



Разнообразие фосформобилизующих, азотфиксирующих и патогенных бактерий в почвах возделываемых полей Свердловской области

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Доступность органических веществ и патогенность среды — ключевые факторы для роста растений. Фосфатмобилизующие бактерии переводят фосфаты в доступную форму. Азотфиксирующие бактерии обеспечивают растения азотом. Бактериальные инфекции ослабляют растения и вызывают их гибель и потерю урожая. Современные технологии секвенирования ускоряют изучение микробного разнообразия. **Цель работы** — оценить присутствие фосфор- и азотмобилизующих бактерий, а также патогенов, поражающих картофель, на возделываемых угодьях Свердловской области.

Методы. В статье рассмотрены характеристика почв Свердловской области, их минеральный и органический состав и бактериальное разнообразие. Исследования проводились на дерново-подзолистых почвах, где определялись содержание гумуса, уровень кислотности и содержание питательных веществ. Анализ микробиологического состава почв включал секвенирование и фильтрацию данных 16S рРНК.

Результаты. Было обнаружено, что бактерии, участвующие в мобилизации фосфора и фиксации азота, составляют значимую часть микробного сообщества, свыше 12% относительного обилия приходится на эти группы. Распределение этих бактерий по полям показало отсутствие значимых различий в их относительной численности и видовом составе. Не было обнаружено значимых корреляций между видовым богатством бактерий и минеральным составом почвы. Однако корреляционный анализ относительных обилий родов *Agrobacterium*, *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Phyllobacterium*, *Arthrobacter* и *Phyllobacterium* продемонстрировал значимую связь этих родов к кислотности почвы, содержанию общего и легкогидролизуемого азота. Качественный анализ выявил наличие патогенных бактерий, вызывающих бактериозы картофеля, таких как *Ralstonia solanacearum*, *Pectobacterium carotovorum*, *Liberibacter crescens*, *Streptomyces* sp.

Ключевые слова: микробиота, *Solanum tuberosum* L., азотфиксаторы, фосфатмобилизующие бактерии, патогены

Для цитирования: Лиходеевский Г.А., Шанина Е.П. Разнообразие фосформобилизующих, азотфиксирующих и патогенных бактерий в почвах возделываемых полей Свердловской области. *Аграрная наука*. 2025; 391(02): 129–137.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-391-02-129-137>

Diversity of phosphate-solubilizing, nitrogen-fixing and pathogenic bacteria in soils of cultivated fields of the Sverdlovsk region

ABSTRACT

Relevance. The availability of organic substances and environmental pathogenicity are key factors in plant growth. Phosphate solubilizing bacteria convert phosphate to an available form, while nitrogen fixing bacteria provide nitrogen for plants. Bacterial infections can weaken plants, causing them to die or lose their crops. Modern sequencing technologies have accelerated the study of human microbial diversity.

The aim of this study was to assess the presence of phosphate solubilizing and nitrogen fixing bacteria, as well as pathogenic bacteria affecting potatoes in the cultivated areas of the Sverdlovsk region.

Methods. This article examines the characteristics of the soils in the Sverdlovsk area, their mineral and organic composition, and bacterial diversity. Studies were conducted on sod-podzolic soils where humus content, acidity levels, and nutrient content were measured. Analysis of the microbiological composition of the soil included sequencing and filtration of 16S rRNA data.

Results. It was found that bacteria involved in phosphate mobilization and nitrogen fixation make up a significant portion of the microbial community, with more than 12% accounted for by these groups. The distribution of these bacteria across fields showed no significant difference in relative abundance or species composition. Additionally, no significant correlation was found between bacterial species richness and mineral composition of soil. However, correlation analysis of relative abundances of genera *Agrobacterium*, *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Phyllobacteri*, *Arthrobater* and *Phyllobacter* revealed a significant relationship between these genera and soil acidity and total and easily hydrolysable nitrogen content. Qualitative analysis also revealed the presence of pathogenic bacteria causing potato bacteriosis such as *Ralstonia solanacearu*, *Pectobacterium carotovaru*, *Liberibacter crecens*, *Streptomyces* spp.

Key words: microbiota, *Solanum tuberosum* L., nitrogen fixers, phosphate solubilizing bacteria, pathogens

For citation: Lihodeevskiy G.A., Shanina E.P. Diversity of phosphate-solubilizing, nitrogen-fixing and pathogenic bacteria in soils of cultivated fields of the Sverdlovsk region. *Agrarian science*. 2025; 391(02): 129–137 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-391-02-129-137>

Введение/Introduction

Доступность органических веществ и уровень патогенности среды — основные лимитирующие факторы развития растений. Широко известно, что фосфаты необходимы для роста растений и участвуют в различных реакциях. Они — лимитирующий фактор для развития растений, их дефицит в почвах сегодня решается внесением удобрений. Однако химические удобрения дороги и менее эффективны, чем органические. Почвенные микроорганизмы способны переводить фосфатные соединения в доступные для растений формы [1].

Фосфатомобилизующие (ФМ) бактерии в основном относятся к трем филумам бактерий: *Firmicutes*, *Actinobacteria* и *Proteobacteria* [2]. А на уровне рода выделяют *Acinetobacter*, *Aeromonas*, *Agrobacterium*, *Arthrobacter*, *Azotobacter*, *Bacillus*, *Bradyrhizobium*, *Burkholderia*, *Citrobacter*, *Cyanobacteria*, *Delftia*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Gordonia*, *Klebsiella*, *Kushneria*, *Micrococcus*, *Paenibacillus*, *Pantoea*, *Phyllobacterium*, *Pseudomonas*, *Rhizobium*, *Rhodococcus*, *Salmonella*, *Serratia*, *Sinomonas*, *Sphingobium*, *Streptomyces*, *Thiobacillus* и *Xanthomonas* [3–5].

Отмечается видовая специфичность бактерий в зависимости от растения хозяина, и у культурных растений выявлены связи со следующими видами: *Acinetobacter rizosphaerae*, *Acinetobacter sp.*, *Alcaligenes faecalis*, *Arthrobacter defluvi*, *Arthrobacter sp.*, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus atrophaeus*, *Bacillus cepacia*, *Bacillus cereus*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus megaterium*, *Burkholderia cenocepacia*, *Chryseobacterium sp.*, *Chryseomonas luteola*, *Cupriavidus sp.*, *Enterobacter aerogenes*, *Enterobacter asburiae*, *Enterobacter sp.*, *Enterobacter taylorae*, *Exiguobacterium acetylicum*, *Klebsiella sp.*, *Klebsiella variicola*, *Kluyvera cryocrescens*, *Leclercia adecarboxylata*, *Mycobacterium phlei*, *Ochrobactrum pseudogrignonense*, *Paenibacillus macerans*, *Pantoea agglomerans*, *Pseudomonas chlororaphis*, *Pseudomonas corrugata*, *Pseudomonas fluorescens*, *Pseudomonas fragi*, *Pseudomonas frederiksbergensis*, *Pseudomonas fulva*, *Pseudomonas lurida*, *Pseudomonas poae*, *Pseudomonas putida*, *Pseudomonas sp.*, *Pseudomonas stutzeri*, *Pseudomonas trivalis*, *Rahnella aquatilis HX2*, *Rhizobium sp.*, *Rhodanobacter sp.*, *Rhodococcus erythropolis*, *Rhodococcus sp.*, *Serratia marcescens*, *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus haemolyticus*, *Tetrathiodibacter sp.*, *Vibrio proteolyticus*, *Vibrio paradoxus*, *Xanthobacter agilis*, *Xanthomonas campestris* [6].

Известны некоторые виды, ассоциированные преимущественно с картофелем, например *Bacillus pumilus*, который оказывает значимое влияние на развитие побегов картофеля [7], или виды *Bacillus thuringiensis*, *Enterobacter cloacae*, *Pseudomonas pseudoalcaligenes*, выделенные из дикого картофеля и отмеченные в качестве кандидатов, способных повысить урожайность и усвоение питательных веществ культурными сортами картофеля [8].

Азот является ключевым питательным элементом для роста растений, несмотря на то что он присутствует в атмосфере в молекулярной форме и не может быть непосредственно усвоен растениями. Для того чтобы растение могло метаболизировать азот, он должен быть преобразован в доступную форму. Биологическая фиксация азота играет важную роль в круговороте азота в экосистемах, обеспечивая растения доступным азотом для синтеза нуклеиновых кислот, аминокислот, белков и других жизненно важных органических соединений. Этот процесс осуществляется различными видами бактерий, которые принадлежат разнообразным таксонам.

Выделяют свободноживущие азотфиксаторы (АФ), к которым относятся *Azoarcus*, *Azotobacter*, *Azospirillum*, *Gluconoacetobacter*, цианобактерии *Anabaena*, *Nostoc* [9] и симбиотические *Allorhizobium*, *Azorhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Mesorhizobium*, *Rhizobium* и *Sinorhizobium*, которые образуют связь с представителями бобовых [10]. Известны некоторые отдельные виды, например *Burkholderia vietnamiensis*, единственный представитель своего рода, способный к фиксации атмосферного азота [11], патогенный вид *Ralstonia solanacearum* вызывает увядание картофеля или бурую гниль [12], *Rhodobacter capsulatus* [13], *Leptospirillum ferrooxidans* [14].

Бактериальные инфекции приводят к ослаблению и гибели растений в процессе их роста, а также к загниванию клубней как в почве, так и в процессе хранения. Ежегодные потери урожая от бактериальных заболеваний составляют от 10 до 15%, а в годы, когда бактериальные инфекции приобретают характер эпифитотий, они могут превышать 50% [15].

На картофеле паразитирует широкий спектр бактериальных бактерий, в основном представленный *Ralstonia*, *Clavibacter*, *Pectobacterium*, *Dickeya*, *Streptomyces* и *Liberibacter* [16]. *Ralstonia solanacearum*, *R. pseudosolanacearum* и *R. syzygii* — возбудители коричневой гнили [17]. *Pectobacterium* вызывает такое заболевание, как черная ножка (некроз стебля) [18], а его представители способны поражать растения совместно с видами рода *Dickeya* [19]. *Liberibacter crescens* вызывает патологию клубня — *Zebra chip* (картофель пятнистый) [20]. *Clavibacter michiganensis* — причина круговой гнили клубня [21]. Широкий спектр представителей рода *Streptomyces* вызывает паршу обыкновенную [22], в частности на картофеле преимущественно паразитируют виды *Streptomyces scabies*, *S. acidiscabiei* и *S. turgidiscabiei* [23].

Изучение всего вышеперечисленного разнообразия заняло бы продолжительное время, если бы не современные технологии высокопроизводительного секвенирования второго (Illumina) или третьего поколения (PacBio, Oxford Nanopore). Они позволяют получать большой объем данных секвенирования с достаточно высокой степенью достоверности. Это позволяет покрыть

максимально возможное число родов бактерий и даже их видов, а также выявить низкообильные по сравнению с другими группами бактерий, патогенные виды.

Цель работы — оценка присутствия и разнообразия известных таксонов фосформобилизующих и азотфиксирующих бактерий, а также патогенных видов бактерий картофеля в возделываемых полях Свердловской области.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Для данной работы были использованы результаты секвенирования 2022 года образцов почв с восьми полей, расположенных в трех зонах Свердловской области — г. Екатеринбурге, Белоярском и Сысертском районах. Более подробное описание методики отбора, секвенирования и результатов секвенирования в предыдущей работе авторов [24]. Выявление групп азотфиксаторов и фосформобилизующих бактерий проводили в соответствии со списком видов и родов, представленным в обзоре данной работы.

Содержание гумуса¹, реакцию почвенной среды $pH_{\text{сол}}^2$, содержание общего азота³, азота легкогидролизующего и фосфора подвижного⁴ определяли в объединенной пробе, сложенной из отобранных точечных образцов. Анализ проводили в аналитической лаборатории Уральского научно-исследовательского института сельского хозяйства.

Результаты опыта были обработаны биометрически с помощью программного обеспечения R⁵.

Матрицы обилия таксономических единиц создавали с помощью пакета OTUtable [25], там же проводили фильтрацию.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Почвы на территории Свердловской области, на которых ведется сельскохозяйственная деятельность относятся к подтипу дерново-подзолистых.

По результатам определения содержания гумуса (табл. 1), во всех полях, кроме Е2, почва относится к сильногумусным (> 4%). По уровню кислотности выделяются сильнокислые (диапазон 4–4,5), среднекислые (4,5–5,0), слабокислые (5–6) и нейтральные (6–7,5) почвы.

Содержание подвижного фосфора повышенное или высокое. Значительный выброс свыше 1500 мг на 1 кг почвы на поле Б2 объясняется тем, что поле в момент забора образцов оставалось под паром и было обильно унавожено. Содержание легкогидролизующего азота низкое на полях Е2, Е4; среднее — на поле Б2, на остальных — высокое в соответствии с оценкой [26]. Наибольшее содержание общего азота обнаружено на поле Е1, а наименьшее — на поле Е2.

По результатам секвенирования и фильтрации данных для анализа было доступно 565 618 чтений фрагмента 16S бактериальной рРНК. После фильтрации и расчета матрицы обилия операционных таксономических единиц (ОТЕ) до видового уровня были определены 564 262 чтения (табл. 2).

Из-за того, что почва является достаточно проблематичным типом образцов для исследования нуклеиновых кислот (большое разнообразие

Таблица 2. Результат определения бактериального разнообразия

Table 2. The result of the determination of bacterial diversity

Район	Поле	Суммарное количество чтений	Суммарное количество выявленных родов	Количество родов АФ	Количество родов ФМ
Белоярский р-н	Б1	22 511	425	2	14
	Б2	45 422	529	4	16
	Е1	95 504	619	4	17
	Е2	37 427	412	4	13
	Е3	96 898	625	4	15
г. Екатеринбург	Е4	100 014	625	4	20
	Е5	137 333	617	4	18
	С1	29 153	483	4	13

Таблица 1. Результат анализа дерново-подзолистой почвы в исследуемых образцах

Table 1. The result of the analysis of sod-podzolic soil in the studied samples

Район	Поле	Содержание гумуса, %	pH	Азот общий, %	Азот легкогидролизующий, мг N / 1 кг почвы	Фосфор подвижный, мг P_2O_5 / 1 кг почвы	Характеристика почвы
Белоярский район	Б1	4,9	5,36	0,37	270	154,5	сильногумусная слабокислая
Белоярский район	Б2	5,1	6,26	0,37	193	1562,5	сильногумусная нейтральная
г. Екатеринбург	Е1	4,54	4,62	0,56	366	212,5	сильногумусная среднекислая
г. Екатеринбург	Е2	2,91	5,73	0,17	106	212,5	среднегумусная слабокислая
г. Екатеринбург	Е3	4,45	4,95	0,27	219	282,5	сильногумусная среднекислая
г. Екатеринбург	Е4	4,14	4,29	0,2	130	262	сильногумусная сильнокислая
г. Екатеринбург	Е5	4,40	4,32	0,27	209	515	сильногумусная сильнокислая
Сысертский р-н	С1	5,46	5,65	0,4	220	257,5	сильногумусная слабокислая

¹ ГОСТ 26213-2021 Почвы. Методы определения органического вещества.

² ГОСТ 26483-85 Почвы. Приготовление солевой вытяжки и определение ее pH по методу ЦИНАО.

³ ГОСТ Р 58596-2019 Почвы. Методы определения общего азота.

⁴ ГОСТ 26207-91 Почвы. Определение подвижных соединений фосфора и калия по методу Кирсанова в модификации ЦИНАО.

⁵ R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria 2023 [электронный ресурс]. — URL: <https://www.R-project.org/> (дата обращения: 22.06.2024).

типов, различный уровень кислотности и содержания минеральных веществ, наличие гумусовых кислот и других органических соединений) при использовании стандартизированной методики выделения и секвенирования, выход чтений значительно разнится. Однако можно анализировать относительные обилия бактерий. Так, суммарно по всем образцам 3,73% всех ОТЕ принадлежат группе фосформобилизирующих бактерий, 1,01% — группе азотфиксаторов, 8,54% — бактериям, входящим в обе группы.

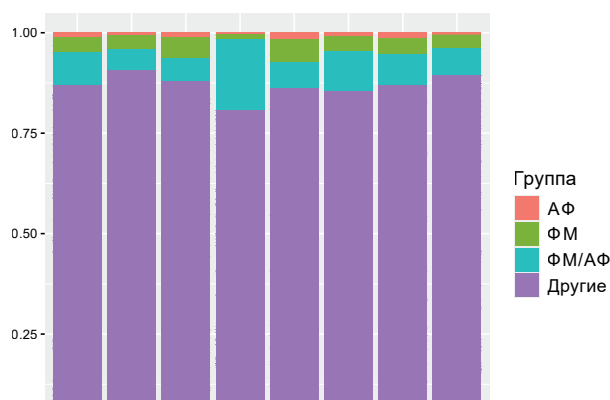
Распределение по полям (рис. 1) следующее: максимальное относительное обилие бактерий АФ наблюдается на поле Е3 (1,77%), минимальное — на поле Е2 (0,47%); наибольшая доля группы ФМ обнаружена на поле Е3 (5,46%), минимальная — на поле Е2 (1,09%), но на поле Е2 больше всего представлена группа ФМ/АФ — 17,73%, меньше всего она на поле Б2 — 5,2%.

В группе АФ преобладает род *Mesorhizobium* с общей долей 1,14% и доминантным видом *Mesorhizobium terrae*; в группе ФМ/АФ самые распространенные род *Bradyrhizobium* и вид *Bradyrhizobium mercantei*. Наибольшую долю в группе ФМ насчитывает *Paenibacillus* с суммарным весом в 1,62% и наиболее представленным видом *Paenibacillus solisilvae*.

Оценка видового альфа-разнообразия показала достоверные различия для группы фосформобилизирующих бактерий между полями Е2 и Б2

Рис. 1. Относительные обилия функциональных групп бактериального сообщества сельскохозяйственных полей Свердловской области: АФ — азотфиксирующие бактерии, ФМ — фосформобилизирующие

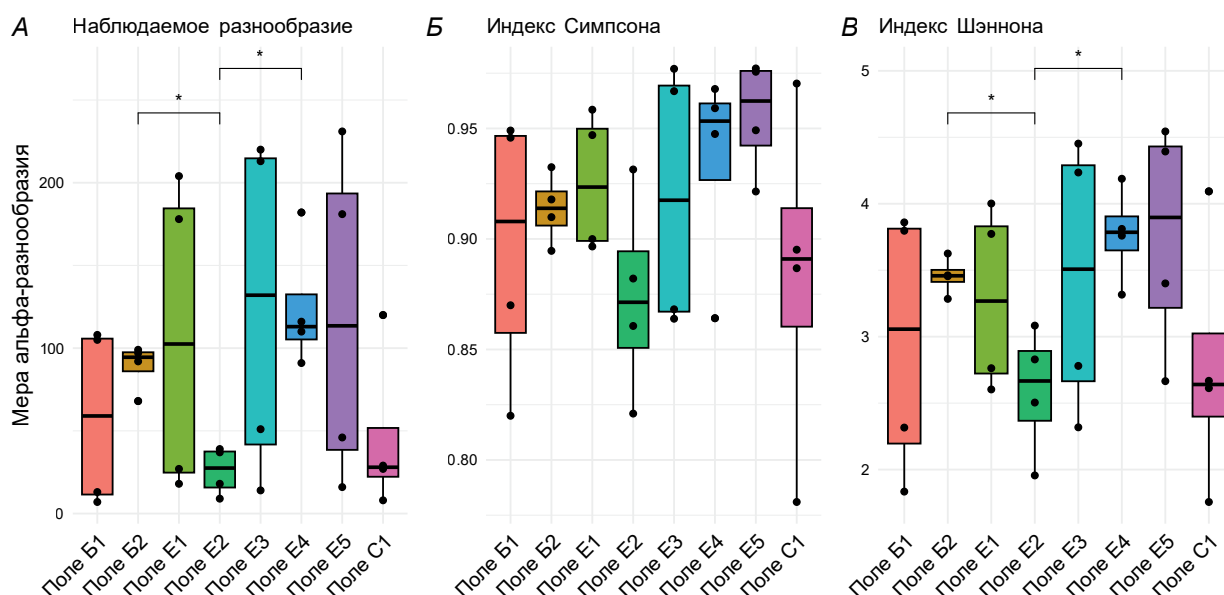
Fig. 1. Relative abundance of functional groups of the bacterial community of agricultural fields in the Sverdlovsk region: АФ — nitrogen fixing bacteria, ФМ — phosphate solubilizing bacteria



для оценок наблюдаемого разнообразия, оценки по Симпсону и Шэннону (рис. 2), при этом видовое разнообразие ниже на поле Е2. Подобные результаты получены и в отношении альфа-разнообразия азотфиксирующих и объединенной групп бактерий (рис. 3, 4), оценки Симпсона и Шэннона также демонстрируют значимые различия между полями Е1 и Е2.

Рис. 2. Альфа-разнообразие группы фосформобилизирующих бактерий исследованных полей Свердловской области: А — наблюдаемое разнообразие; Б — разнообразие, оцененное по Симпсону; В — разнообразие, оцененное по Шэннону. Прямоугольники представляют нижний и верхний квартили, утолщенные горизонтальные линии, внутри прямоугольников — медианы, вертикальные линии, проходящие от прямоугольника к наименьшим и наибольшим значениям, отдельные точки — выбросы. Горизонтальные отрезки — попарные сравнения по Критерию Уилкоксона

Fig. 2. Alpha-diversity of a group of phosphate solubilizing bacteria of the studied fields of the Sverdlovsk region: A is the observed diversity; B is the diversity estimated by Simpson; B is the diversity estimated by Shannon. Rectangles represent the lower and upper quartiles, thickened horizontal lines, medians inside rectangles, vertical lines extending from the rectangle to the smallest and largest values, individual points are outliers. Horizontal segments are pairwise comparisons according to the Wilcoxon Criterion



Примечание: * $p < 0,05$.

Note: * $p < 0.05$.

Рис. 3. Альфа-разнообразие группы азотфиксирующих бактерий исследованных полей Свердловской области: А — наблюдаемое разнообразие; Б — разнообразие, оцененное по Симпсону; В — разнообразие, оцененное по Шэннону. Прямоугольники представляют нижний и верхний квартили, утолщенные горизонтальные линии, внутри прямоугольников — медианы, вертикальные линии, проходящие от прямоугольника к наименьшим и наибольшим значениям, отдельные точки — выбросы. Горизонтальные отрезки — попарные сравнения по Критерию Уилкоксона

Fig. 3. Alpha-diversity of a group of nitrogen fixing bacteria of the studied fields of the Sverdlovsk region: A is the observed diversity; Б is the diversity estimated by Simpson; В is the diversity estimated by Shannon. Rectangles represent the lower and upper quartiles, thickened horizontal lines, medians inside rectangles, vertical lines extending from the rectangle to the smallest and largest values, individual points are outliers. Horizontal segments are pairwise comparisons according to the Wilcoxon Criterion

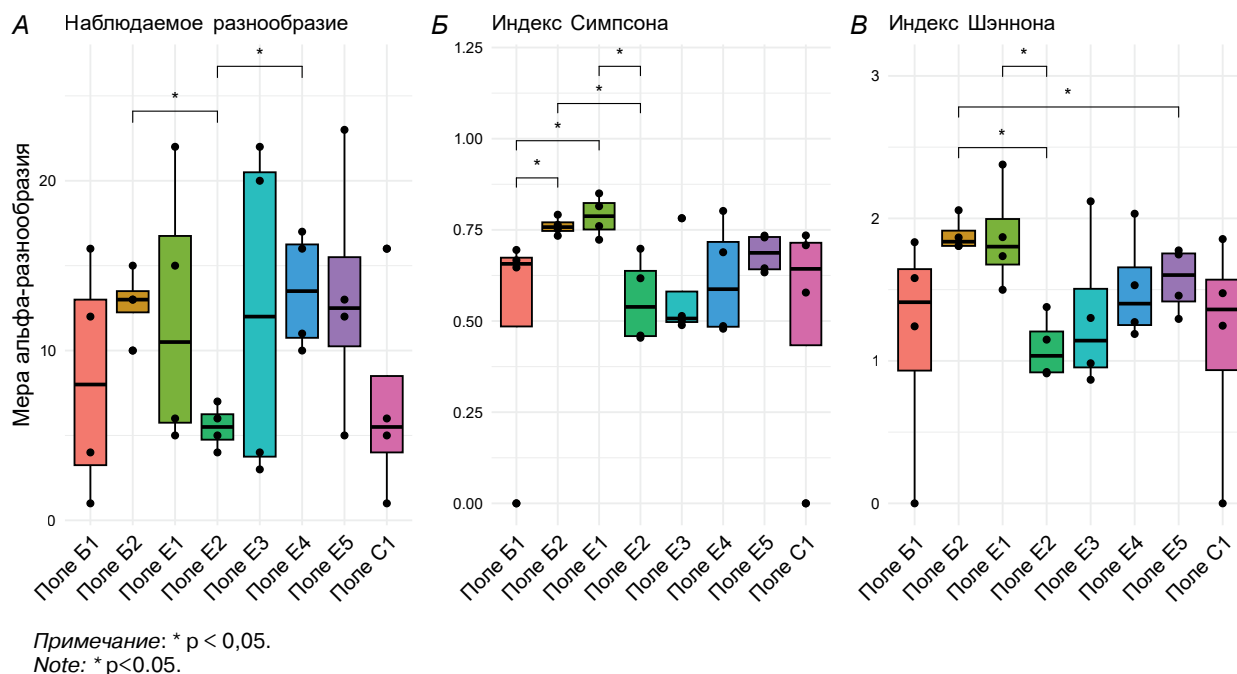
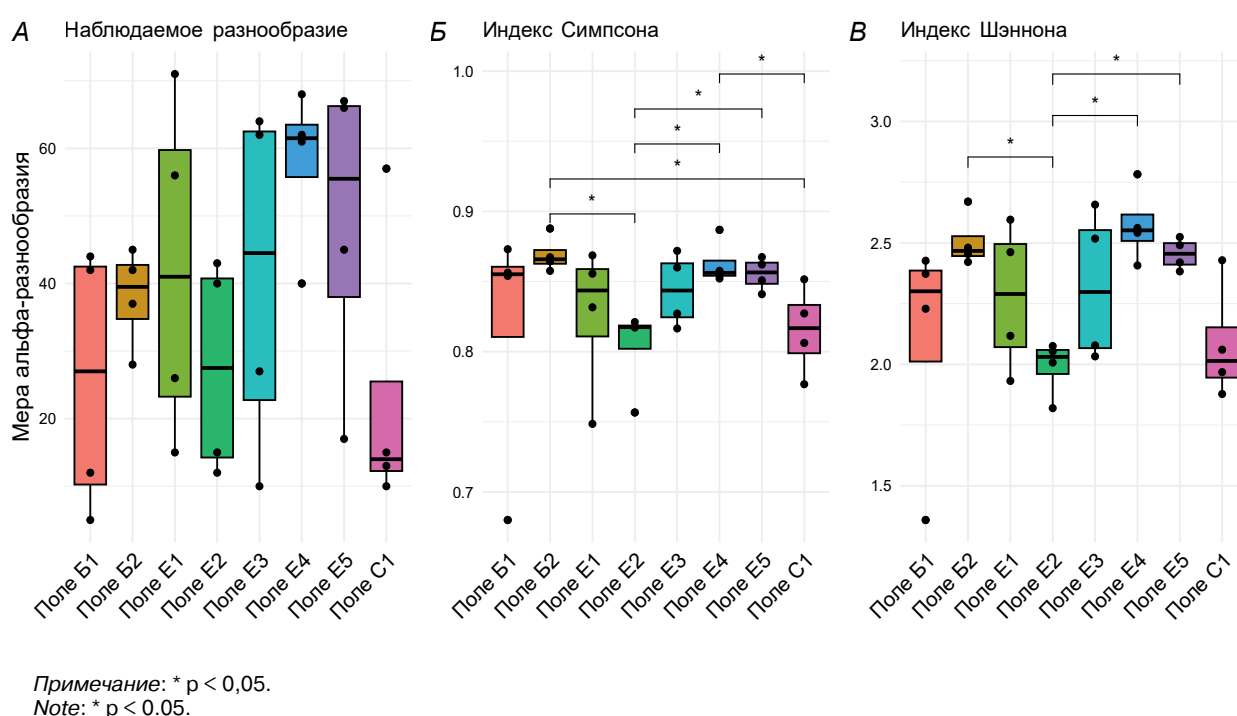


Рис. 4. Альфа-разнообразие объединенной группы фосформобилизирующих и азотфиксирующих бактерий исследованных полей Свердловской области: А — наблюдаемое разнообразие; Б — разнообразие, оцененное по Симпсону; В — разнообразие, оцененное по Шэннону. Прямоугольники представляют нижний и верхний квартили, утолщенные горизонтальные линии, внутри прямоугольников — медианы, вертикальные линии, проходящие от прямоугольника к наименьшим и наибольшим значениям, отдельные точки — выбросы. Горизонтальные отрезки — попарные сравнения по Критерию Уилкоксона

Fig. 4. Alpha-diversity of a group of nitrogen fixing bacteria of the studied fields of the Sverdlovsk region: A is the observed diversity; Б is the diversity estimated by Simpson; В is the diversity estimated by Shannon. Rectangles represent the lower and upper quartiles, thickened horizontal lines, medians inside rectangles, vertical lines extending from the rectangle to the smallest and largest values, individual points are outliers. Horizontal segments are pairwise comparisons according to the Wilcoxon Criterion



Полученные результаты анализа почв и видового разнообразия не продемонстрировали значимых корреляций между видовыми богатствами групп бактерий ФМ, ФМ/АФ и АФ и минеральным составом. Только у 5 родов из 23 были обнаружены значимые корреляции относительного обилия с показателями pH (*Agrobacterium*, *Rhizobium*), общего азота (*Bradyrhizobium*, *Phyllobacterium*) и азота легкогидролизуемого (*Arthrobacter*, *Phyllobacterium*) (рис. 5).

Agrobacterium, *Rhizobium* увеличивают свою относительную численность тем больше, чем кислее почва, представители *Rhizobium* толерантны к понижению pH [27, 28], в свою очередь у *Agrobacterium* при таком изменении pH запускается механизм перехода в вирулентную фазу [29]. Наблюдается отрицательная корреляция представителей рода *Bradyrhizobium* относительно доли общего азота, что интересно, ведь в род входят азотфиксаторы [30]. Виды рода *Arthrobacter* способны метаболизировать широкий список неорганического азота [31], в том числе сообщалось об их азотфиксирующих способностях [32]. *Phyllobacterium* род богат видами, заселяющими клубеньки бобовых и участвующими в фиксации атмосферного азота [33].

В рамках выявления бактерий, вызывающих бактериозы, ограничились качественным анализом.

Во всех образцах были обнаружены различные патогенные виды бактерий, приводящие к заболеваниям картофеля (табл. 3).

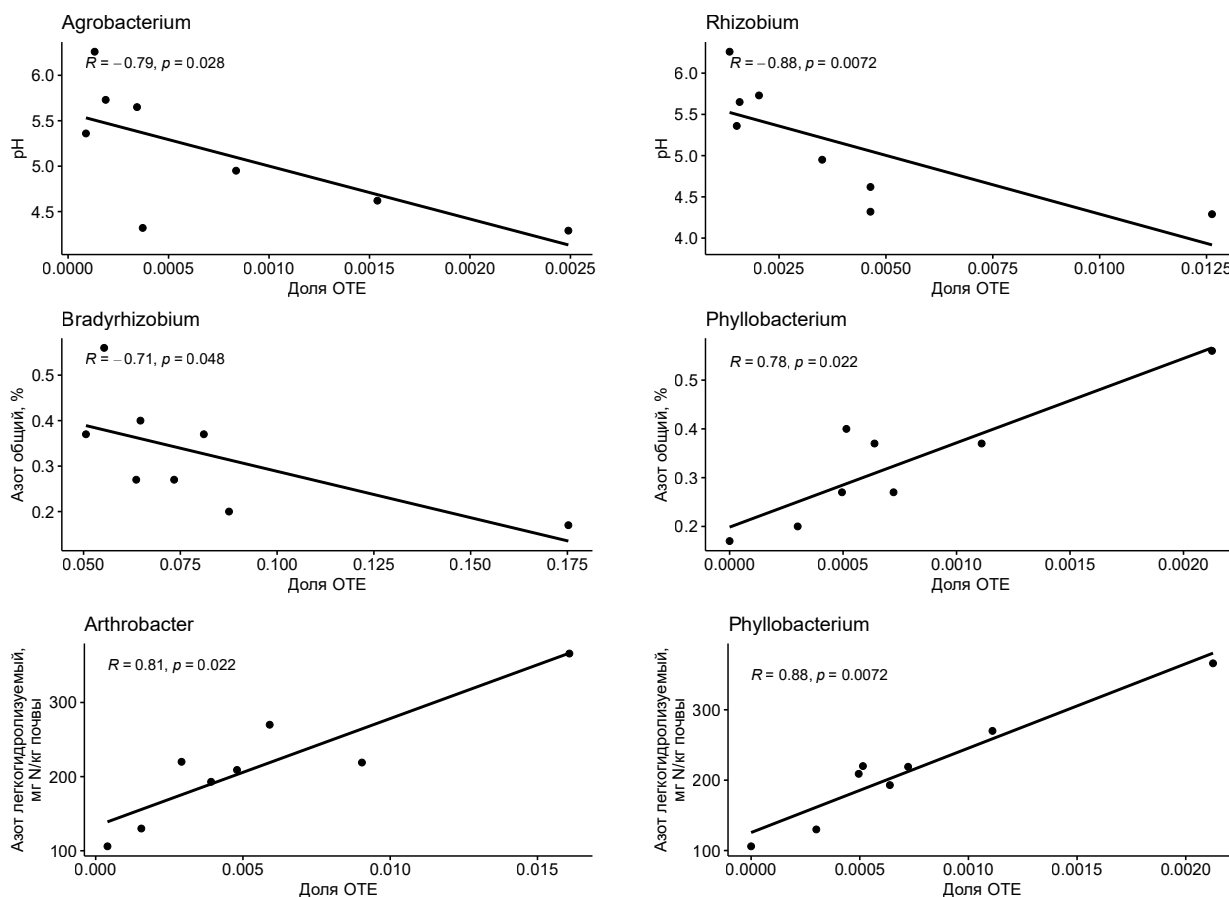
Таблица 3. Результат выявления патогенных видов бактерий

Table 3. The result of the detection of pathogenic bacterial species

Виды	Белоярский р-н		г. Екатеринбург					Сысертинский р-н
	Поле Б1	Поле Б2	Поле Е1	Поле Е2	Поле Е3	Поле Е4	Поле Е5	Поле С1
<i>Clavibacter michiganensis</i>						+	+	
<i>Liberibacter crescens</i>			+	+		+	+	+
<i>Pectobacterium carotovorum</i>		+				+		
<i>Pectobacterium parmentieri</i>						+		
<i>Pseudomonas fluorescens</i>			+	+		+	+	
<i>Ralstonia solanacearum</i>	+	+		+	+	+	+	
<i>Ralstonia syzygii</i>		+			+		+	
<i>Streptomyces acidiscabies</i>		+	+		+	+		
<i>Streptomyces caviscabies</i>		+	+		+	+		+
<i>Streptomyces diastatochromogenes</i>			+		+			+
<i>Streptomyces europaeiscabiei</i>		+	+		+	+	+	
<i>Streptomyces scabiei</i>	+	+	+		+	+		
<i>Streptomyces turgidiscabies</i>	+	+	+		+	+	+	+

Рис. 5. Корреляционный анализ относительного обилия родов бактерий и показателей почвы Свердловской области. Показаны только значимые результаты: R — коэффициент корреляции Пирсона; p — p-значение

Fig. 5. Correlation analysis of the relative abundance of bacterial genera and soil parameters of the Sverdlovsk region. Only significant results are shown: R is the Pearson correlation coefficient; p is the p-value



В частности, *Ralstonia solanacearum* и *R. syzygii* — возбудитель коричневой гнили, *Pectobacterium carotovorum* вызывает некроз, *Liberibacter crescens* — заболевание клубня (Zebra chip), *Clavibacter michiganensis* — причина кольцевой гнили клубня.

Выявлен широкий спектр представителей рода *Streptomyces*, вызывающих паршу обыкновенную (результаты в табл. 1). Виды родов *Bacillus*, *Erwinia* и *Dickeya* не обнаружены. Наиболее всего в почве распространены виды *Streptomyces europaeiscabiei*, *S. scabiei*, *S. turgidiscabies*. Общая доля выявленных патогенных бактерий в полях составляет от 0,0267 до 0,0638%. Наибольшее количество видов болезнетворных бактерий обнаружено на поле Е4 — 11 из 13, меньше всего — на полях Б1 и С1, что в первую очередь связано со сравнительно низким выходом секвенирования.

Выводы/Conclusions

В почвах возделываемых полей Свердловской области обнаружены свыше 20 родов фосформобилизирующих и азотфиксирующих бактерий, которые способны улучшать плодородие почвы путем снабжения растений минеральными веществами, а также 6 родов патогенных видов бактерий картофеля, которые способны снижать урожайность.

Общее относительное обилие фосформобилизирующих бактерий составляет 3,73%, азотфиксирующих — 1,01%, бактерий, входящих в обе группы, — 8,54%. Доля выявленных патогенных видов не превышает 0,1%.

Оценка разнообразия показала отсутствие значимых различий в видовом разнообразии групп ФМ, ФМ/АФ и АФ между полями Свердловской области. Наибольшее разнообразие бактерий обнаружено на поле Е3, наименьшее — на поле Е2.

Корреляционный анализ показал, что бактерии родов *Agrobacterium*, *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Phyllobacterium*, *Arthrobacter* и *Phyllobacterium* могут быть чувствительны к кислотности почвы, содержанию общего и легкогидролизуемого азота.

Во всех образцах обнаружены патогенные виды бактерий, вызывающие заболевания картофеля. Наиболее распространены виды родов *Streptomyces*, *Ralstonia*, *Pectobacterium*, *Liberibacter*, *Clavibacter*.

Для оценки присутствия в почве полезных и вредных бактерий необходимо проводить регулярные исследования. Это позволит разработать меры по улучшению плодородия почвы и снижению заболеваемости картофеля путем целенаправленного внесения удобрений или бактериальных агентов.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные.

Все авторы внесли равный вклад в работу.

Авторы в равной степени принимали участие в написании

рукописи и несут равную ответственность за плагиат.

Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data.

All authors made an equal contribution to the work.

The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism.

The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена при поддержке Минобрнауки России в рамках выполнения подпрограммы Комплексного плана научных исследований «Селекция и семеноводство картофеля».

FUNDING

The work was carried out with the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation as part of the implementation of the Comprehensive scientific research plan subprogram "Selection and seed production of potatoes".

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Pan L., Cai B. Phosphate-Solubilizing Bacteria: Advances in Their Physiology, Molecular Mechanisms and Microbial Community Effects. *Microorganisms*. 2023; 11(12): 2904. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11122904>
2. Liang J.-L. et al. Novel phosphate-solubilizing bacteria enhance soil phosphorus cycling following ecological restoration of land degraded by mining. *The ISME Journal*. 2020; 14(6): 1600–1613. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-0632-4>
3. Chung H. et al. Isolation and characterization of phosphate solubilizing bacteria from the rhizosphere of crop plants of Korea. *Soil Biology and Biochemistry*. 2005; 37(10): 1970–1974. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2005.02.025>
4. Sharma S.B., Sayyed R.Z., Trivedi M.H., Gobi T.A. Phosphate solubilizing microbes: sustainable approach for managing phosphorus deficiency in agricultural soils. *SpringerPlus*. 2013; 2: 587. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-587>
5. Korir H., Mungai N.W., Thuita M., Hamba Y., Masso C. Co-inoculation Effect of Rhizobia and Plant Growth Promoting Rhizobacteria on Common Bean Growth in a Low Phosphorus Soil. *Frontiers in Plant Science*. 2017; 8: 141. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00141>
6. Rawat P., Das S., Shankhdhar D., Shankhdhar S.C. Phosphate-Solubilizing Microorganisms: Mechanism and Their Role in Phosphate Solubilization and Uptake. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*. 2021; 21(1): 49–68. <https://doi.org/10.1007/s42729-020-00342-7>
7. Yañez-Ocampo G. et al. Isolated Phosphate-Solubilizing Soil Bacteria Promotes *In vitro* Growth of *Solanum tuberosum* L. *Polish Journal of Microbiology*. 2020; 69(3): 357–365. <https://doi.org/10.33073/pjm-2020-039>

REFERENCES

1. Pan L., Cai B. Phosphate-Solubilizing Bacteria: Advances in Their Physiology, Molecular Mechanisms and Microbial Community Effects. *Microorganisms*. 2023; 11(12): 2904. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11122904>
2. Liang J.-L. et al. Novel phosphate-solubilizing bacteria enhance soil phosphorus cycling following ecological restoration of land degraded by mining. *The ISME Journal*. 2020; 14(6): 1600–1613. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-0632-4>
3. Chung H. et al. Isolation and characterization of phosphate solubilizing bacteria from the rhizosphere of crop plants of Korea. *Soil Biology and Biochemistry*. 2005; 37(10): 1970–1974. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2005.02.025>
4. Sharma S.B., Sayyed R.Z., Trivedi M.H., Gobi T.A. Phosphate solubilizing microbes: sustainable approach for managing phosphorus deficiency in agricultural soils. *SpringerPlus*. 2013; 2: 587. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-587>
5. Korir H., Mungai N.W., Thuita M., Hamba Y., Masso C. Co-inoculation Effect of Rhizobia and Plant Growth Promoting Rhizobacteria on Common Bean Growth in a Low Phosphorus Soil. *Frontiers in Plant Science*. 2017; 8: 141. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00141>
6. Rawat P., Das S., Shankhdhar D., Shankhdhar S.C. Phosphate-Solubilizing Microorganisms: Mechanism and Their Role in Phosphate Solubilization and Uptake. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*. 2021; 21(1): 49–68. <https://doi.org/10.1007/s42729-020-00342-7>
7. Yañez-Ocampo G. et al. Isolated Phosphate-Solubilizing Soil Bacteria Promotes *In vitro* Growth of *Solanum tuberosum* L. *Polish Journal of Microbiology*. 2020; 69(3): 357–365. <https://doi.org/10.33073/pjm-2020-039>

8. Pantigoso H.A., He Y., Manter D.K., Fonte S.J., Vivanco J.M. Phosphorus-solubilizing bacteria isolated from the rhizosphere of wild potato *Solanum bulbocastanum* enhance growth of modern potato varieties. *Bulletin of the National Research Centre*. 2022; 46: 224. <https://doi.org/10.1186/s42269-022-00913-x>
9. Ahemad M., Kibret M. Mechanisms and applications of plant growth promoting rhizobacteria: Current perspective. *Journal of King Saud University — Science*. 2014; 26: 1–20. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2013.05.001>
10. Sharma P.K., Kundu B.S., Dogra R.C. Molecular mechanism of host specificity in legume-rhizobium symbiosis. *Biotechnology Advances*. 1993; 11(4): 741–779. [https://doi.org/10.1016/0734-9750\(93\)90002-5](https://doi.org/10.1016/0734-9750(93)90002-5)
11. Estrada-De Los Santos P., Bustillos-Cristales R., Caballero-Mellado J. *Burkholderia*, a Genus Rich in Plant-Associated Nitrogen Fixers with Wide Environmental and Geographic Distribution. *Applied and Environmental Microbiology*. 2001; 67(6): 2790–2798. <https://doi.org/10.1128/AEM.67.6.2790-2798.2001>
12. Dalsing B.L., Truchon A.N., Gonzalez-Orta E.T., Milling A.S., Allen C. *Ralstonia solanacearum* Uses Inorganic Nitrogen Metabolism for Virulence, ATP Production, and Detoxification in the Oxygen-Limited Host Xylem Environment. *mBio*. 2015; 6(2): e02471-14. <https://doi.org/10.1128/mBio.02471-14>
13. Masepohl B. et al. Regulation of Nitrogen Fixation in the Phototrophic Purple Bacterium *Rhodobacter capsulatus*. *Journal of Molecular Microbiology and Biotechnology*. 2002; 4(3): 243–248
14. Parro V., Moreno-Paz M. Nitrogen fixation in acidophile iron-oxidizing bacteria: The *nif* regulon of *Leptospirillum ferrooxidans*. *Research in Microbiology*. 2004; 155(9): 703–709. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2004.05.010>
15. Еланский С.Н. (ред.). Защита картофеля от болезней, вредителей и сорняков. М.: Картофелевод. 2009; 270. ISBN 978-5-903906-02-4 <https://www.elibrary.ru/qladmr>
16. Charkowski A., Sharma K., Parker M.L., Secor G.A., Elphinstone J. Bacterial Diseases of Potato. Campos H., Ortiz O. (eds.). The Potato Crop. Its Agricultural, Nutritional and Social Contribution to Humankind. Cham: Springer. 2020; 351–388. https://doi.org/10.1007/978-3-030-28683-5_10
17. Pérombelon M.C.M. Potato diseases caused by soft rot erwinias: an overview of pathogenesis. *Plant Pathology*. 2002; 51(1): 1–12. <https://doi.org/10.1046/j.0032-0862.2001.Shorttitle.doc.x>
18. Kim H.-S., Ma B., Perna N.T., Charkowski A.O. Phylogeny and Virulence of Naturally Occurring Type III Secretion System-Deficient *Pectobacterium* Strains. *Applied and Environmental Microbiology*. 2009; 75(13): 4539–4549. <https://doi.org/10.1128/AEM.01336-08>
19. van der Waals J.E., Krüger K. Emerging potato pathogens affecting food security in southern Africa: Recent research. *South African Journal of Science*. 2020; 116(11–12): 8055. <https://doi.org/10.17159/sajs.2020/8055>
20. Mora V. et al. Potato Zebra Chip: An Overview of the Disease, Control Strategies, and Prospects. *Frontiers in Microbiology*. 2021; 12: 700663. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.700663>
21. Schaad N.W., Berthier-Schaad Y., Sechler A., Knorr D. Detection of *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* in Potato Tubers by BIO-PCR and an Automated Real-Time Fluorescence Detection System. *Plant Disease*. 1999; 83(12): 1095–1100. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1999.83.12.1095>
22. Prieto M.C., Lapaz M.I., Lucini E.I., Pianzola M.J., Grosso N.R., Asensio C.M. Thyme and suico essential oils: promising natural tools for potato common scab control. *Plant Biology*. 2020; 22(1): 81–89. <https://doi.org/10.1111/plb.13048>
23. Shi H., Li W., Zhou Y., Wang J., Shen S. Can we control potato fungal and bacterial diseases? — microbial regulation. *Heliyon*. 2023; 9(12): e22390. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e22390>
24. Шанина Е.П., Лиходеевский Г.А. Бактериальное сообщество сельскохозяйственных почв, используемых для возделывания картофеля в Свердловской области. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2023; 24(6): 989–998. <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2023.24.6.989-998>
25. Linz A.M. et al. Bacterial Community Composition and Dynamics Spanning Five Years in Freshwater Bog Lakes. *mSphere*. 2017; 2(3): e00169-17. <https://doi.org/10.1128/mSphere.00169-17>
26. Лукин С.В., Четверикова Н.С., Ероховец М.А. Агроэкологическая оценка содержания азота в сельскохозяйственных растениях и почвах Белгородской области. *Научные ведомости Белгородского государственного университета. Серия: Естественные науки*. 2011; (21): 95–101. <https://www.elibrary.ru/orqsvn>
8. Pantigoso H.A., He Y., Manter D.K., Fonte S.J., Vivanco J.M. Phosphorus-solubilizing bacteria isolated from the rhizosphere of wild potato *Solanum bulbocastanum* enhance growth of modern potato varieties. *Bulletin of the National Research Centre*. 2022; 46: 224. <https://doi.org/10.1186/s42269-022-00913-x>
9. Ahemad M., Kibret M. Mechanisms and applications of plant growth promoting rhizobacteria: Current perspective. *Journal of King Saud University — Science*. 2014; 26: 1–20. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2013.05.001>
10. Sharma P.K., Kundu B.S., Dogra R.C. Molecular mechanism of host specificity in legume-rhizobium symbiosis. *Biotechnology Advances*. 1993; 11(4): 741–779. [https://doi.org/10.1016/0734-9750\(93\)90002-5](https://doi.org/10.1016/0734-9750(93)90002-5)
11. Estrada-De Los Santos P., Bustillos-Cristales R., Caballero-Mellado J. *Burkholderia*, a Genus Rich in Plant-Associated Nitrogen Fixers with Wide Environmental and Geographic Distribution. *Applied and Environmental Microbiology*. 2001; 67(6): 2790–2798. <https://doi.org/10.1128/AEM.67.6.2790-2798.2001>
12. Dalsing B.L., Truchon A.N., Gonzalez-Orta E.T., Milling A.S., Allen C. *Ralstonia solanacearum* Uses Inorganic Nitrogen Metabolism for Virulence, ATP Production, and Detoxification in the Oxygen-Limited Host Xylem Environment. *mBio*. 2015; 6(2): e02471-14. <https://doi.org/10.1128/mBio.02471-14>
13. Masepohl B. et al. Regulation of nitrogen fixation in the phototrophic purple bacterium *Rhodobacter capsulatus*. *J Mol Microbiol Biotechnol*. 2002; 4(3): 243–248
14. Parro V., Moreno-Paz M. Nitrogen fixation in acidophile iron-oxidizing bacteria: The *nif* regulon of *Leptospirillum ferrooxidans*. *Research in Microbiology*. 2004; 155(9): 703–709. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2004.05.010>
15. Yelanskiy S.N. (ed.). Protection of potatoes from diseases, pests and weeds. Moscow: Kartofelevod. 2009; 270 (in Russian). ISBN 978-5-903906-02-4 <https://www.elibrary.ru/qladmr>
16. Charkowski A., Sharma K., Parker M.L., Secor G.A., Elphinstone J. Bacterial Diseases of Potato. Campos H., Ortiz O. (eds.). The Potato Crop. Its Agricultural, Nutritional and Social Contribution to Humankind. Cham: Springer. 2020; 351–388. https://doi.org/10.1007/978-3-030-28683-5_10
17. Pérombelon M.C.M. Potato diseases caused by soft rot erwinias: an overview of pathogenesis. *Plant Pathology*. 2002; 51(1): 1–12. <https://doi.org/10.1046/j.0032-0862.2001.Shorttitle.doc.x>
18. Kim H.-S., Ma B., Perna N.T., Charkowski A.O. Phylogeny and Virulence of Naturally Occurring Type III Secretion System-Deficient *Pectobacterium* Strains. *Applied and Environmental Microbiology*. 2009; 75(13): 4539–4549. <https://doi.org/10.1128/AEM.01336-08>
19. van der Waals J.E., Krüger K. Emerging potato pathogens affecting food security in southern Africa: Recent research. *South African Journal of Science*. 2020; 116(11–12): 8055. <https://doi.org/10.17159/sajs.2020/8055>
20. Mora V. et al. Potato Zebra Chip: An Overview of the Disease, Control Strategies, and Prospects. *Frontiers in Microbiology*. 2021; 12: 700663. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.700663>
21. Schaad N.W., Berthier-Schaad Y., Sechler A., Knorr D. Detection of *Clavibacter michiganensis* subsp. *sepedonicus* in Potato Tubers by BIO-PCR and an Automated Real-Time Fluorescence Detection System. *Plant Disease*. 1999; 83(12): 1095–1100. <https://doi.org/10.1094/PDIS.1999.83.12.1095>
22. Prieto M.C., Lapaz M.I., Lucini E.I., Pianzola M.J., Grosso N.R., Asensio C.M. Thyme and suico essential oils: promising natural tools for potato common scab control. *Plant Biology*. 2020; 22(1): 81–89. <https://doi.org/10.1111/plb.13048>
23. Shi H., Li W., Zhou Y., Wang J., Shen S. Can we control potato fungal and bacterial diseases? — microbial regulation. *Heliyon*. 2023; 9(12): e22390. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e22390>
24. Shanina E.P., Lihodeevsky G.A. Bacterial community of agricultural soils used for potato cultivation in Sverdlovsk region. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2023; 24(6): 989–998 (in Russian). <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2023.24.6.989-998>
25. Linz A.M. et al. Bacterial Community Composition and Dynamics Spanning Five Years in Freshwater Bog Lakes. *mSphere*. 2017; 2(3): e00169-17. <https://doi.org/10.1128/mSphere.00169-17>
26. Lukin S.V., Chetverikova N.S., Erokhovets M.A. Agroecological Estimation of Nitrogen Content in Agricultural Crops and Soils of Belgorod Region. *Belgorod State University Scientific Bulletin. Natural sciences*. 2011; (21): 95–101 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/orqsvn>

27. Glenn A.R., Reeve W.G., Tiwari R.P., Dilworth M.J. Acid Tolerance in Root Nodule Bacteria. Chadwick D.J., Cardew G. (eds.). Bacterial Responses to pH. Novartis Foundation Symposium. *John Wiley & Sons*. 1999; 221: 112–130.
<https://doi.org/10.1002/9780470515631.ch8>
28. Morón B. *et al.* Low pH Changes the Profile of Nodulation Factors Produced by *Rhizobium tropici* CIAT899. *Cell Chemical Biology*. 2005; 12(9): 1029–1040.
<https://doi.org/10.1016/j.chembiol.2005.06.014>
29. Yuan Z.-C., Liu P., Saenkham P., Kerr K., Nester E.W. Transcriptome Profiling and Functional Analysis of *Agrobacterium tumefaciens* Reveals a General Conserved Response to Acidic Conditions (pH 5.5) and a Complex Acid-Mediated Signaling Involved in *Agrobacterium*-Plant Interactions. *Journal of Bacteriology*. 2008; 190(2): 494–507.
<https://doi.org/10.1128/JB.01387-07>
30. Zhong C., Hu G., Hu C., Xu C., Zhang Z., Ning K. Comparative genomics analysis reveals genetic characteristics and nitrogen fixation profile of *Bradyrhizobium*. *iScience*. 2024; 27(2): 108948.
<https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.108948>
31. He T., Xie D., Ni J., Li Z., Li Z. Characteristics of nitrogen transformation and intracellular nitrite accumulation by the hypothermia bacterium *Arthrobacter arilaitensis*. *Science of The Total Environment*. 2020; 701: 134730.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.134730>
32. Liu Y. *et al.* Spatial and temporal conversion of nitrogen using *Arthrobacter* sp. 24S4-2, a strain obtained from Antarctica. *Frontiers in Microbiology*. 2023; 14: 1040201.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1040201>
33. Eren Eroğlu A.E., Eroğlu V., Yaşa İ. Genomic Insights into the Symbiotic and Plant Growth-Promoting Traits of “*Candidatus Phyllobacterium onerii*” sp. nov. Isolated from Endemic *Astragalus flavescens*. *Microorganisms*. 2024; 12(2): 336.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms12020336>

ОБ АВТОРАХ

Георгий Александрович Лиходеевский
младший научный сотрудник
georglihodey@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0003-2616-2166>

Елена Петровна Шанина
доктор сельскохозяйственных наук, главный научный сотрудник
shanina08@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0000-5818-3813>

Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, ул. Главная, 21, Екатеринбург, 620061, Россия

27. Glenn A.R., Reeve W.G., Tiwari R.P., Dilworth M.J. Acid Tolerance in Root Nodule Bacteria. Chadwick D.J., Cardew G. (eds.). Bacterial Responses to pH. Novartis Foundation Symposium. *John Wiley & Sons*. 1999; 221: 112–130.
<https://doi.org/10.1002/9780470515631.ch8>
28. Morón B. *et al.* Low pH Changes the Profile of Nodulation Factors Produced by *Rhizobium tropici* CIAT899. *Cell Chemical Biology*. 2005; 12(9): 1029–1040.
<https://doi.org/10.1016/j.chembiol.2005.06.014>
29. Yuan Z.-C., Liu P., Saenkham P., Kerr K., Nester E.W. Transcriptome Profiling and Functional Analysis of *Agrobacterium tumefaciens* Reveals a General Conserved Response to Acidic Conditions (pH 5.5) and a Complex Acid-Mediated Signaling Involved in *Agrobacterium*-Plant Interactions. *Journal of Bacteriology*. 2008; 190(2): 494–507.
<https://doi.org/10.1128/JB.01387-07>
30. Zhong C., Hu G., Hu C., Xu C., Zhang Z., Ning K. Comparative genomics analysis reveals genetic characteristics and nitrogen fixation profile of *Bradyrhizobium*. *iScience*. 2024; 27(2): 108948.
<https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.108948>
31. He T., Xie D., Ni J., Li Z., Li Z. Characteristics of nitrogen transformation and intracellular nitrite accumulation by the hypothermia bacterium *Arthrobacter arilaitensis*. *Science of The Total Environment*. 2020; 701: 134730.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.134730>
32. Liu Y. *et al.* Spatial and temporal conversion of nitrogen using *Arthrobacter* sp. 24S4-2, a strain obtained from Antarctica. *Frontiers in Microbiology*. 2023; 14: 1040201.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1040201>
33. Eren Eroğlu A.E., Eroğlu V., Yaşa İ. Genomic Insights into the Symbiotic and Plant Growth-Promoting Traits of “*Candidatus Phyllobacterium onerii*” sp. nov. Isolated from Endemic *Astragalus flavescens*. *Microorganisms*. 2024; 12(2): 336.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms12020336>

ABOUT THE AUTHORS

Georgiy Aleksandrovich Lihodeevskiy
Junior Research Assistant
georglihodey@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0003-2616-2166>

Elena Petrovna Shanina
Doctor of Agricultural Sciences, Chief Researcher
shanina08@yandex.ru
<https://orcid.org/0009-0000-5818-3813>

Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 21 Glavnaya Str., Yekaterinburg, 620061, Russia

Подпишитесь на печатные выпуски «АГРАРНОЙ НАУКИ» с любого месяца и на любой срок

» В РЕДАКЦИИ по тел. +7 (495) 777 67 67, доб. 1453, по agrovetpress@inbox.ru

» В АГЕНТСТВЕ ПОДПИСКИ
ООО «Урал-Пресс Округ»
<https://www.ural-press.ru/catalog/>



» БЕСПЛАТНАЯ ПОДПИСКА
НА ЭЛЕКТРОННУЮ ВЕРСИЮ
на отраслевом портале
<https://agrarnayanauka.ru>



» ПОДПИСКА НА АРХИВНЫЕ НОМЕРА
И ОТДЕЛЬНЫЕ СТАТЬИ
на сайте Научной электронной библиотеки
www.elibrary.ru

