

АНАЛИЗ ПОКАЗАТЕЛЕЙ ПОЧВЕННОГО МИКРОБИОМА В ПРОЦЕССАХ, СВЯЗАННЫХ С ПОЧВООБРАЗОВАНИЕМ, ТРАНСФОРМАЦИЕЙ ОРГАНИЧЕСКОГО ВЕЩЕСТВА И ТОНКОЙ РЕГУЛЯЦИИ ВЕГЕТАЦИОННЫХ ПРОЦЕССОВ

© 2015 г. **Е. Е. Андронов¹, Е. А. Иванова², Е. В. Першина¹,
О. В. Орлова¹, Ю. В. Круглов¹, А. А. Белимов¹,
И. А. Тихонович¹**

*¹ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, 196608, Россия, Санкт-Петербург, Пушкин,
8, шоссе Подбельского, 3*

*² Почвенный институт им. В.В. Докучаева,
119017, Россия, Москва, Пыжевский пер., 7, стр. 2
e-mail: microbioliza@gmail.com*

На современном этапе развития почвенной микробиологии стало возможным изучение всего комплекса населяющих почву микроорганизмов, что дает возможность обнаружить наиболее оптимальное сочетание факторов, приводящих не только к образованию плодородной почвы, но и к развитию на ней полноценного, устойчивого к стрессам фитоценоза. Метагеном почвы – крупнейший генетический депозитарий для всех целей, начиная от процессов почвообразования – превращения безжизненной породы в субстрат для роста и развития растений, и кончая временными адаптациями в краткосрочных интересах растений. Именно на раскрытие этого потенциала и его мобилизация являются целями данного проекта. Исследования подобного рода должны носить комплексный характер и включать решение актуальных задач: 1) изучение механизмов почвообразования и анализ связи эволюции почвенного метагенома с особенностями педогенеза; 2) исследование участия микробиома в разложении органических остатков и эффективной трансформации органического вещества в почве; 3) поиск ассоциативных микроорганизмов, обеспечивающих защиту растений и стимуляцию их роста. В качестве модели для анализа эволюционного потенциала микробиома в процессе почвообразования могут выступать техногенные отвалы, образующиеся в результате добычи полезных ископаемых, представляющие собой

хроноряды почв различного возраста. Интересным объектом в эволюционном аспекте анализа почвенного метагенома являются также образцы палеопочв. В результате проекта предполагается установить наиболее активное участие в формировании почвенного плодородия и эффективно выполняют рост-стимулирующие и защитные функции для растения. Полученные данные могут представлять ценность как для фундаментальной науки, так и служить основой для конструирования экологически безопасных высокопродуктивных фитоценозов, основанных на использовании адаптивного потенциала почвенной микробиоты.

Ключевые слова: почвенный метагеном, высокопроизводительное секвенирование, генетический потенциал, эволюция.

Одной из ключевых проблем современной науки является эволюция биосферы, включая генезис почв и тесно сопряженную с ним эволюцию почвенных микробиомов.

Именно почвенные микроорганизмы выполняют системообразующие функции в таких процессах, как почвообразование, разложение почвенного органического вещества, стимуляция роста и обеспечение защиты растений от патогенной микрофлоры (Condrón et al., 2010; Schulz et al., 2013). Исследование этих процессов в контексте почвенной метагеномики открывает новые перспективы в понимании эволюции почвенного покрова и формирования почвенного плодородия.

Поэтому основной целью исследования должно стать раскрытие и мобилизация генетического потенциала почвенного микробиома. Проект должен включать в себя следующие этапы, соотносящихся как этапы формирования почвы (метагенома): почвообразование, гумусонакопление в результате разложения в почве органических субстратов, а также формирование ассоциативного микробиома, повышающего адаптивный потенциал растений. Интерес представляют также образцы палеопочв, сформированные более 100 лет назад. Принципиальным моментом является выяснение вопроса: могут ли музейные образцы (образцы палеопочв) служить источником генетической информации типичных для данной почвы микроорганизмов, или в условиях длительного хранения неизбежно протекает необратимая сукцессия микробных сообществ. В свою очередь, выявление микроорганизмов в образцах 100-летней давности может предоставить интерес-

ные перспективы в исследовании динамики почвенного микробиома в подобных временных шкалах.

Отличительной стороной данного исследования является его мультидисциплинарный и комплексный характер, связывающий традиционные вопросы эволюционного почвоведения с последними достижениями метагеномики. Предложенный план исследования оригинален, так как анализ современной литературы, а также опыт нашего присутствия на специализированных симпозиумах в течение последних лет указывает на то, что тема генезиса почв мало, если вообще представлена, в свете современных метагеномных исследований.

ПРИМЕНЕНИЕ МЕТАГЕНОМНЫХ ПОДХОДОВ В ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ И ПРАКТИЧЕСКИ ОРИЕНТИРОВАННЫХ ИССЛЕДОВАНИЯХ ГЕНЕЗИСА ПОЧВ И СОПРЯЖЕННОЙ С НИМ ЭВОЛЮЦИИ ПОЧВЕННОЙ МИКРОБИОТЫ НА ПРИМЕРЕ ХРОНОРЯДОВ ОТВАЛОВ ВСКРЫШНЫХ ПОРОД

Классической и в то же время не теряющей своей актуальности моделью сукцессии микробных сообществ в процессе почвообразования являются техногенно нарушенные ландшафты, в частности, разновозрастные отвалы вскрышных пород, образующиеся в ходе добычи полезных ископаемых и предоставляющие серии почвенных хронорядов (Абакумов и др., 2005). Для фундаментальной науки такие системы являются прекрасным объектом для построения экологических моделей педогенеза, определяемого не только и не столько развитием растительности на нарушенных агроландшафтах, сколько эволюцией почвенного микробиома – одного из мощнейших средообразующих факторов в почвенных экосистемах. Исследование процессов почвовосстановления внесет существенный вклад в развитие концепции генетического почвоведения, для которой большое значение имеет исследование ранних этапов педогенеза (до 100 лет), на которых наиболее ярко проявляются особенности развития почв, определяемые вещественным составом почвообразующей породы. Понимание роли почвенного микробиома в данном процессе и, что не менее важно, использование его потенциала как универсального экологического индикатора, позволит выявить скрытые до последнего времени из-за некультивируемости почвенные микроорганизмы, закономер-

ности почвообразования. Исследование отвалов вскрышных пород имеет и большое практическое значение, поскольку техногенное загрязнение среды является на сегодняшний день самым мощным фактором, дестабилизирующим природные экосистемы (Корнилов и др., 2012; Яброва, Швабенланд, 2012). В результате таких процессов происходит деградация потенциально плодородных земель, которой на сегодняшний день подвержено более 40% их площади.

При высоких темпах деградации хозяйственно ценных земель и земель экологического фонда особое значение имеет разработка подходов, направленных на возвращение нарушенных геосистем в режим естественного функционирования (их рекультивация). В мировой практике рекультивации особый акцент ставится на использование регенерационных возможностей самих природных экосистем, здесь главную роль играют такие биотические факторы почвообразовательного процесса, как формирование растительного покрова и сопряженного с ним почвенного микробиома (значение которого в почвенном генезисе долгое время недооценивалось). Микроорганизмы способны утилизировать широкий спектр химических соединений, тем самым участвуя в биоремедиации нарушенных территорий. Кроме того, микробное сообщество является одним из наиболее чувствительных экологических индикаторов, маркирующих различные стадии почвовосстановления, поскольку способно в короткие сроки адаптироваться к любым изменениям среды, максимально осваивая все доступные экологические ниши в экосистеме.

Первым этапом подобного рода исследований должна стать инвентаризация отвалов на территории России. Необходимым условием выбора объекта является наличие серии разновозрастных отвалов, демонстрирующих различные стадии процесса почвообразования. В точках, характеризующихся различным возрастом, планируется закладка полнопрофильных разрезов и отбор почвенных образцов из каждого горизонта для дальнейших анализов. В связи с тем, что на отвалах не всегда возможна точная датировка возраста, предполагается использовать в качестве аналога определенный агрохимический маркер, на роль которого с успехом может претендовать количество (%) углерода гумуса, при этом зрелому возрасту почвы будет соответствовать значение, характерное для верхнего горизонта зональной почвы, не подверженной горно-технологической деятельности.

Основная задача проводимых исследований может быть реализована посредством анализа таксономической структуры микробиомов исследуемых образцов по данным высокопроизводительного секвенирования почвенного сообщества профилями рекультивируемых почв и выявление взаимосвязей особенностей почвенного микробиома с особенностями сингенетической сукцессии растений и динамикой почвенных характеристик. Исследование включает в себя выделение из всех образцов тотальной ДНК и РНК и проведение количественного анализа архейной, бактериальной и грибной микробиоты, а также секвенирование библиотек таксономически значимых участков генома (16S рРНК, ITS). Агрохимический анализ исследуемых образцов включает анализ основных показателей агроэкологического статуса почв: содержание различных форм органического вещества, рН водной и солевой вытяжки, аммонийной и нитратной формы азота, доступного фосфора и калия, обменного кальция и натрия; также будут проведены гранулометрический и агрегатный анализы. С целью выявления растительного компонента необходимо проведение геоботанической характеристики растительных фитоценозов различных стадий (этапов) рекультивации. Результатом данного этапа проекта будет характеристика динамики микробной сукцессии в процессе почвообразования и почвовосстановления на техногенных ландшафтах, а также выявление микробных таксонов, перспективных с точки зрения улучшения почвенно-экологических показателей, которые впоследствии могут быть использованы с целью создания микробных препаратов для улучшения качества биологической рекультивации.

АНАЛИЗ МИКРОБИОМОВ МУЗЕЙНЫХ ОБРАЗЦОВ ПОЧВ

Одним из этапов работы в рамках данного проекта является анализ микробиоценозов в образцах почв, хранимых в музее Почвенного института им. В.В. Докучаева. Данное исследование представляет собой большой научный интерес в свете изучения эволюции почвенного покрова, так как по аналогии с исследованием ДНК, извлеченной из археологических находок человеческих останков, позволит проводить эмпирическую проверку эволюционных гипотез, а также даст возможность получить сведения о “генетических особенностях” почв, существовавших 100 и более лет назад. Особый интерес представляют те образцы, точки отбора которых зафиксированы и для которых могут быть отобраны кон-

трольные современные образцы. По аналогии с предыдущим блоком исследований, необходимыми этапами является выделение ДНК из отобранных образцов (из некоторых также РНК), проведение количественного анализа архейной, бактериальной и грибной микробиоты, а также секвенирование библиотек таксономически значимых участков генома (16S рРНК, ITS). Будет проанализирована степень сохранности микробиомной ДНК в музейных образцах, в случае существования достаточного количества сохранившейся ДНК будет проведено ее сопоставление с современными образцами, отобранными с тех же участков.

В серии вегетационных опытов планируется выявление возможности выделения полезных симбиотических и ассоциативных микроорганизмов из музейных образцов. В случае успеха, для данных микроорганизмов будет проведено исследование особенностей структуры участков генома, ответственных за хозяйственно ценные свойства штаммов.

ЭКСПЕРИМЕНТЫ ПО ИССЛЕДОВАНИЮ ПРОЦЕССА МИКРОБИОЛОГИЧЕСКОГО РАЗЛОЖЕНИЯ ОРГАНИЧЕСКОГО ВЕЩЕСТВА В ПОЧВАХ РАЗЛИЧНОГО ГЕНЕЗИСА

Важным моментом в процессе почвообразования является формирование почвенного плодородия в первую очередь благодаря процессу гумусонакопления в результате разложения органического вещества растительных остатков. Определение скорости деструкционных процессов и трансформации органического вещества в почве является ключевой проблемой для прогнозирования состояния наземных экосистем. Ключевую роль в процессах гумусообразования играют почвенные микроорганизмы (Федотов, Лысак, 2014; Condron et al., 2010). Доказательством может служить то, что температурная кривая гумификации аналогична кривой ферментативных реакций. Кроме того, участвующие в процессах минерализации микроорганизмы образуют темные гумусоподобные соединения – меланины, похожие по структуре на гуминовые кислоты (Орлов и др., 1996; Gomes et al., 1996).

Поэтому одной из важнейших задач является изучение биогеохимических процессов образования, трансформации и накопления органического вещества под влиянием микроорганизмов. Широко используемым приемом изучения трансформации орга-

нического вещества растительных остатков является моделирование процесса в изолированных пробах в поле и в лаборатории (Balamurugan et al., 2011; Eichorst, Kuske, 2012). Однако в условиях полевого опыта нет возможности вычлнить и определить влияние отдельных факторов, велика вероятность появления случайных и систематических ошибок. В лаборатории же условия проведения опыта находятся под контролем исследователя, при этом также возможен количественный учет изменений субстрата. Поэтому в рамках настоящего проекта предполагается проведение модельных лабораторных исследований по изучению микробиологического процесса разложения органического вещества в почвах различного генезиса.

Одним из путей исследования процесса микробиологического разложения органического вещества является изучение таксономической структуры микробимов исследуемых почвенных образцов с использованием таксономически значимых маркеров (16 S рРНК и фрагментов ITS) на различных стадиях разложения органического субстрата. С этой целью перспективным представляется проведение анализа таксономического профиля общего микробного портрета (на основании анализа тотальной ДНК), а также экспрессионных профилей микробиома (исследование тотальной РНК). В качестве субстрата могут быть использованы образцы целлюлозы и ржаной соломы, измельченных до состояния порошка. С этой целью представляется необходимым проведение исследования динамики функциональной активности целлюлозолитического комплекса микроорганизмов в контрастных вариантах почв (чернозема, дерново-подзолистых) посредством анализа сукцессии экспрессионных профилей генов, имеющих непосредственное отношение к процессу декомпозиции органического вещества в почве. Необходимым этапом данного анализа является конструирование и отладка праймеров на гены, ответственные за деструкцию и превращение углерода в почвах. Полученные данные могут служить основой для построения предикативных моделей динамики микробиомов в процессе разложения органического вещества в зависимости от типа разлагаемого субстрата и физико-химических особенностей почвы. При помощи культивирования и с использованием современных методов молекулярной биологии будет проведено определение групп микроорганизмов, перспективных с точки зрения создания микробиологических препаратов.

ЭКСПЕРИМЕНТЫ ПО СКРИНИНГУ ПОЧВЕННЫХ МЕТАГЕНОМОВ С ЦЕЛЮ ПОВЫШЕНИЯ УСТОЙЧИВОСТИ И СТИМУЛЯЦИИ РОСТА И РАЗВИТИЯ РАСТЕНИЙ ПОСРЕДСТВОМ АНАЛИЗА РИЗОСФЕРНЫХ МИКРОБИОМОВ

Микроорганизмы являются связующим звеном в системе почва–растение, обеспечивая рост и развитие растений, а также экологическую адаптацию растения к стрессовым условиям. На сегодняшний день актуальной задачей является поиск путей использования собственных ресурсов растительно-микробных систем для поддержания высокой продуктивности растений, сохранения плодородия почв и снижения отрицательного влияния стрессовых факторов окружающей среды на фитоценозы.

Ризосфера – зона почвы, непосредственно соприкасающаяся с корневой системой, она является основной экологической нишей для ризобактерий, в которой создаются наиболее благоприятные условия для их существования. Ризосферные и эндофитные микроорганизмы играют центральную роль в обеспечении жизнеспособности растений, способствуя усвоению и переработке питательных веществ, регулируя гормональный баланс, обеспечивая прямую или опосредованную защиту растений от вредных организмов (например, патогенов) и абиотических стрессов (обезвоживание, воздействия тяжелых металлов) и улучшая структуру почв. В настоящее время известен целый ряд механизмов положительного влияния ризобактерий на жизнедеятельность растений (Шапошников и др., 2011). Одним из важнейших механизмов взаимодействия растительно-бактериальных ассоциаций является продуцирование бактериями фитогормонов, витаминов и других биологически активных веществ бактериями. Наибольшее внимание уделено роли бактериальных ауксинов, поскольку способность синтезировать фитогормон индол-3-уксусную кислоту широко распространена среди ризобактерий (Белимов, Сафронова, 2011; Frankenberger et al., 1995). Известно, что синтез ауксинов ризосферными микроорганизмами в значительной степени определяется составом корневых выделений, содержащих их основной метаболический предшественник L-триптофан (Frankenberger et al., 1995). Однако эксперименты по изучению изменений содержания гормонов в растениях под действием рост-стимулирующих бактерий и способности бактерий деградировать фитогормоны

малочисленны (Белимов, Сафронова, 2011). Универсальным анти-стрессовым действием обладают также бактерии, продуцирующие фермент 1-аминоциклопропан-1-карбоксилат (АЦК) деаминазу, благодаря которому в растениях снижается содержание этилена — сигнальной молекулы, запускающей каскад неспецифических стрессовых и адаптивных реакций (Belimov et al., 2005; Czarny et al., 2006). Аминокислота АЦК является непосредственным предшественником в биосинтезе фитогормона этилена и окисляется у растений ферментом АЦК оксидазой до этилена с образованием углекислого газа, циановой кислоты и воды (Nascimento et al., 2014). Этилен вовлечен во многие звенья процессов роста и развития растений, включая прорастание семян, инициацию и удлинение тканей и органов, цветение, созревание плодов, старение тканей и реакции на стрессовые факторы. Активизация биосинтеза АЦК и этилена является неспецифической реакцией растений на различные стрессы.

Таким образом, задачей данного этапа проекта является поиск ассоциативных микроорганизмов, обеспечивающих защиту растений и стимуляцию их роста, что в конечном итоге послужит основой формирования полноценного, устойчивого к стрессам агрофитоценоза. С этой целью необходима закладка вегетационного опыта по выращиванию двух контрастных растительных линий (предположительно пшеницы и ржи) в почвах двух контрастных типов (предположительно дерново-подзолистой и черноземе). Из почв ризосферы сельскохозяйственных растений представляется необходимым выделение тотальной ДНК и РНК и анализ ризосферного микробиома и метаболически активной его части на основании анализа разнообразия таксономически значимых маркеров (16S и ITS), а также скрининг микроорганизмов-продуцентов фитогормонов (ауксинов, АЦК-деаминазы) калориметрическим методом.

С помощью сконструированных универсальных праймеров на гены, продуцирующие ауксины и АЦК-деаминазу, будет произведен анализ биоразнообразия генов, ответственных за биосинтез гормонов, в образцах выделенной ДНК и у культивируемых форм микроорганизмов с выяснением доли культивируемой составляющей в общем сообществе ауксин- и АЦК-деаминаз – продуцирующих микроорганизмов – обитателей почвы. Необходимо также количественное определение их концентрации в исследуемых сообществах методом Real-Time PCR.

В качестве заключительного этапа данного раздела программы планируется выявление перспективных микроорганизмов-продуцентов, являющихся потенциальными компонентами микробных препаратов, для ускорения роста и развития растений на различных субстратах.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ

В результате проекта предполагается установить группы почвенных микроорганизмов, которые наиболее активно участвуют в формировании почвенного плодородия и эффективно выполняют рост-стимулирующие и защитные функции растений. Данные, полученные в ходе системного анализа связи структуры и динамики микробных сообществ с особенностями сингенетической сукцессии растительности и почвенными агрохимическими и агрофизическими характеристиками, будут использованы для построения и конструирования принципиально новых предикативных моделей микробиологических сукцессионных процессов. Полученные модели могут быть основой для проведения экологических и мониторинговых исследований почв, в том числе техногенных ландшафтов. Несомненной новизной проекта является использование метагеномного подхода в изучении генезиса почв. Поскольку генезис во многом обуславливается физиологической активностью почвенной микробиоты, ее изучение имеет принципиальное значение в понимании общих механизмов процессов почвообразования.

Благодарность. Данное исследование поддержано Программой фундаментальных исследований Президиума РАН.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Абакумов Е.В., Гагарина Э.И., Лисицына О.В.* Восстановление почв и рекультивация земель в районе Кингисеппского месторождения фосфоритов // Почвоведение. 2005. № 6. С. 731–740.
2. *Белимов А.А., Сафронова В.И.* АЦК-деаминатаза и растительно-микробные взаимодействия // Сельскохозяйственная биология. 2011. № 3. С. 23–28.
3. *Корнилов И.А., Новых Л.Л., Корнилов А.Г.* Геоэкологическая ситуация в промышленной зоне Белгородской области // Геология, география и глобальная энергия. 2012. № 2. Вып. 45. С. 221–227.
4. *Орлов Д.С., Бирюкова О.Н., Суханова Н.И.* Органическое вещество почв Российской Федерации. М.: Наука, 1996. 253 с.

5. Федотов Г.Н., Лысак Л.В. О возможной роли микроорганизмов в образовании гумусовых веществ в почвах // Докл. РАН. 2014. Т. 455. № 1. С. 114–117.
6. Шапошников А.И., Белимов А.А., Кравченко Л.В., Виванко Д.М. Взаимодействие ризосферных бактерий с растениями: механизмы образования и факторы эффективности ассоциативных симбиозов // Сельскохозяйственная биология. 2011. № 3. С. 16–22.
7. Яброва Ю.И., Швабенланд И.С. Роль почвенной биоты на первичное почвообразование отвалов вскрышных пород Восточно-Бейского угольного разреза республики Хакасия // Вестник Волжского ун-та им. В.Н. Татищева. 2012. Вып. № 3.
8. Balamurugan A., Jayanthi R., Nepolean P., Pallavi R.V., Premkumar R. Studies on cellulose degrading bacteria in tea garden soils // African J. Plant Sci. 2011. Vol. 5(1). P. 22–27.
9. Belimov A.A., Hontzeas N., Safronova V.I. et al. Cadmium-tolerant plant growth-promoting bacteria associated with the roots of Indian mustard (*Brassica juncea* L. Czern.) // Soil Biol. Biochem. 2005. V. 37. P. 241–250.
10. Czarny J.C., Grichko V.P., Glick B.R. Genetic modulation of ethylene biosynthesis and signaling in plants // Biotechnol. Adv. 2006. V. 24. P. 410–419.
11. Condron L., Stark C., O'Callaghan M., Clinton P., Huang Z. The Role of Microbial Communities in the Formation and Decomposition of Soil Organic Matter // Soil Microbiology and Sustainable Crop Production. Springer Science+Business Media B.V., 2010. P. 81–117.
12. Eichorst S.A., Kuske C.R. Identification of Cellulose-Responsive Bacterial and Fungal Communities in Geographically and Edaphically Different Soils by Using Stable Isotope Probing // Appl. Environ. Microbiol. 2012. V. 78. № 7. P. 2316–2327.
13. Frankenberger W.T. Arshad M. Phytohormones in soils: production and function. Marcel Dekker, Inc. N.Y., 1995, 503 p.
14. Gomes R.C., Mangrich A.S., Coelho R.R., Linhares L.F., Gomes R.S. Elemental, functional-group and infrared spectroscopic analysis of actinomycete melanins from Brazilian soils // Biol. Fert. Soils. 1996. V. 21(1–2). P. 84–88.
15. Nascimento F.X., Rossi R.M.J., Soares C.R.F.S., McConkey B.J., Glick B.R. New Insights into 1-Aminocyclopropane-1-Carboxylate (ACC) Deaminase Phylogeny, Evolution and Ecological Significance // PLoS ONE. 2014. Vol. 9(6). doi:10.1371/journal.pone.0099168.
16. Schulz S., Brankatschk R., Dumnig A., Kogel-Knabner I., Schloter M., Zeyer J. The role of microorganisms at different stages of ecosystem development for soil formation // Biogeosciences. 2013. V. 10. P. 3983–3996.

**ANALYSIS OF SOIL MICROBIOME INDICATORS
IN PROCESSES OF SOIL FORMATION, ORGANIC
MATTER TRANSFORMATION AND PROCESSES
INVOLVED WITH FINE REGULATION OF
VEGETATIVE PROCESSES**

**E. E. Andronov¹, E. A. Ivanova², E. V. Pershina¹, O. V. Orlova¹,
Yu. V. Kruglov¹, A. A. Belimov¹, I. A. Tikhonovich¹**

¹*All-Russian research institute for agricultural microbiology, 196608,
Russia, St. Petersburg, Pushkin, 8, highway Podbelskogo, 3*

²*V.V. Dokuchaev Soil Science Institute, 119017 Russia, Moscow, Pyzhevskii 7, bld. 2
e-mail: microbioliza@gmail.com*

At the current stage of soil microbiology development the study of the entire complex of microorganisms inhabiting the soil became possible, which helps finding the optimal combination of factors resulting in the formation of soil fertility as well as the development of stable and stress resistant phytocenosis. Soil metagenome is the largest genetic depository for all purposes, from the soil formation processes – transformation of barren rock into a substrate for plant growth and development, to the temporary adaptations in the short-term interests of the plant. The investigation of genetic potential of soil metagenome and its mobilization are the main goals of this project. Such studies should be comprehensive and solve actual issues: 1) the study of the mechanisms of soil-forming processes and the analysis of the evolution of metagenomes due to the special features of pedogenesis; 2) investigation of microbiome participation in organic residues decomposition and efficient transformation of soil organic matter; 3) screening of the associative plant-protective and growth promoting microorganisms. The object for the analysis of microbiome evolutionary potential in the process of soil formation may be the technogenic dumps resulting from mining operations, which are chronosequences of soils of different ages. Samples of paleosols are also of particular interest in the evolutionary aspect of the analysis of the soil metagenome. The project is expected to reveal a group of soil microorganisms, which take the most active part in the formation of soil fertility and effectively implement growth-stimulating and protective functions for the plant. The data may be of value for both fundamental science and serve as a base for the design of environmentally friendly high-productive phytocenoses based on the use of the adaptive potential of soil microbiota.

Key words: soil metagenome, high-throughput sequencing, genetic potential, evolution.