

DOI: 10.55505/SA.2024.2.01  
UDC: 631.46



## COMPONENȚA TAXONOMICĂ A COMUNITĂȚILOR PROCARIOTE DIN CERNOZIOMUL TIPIC ȘI ABUNDENȚA LOR LA NIVEL DE FILUM

Nina FRUNZE, ORCID: 0000-0001-7263-5863

Universitatea Tehnică a Moldovei, Republica Moldova

Correspondență: Nina FRUNZE – e-mail: [nina.frunze@imb.utm.md](mailto:nina.frunze@imb.utm.md)

**Abstract.** In the present study, the changes in the taxonomic composition of prokaryotes at the phylum level in the typical chernozem of the Republic of Moldova during the years 2020-2022 were determined, using the polymerase chain reaction (PCR). The group of microorganisms studied is characterized by a genetic diversity, whose spectrum comprises 15 phyla with a different prevalence in the prokaryotic community. The majority (14) belong to the *Bacteria* domain: *Bacteria: Proteobacteria, Actinobacteriota, Bacteroidota, Firmicutes, Verrucomicrobiota, Acidobacteriota, Planctomycetota, Myxococcota, Nitrospirota, Gemmatimonadota, Cyanobacteria, Patescibacteria, Fibrobacterota, Chloroflexi* and one to the *Archaea* domain – *Thaumarchaeota*. The pool of the representatives of the *Bacteria* domain (82,16-88,32%) was also differentiated by the highest indices in relation to the representatives of the *Archaea* domain. At the same time, the representatives of the *Archaea* domain, registering a share of 11,6-17,84% in the years of study, were among the phyla with the highest abundance and yielded only to the phyla *Proteobacteria* (25,11-31,21%) and *Actinobacteriota* (24,01-26,46%), which held the lead according to this indicator. The study demonstrated that the prokaryotic composition of the studied chernozems varied from year to year, so their taxonomic structure can serve as an important indicator of previous changes in the diversity and composition of prokaryotic communities as a result of agricultural land use.

**Keywords:** *Typical chernozem; Prokaryotic communities; Bacteria; Archaea; Taxonomic composition.*

**Rezumat.** În studiul de față au fost stabilite modificările compoziției taxonomice ale procariotelor pe parcursul anilor 2020-2022 la nivel de filum în cernoziomul tipic al Republicii Moldova, folosind reacția în lanț a polimerazei (RLP). Grupul de microorganisme studiate se caracterizează printr-o diversitate genetică, spectrul cărora este alcătuit din 15 filumuri cu o prestață diferită în comunitatea procariotelor. Majoritatea lor (14) aparțin domeniului *Bacteria: Proteobacteria, Actinobacteriota, Bacteroidota, Firmicutes, Verrucomicrobiota, Acidobacteriota, Planctomycetota, Myxococcota, Nitrospirota, Gemmatimonadota, Cyanobacteria, Patescibacteria, Fibrobacterota, Chloroflexi* și unul domeniului *Archaea – Thaumarchaeota*. Pool-ul reprezentanților domeniului *Bacteria* (82,16-88,32%), de asemenea, s-a deosebit prin cei mai înalți indici în relație cu domeniul *Archaea*. Totodată, reprezentanții domeniului *Archaea*, înregistrând o pondere de 11,6-17,84% în anii de studiu s-au plasat printre filumurile cu cea mai mare abundență cedând doar filumurilor *Proteobacteria* (25,11-31,21%) și *Actinobacteriota* (24,01-26,46%), care dețineau întâietatea după acest indicator. Studiul a demonstrat că compoziția procariotelor cernoziomului studiat variază de la an la an, astfel încât structura lor taxonomică poate servi ca un indicator important al modificărilor anterioare în diversitatea și compoziția comunităților procariote ca urmare a utilizării terenurilor agricole.

**Cuvinte-cheie:** *Cernoziom tipic; Comunități procariote; Bacteria; Archaea; Compoziție taxonomică.*

## INTRODUCERE

Studierea diversității taxonomice a microbiomului din sol este de o importanță teoretică semnificativă pentru înțelegerea structurii comunității microbiene și a rolului microorganismelor în procesele de formare a solului (Doran et al., 1996; Doran et al., 2000; Choudary et al., 2018). Datorită structurii complexe a solului, ca sistem polifazic heterogen, un gram de sol poate conține până la 10 miliarde de celule ale microorganismelor, aparținând la mii de specii diferite (Torsvik & Øvreås, 2002). Totuși, cultivarea microorganismelor pe medii selective face posibilă studiarea a doar aproximativ 1% din numărul total de microorganisme din sol. Restul de 99% dintre populații nu pot fi cultivate pe medii selective cunoscute (Aman et al., 1995; Handelsman, 2004). În consecință, cunoștințele obținute cu ajutorul metodelor tradiționale despre biodiversitatea microbială din sol sunt incomplete și/sau nu corespunde realității. În acest context, utilizarea metagenomicii pentru studiarea solurilor devine o direcție de cercetare deosebit de relevantă.

Diversitatea microorganismelor din sol determină amploarea funcțiilor ecologice ale solurilor studiate, în care are loc interacțiunea dintre părțile vii și nevii ale solului, determinând astfel formarea de comunități microbiene diferențiate (Ivanova et al., 2015). Introducerea metodelor de ecologie moleculară a microorganismelor a deschis noi perspective pentru analiza comunităților microbiene în ansamblul lor. Numai prin analiza ADN-ului total extras dintr-o probă de sol se poate evalua compoziția reală, structura comunităților microbiene și diversitatea biologică a solului studiat (Chirak et al., 2013; Chirak et al., 2015).

Apariția tehnologiilor de secvențiere cu randament ridicat a facilitat dezvoltarea metagenomicii și descrierea comunităților microbiene în cel mai complet mod, luând în considerare atât formele de microorganisme cultivabile, cât și cele necultivabile (Kimeklis et al., 2015).

La moment, gena 16S rARN este lider în domeniul metagenomicii după numărul de studii dedicate acesteia (Chernov et al., 2017). Popularitatea ridicată a genei 16S rARN este asociată cu universalitatea sa (este prezentă în genomul tuturor procariotelor), nivelul adecvat de conservatorism (adecvat pentru întreaga gamă de niveluri taxonomice de clasificare a procariotelor) și disponibilitatea unei colosale cantități de date despre diversitatea sa, ceea ce face ca gena să fie cea mai studiată în natură și cea mai solicitată. Mulți cercetători consideră că comunitatea microbială este ca o „oglină”, care reflectă caracteristicile habitatului, iar diversitatea acestuia reprezintă posibilitățile ascunse ale microcosmosului solului (Kutovaya et al., 2015; Zverev et al., 2021). În legătură cu aceasta, caracterizarea metagenomică a solurilor este solicitată pentru evaluarea stabilității ecosistemelor solului sub influența factorilor naturali și antropici, iar interesul pentru astfel de studii este în continuă creștere.

Învelișul de sol al Republicii Moldova reprezintă o unicitate la nivel global. Nicio altă țară din lume nu se remarcă prin predominanța cernoziomului – supranumit „regele solului” – în compoziția solurilor sale (Ursu & Curcubat, 2018). Majoritatea acestor soluri, aproximativ 86%, sunt destinate activităților agricole (Cadastrul RM, 2015), iar circa două treimi dintre ele prezintă un bilanț negativ al humusului (Boincean, 2021).

Cu toate acestea, în ceea ce privește studiarea structurii taxonomice a comunităților procariote prin metode biologice moleculare, cernoziomurile Moldovei rămân complet neexplorate, evidențind necesitatea unor cercetări aprofundate în acest domeniu.

Scopul acestui studiu a fost investigarea abundenței și diversității procariotelor din cernoziomul tipic al Republicii Moldova, utilizând tehnica reacției în lanț a polimerazei (RLP). Studiul s-a desfășurat pe parcursul anilor 2020-2022.

## MATERIALE ȘI METODE

Obiectul de studiu l-au constituit comunitățile procariote de microorganisme din cernoziomul tipic, slab humifer, situat în Staționarul „Biotron” (Chișinău) de lungă durată al Academiei de Științe a Moldovei, amplasat în zona pedoclimatică centrală a Republicii Moldova. Probele de sol au fost prelevate primăvara, în perioada 2020- 2022, din orizontul arabil (0-25 cm). În scopul analizei microbiomului solului, mostrele au fost prelevate din varianta nefertilizată (martor) a terenurilor arate ocupate de plantele asolamentului de culturi furajere cu participarea lucernei.

Asolamentul cu șapte câmpuri era la a cincea rotație cu următoarea alternanță a culturilor: lucerna anul 1 (1995, 2003, 2016, 2023), lucerna anul 2 (1996, 2003, 2010, 2017), lucerna anul 3 (1997, 2004, 2011, 2018), grâul de toamnă (1998, 2005, 2012, 2019), porumbul pentru grăunțe (1999, 2006, 2013, 2020), soia sau mazărea (2000, 2007, 2014, 2021) și grâul de toamnă (2001, 2008, 2015, 2022). Analiza metagenomică a microbiomilor din sol a fost efectuată prin tehnologia de secvențiere de mare performanță. Compoziția taxonomică a comunității bacteriene a fost stabilită prin analiza bibliotecilor de ampliconi obținute din fragmentele operonului ribozomal.

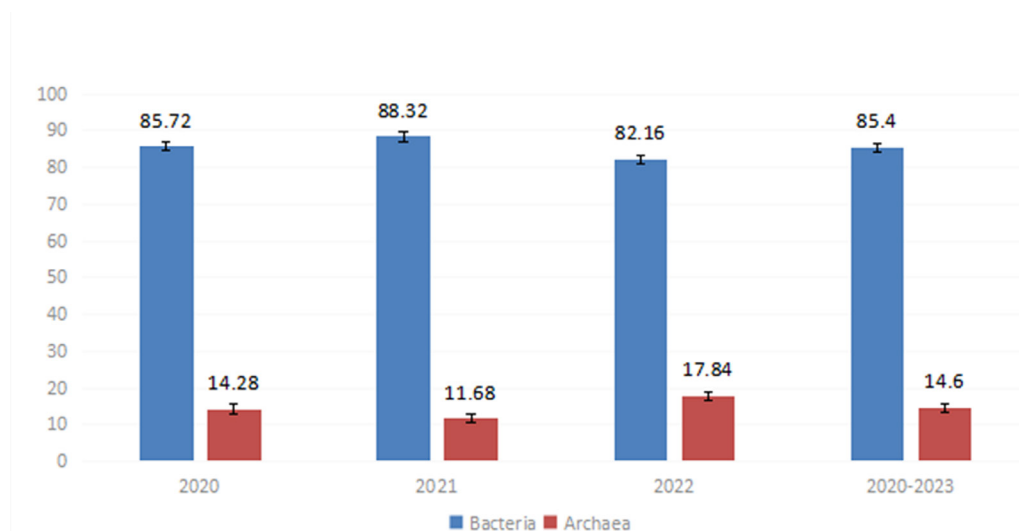
Determinarea taxonomică a comunității bacteriene a fost efectuată cu primeri universali F515/R806 pentru regiunea variabilă a genei 16S rRNA-v4 (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA /GGACTACVSGGGTATCTAAT), specifică pentru o gamă largă de microorganisme, inclusiv bacterii și arhei (Bates et al., 2011).

Bibliotecile au fost secvențiate în conformitate cu instrucțiunile producătorului pe un dispozitiv Illumina Mi Seq (Illumina, SUA) utilizând MiSeq® ReagentKit v3 (ciclu 600) cu citire pe două fețe (2\*300 nt). Datele obținute din probele de secvențiere au fost procesate folosind pachetele software Trimmomatic (Bolger et al., 2014) și QIIME (Caporaso et al., 2010). Lucrarea a fost efectuată cu echipamentele Centrului de Utilizare Partajată „Tehnologii Genomice, Proteomică și Biologie Celulară” al Institutului de Cercetare în Microbiologie Agricolă din Sankt Petersburg, Rusia.

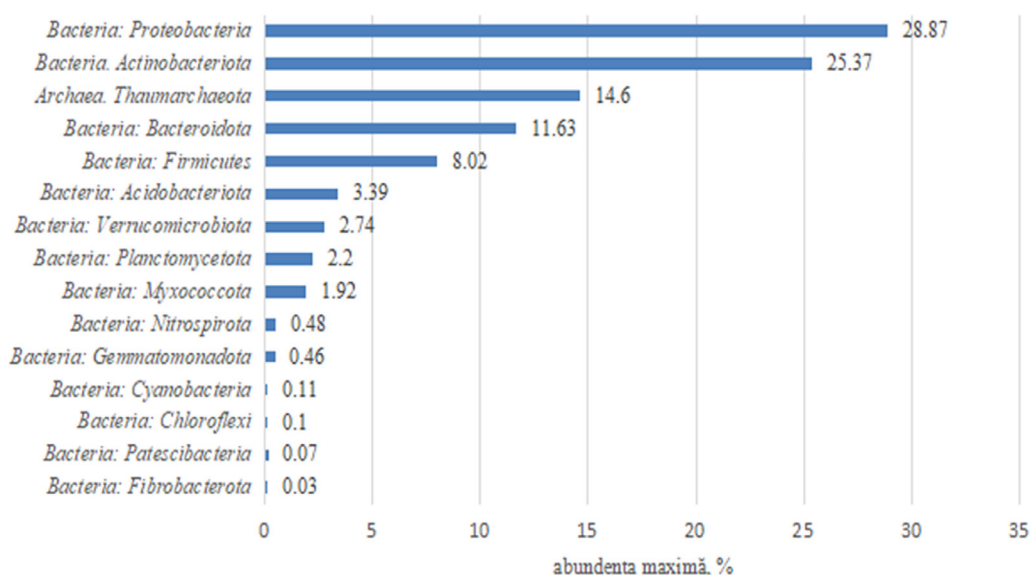
## REZULTATE ȘI DISCUȚII

Pirosecvențierea cu randament înalt a ADN-ului amplificat (secvențierea regiunii variabile V4 a genei 16S rARN) a relevat că microorganismele identificate aparțineau ambelor domenii procariote: *Bacteria* și *Archaea*. Totuși, majoritatea acestora au aparținut domeniului *Bacteria*. În medie cota parte a bacteriilor a alcătuit 85,4%, iar a arheilor - circa 14,60% (Figura 1). Toate probele de sol au prezentat diferențe semnificative în compoziția taxonomică a microorganismelor, relevând faptul că structura comunității de microorganisme din sol reflectă caracteristicile solului și poate fi folosită ca indicator al stării ecologice a solurilor.

Analiza nucleotidelor a evidențiat că grupul de microorganisme studiate prezintă o diversitate genetică semnificativă, fiind alcătuit din 15 filumuri (Figura 2), fiecare având o pondere distinctă în comunitatea procariotă.



**Figura 1.** Ponderea bacteriilor și arheilor, identificată timp de 3 ani în cernoziomul tipic, %



**Figura 2.** Spectrul filelor de procariote din cernoziomul tipic și abundența lor medie în 2020-2022, %

Dintre acestea, 14 filumuri aparțineau, domeniului *Bacteria*: *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Verrucomicrobiota*, *Acidobacteriota*, *Planctomycetota*, *Myxococcota*, *Nitrospirota*, *Gemmatimonadota*, *Cyanobacteria*, *Patescibacteria*, *Fibrobacterota*, *Chloroflexi* și unul domeniului *Archaea* – *Thaumarchaeota*. Pool-ul reprezentanților domeniului *Bacteria* a fost dominant, cu o abundență variind între 82,16% și 88,32%, comparativ cu domeniul *Archaea*, care a înregistrat o pondere de 11,6% - 17,84% în anii de studiu. În pofida acestei diferențe, *Archaea* s-au clasat printre filumurile lider în funcție de abundență, fiind depășite doar de *Proteobacteria* (25,11% - 31,21%) și *Actinobacteriota* (24,01% - 26,46%), care au ocupat primele poziții conform acestui indicator.

Clasificarea filumurilor în funcție de „semnificația” individuală a frecvenței de apariție a relevat faptul că aceeași compoziție a procariotelor ascunde un rol ierarhic distinctiv în cadrul comunității (Tabelul 1). Conform acestui indicator, toate filumurile pot fi împărțite în trei grupe, care diferă atât ca compoziție cantitativă, cât și calitativă, în funcție de variante.

Prima grupă, având rolul ecologic dominant și o frecvență de apariție  $\geq 5\%$ , a reprezentat în medie aproximativ 88,49% din genele 16S rARN detectate, constituind grupa cu cea mai mare pondere între cele trei. Aceasta a inclus cinci filumuri cu o abundență  $\geq 5\%$ : *Proteobacteria* (25,11-31,21%), *Actinobacteriota* (24,01-26,47%), *Thaumarchaeota* (11,68-17,84%), *Bacteroidota* (11,09-12,14%) și *Firmicutes* (6,86-8,76%).

A doua grupă a fost formată din patru filumuri cu rol ecologic secundar, întâlnite de obicei cu o abundență  $\leq 5\%$ , alcătuind în medie aproximativ 10,25% din genele 16S rARN. Aceasta a inclus: *Planctomycetota* (2,12-4,44%), *Verrucomicrobiota* (1,59-2,62%), *Acidobacteriota* (2,19-3,75%) și *Myxococcota* (1,11-2,87%).

**Tabelul 1. Redistribuirea participării relative a procariotelor din cernoziomul tipic, în funcție de gradul de dominanță (g.d.) pe parcursul anilor 2020-2022, %**

Gradul de dominanță	2020	2021	2022
<b>Filumurile cu rol ecologic dominant și abundența <math>\geq 5\%</math></b>			
30,31	<i>Proteobacteria</i>		
31,21		<i>Proteobacteria</i>	
25,62	<i>Actinobacteriota</i>		
26,47		<i>Actinobacteriota</i>	
25,11			<i>Proteobacteria</i>
24,01			<i>Actinobacteriota</i>
17,84			<i>Thaumarchaeota</i>
14,28			
12,14	<i>Thaumarchaeota</i>		
11,68	<i>Bacteroidota</i>		
11,66		<i>Thaumarchaeota</i>	<i>Bacteroidota</i>
11,09			
8,76		<i>Bacteroidota</i>	
8,43	<i>Firmicutes</i>		
6,86		<i>Firmicutes</i>	<i>Firmicutes</i>
<b>Filumurile cu rol ecologic secundar, obișnuit întâlnite cu abundența <math>\leq 5\%</math></b>			
4,44		<i>Acidobacteriota</i>	
3,75			<i>Verrucomicrobiota</i>
3,60			<i>Acidobacteriota</i>
2,39	<i>Planctomycetota</i>		
2,27	<i>Verrucomicrobiota</i>		
2,12	<i>Acidobacteriota</i>		
2,87			<i>Myxococcota</i>
2,62			
2,19		<i>Verrucomicrobiota</i>	<i>Planctomycetota</i>
1,77		<i>Myxococcota</i>	
1,59		<i>Planctomycetota</i>	
1,11	<i>Myxococcota</i>		

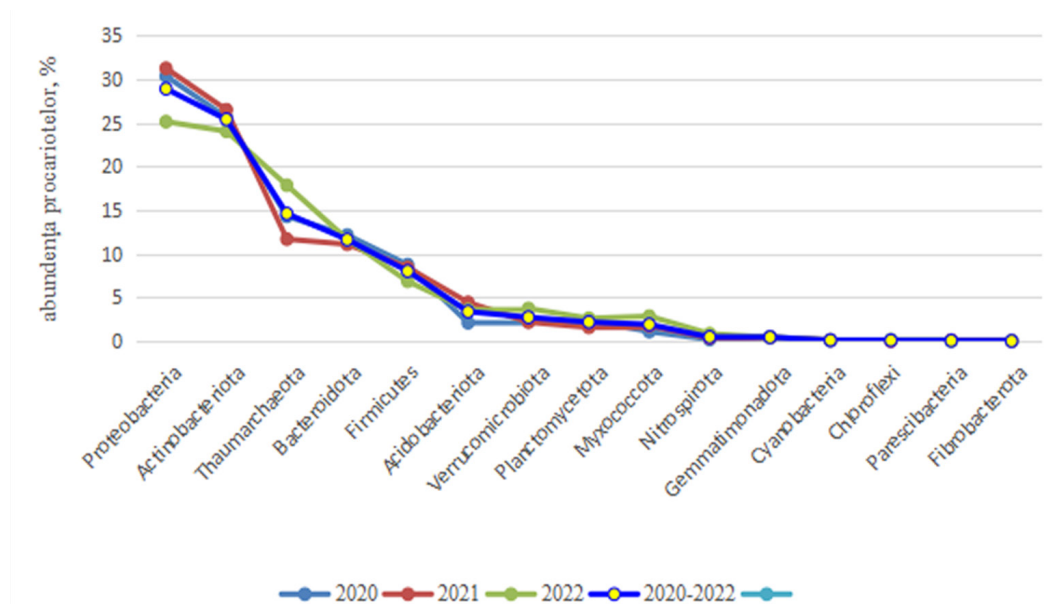
Filumurile cu rol ecologic neînsemnat, rar întâlnite și abundența ≤ 1%			
0,86			<i>Nitrospirota</i>
0,50	<i>Gemmatimonadota</i>		
0,44		<i>Gemmatimonadota</i>	<i>Gemmatimonadota</i>
0,39		<i>Nitrospirota</i>	
0,20	<i>Nitrospirota</i>		
0,17			<i>Chloroflexi</i>
0,14			<i>Cyanobacteria</i>
0,12	<i>Chloroflexi</i>	<i>Patescibacteria, Cyanobacteria</i>	
0,08	<i>Cyanobacteria</i>		
0,07	<i>Patescibacteria</i>		
0,04			<i>Fibrobacterota</i>
0,03	<i>Fibrobacterota</i>		<i>Patescibacteria</i>
0,02		<i>Fibrobacterota, Chloroflexi</i>	

Cea de-a treia grupă, deși constituită din cel mai mare număr de reprezentanți (6), are un rol ecologic neînsemnat, fiind compusă din microorganisme rar întâlnite, cu o abundență ≤ 1%: *Gemmatimonadota* (0,44-0,50%), *Nitrospirota* (0,20-0,86%), *Chloroflexi* (0,02-0,14%), *Cyanobacteria* (0,08-0,14%), *Patescibacteria* (0,03-0,07%) și *Fibrobacterota* (0,02-0,04%), având o pondere sumară doar de circa 1,26%.

Filumurile cu rol ecologic dominant și abundență ≥ 5% se succed constant de la un an la altul, modificându-și doar gradul de dominanță, în timp ce numărul și componentele lor rămân neschimbate. În contrast, filumurile cu rol ecologic secundar, obișnuit întâlnite cu abundența de 1-5% , și cele cu rol ecologic neînsemnat, rar întâlnite și cu abundența de până la 1%, își modifică atât gradul de dominanță, cât și modul de succesiune în spectru. Acest fapt sugerează că, într-un caz, condițiile de mediu sunt mai potrivite pentru activitatea vitală a unor microorganisme și mai puțin pentru altele, confirmând astfel că structura comunității de microorganisme a solului reflectă caracteristicile solului și poate fi folosită ca indicator al stării sale ecologice (Spain et al., 2009).

În figura 3 este prezentată forma curbilor de dominanță procariotă, ale căror date demonstrează că comunitățile microbiene studiate în diferiți ani se disting prin individualitatea sa. Conform principiilor ecologice (Odum, 1990), cu cât curba este mai mare și mai netedă, cu atât este mai mare diversitatea lor pentru un anumit număr de taxoni. Din figură se poate observa că aceste curbe sunt foarte apropiate și, în anumite puncte, chiar se contopesc, ceea ce indică faptul că comunitățile studiate sunt similare. De asemenea, curbele de dominanță sunt bine conturate și prezintă diferențe ne semnificative între ele.

Astfel, la nivelul sectorului filumurilor dominante, se observă o distanță între curbele anilor de studiu, în timp ce la nivelul filumurilor cu rol ecologic secundar această distanță se reduce considerabil, dispărând complet la nivelul filumurilor rare, cu rol ecologic neînsemnat în comunitate. O astfel de analiză nu doar că a confirmat regularitățile stabilite anterior, dar a relevat și faptul că filumurile rare, deși au cea mai mică abundență în comunitate, se manifestă ca active, fie privându-se, fie dobândindu-și un nou statut în cadrul comunității. Aceasta este o dovadă suplimentară că, indiferent de poziția lor ierarhică, microorganismele sunt într-o interacțiune constantă și sunt foarte importante pentru funcționarea echilibrată a comunității microbiene (Spain et al., 2009).



**Figura 3.** Forma curbelor de dominanță-diversitate a filumurilor procariote din cernoziomul tipic al Staționarului de Câmp „Biotron”, al Academiei de Științe a Moldovei aranjate în funcție de „semnificația lor”, %

Sub influența factorilor antropici, fizico-chimici și climatici, de la an la an a avut loc o restructurare și o redistribuire semnificativă a procariotelor. Aceste schimbări demonstrează că în lupta sa pentru supraviețuire și dobândirea substanțelor nutritive, microorganismele interacționează între ele, modificându-și gradul de dominanță în comunitate, pierzând sau dobândind un nou statut ecologic. Microbiomul solului Stației Experimentale de lungă durată poate fi caracterizat printr-o diversitate genetică, spectrul căreia este alcătuit din 15 filumuri. Majoritatea filumurilor (14) aparțineau domeniului *Bacteria*: *Proteobacteria*, *Actinobacteriota*, *Bacteroidota*, *Firmicutes*, *Verrucomicrobiota*, *Acidobacteriota*, *Planctomycetota*, *Myxococcota*, *Nitrospirota*, *Gemmatimonadota*, *Cyanobacteria*, *Patescibacteria*, *Fibrobacterota*, *Chloroflexi* și unul domeniului *Archaea* – *Thaumarchaeota*. După semnificația sa în comunitate, procariotele studiate pot fi divizate în trei grupe ecologice. Cota majoritară (88,49%) aparține grupului alcătuit din 5 filumuri cu abundența  $\geq 5\%$ , care în comunitate au rolul ecologic dominant, apoi celui cu abundența  $\leq 5\%$  și rol ecologic secundar (cca 10,25%) și procariotelor rare, adică cu o abundență  $\leq 1\%$  (circa 1,26%).

Prin urmare, analiza metagenomică a cernoziomului tipic al Moldovei, reflectând diversitatea reală a comunităților procariote din sol, indică influența generală pe termen lung a factorilor de mediu și antropici. Individualitatea dezvăluită a microbiomilor și diferențele stabilite în compoziția taxonomică a procariotelor se datorează mai multor motive. În primul rând, în ultimii ani, comunitățile microbiene din solurile Moldovei au fost supuse unui *pessimum* ecologic, exprimat prin secete debilitante de primăvară-vară, combinate cu umiditate insuficientă și temperaturi ridicate, iar toamna-iarna prin alternarea înghețurilor-dezgheturilor dese, însoțite de salturi bruște de temperatură. În al doilea rând, microorganismele, în competiția lor pentru substratul nutritiv sărac al solurilor antropice și în manifestarea potențialului ridicat de adaptare la condițiile mereu schimbătoare de mediu, determină amploarea funcțiilor ecologice ale cernoziomului cu un conținut de humus scăzut. În acest tip de sol, are loc o interacțiune bioinertă (Vernadsky, 1960) între componentele vii și cele nevii ale solului, ceea ce duce, pe termen lung, la formarea unei diversități diferențiate de procariote. Acest fapt

permite considerarea comunităților microbiene ca o unitate funcțională care, pe de o parte, depinde în totalitate de condițiile habitatului, iar, pe de altă parte, reprezintă principalul factor în formarea acestuia (Kutovaya et al., 2015). În al treilea rând, nu există nicio îndoială că nivelul colosal al diversității genetice din comunitățile microbiene păstrează urmele unor procese evolutive străvechi. Acestea aduc în prim-plan întrebări legate de influența factorilor de mediu asupra structurii comunităților microbiene din sol, de probleme asociate cu fertilitatea solului și folosirea terenurilor agricole, în timp ce, în profunzime, există probleme asociate nu doar cu evoluția biosferei, ci și cu originea vieții pe Pământ (Andronov cu colab., 2012; Tikhonovichi și al., 2018, Targulian, Bronnikova, 2019).

## CONCLUZII

Acest nou nivel de diversitate filogenetică indică faptul că înțelegerea funcțiilor microorganismelor din sol, inclusiv a celor din grupurile filogenetice cu membri culturali numeroși și bine caracterizați, cum ar fi procariotele, se află încă într-un stadiu incipient. Analiza a evidențiat faptul că majoritatea taxonilor nu conțin reprezentanți culturali descriși. Caracteristicile microbiomului solului pot servi drept indicator universal și foarte sensibil al stării solului, fiind utile în optimizarea și biologizarea sistemelor agricole.

Deși datele obținute oferă informații despre distribuția și preferințele ecologice ale procariotelor în cernoziomul tipic al Moldovei, noul nivel de diversitate filogenetică indică faptul că înțelegerea funcțiilor microorganismelor din sol poate fi caracterizată ca preliminară. Este evident că diversitatea acestora reflectă însușirile habitatului, care sunt strâns legate de multifuncționalitatea și caracteristicile specifice ale microorganismelor.

Datorita acestui fapt, procariotele joacă un rol excepțional în determinarea specificității comportamentului lor în mediul biologic studiat, precum și în funcția lor ca elemente esențiale în formarea substanței organice din sol. Aceste proprietăți subliniază importanța procariotelor ca elemente structurale ale substanței vii din sol, care, prin competiția pentru nutrienți și interacțiunea lor continuă, își asigură rolul de „alfabet molecular” al materiei vii.

## REFERINȚE BIBLIOGRAFICE

1. AMANN, R. I.; W. LUDWING and K. SGHLEIFER (1995). Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiological Reviews*, vol. 59 (1), pp. 143-169.
2. ANDRONOV, E. E.; S. N. PETROVA; A. G. PINAEV; E. V. PERSHINA; K. M. AKHMEDENOV et al. (2012). Analysis of the Structure of Microbial Community in Soils with Different Degrees of Salinization Using T\_RFLP and Real Time PCR Techniques. *Eurasian Soil Science*, vol. 45, no 2, pp. 147-156.
3. ASLAM, Z.; Z. Aslam; M. Yasir; A. Khaliq and K. Matsui, Y. R. Chung (2010). Too much bacteria still unculturable. *Crop & Environment*, vol. 1(1), pp. 59-60.
4. BATES, S.T.; D. BERG-LYONS; J. G. CAPARASO; W. A. WALTERS; R. KNIGHT et al. (2011). Examining the global distribution of dominant archaeal populations in soil. *ISME J*, vol. 5, pp. 908-917.
5. BOINCEAN, B. and D. DENT. (2020). *Management durabil și rezilient al solurilor de cernoziom*. Chișinău: Editura Prut, 244 p. ISBN 978-9975-54-519-8.
6. BOLGER, A. M.; M. LOHSE and B. USADEL (2014). Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, vol. 30 (15), pp. 2114-2120. Disponibil: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/30/15/2114/2390096>
7. CAPORASO, J. G.; J. KUCZYNSKI; J. STOMBAUGH; K. BITTINGER; F. D. BUSHMAN et al. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data Intensity normalization improves

- color calling in SOLiD sequencing. *Nature Publishing Group*, vol. 7 (5), pp. 335-336. DOI 10.1038/nmeth.f.303.
8. CHERNOV, T. I.; M. P. LEBEDEVA; A. K.TKHAKAKHOVA and O. V. KUTOVAYA (2017). Profile analysis of microbiomes in soils of solonetz complex in the Caspian Lowland. *Eurasian Soil Science*, vol. 50, pp. 64-69.
  9. CHIRAK, E. L.; E. V. PERSHINA; O. V. KUTOVAYA; E. S. VASILENKO; B. M. KOGUT et al. (2013). Taxonomic structure of microbial Association in different soils investigated by high-throughput sequencing of 16s-rRNA gene library. *Сельскохозяйственная биология*, № 3, pp. 100-109. Disponibil: <https://www.agrobiology.ru/articles/3-2013chirak.pdf>
  10. CHIRAK, E. R.; A. K. KIMEKLIS; E. S. KSARASEV; V. V. KOPAT; V. I. SAFRONOVA et al. (2019). Search for ancestral features in genomes of *Rhizobium leguminosarum* bv. *Viciae* strains isolated from the relict legume *Vavilovia formosa*. *Genes*, vol. 10 (12), p. 990. Disponibil: <https://www.mdpi.com/2073-4425/10/12/990>
  11. CHOUDHARY, M.; P. C. SHARMA; H. S. JAT; A. DASH; B. RAJASHEKAR et al. (2018). Soil bacterial diversity under conservation agriculture-based cereal systems in Indo-Gangetic Plains. *3 Biotech*, vol. 8, no 304. Disponibil: <https://doi.org/10.1007/s13205-018-1317-9>
  12. DORAN, J. W. and M. R. ZEISS (2000). Soil health and sustainability: managing the biotic component of soil quality. *Applied Soil Ecology*, vol. 15, pp. 3-11. Disponibil: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0929139300000676>
  13. DORAN, J. W.; M. SARRANTONIO and M. A. LIEBIG (1996). Soil Health and Sustainability. *Advances in Agronomy*, vol. 56, pp. 1-54.
  14. HANDELSMAN, J. (2004). Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, vol. 68 (4), pp. 669-685. DOI 10.1128/MMBR.68.4.669-685.2004.
  15. HOTĂRÂREA GUVERNULUI REPUBLICII MOLDOVA (HG) cu privire la Cadastrul funciar conform situației la 1 ianuarie 2015: nr. 275 din 19 mai 2015. *Monitorul Oficial*, nr. 131-138/322 din 29.05.2015.
  16. IVANOVA, E. A.; O. V. KUTOVAYA; A. K. TKHAKAKHOVA; T. I. CHERNOV; E. V. PERSHINA et al. (2015). The structure of microbial community in aggregates of a typical chernozem aggregates under contrasting variants of its agricultural use. *Eurasian Soil Science*, vol. 48, pp. 1242-1256.
  17. KIMEKLIS, A. K.; Y. A. DMITRAKOVA; E. V. PERSHINA; E. A. IVANOVA; A. O. ZVEREV et al. (2020). Analysis of microbiome of recultivated soils of the kingisepp area of phosphorite mining. *Сельскохозяйственная биология*, № 55, pp. 137-152.
  18. KUTOVAYA, O. V.; M. P. LEBEDEVA; A. K.TKHAKAKHOVA; E. A. IVANOVA and E. E. ANDRONOV (2015). Metagenomic Characterization of Biodiversity in the Extremely Arid Desert Soils of Kazakhstan. *Eurasian Soil Science*, vol. 48, no 5, pp. 493-500. Disponibil: <https://doi:10.1134/S106422931505004X>
  19. PERSHINA, E. V.; E. A. IVANOVA; I. O. KORVIGO; E. L. CHIRAKA; N. H. SERGALIEV et al. (2018). Investigation of the core microbiome in main soil types from the East European plain. *Science of the Total Environment*, vol. 631-632, pp. 1421-1430. Disponibil: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.03.136>
  20. ROLF, R. (2005). The metagenomics of soil. *Nature Reviews Microbiology*, vol. 3, pp. 470-478.
  21. SEMENOV, M. V.; T. I. CHERNOV; A. K. TKHAKAKHOVA; A. D. ZHELEZOVA; E. A. IVANOVAE et al. (2018). Distribution of prokaryotic communities throughout the chernozem profiles under different land uses for over a century. *Applied Soil Ecology*, vol. 127, pp. 8-18. Disponibil: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0929139317312143>
  22. SPAIN, A. M.; L. R. KRUMHOLZ and M. S. ELSHAHED (2009). Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria. *ISME J.*, vol. 3(8), pp. 992-1000. Disponibil: <https://www.nature.com/articles/ismej200943>
  23. TARGULIAN, V. O. and M. A. BRONNIKOVA (2019). Soil memory: theoretical basics of the concept, its current state, and prospects for development. *Eurasian Soil Science*, vol. 52, pp. 229-243.
  24. TORSVIK, V. and L. ØVREAS (2002). Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems. *Current Opinion in Microbiology*, vol. 5 (3), pp. 240-245. DOI 10.1016/s1369-5274(02)00324-7.
  25. URSU, ANDREI și STELA CURCUBĂȚ (2018). Istoria cernoziomului moldovenesc. *Buletinul Academiei de Științe a Moldovei. Științele vieții*, nr. 1(334), pp. 156-163. Disponibil: [https://ibn.idsi.md/sites/default/files/imag\\_file/156-163\\_1.pdf](https://ibn.idsi.md/sites/default/files/imag_file/156-163_1.pdf)
  26. VERNADSKY, V. I. (1960). Selected Works (Academy of Sciences of USSR). Vol. 5. Moscow, 1960.

27. ZVEREV, A. O.; A. A. KICHKO; A. G. PINAEV; N. A. PROVOROV and E. E. ANDRONOV (2021). Diversity Indices of Plant Communities and Their Rhizosphere Microbiomes: An Attempt to Find the Connection. *Microorganisms*, vol. 9, p. 2339. Disponibil: <https://doi.org/10.3390/microorganisms9112339>

**Conflict of interests**

No competing interests were disclosed.

**Paper history**

Received 11.08.2024; Accepted 12.10.2024

**Copyright:** © 2024 by the author(s). This is an open access article distributed under the Creative Commons Attribution License (CC BY 4.0).