до 1,1%), а в контроле резко возросло (с 0,8 до 2,5%) с преобладанием представителей семейств *Peptococcaceae* и *Burkholderiaceae*, но особенно *Pseudomonadaceae*. Предположительно, стимулирование микробного ценоза органическим веществом помета подавляет развитие патогенов при возрастании активности других эколого-физиологических групп микроорганизмов.



**Рис. 5. Влияние последействия помета на содержание патогенных бактерий в почве в относительном количестве**

По результатам количественной ПЦР в первый срок отбора образцов из верхнего слоя почвы существенных различий в обилии патогенных бактерий по вариантам не выявлено:  $6,7 \cdot 10^5$  копий/г почвы — на контроле и  $8,9 \cdot 10^5$  — на фоне последействия помета (рис. 6). В конце опыта обилие патогенов в удоб-

ренной почве возросло (до  $1,4 \cdot 10^6$  копий/г почвы, в их числе бактерий *Pseudomonas sp.* с  $2,1 \cdot 10^5$  до  $9,3 \cdot 10^5$ ), но несколько снизилось в контроле (до  $3,9 \cdot 10^5$  копий/г). Высокой активностью в пахотном горизонте выделялись и представители *Burkholderia sp.* и *Peptococcaceae*.



**Рис. 6. Влияние последействия помета на содержание патогенных бактерий в почве в абсолютном количестве**

Относительно низкое обилие патогенных бактерий характерно для образ-

цов, отобранных в подпахотном горизонте: в удобренном и контрольном ва-

риантах, соответственно,  $1,8 \cdot 10^4$  и  $6,2 \cdot 10^3$  копий/г почвы с преобладанием бактерий *Pseudomonas* sp. и *Xanthomonas* sp. — фитопатогенов, возбудителей бактериальных заболеваний сельскохозяйственных растений, которые обнаружены во всех почвенных образцах.

**Заключение.** В процессе анализа взаимосвязи обилия патогенных бактерий в почве с применением куриного помета отмечено снижение относительного ( долевого) и повышение численного (реального) обилия микроорганизмов под влиянием обогащения почвы органикой. В контрольных образцах почвы наблюдалась обратная зависимость: увеличение долевого участия патогенов (анаэробов) при снижении их численного обилия в условиях бедного агрофона — недостатка органических веществ.

В заключение отметим: филогенетический состав микробиома изучаемой

дерново-подзолистой почвы отличался постоянством независимо от плодородия почвы, но под влиянием последствия органики (улучшения пищевого режима и кислотности почвы) на активность таксонов изменялась структура микробиома со сменой доминант и соответствующей им функциональности.

На данном этапе исследований существенного негативного влияния биологизированного свежего помета кур на экологическое состояние почвы не выявлено, а некоторое повышение обилия патогенов при снижении их долевого участия в почвенном микробиоме сопряжено с общей активностью бактерий.

В статье рассмотрены лишь некоторые аспекты экологической проблемы применения органики в растениеводстве.

Предложенная трактовка неполных данных исследований является предварительной оценкой накопленного первичного материала.

## Литература

1. Таксономическая структура микробных сообществ в почвах различных типов по данным высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S-rPHK / Е.Л. Чирак, Е.В. Першина, А.С. Дольник [и др.] // Сельскохозяйственная биология. – 2013. – Т. 48, № 3. – С. 100–109.
2. Основные тенденции в формировании почвенного микробного сообщества в условиях стационарного полевого опыта по данным высокопроизводительного секвенирования библиотек гена 16S-rPHK / В.А. Думова, Е.В. Першина, Я.В. Мерзлякова, Ю.В. Круглов, Е.Е. Андронов // Сельскохозяйственная биология. – 2013. – № 5. – С. 85–92.
3. Генное доось микробиома / Е.В. Першина, Е.Е. Андронов, Г.Г. Самосоров, А.Н. Семенов // Наука из первых рук. – 2013. – Т. 49, № 1. – С. 68–75.
4. Соколенко А.В. Некультивируемые формы бактерий: распространение в природе, индукторы некультивируемого состояния и реверсии // Современные наукоемкие технологии. – 2006. – № 2. – С. 11–15.
5. Горобей И.М., Осипова Г.М. Проблема бактериозов растений и подходы к ее решению // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2017. – Т. 47, № 4. – С. 94–102.
6. Новые возбудители бактериозов и прогноз их распространения в России / А.Н. Игнатов, Н.В. Пунина, Е.В. Матвеева, К.П. Корнев, Э.Ш. Пехтерева, В.А. Политыко // Защита и карантин растений. – 2009. – № 4. – С. 38–41.
7. Желдакова Р.А., Мямин В.Е. Фитопатогенные микроорганизмы. – Минск, 2006. – 116 с.

## References

1. Chirak E.L., Pershina E.V., Dolnik A.S. et al. Taksonomicheskaya struktura mikrobykh soobshchestv v pochvakh razlichnykh tipov po dannym vysokoproizvoditel'nogo sekvenirovaniya bibliotek gena 16S-rRNK [Taxonomic structure of microbial association indifferent soils investigated by high-throughput sequencing of 16S-rRNA gene library]. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya [Agricultural biology]*, 2013, no. 3, pp. 100–109.
2. Dumova V.A., Pershina E.V., Merzlyakova Ya.V., Kruglov Yu.V., Andronov E.E. Osnovnyye tendentsii v formirovanii pochvennogo mikrobnogo soobshchestva v usloviyakh statsionarnogo polevogo opyta po dannym vysokoproizvoditel'nogo sekvenirovaniya bibliotek gena 16S-rRNK [The main trends in the formation of the soil microbial community in the conditions of stationary field experience according to high-performance sequencing of 16S-rRNA gene libraries]. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya [Agricultural biology]*, 2013, no. 5, pp. 85–92.
3. Pershina E.V., Andronov E.E., Samosorov G.G., Semenov A.N. Gennoye dos'ye mikrobioma [Microbiome gene dossier]. *Nauka iz pervykh ruk [First-hand science]*, 2013, vol. 49, no. 1, pp. 68–75.
4. Sokolenko A.V. Nekul'tiviruyemye formy bakteriy: rasprostraneniye v prirode, induktory nekul'tiviruyemogo sostoyaniya i reversii [Uncultivated forms of bacteria: distribution in nature, inducers of uncultivated state and reversion]. *Sovremennyye naukoymkiye tekhnologii [Modern high-tech technologies]*, 2006, no. 2, pp. 11–15.
5. Gorobey I.M., Osipova G.M. Problema bakteriozov rasteniy i podkhody k yeye resheniyu [The problem of bacterioses in plants and approaches to solving it]. *Sibirskiy vestnik sel'skokhozyaystvennoy nauki [Siberian Herald of Agricultural Sciences]*, 2017, vol. 47, no. 4, pp. 94–102.
6. Ignatov A.N., Punina N.V., Matveeva E.V., Kornev K.P., Pekhtereva E.Sh., Polityko V.A. Novyye vzbuditeli bakteriozov i prognoz ikh rasprostraneniya v Rossii [New pathogens of bacterioses and the forecast of their spread in Russia]. *Zashchita i karantin rasteniy [Plant protection and quarantine]*, 2009, no. 4, pp. 38–41.
7. Zheldakova R.A., Myamin V.E. Fitopatogennyye mikroorganizmy [Phytopathogenic microorganisms]. Minsk, 2006, 116 p.