ISSN 1561-8323 (Print)
ISSN 2524-2431 (Online)

УДК 579.25
https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-5-390-398

Поступило в редакцию 13.08.2026
Received 13.08.2026

**Н. И. Наумович[1], З. М. Алещенкова[1], Е. Е. Адронов[2]**

*[1]Институт микробиологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь*
*ул. Купревича, 2, 220084, Минск, Республика Беларусь*
*[2]Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Российская Федерация*
*шоссе Подбельского, 3, 196608, Пушкин-8, Санкт-Петербург, Российская Федерация*

# МЕТАГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА ЗАСОЛЕННЫХ ПОЧВ

*(Представлено академиком А. Г. Лобанком)*

**Аннотация.** На основе метагеномного анализа изучена структура прокариотных сообществ почв, подверженных длительному техногенному засолению в зоне влияния выбросов ОАО «Беларуськалий». Показано, что основу почвенного микробиома формируют бактерии (филумы домена *Bacteria*), тогда как представители домена *Archaea* (филумы *Thermoproteota* и *Methanobacteriota*) составляют его меньшую часть. Установлено, что в локациях складирования глинисто-солевого шлама доминируют бактерии классов *Actinomycetes*, *Bacteroidia*, *Alphaproteobacteria* и *Gammaproteobacteria*. Непосредственно у основания терриконов и в ближней зоне их влияния обнаружены фотосинтезирующие прокариоты класса Cyanobacteriia, а во всех исследованных образцах зафиксировано равномерное присутствие бактерий класса *Bacilli*. Полученные результаты расширяют представления о функциональном разнообразии микробных сообществ почв в условиях антропогенного стресса и могут служить основой для разработки биотехнологий рекультивации засоленных земель.

**Ключевые слова:** метагеномика, техногенное засоление, высокопроизводительное секвенирование, микробное сообщество, таксономический анализ

**Для цитирования.** Наумович, Н. И. Метагеномный анализ микробного сообщества засоленных почв / Н. И. Наумович, З. М. Алещенкова, Е. Е. Адронов // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2026. – Т. 70, № 5. – С. 390–398. https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-5-390-398

**Nadezhda I. Naumovich[1], Zinaida M. Aleschenkova[1], Evgeny E. Adronov[2]**

*[1]Institute of Microbiology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus*
*2, Kuprevich Str., 220141, Minsk, Republic of Belarus*
*[2]All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, Saint Petersburg, Russian Federation*
*3, Podbelskogo Highway, 196608, Pushkin-8, Saint Petersburg, Russian Federation*

# METAGENOMIC ANALYSIS OF THE MICROBIAL COMMUNITY OF SALINE SOILS

*(Communicated by Academician Anatoly G. Lobanok)*

**Abstract.** Metagenomic analysis was used to study the structure of prokaryotic communities in soils subjected to long-term technogenic salinization within the impact zone of emissions from JSC Belaruskali. The results demonstrate that bacteria (phyla of the domain *Bacteria*) constitute the core of the soil microbiome, whereas representatives of the domain *Archaea* (phyla *Thermoproteota* and *Methanobacteriota*) make up a smaller fraction. It was found that bacteria belonging to the classes *Actinomycetes*, *Bacteroidia*, *Alphaproteobacteria*, and *Gammaproteobacteria* dominate at sites where clay-salt sludge is stockpiled. Photosynthetic prokaryotes of the class Cyanobacteriia were detected directly at the base of the spoil heaps and in the immediate vicinity, while bacteria of the class *Bacilli* were uniformly present in all samples analyzed. These findings expand our understanding of the functional diversity of soil microbial communities under anthropogenic stress and may serve as a basis for developing biotechnologies for the remediation of saline lands.

**Keywords:** metagenomics, technogenic salinization, high-throughput sequencing, microbial communities, taxonomic analysis

**For citation.** Naumovich N. I., Aleschenkova Z. M., Adronov E. E. Metagenomic analysis of the microbial community of saline soils. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2026, vol. 70, no. 5, pp. 390–398 (in Russian). https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-5-390-398

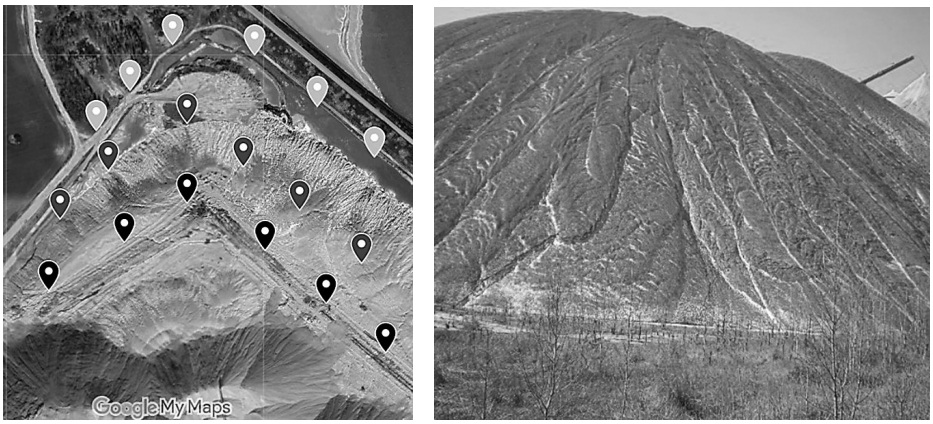
© Наумович Н. И., Алещенкова З. М., Адронов Е. Е., 2026

**Введение.** Изучение микробного разнообразия почвенных сообществ засоленных почв вызывает особый интерес в связи с проблемами глобального изменения климата, деградации и снижения плодородия почв, подверженных антропогенному воздействию. Климатические изменения и возрастающая антропогенная нагрузка приводят к опустыниванию и увеличению доли засоленных почв в природных экосистемах по всему миру. Высокая концентрация соли в почве изменяет доступность воды и питательных веществ для микроорганизмов, что отрицательно влияет на состав и структуру микробного сообщества почв и приводит к снижению их плодородия. В настоящее время актуальны исследования состава и структуры микробного сообщества почв в условиях засоления, которые могут дать представления об адаптации микроорганизмов к неблагоприятным факторам среды и их роли в круговороте основных питательных веществ, таких как углерод, азот и фосфор. Исследование биоразнообразия почвенных микроорганизмов может способствовать диагностике состояния нарушенных засоленных почв, их биорекультивации и реабилитации [1].

В связи с этим перспективны исследования структуры, разнообразия и функциональности микроорганизмов, встречающихся в засоленных почвах различных регионов. Появление новых инструментов анализа способствует изучению структурно-функциональной организации биоценозов микроорганизмов почвы. Особое место среди них занимает метагеномика – анализ суммарного генетического материала, выделяемого из целой биологической системы. На протяжении последних двух десятилетий при помощи метагеномики активно изучаются структура и разнообразие почвенных микробных сообществ и их связь с внешними факторами. Сочетание метагенетических с классическими методами микробиологии представляется многообещающим способом решения глобальных вопросов экологии почвенных микроорганизмов, касающихся взаимосвязи структуры микробных сообществ и свойств почвы, подвергающихся антропогенному воздействию [2; 3].

Цель исследования – изучить таксономическую структуру микробиома почв, подверженных длительному техногенному засолению в зоне действия выбросов ОАО «Беларуськалий» с помощью высокопроизводительного секвенирования.

**Материалы и методы исследования.** Объектом нашего исследования являлись образцы техногенно засоленной почвы, отобранной в районе складирования глинисто-солевого шлама на территории Старобинского месторождения калийных солей (ОАО «Беларуськалий»). Отбор проб проводили методом ручного бурения с глубины 15–20 см с трех участков засоленной почвы, расположенных в районе складирования отходов Старобинского месторождения калийных солей, по признаку снижения засоленности, водных суспензий почвы (рис. 1).




*a* *b*

Рис. 1. Место отбора почвенных образцов (спутниковый снимок (*a*) и фото терриконов (*b*)): черный цвет – основание терриконов (St2); серый – через 150–170 м от мест складирования отходов (St3); светло-серый цвет – через 200–250 м от мест складирования отходов (St4)

Fig. 1. Location of soil sampling (satellite image (*a*) and photo of waste heaps (*b*)): black color – base of waste heaps (St2); grey color – after 150–170 m from waste storage sites (St3); light grey – after 200–250 m from waste storage sites (St4)

Контрольные образцы (St1) отбирались из незасоленных почв на территории Биологической опытной станции Института генетики и цитологии НАН Беларуси (200 км от мест складирования отходов).

Измерение содержание солей в почве проводили при помощи портативного кондуктометра КП-150МИ согласно инструкции производителя. Выделение метагеномной ДНК из образцов почвы проводили набором NucleoSpin DNA Soil (Macherey-Nagel, Германия) в соответствии с рекомендациями производителя. Таксономический состав бактериального сообщества определяли на основании анализа ампликонных библиотек фрагментов рибосомальных оперонов. В работе использовали универсальные праймеры F515/R806 на вариабельный участок гена 16SрРНК-v4 (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA/GGACTACVSGGGTATCTAAT), специфичные для широкого круга микроорганизмов, включая бактерии и археи [4]. Все праймеры имели служебные последовательности, содержащие линкеры и баркоды (необходимые для секвенирования по технологии Illumina).

ПЦР была проведена в 15 мкл реакционной смеси, содержащей 0,5–1,0 единицу активности полимеразы Q5® High-Fidelity DNA Polymerase (NEB, США), по 5 пкМ прямого и обратного праймеров, 10 нг ДНК-матрицы и 2 нМ каждого dNTP (LifeTechnologies). Смесь денатурировали при 94 °С 1 мин, после чего следовало 35 циклов: 94 °С – 30 с, 50 °С – 30 с, 72 °С – 30 с. Финальная элонгация проводилась при 72 °С 3 мин. ПЦР продукты очищали по рекомендованной Illumina методике с использованием AMPureXP (Beckman Coulter, США).

Дальнейшую подготовку библиотек проводили в соответствии с инструкцией производителя MiSeq Reagent Kit Preparation Guide (Illumina). Библиотеки секвенировали в соответствии с инструкцией изготовителя на приборе Illumina MiSeq (Illumina, США) с использованием набора реактивов MiSeq® ReagentKit v3 (600 cycle) с двусторонним чтением (2·300 н).

Первоначальная обработка полученных данных, а именно, демультиплексирование образцов и удаление адаптеров, проводилась с помощью программного обеспечения компании Illumina (Illumina, США). Для последующего «деноизинга», объединения последовательностей, удаления химерных прочтений, восстановления исходных филотипов (ASV, Amplicon sequence variant) и дальнейшей таксономической классификации полученных ASV, использовали программные пакеты dada2 [5], phyloseq [6] и DECIPHER [7] и базу данных рибосомальной РНК SILVA релиз 138 [8], работа осуществлялась в программной среде R. Для представления данных таксономического анализа использовались средства программного пакета QIIME [9].

**Результаты и их обсуждение.** Методом высокопроизводительного секвенирования фрагмента гена 16S рРНК был исследован таксономический состав микроорганизмов в почвенных образцах, отобранных в районе складирования глинисто-солевого шлама на территории Старобинского месторождения калийных солей. Индекс видового разнообразия Шеннона оказался достаточно ровным, при этом самым низким он был в образцах почвы, отобранной у основания терриконов, и наиболее высоким в почве, отобранной на расстоянии 200 км от источника загрязнения (табл. 1).

Таблица 1. **Разнообразие микроорганизмов в почве, подвергшейся длительному техногенному засолению**

Table 1. **Diversity of microorganisms in soil subjected to long-term technogenic salinization**

| Образец<br>Sample | Археи, %<br>Archaea, % | Бактерии, %<br>Bacteria, % | Индекс Шеннона<br>Shannon index |
|---|---|---|---|
| St1 Контрольная почва (200 км от основания терриконов) | 4,0 | 96,0 | 3,53 |
| St2 Основание террикона | 14,3 | 85,7 | 3,45 |
| St3 150 м от основания террикона | 0,8 | 99,2 | 3,89 |
| St4 250 м от основания террикона | 1,5 | 98,5 | 3,67 |

Археи составили от 0,8 до 14,4 % от всех 16S рРНК сиквенсов и были представлены 2 филумами: *Thermoproteota*, *Methanobacteriota*. Бактерии составили от 85,6 до 99,2 % от всех 16S рРНК сиквенсов и были представлены 15 филумами: *Acidobacteriota*, *Actinomycetota*, *Bacteroidota*, *Bdellovibrionota*, *Chloroflexota*, *Cyanobacteria*, *Deinococcota*, *Fibrobacterota*, *Bacillota*, *Gemmatimonadota*, *Nitrospirota*, *Planctomycetota*, *Pseudomonadota*, *Spirochaetota*, *Verrucomicrobiota*.

Анализ таксономической структуры прокариотных сообществ почвы, отобранных в районе складирования глинисто-солевого шлама на территории Старобинского месторождения калийных солей, показал, что домен *Archaea* представлен двумя филумами *Thermoproteota*, *Methanobacteriota.* Следует отметить, что филум *Methanobacteriota* являлся одним из доминирующих филумов среди *Archaea*, доля представителей которого находилась в диапазоне от 0,1 до 14,4 % от всего состава прокариот. Филум *Methanobacteriota* представлен одним классом *Halobacteria* (0,1–14,4 %), в состав которого входят три семейства *Halobacteriaceae*, *Halococcaceae* и *Haloferacaceae*, численность которых равнялась 11,1; 0,1–0,5 и 0,5–0,9 % от общего состава прокариот соответственно. Представители класса *Halobacteria* являются облигатными галофилами, обитающими в различных экосистемах с широким диапазоном солености от 10,0 до 32,0 % [10].

Из этого можно сделать вывод, что состав микробиома почвы в местах складирования зависит от содержания солей в почве. Установлено, что по мере удаления от источника загрязнения и уменьшения концентрации хлорида натрия с 3,4 до 0,034 % наблюдается снижение доли представителей данного филума с 14,4 до 0,1 % от всего обилия *Archaea* и увеличение доли представителей филума *Thermoproteota* с 0,2 до 4,0 % от всего обилия *Archaea*. Максимальная доля представителей филума *Thermoproteota* выявлена в почве, отобранной на расстоянии 200 км от ОАО «Беларуськалий», и представлена одним семейством *Nitrosophaeraceae* и родом *Nitrocosmicus.*

Метагеномный анализ прокариотных сообществ засоленных почв, отобранных в районе действия выбросов ОАО «Беларуськалий», выявил, что наибольшую долю во всех образцах занимают представители домена *Bacteria* (85,7–99,2 %) (рис. 2).

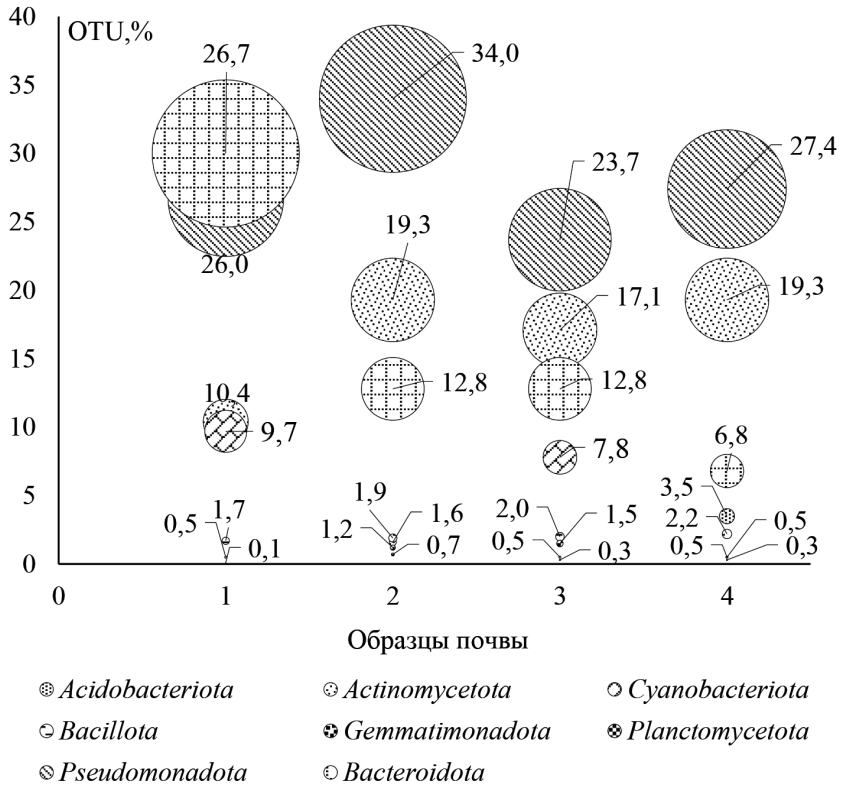



Рис. 2. Доля основных таксономических групп бактерий (на уровне филумов) в составе микробных сообществ в почвах, отобранных в районе действия выбросов ОАО «Беларуськалий». Обозначения мест отбора проб: *1* – почва, отобранная у основания мест складирования отходов; *2* – почва, отобранная через 150 м от мест складирования отходов; *3* – почва, отобранная через 250 м от мест складирования отходов; *4* – контрольная почва, отобранная на расстоянии 200 км

Fig. 2. The share of the main taxonomic groups of bacteria (at the phylum level) in the composition of microbial communities in soils sampled in the area of JSC Belaruskali emissions. Designations of sampling locations: *1* – soil sampled at the base of waste storage sites; *2* – soil sampled 150 m from waste storage sites; *3* – soil sampled 250 m from waste storage sites; *4* – control soil sampled at a distance of 200 km

По данным проведенного таксономического анализа установлено, что во всех почвах наиболее многочисленным был филум *Pseudomonadota* (23,7–34,0 % от общего обилия). Наблюдается уменьшение доли в микробиоме почв по мере удаления от мест складирования отходов, групп бактерий филума *Actinomycetota* (от 19,3 до 10,4 % от общего обилия) и *Bacteroidota* (от 26,7 до 6,8 % общего состава сообщества).

Филумы *Acidobacteriota* (0,1–3,5 %), *Cyanobacteriota* (0,3–9,7 %), *Bacillota* (1,7–2,2 %), *Gemmatimonadota* (0,3–1,8 %), *Planctomycetota* (0,5–1,7 %) выступали в качестве групп среднего обилия в исследованных образцах. Стоит отметить, что также большую часть от общего состава микробиома занимает группа неклассифицированных бактерий (7,9–28,2 %).

В результате профилирования микробных сообществ почв, отобранных в районе складирования глинисто-солевого шлама на территории Старобинского месторождения калийных солей, было показано, что доминирующими классами во всех образцах являлись *Actinobacteria* (10,4–18,5 %), *Bacteroidia* (6,8–26,7 %), *Alphaproteobacteria* (9,5–16,9 %), *Gammaproteobacteria* (11,9–17,1 %), а остальные группы представлены в меньшей степени (табл. 2).

Т а б л и ц а 2. **Разнообразие наиболее представленных таксонов прокариот на уровне класса в образцах почвы, отобранных в районе действия выбросов ОАО «Беларуськалий»**

T a b l e 2. **Diversity of the most represented prokaryotic taxa at the class level in soil samples collected in the area of emissions from JSC Belaruskali**

| Филум<br>Phylum | Класс<br>Class | Таксономическая структура на уровне класса, % от общего состава сообщества<br>Taxonomic structure at the class level, % of the total community composition | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | | St1 | St2 | St3 | St4 |
| *Acidobacteriota* | *Blastocatellia* | 2,5 | 0,1 | 0,7 | 0,2 |
| | *Acidobacteriae* | 0,7 | 0,0 | 0,1 | 0,3 |
| *Actinomycetota* | *Actinomycetes* | 16,0 | 10,4 | 18,5 | 15,5 |
| | *Thermoleophilia* | 2,2 | 0,0 | 0,1 | 1,0 |
| *Bacteroidota* | *Bacteroidia* | 6,8 | 26,3 | 12,7 | 12,6 |
| *Cyanobacteriota* | *Cyanobacteriia* | 0,3 | 9,7 | 1,2 | 7,8 |
| *Bacillota* | *Bacilli* | 2,1 | 1,7 | 1,7 | 1,8 |
| *Gemmatimonadota* | *Gemmatimonadetes* | 1,8 | 0,0 | 0,3 | 0,5 |
| *Planctomycetota* | *Planctomycetes* | 0,5 | 0,5 | 0,7 | 1,5 |
| *Myxococcota* | *Myxococcia* | 0,5 | 0,0 | 0,3 | 0,2 |
| | *Polyangia* | 1,0 | 0,0 | 0,5 | 0,3 |
| *Pseudomonadota* | *Alphaproteobacteria* | 15,5 | 9,5 | 16,9 | 10,9 |
| | *Gammaproteobacteria* | 11,9 | 16,5 | 17,1 | 12,8 |

Филум *Pseudomonadota* (23,7–34,0 %) являлся одним из доминирующих групп и в основном представлен двумя классами *Alphaproteobacteria* и *Gammaproteobacteria*. Представители класса *Gammaproteobacteria* обнаруживались во всех почвенных образцах, однако наиболее многочисленной была почва, отобранная у основания (16,5 %) терриконов и на расстоянии 150 м (17,1 %) от мест складирования отходов калийного производства. Данный факт может быть объяснен тем, что характер среды напрямую может влиять на видовой состав и его соотношение в сообществе. Это подтверждается тем, что в образцах почвы, отобранной у основания и на расстоянии 150 м от терриконов, одним из наиболее многочисленных было семейство *Marinobacteraceae*, где на их долю приходится 7,5 и 2,5 % от общего числа представителей класса *Gammaproteobacteria*. Данный факт может быть объяснен тем, что обе точки отбора содержат хлорид натрия в концентрации 3,4 и 2,5 % соответственно, что в свою очередь сказывается на составе микробиома засоленных почв. Это подтверждает, что представители семейства *Marinobacteraceae* – галофильные и галотолератные бактерии, обитают в засоленных почвах, гиперсоленых озерах, пещерных комплексах и т. д. [11]. Стоит отметить, что только в образцах почвы, отобранной у основания терриконов, содержащих хлорид натрия в концентрации 3,4 %, обнаруживались представители семейства *Idiomarinaceae*, на долю которых приходилось 2,6 % от общего числа представителей класса *Gammaproteobacteria*. Представители семейства *Idiomarinaceae* – это умеренные галофи-

лы, обитающие в гиперсоленой среде с широким диапазоном солености от 0,5 до 20,0 % [12]. Из этого можно сделать вывод, что состав микробиома почвы в местах складирования зависит от содержания солей в почве. Установлено, что по мере удаления от мест складирования увеличивается доля представителей семейства *Pseudomonadaceae* с 0,9 до 5,8 % от общего числа представителей класса *Gammaproteobacteria.*

Представители класса *Alphaproteobacteria* наиболее многочисленными были в почвенных образцах, отобранных на расстоянии 200 км и 150 м от терриконов и составляли 15,5 и 16,9 % от общего числа представителей филума *Pseudomonadota*. Наиболее многочисленным среди класса *Alphaproteobacteria* было семейство *Sphingomonadaceae*, доля представителей которого находилась в диапазоне 2,9–8,9 % от общего числа представителей *Alphaproteobacteria.* Данный факт может быть объяснен тем, что представители семейства *Sphingomonadaceae* – грамотрицательные бактерии, обладающие солеустойчивостью (3,0 %), кислотоустойчивостью (pH 4–11), способные выдерживать широкий температурный диапазон (0–37 °C), имеют разнообразные метаболические пути, включая использование различных источников углерода [13]. Также следует отметить, что в составе микробиома почв по мере приближения к месту складирования отходов увеличивается доля представителей семейства *Rhodobacteraceae* от 0,4 до 4,1 % от общего числа представителей *Alphaproteobacteria*. Возможно, это связано с тем, что для части представителей семейства *Rhodobacteraceae* характерно обитание в соленых озерах или почвах [14].

В почве, отобранной на расстоянии 150 и 200 м от терриконов, обнаруживаются представители семейства *Pseudomonadaceae*, численность которых равнялась 5,8 и 2,4 %, а в почве, отобранной у основания терриконов, содержащей хлорид натрия в концентрации 3,4 %, представители данного семейства не были выявлены.

Вторым по численности в данных образцах почв являлся филум *Bacteroidota* (6,8–26,7 % от общего состава сообщества), в котором наиболее представленным был класс *Bacteroidia*, микроорганизмы, которые были наиболее многочисленны в почвенных образцах, отобранных у основания терриконов, и составляли 26,3 % от общей численности филума *Bacteroidota*. В образцах почвы, отобранной на расстоянии 150 и 200 м от мест складирования отходов, численность представителей данного класса находилась в диапазоне 12,6–12,7 %. В сообществе класса *Bacteroidia* встречались представители семейств: *Chitinophagaceae* (1,7–5,4 %), *Hymenobacteraceae* (0,6–6,9 %) и *Flavobacteriaceae* (4,7–14,7 %).

Микробное сообщество почв, отобранных в районе складирования глинисто-солевого шлама на территории Старобинского месторождения калийных солей, характеризовалось высоким содержанием представителей филума *Actinomycetota* (от 19,3 до 10,4 % от общего обилия), среди которого доминирующим был класс *Actinomycetes*, доля представителей данного класса была высокой и находилась в диапазоне 10,4–18,5 % от общего числа представителей филума *Actinomycetota.* Установленный факт влияния характера засоления среды на видовой состав почв согласуется с данными ряда авторов, показавшими, что представители класса *Actinomycetes* встречаются в различных экологических нишах, содержащих высокие концентрации соли, в таких как соленые озера, морская вода, рассолы, засоленные почвы и гиперсоленые регионы [14]. Например, представители семейства *Nocardiodaceae* (4,5–6,5 % от общего числа представителей класса *Actinomycetes*) – это почвенные актиномицеты, которые способны переносить хлорид натрия в концентрации 0,5–6,0 % [15]. Нами было показано, что представитель семейства *Nocardiodaceae*, а именно *Rhodococcus jostii* БИМ В-1353 Д, выделенный из образцов почвы, отобранной у основания терриконов, способен расти в присутствии хлорида натрия в концентрации 10 % [16]. В сообществе класса *Actinomycetes* выявлены представители семейств *Micrococcaceae* (0,3–6,7 %) и *Intrasporangiaceae* (0,7–1,8 %), бактерии данных семейств часто обнаруживаются в экстремальных местообитаниях [16]. Также наблюдается увеличение доли представителей семейства *Thermoleophilia* по мере удаления от мест складирования отходов с 0,1 до 2,2 % от общего числа представителей класса *Actinomycetes.*

Анализ таксономической структуры прокариотных сообществ почвы, отобранной в местах складирования отходов, показал наличие представителей классов *Cyanobacteriia* (филум *Cyanobacteriota*) и *Bacilli* (филум *Firmicutes*). Следует отметить, что представители класса *Cyanobacteriia*

наиболее многочисленными были в почве, отобранной у основания терриконов (9,7 %) и на расстоянии 200 м (7,8 %) от места складирования отходов. Данный факт согласуется с тем, что цианобактерии заселяют практически все наземные и водные биотопы, в том числе соленые водоемы, пустыни и городские почвы, характеризующиеся повышенным содержанием солей, оказывают важное влияние на плодородие техногенно нарушенных почв, обогащая ее азотом, углеродом, фитогормонами и тем самым стимулируя дальнейшее развитие растительного покрова [17].

В исследуемых образцах почвы отмечено равномерное распределение представителей класса *Bacilli*, где на их долю приходилось 1,7–2,1 % от общего числа представителей филума *Firmicutes.* Следует заметить, что доля представителей семейства *Bacillaceae* (класс *Bacilli*) в исследуемых образцах колебалась с 0,1 до 1,6 %. Это подтверждает тот факт, что представители семейства *Bacillaceae* адаптированы к различным экологическим нишам и широко распространены по всему миру, поскольку они обладают высокой устойчивостью к действию неблагоприятных факторов окружающей среды [18]. Выделенный нами из засоленной почвы штамм *Priestia megaterium* БИМ В-1314 Д был устойчив к 15,0 % хлорида натрия в среде, что подтвердило наличие в его геноме генов, продукты которых ответственны за устойчивость к осмотическому стрессу [19].

Анализ разнообразия фрагментов гена 16S рРНК показал, что во всех почвенных образцах доля представителей классов *Blastocatellia*, *Acidobacteriae* (филум *Acidobacteriota*), *Gemmatimonadetes* (филум *Gemmatimonadota*), *Planctomycetes* (филум *Planctomycetota), Myxococcia* и *Polyangia* (филум *Myxococcota*) составляла ≥1,0 %. Следует отметить, что численность представителей этих классов по мере удаления от источника загрязнения увеличивалась.

**Заключение.** На основании метагеномного анализа (секвенирование 16S рРНК) установлены закономерности трансформации прокариотных сообществ почв Старобинского месторождения при техногенном засолении. Складирование глинисто-солевого шлама снижает индекс разнообразия Шеннона: по мере роста концентрации NaCl с 0,034 до 3,4 % (вблизи терриконов) биологическое разнообразие падает. В домене *Bacteria* маркерами солевого стресса служат филумы *Actinomycetota* и *Bacteroidota* (класс *Bacteroidia*), доля которых возрастает в зоне наибольшего воздействия. Внутри филума *Pseudomonadota* типичные почвенные виды *Pseudomonadaceae* элиминируются, замещаясь галофильными семействами *Marinobacteraceae*, *Idiomarinaceae* и *Rhodobacteraceae*. В домене *Archaea* (0,8–14,4 %) фоновые нитрифицирующие *Thermoproteota* вытесняются облигатно галофильным классом *Halobacteria* (филум *Methanobacteriota*), численность которого у отвалов достигает 14,4 %. Полученные результаты расширяют представления об адаптации микробиомов к антропогенному засолению. Выявленные представители солеустойчивых таксономических групп могут быть использованы в качестве перспективных биомаркеров для проведения экологического мониторинга и разработки программ биорекультивации нарушенных земель.

**Благодарности.** Исследование выполнено при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (грант № Б23МС-003).

**Acknowledgments.** This study was carried out with the financial support of the Belarusian Republican Foundation for Fundamental Research (grant no. Б23МС-003).

## Список использованных источников

1. Enebe, M. C. The influence of plant growth-promoting rhizobacteria in plant tolerance to abiotic stress: a survival strategy / M. C. Enebe, O. O. Babalola // Applied Microbiology and Biotechnology. – 2018. – Vol. 102. – P. 7821–7835. https://doi.org/10.1007/s00253-018-9214-z

2. Microbial diversity and functions in saline soils: A review from a biogeochemical perspective / G. Zhang, J. Bai, Y. Zhai [et al.] // Journal of Advanced Research. – 2024. – Vol. 59. – P. 129–140. https://doi.org/10.1016/j.jare.2023.06.015

3. Чернов, Т. И. Метагеномный анализ прокариотных сообществ профилей почв европейской части России: дис. … канд. биол. наук: 03.02.03 / Чернов Тимофей Иванович. – М., 2015. – 111 с.

4. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil / S. T. Bates, D. Berg-Lyons, J. G. Caporaso [et al.] // The International Society for Microbial Ecology Journal. – 2011. – Vol. 5, N 5. – P. 908–917. https://doi.org/10.1038/ismej.2010.171

5. Callahan, B. J. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data / B. J. Callahan, P. J. McMurdie, M. J. Rosen // Nature Methods. – 2016. – Vol. 13. – P. 581–853. https://doi.org/10.1038/nmeth.3869

6. McMurdie, P. J. phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data / P. J. McMurdie, S. Holmes // PLOS one. – 2013. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217

7. Wright, E. S. Using DECIPHER v2.0 to analyze big biological sequence data in R / E. S. Wright // R Journal. – 2016. – Vol. 8, N 1. – P. 352–359. https://doi.org/10.32614/RJ-2016-025

8. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools / C. Quast, E. Pruesse, P. Yilmaz [et al.] // Nucleic Acids Research. – 2013. – Vol. 41, N D1. – P. D590–D596. https://doi.org/10.1093/nar/gks1219

9. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data / J. G. Caporaso, J. Kuczynski, J. Stombaugh [et al.] // Nature Methods. – 2010. – Vol. 7. – P. 335–336. https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303

10. Pan-genome analysis and ancestral state reconstruction of class halobacteria: probability of a new super-order / S. Gaba, A. Kumari, M. Medema, R. Kaushik // Scientific Reports. – 2020. – Vol. 10. – Art. 21205. https://doi.org/10.1038/s41598-020-77723-6

11. Marinobacter: A case study in bioelectrochemical chassis evaluation / L. J. Bird, R. L. Mickol, B. J. Eddie [et al.] // Microbial Biotechnology. – 2023. – Vol. 16, N 3. – P. 494–506. https://doi.org/10.1111/1751-7915.14170

12. The hypersaline soils of the odiel saltmarshes natural area as a source for uncovering a new taxon: *Pseudidiomarina terrestris* sp. nov / C. Galisteo, R. R. de la Haba, A. Ventosa, C. Sánchez-Porro // Microorganisms. – 2024. – Vol. 12, N 2. – Art. 375. https://doi.org/10.3390/microorganisms12020375

13. Han, D. Diverse biofilm-forming *Sphingomonadaceae* represent twelve novel species isolated from glaciers on the Tibetan Plateau / D. Han, Y. H. Xin, Q. Liu // International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. – 2025. – Vol. 75, N 9. – Art. 006913. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.006913

14. Actinomycetes in the spotlight: biodiversity and their role in bioremediation / H. S. Hashim, M. M. Zayan, A. A. Mohamed, H. I. A. El Rahman Abulila // World Journal of Microbiology and Biotechnology. – 2026. – Vol. 42. – Art. 44. https://doi.org/10.1007/s11274-025-04610-5

15. Actinomycetes as an environmental scrubber / S. Devanshi, K. R. Shah, S. Arora, S. Saxena // Crude Oil – New Technologies and Recent Approaches. – 2021. – URL: https://www.intechopen.com/chapters/78507 (date of access: 30.07.2026).

16. Выделение и идентификация микроорганизмов, устойчивых к засолению почв / Н. И. Наумович, З. М. Алещенкова, И. Н. Ананьева [и др.] // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя біялагічных навук. – 2022. – Т. 67, № 1. – С. 54–65. https://doi.org/10.29235/1029-8940-2022-67-1-54-65

17. Allaf, M. M. Cyanobacteria: Model microorganisms and beyond / M. M. Allaf, H. Peerhossaini // Microorganisms. – 2022. – Vol. 10, N 4. – Art. 696. https://doi.org/10.3390/microorganisms10040696

18. *Bacillales*: from taxonomy to biotechnological and industrial perspectives / S. Harirchi, T. Sar, M. Ramezani [et al.] // Microorganisms. – 2022. – Vol. 10, N 12. – Art. 2355. https://doi.org/10.3390/microorganisms10122355

19. Молекулярно-генетическая характеристика галотолерантного штамма *Priestia megaterium* БИМ В-1314Д / Н. И. Наумович, З. М. Алещенкова, И. Н. Ананьева [и др.] // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2022. – Т. 66, № 1. – С. 55–64. https://doi.org/10.29235/1561-8323-2022-66-1-55-64

## References

1. Enebe M. C., Babalola O. O. The influence of plant growth-promoting rhizobacteria in plant tolerance to abiotic stress: a survival strategy. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2018, vol. 102, pp. 7821–7835. https://doi.org/10.1007/s00253-018-9214-z

2. Zhang G., Bai J., Zhai Y., Jia J., Zhao Q., Wang W., Hu X. Microbial diversity and functions in saline soils: A review from a biogeochemical perspective. *Journal of Advanced Research*, 2024, vol. 59, pp. 129–140. https://doi.org/10.1016/j.jare.2023.06.015

3. Chernov T. I. *Metagenome Analysis of Prokaryotic Communities in Soil Profiles of the European Part of Russia*: *Ph. D. thesis*. Moscow, 2015. 111 p. (in Russian).

4. Bates S. T., Berg-Lyons D., Caporaso J. G., Walters W. A, Knight R., Fierer N. Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil. *The International Society for Microbial Ecology Journal*, 2011, vol. 5, no. 5, pp. 908–917. https://doi.org/10.1038/ismej.2010.171

5. Callahan B. J., McMurdie P. J., Rosen M. J. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 2016, vol. 13, pp. 581–853. https://doi.org/10.1038/nmeth.3869

6. McMurdie P. J., Holmes S. phyloseq: An R Package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLOS one*, 2013. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217

7. Wright E. S. Using DECIPHER v2.0 to analyze big biological sequence data in R. *R Journal*, 2016, vol. 8, no. 1, pp. 352–359. https://doi.org/10.32614/RJ-2016-025

8. Quast C., Pruesse E., Yilmaz P., Gerken J., Schweer T., Yarza P., Peplies J., Glöckner F. O. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research*, 2013, vol. 41, no. D1, pp. D590–D596. https://doi.org/10.1093/nar/gks1219

9. Caporaso J. G., Kuczynski J., Stombaugh J., Bittinger K., Bushman F. D., Costello E. K., Fierer N. [et al.]. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*, 2010, vol. 7, pp. 335–336. https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303

10. Gaba S., Kumari A., Medema M., Kaushik R. Pan-genome analysis and ancestral state reconstruction of class halobacteria: probability of a new super-order. *Scientific Reports*, 2020, vol. 10, art. 21205. https://doi.org/10.1038/s41598-020-77723-6

11. Bird L. J., Mickol R. L., Eddie B. J., Thakur M., Yates M. D., Glaven S. M. Marinobacter: A case study in bioelectrochemical chassis evaluation. *Microbial Biotechnology*, 2023, vol. 16, no. 3, pp. 494–506. https://doi.org/10.1111/1751-7915.14170

12. Galisteo C., de la Haba R. R., Ventosa A., Sánchez-Porro C. The hypersaline soils of the odiel saltmarshes natural area as a source for uncovering a new taxon: *Pseudidiomarina terrestris* sp. nov. *Microorganisms*, 2024, vol. 12, no. 2, art. 375. https://doi.org/10.3390/microorganisms12020375

13. Han D., Xin Y. H., Liu Q. Diverse biofilm-forming *Sphingomonadaceae* represent twelve novel species isolated from glaciers on the Tibetan Plateau. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2025, vol. 75, no. 9, art. 006913. https://doi.org/10.1099/ijsem.0.006913

14. Hashim H. S., Zayan M. M., Mohamed A. A., El Rahman Abulila H. I. A. Actinomycetes in the spotlight: biodiversity and their role in bioremediation. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2026, vol. 42, art. 44. https://doi.org/10.1007/s11274-025-04610-5

15. Devanshi S., Shah K. R., Arora S., Saxena S. Actinomycetes as an Environmental Scrubber. *Crude Oil – New Technologies and Recent Approaches*, 2021. Available at: https://www.intechopen.com/chapters/78507 (accessed: 30 July 2026).

16. Naumovich N. I., Aleschenkova Z. M., Ananyeva I. N., Safronava H. V. Isolation and identification of microorganism's resistant to soil salinization. *Vestsi Natsyyanal'nai akademii navuk Belarusi. Seryya biyalagichnykh navuk = Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological series*, 2022, vol. 67, no. 1, pp. 54–65 (in Russian). https://doi.org/10.29235/1029-8940-2022-67-1-54-65

17. Allaf M. M., Peerhossaini H. Cyanobacteria: Model microorganisms and beyond. *Microorganisms*, 2022, vol. 10, no. 4, art. 696. https://doi.org/10.3390/microorganisms10040696

18. Harirchi S., Sar T., Ramezani M., Aliyu H., Etemadifar Z., Nojoumi S. A., Yazdian F., Awasthi M. K., Taherzadeh M. J. *Bacillales*: From taxonomy to biotechnological and industrial perspectives. *Microorganisms*, 2022, vol. 10, no. 12, art. 2355. https://doi.org/10.3390/microorganisms10122355

19. Naumovich N. I., Akhremchuk A. E., Valentovich L. N., Aleschenkova Z. M., Ananyeva I. N., Safronova G. V. Molecular-genetic characterization of halotolerant strain *Priestia megaterium* BIM B-1314D. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2022, vol. 66, no. 1, pp. 55–64 (in Russian). https://doi.org/10.29235/1561-8323-2022-66-1-55-64

## Информация об авторах

*Наумович Надежда Ивановна* – канд. биол. наук, ст. науч. сотрудник. E-mail: naumovichnadezda@yandex.ru.

*Алещенкова Зинаида Михайловна* – д-р биол. наук, профессор, гл. науч. сотрудник. E-mail: aleschenkova@mbio.das-net.by.

*Андронов Евгений Евгеньевич* – д-р биол. наук, гл. науч. сотрудник. E-mail: eeandr@gmail.com.

## Information about the authors

*Naumovich Nadezhda I.* – Ph. D. (Biology), Senior Researcher. E-mail: naumovichnadezda@yandex.ru.

*Aleschenkova Zinaida M.* – D. Sc. (Biology), Professor, Chief Researcher. E-mail: aleschenkova@mbio.das-net.by.

*Andronov Evgeny E.* – D. Sc. (Biology), Chief Researcher. E-mail: eeandr@gmail.com.