

Научная статья

УДК 579.262

EDN: EMVBJK

DOI: 10.21285/2227-2925-2023-13-4-545-551



Микроорганизмы, населяющие эндо- и ризосферу эндемичного растения Прибайкалья *Hedysarum zundukii* (Fabaceae)

И.А. Васильев*, Д.А. Кривенко*, И.С. Петрушин*,

И.Г. Кондратов**, О.Б. Огарков**, Ю.А. Маркова*✉

*Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН, г. Иркутск, Российская Федерация

**Научный центр проблем здоровья семьи и репродукции человека, г. Иркутск, Российская Федерация

Аннотация. Бактерии обеспечивают дополнительную устойчивость растений к неблагоприятным факторам окружающей среды, таким как недостаток питательных веществ в почве, наличие антропогенного загрязнения, присутствие фитопатогенов и т.д. Поиск ценных биотехнологических штаммов целесообразно проводить среди микроорганизмов, ассоциированных с растениями, произрастающими в неблагоприятных условиях среды обитания. Целью данной работы было выделение и описание микроорганизмов, населяющих эндо- и ризосферу узлокального эндемика Приольхонья (Ольхонский район Иркутской области) *Hedysarum zundukii*. В результате проделанной работы было выделено 88 штаммов микроорганизмов, причем грамположительные микроорганизмы преобладали как в ризо-, так и в эндосфере. В ризосфере подавляющее большинство штаммов относилось к актиномицетам. Из 25 идентифицированных изолятов 4 относятся к семейству Rhizobiaceae. Ризобактерия *Phyllobacterium zundukense* ранее была описана в составе микробиома корневых клубеньков бобового растения *Oxytropis triphylla*, также произрастающего в этом регионе. Обнаружение ее в ризосферной почве *H. zundukii* позволяет сделать предположение о том, что данный микроорганизм не связан с одним хозяином, а ассоциирован с разными видами бобовых. Особый интерес представляют штаммы Actinomycetia, а также *Lysobacter* sp. и *Variovorax paradoxus*, которые перспективны для дальнейшего изучения в качестве продуцентов биологически активных соединений, стимуляторов роста и развития растений или деструкторов поллютантов. Таким образом, изоляты, выделенные из ризо- и эндосферы *H. Zundukii*, могут обладать признаками, полезными для использования в биотехнологии, и требуют дальнейшего изучения.

Ключевые слова: *Hedysarum zundukii*, бобовые, ризосферные и эндофитные микроорганизмы

Финансирование. Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда № 23-26-00204.

Для цитирования: Васильев И.А., Кривенко Д.А., Петрушин И.С., Кондратов И.Г., Огарков О.Б., Маркова Ю.А. Микроорганизмы, населяющие эндо- и ризосферу эндемичного растения Прибайкалья *Hedysarum zundukii* (Fabaceae) // Известия вузов. Прикладная химия и биотехнология. 2023. Т. 13. N 4. С. 545–551. DOI: 10.21285/2227-2925-2023-13-4-545-551. EDN: EMVBJK.

PHYSICOCHEMICAL BIOLOGY

Original article

Microorganisms inhabiting the endo- and rhizosphere of *Hedysarum zundukii* (Fabaceae) endemic to the Baikal region

Ilya A. Vasilev*, Denis A. Krivenko*, Ivan S. Petrushin*,

Ilya G. Kondratov**, Oleg B. Ogarkov**, Yuliya A. Markova*✉

*Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry, Irkutsk, Russian Federation

**Scientific Centre for Family Health and Human Reproduction Problems, Irkutsk, Russian Federation

Abstract. Bacteria provide plants with additional resistance to adverse environmental factors, such as the lack of soil nutrients, anthropogenic pollution, the presence of phytopathogens, etc. The search for valuable biotechnological strains should be conducted among microorganisms associated with plants growing under unfavorable conditions. The present study aims

© Васильев И.А., Кривенко Д.А., Петрушин И.С., Кондратов И.Г., Огарков О.Б., Маркова Ю.А., 2023

to isolate and characterize microorganisms inhabiting the endo- and rhizosphere of *Hedysarum zundukii*, a local endemic of the Olkhon region (Olkhonsky District, Irkutsk Oblast). A total of 88 microbial strains were isolated, with Gram-positive microorganisms predominating in both the rhizo- and endosphere. In the rhizosphere, the vast majority of strains were found to belong to actinomycetes. Of the 25 identified isolates, four belong to the Rhizobiaceae family. The *Phyllobacterium zundukense* rhizobacterium was previously described as part of the microbiome of root nodules in *Oxytropis triphylla* also growing in this region. Its detection in the rhizosphere soil of *H. zundukii* suggests that this microorganism is associated with different legume species rather than with a single host. Of particular interest are the strains of Actinomycetia, as well as *Lysobacter* sp. and *Variovorax paradoxus*, which are promising for further study as producers of biologically active compounds, stimulators of plant growth and development, or pollutant degraders. Thus, isolates from both the rhizosphere and endosphere of *H. Zundukii* may possess traits useful for biotechnology and require further study.

Keywords: *Hedysarum zundukii*, Fabaceae, rhizosphere microorganisms, endophytic microorganisms

Funding. The Russian Science Foundation (project no. 23-26-00204) financially supported the work.

For citation: Vasilev I.A., Krivenko D.A., Petrushin I.S., Kondratov I.G., Ogarkov O.B., Markova Yu.A. Microorganisms inhabiting the endo- and rhizosphere of *Hedysarum zundukii* (Fabaceae) endemic to the Baikal region. *Izvestiya Vuzov. Prikladnaya Khimiya i Biotekhnologiya = Proceedings of Universities. Applied Chemistry and Biotechnology*. 2023;13(4):545-551. (In Russian). DOI: 10.21285/2227-2925-2023-13-4-545-551. EDN: EMVBJK.

ВВЕДЕНИЕ

На сегодняшний день имеется достаточно сведений о взаимосвязи между растениями и микроорганизмами [1, 2]. Известно, что бактерии обеспечивают дополнительную устойчивость растений к неблагоприятным факторам окружающей среды, таким как недостаток питательных веществ в почве [3], наличие антропогенного загрязнения [4], присутствие фитопатогенов [1] и т.д. Это достигается с помощью микробного биосинтеза фитогормонов, осмотеректоров и антибиотиков, деструкции загрязнителей, участия в структурировании почвы [5–8].

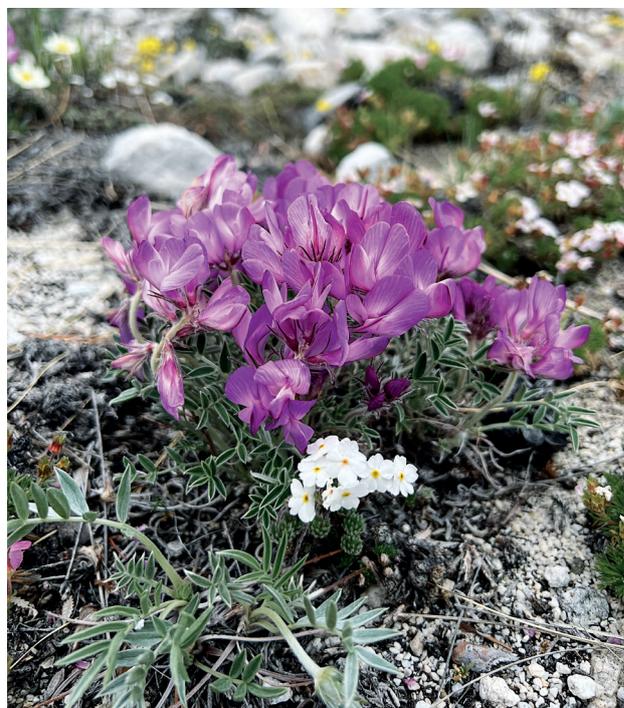
Все вышеизложенное обуславливает использование микроорганизмов в составе различных биопрепаратов, направленных на стимуляцию роста и защиту растений [8, 9]. Несмотря на значительное количество таких препаратов, поиск новых штаммов, обладающих ценными свойствами, по-прежнему актуален. Также актуальным остается и изучение механизмов их взаимодействия с растениями [9].

Для поиска подобных микроорганизмов логично использовать ризо- или эндосферу растений, произрастающих в неблагоприятных условиях среды обитания. Это связано с тем, что растения сами проводят первичную «селекцию» бактерий, отбирая штаммы, которые обладают наиболее ценными признаками, способствующими увеличению их адаптационного потенциала [10].

Приольхонье (Ольхонский район Иркутской области) характеризуется бедными каменистыми почвами с высоким содержанием кальция. Также для данной территории свойственно малое количество осадков, экстремальные перепады температур, высокая инсоляция [11]. Растения, произрастающие на данной территории, большей частью являются ксерофитами и кальцефилами. Мы предположили, что микроорганизмы, обитающие в ризо- или эндосфере этих растений, должны обладать свойствами, перспективными для использования в биотехнологии.

В качестве объекта представленного исследования был выбран *Hedysarum zundukii* Peschkova (копеечник зундукский) – многолетнее стержнекорневое травянистое растение с укороченным стеблем, серовато-белое от густого опушения. Цветоносы его немногочисленные, цветки крупные, розовые, собраны в верхушечное головчатое соцветие, которое слегка возвышается над листьями

(рисунком). Это горностепной вид, петрофит, облигатный кальцефил, произрастающий на щебнистых карбонатных склонах и их шлейфах в составе петрофитных низкотравных степей. Он является узколокальным эндемиком, реликтом миоценовой пустынно-степной флоры [12], ареал данного вида ограничен прерывистым отрезком узкой прибрежной полосы западного побережья оз. Байкал от мыса Ото-Хушун на юге до мыса Зама на севере [13]. *H. zundukii* – редкий вид, находящийся под угрозой исчезновения, он занесен в Красную книгу Российской Федерации [14] и Красную книгу Иркутской области [15]. Целью проведенной работы было выделение и описание микроорганизмов, населяющих эндо- и ризосферу *H. zundukii*.



Общий вид растения *Hedysarum zundukii* (Иркутская область, Ольхонский район, западное побережье оз. Байкал, мыс Харгантуй)

General view of the plant *Hedysarum zundukii* (Irkutsk region, Olkhonsky district, west coast of Lake Baikal, Cape Khargantuy)

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНАЯ ЧАСТЬ

Отбор проб проводили в пределах ареала обитания вида *H. zundukii* на западном побережье оз. Байкал на мысе Харгантуй (53°23'10.9"N, 107°23'27.8"E) в июле 2022 г. Были выбраны взрослые здоровые особи *H. zundukii*, находящиеся в средневозрастном онтогенетическом состоянии. С помощью стерильного инструмента отбирали ризосферную почву, затем корневую систему освобождали от грунта и отрезали участки корней длиной 7–8 см. Образцы помещали в 50 мл пробирки и хранили в стерильном 20%-м растворе глицерина при 4 °С.

Для выделения микроорганизмов 1 г ризосферной почвы шестикратно разводили стерильной водопроводной водой. Посев почвенной суспензии проводили из разведений 1:10, 1:100, 1:1000 и т.д. в зависимости от таксономической принадлежности учитываемых микроорганизмов. Корни стерилизовали в 10%-м растворе перекиси водорода в течение 30 мин, затем отмывали стерильной водопроводной водой и гомогенизировали. Полученный гомогенат высевали на плотные питательные среды: Эшби, Чапека, крахмало-аммиачный агар и сухой агар на основе гидролизата говяжьего мяса ферментативного (Научно-исследовательский центр фармакотерапии, г. Санкт-Петербург).

Для идентификации микроорганизмов бактериальные клетки суспендировали в 50 мкл буфера TE (10 mM трис-HCl, 1 mM этилендиаминтетрауксусная кислота) с 10 мкг/мл лизоцима и инкубировали при комнатной температуре 10 мин. Тотальную ДНК из клеток выделяли с использованием набора «РибоПреп» («АмплиСенс», Россия) по протоколу фирмы-производителя с дополнительной экстракцией водной фазы нейтральным фенолом. Амплификацию 16S–23S региона рРНК осуществляли с использованием олигонуклеотидных праймеров 27F AGAGTTTGACTMTGGCTCAG и 2490R CACATGGAGGTGCCAAAC в 20 мкл реакционной смеси с использованием высокоточной полимеразы Phusion High-Fidelity DNA Polymerase (Thermo Fisher Scientific, США) согласно протоколу производителя. Анализ ампликонов проводили в стандартной трис-ацетатной системе в 0,8%-м агарозном геле. Очистку ампликонов для проведения секвенирующей реакции проводили с использованием набора ExoSAP-IT PCR Product Cleanup Reagent (Thermo Fisher Scientific, США) согласно протоколу производителя. Секвенирование ампликонов проводили с использованием набора BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Thermo Fisher Scientific, США) также по протоколу фирмы-производителя. Анализ секвенирующих реакций проводили на генетическом анализаторе НАНОФОР 05 (Институт аналитического приборостроения РАН, Россия) на базе Центра коллективного пользования «Центр разработки прогрессивных персонализированных технологий здоровья» Научного центра проблем здоровья семьи и репродукции человека. Полученные последовательности сравнивали с базой данных NCBI (National Center for Biotechnology Information) с использованием программы BLAST¹.

Для оценки способности выделенных штаммов растворять ортофосфат кальция использовали среду Муромцева следующего состава: глюкоза – 10,00 г/л, аспарагин – 1 г/л, K₂SO₄ – 0,20 г/л, MgSO₄·7H₂O – 0,20 г/л, дрожжевой экстракт – 0,02 г/л, Ca₃(PO₄)₂ – 10,00 г/л, агар – 14,00 г/л, pH = 7. Результат определяли через 7 суток по появлению зоны просветления вокруг колонии микроорганизмов.

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

В результате проделанной работы было выделено 88 штаммов микроорганизмов: 31 – из эндосферы и 57 – из ризосферы (табл. 1). Как в ризо-, так и в эндосфере преобладали грамположительные микроорганизмы (60 и 61% соответственно). Грамположительные бактерии в ризосфере представлены преимущественно актиномицетами (47%), в эндосфере – бациллами (37%).

Таблица 1. Разнообразие штаммов микроорганизмов, выделенных из ризо- и эндосферы *Hedysarum zundukii*

Table 1. Diversity of microorganism strains isolated from the rhizo- and endosphere of *Hedysarum zundukii*

Микроорганизмы	Ризосфера	Эндосфера
Грамотрицательные бактерии	19	10
Грамположительные бактерии	34	19
из них <i>Bacillus</i>	6	7
из них <i>Actinomyces</i>	16	2
Микромицеты	4	0
Всего	57	31

С помощью молекулярно-генетических методов было идентифицировано 28 штаммов бактерий (табл. 2). Три идентифицированных из ризосферы изолята относятся к семейству *Rhizobiaceae*: это *Phyllobacterium zundukense* и два штамма *Sinorhizobium* sp. Особого внимания заслуживает *Phyllobacterium zundukense*. Ранее этот вид ризобий был выявлен в корневых клубеньках бобового растения *Oxytropis triphylla* (Pall.) DC., также произрастающего на западном побережье оз. Байкал [16]. Его обнаружение в ризосфере *H. zundukii* позволяет предположить, что данный микроорганизм является обычным обитателем почв исследуемого региона.

Из грамотрицательных изолятов следует обратить внимание на *Lysobacter* sp. и *Variovorax paradoxus*. Представители рода *Lysobacter* характеризуются способностью синтезировать антибиотики и белки с антимикробным действием [17]. *Variovorax paradoxus* используют для повышения урожайности и защиты растений, а также в качестве деструктора различных полиглюканов [18].

Класс Actinomycetia представлен 10 штаммами микроорганизмов, относящихся к трем порядкам: Mycobacteriales (*Mycolicibacterium* sp., *Rhodococcus* sp.); Micrococcales (*Curtobacterium*, *Agromyces* и *Microbacterium*); Streptomycetales (шесть штаммов рода *Streptomyces*).

¹BLAST // National Library of Medicine. National Center for Biotechnology Information. Режим доступа: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (дата обращения: 25.07.2023).

Таблица 2. Идентифицированные штаммы бактерий, выделенных из *Hedysarum zundukii*

Table 2. Identified strains of bacteria isolated from *Hedysarum zundukii*

Биом	Количество штаммов	Идентифицированные изоляты	Индексы GenBank
Эндосфера	3	<i>Moraxella</i> sp. strain Hz 62-2	OR699078
		<i>Peribacillus</i> sp. strain Hz 6	OR699060
		<i>Xanthomonas</i> sp. strain Hz 66	OR699079
Ризосфера	25	<i>Curtobacterium</i> sp. strain Hz 35-3	OR699074
		<i>Lysobacter</i> sp. strain Hz 25	OR699069
		<i>Microbacterium</i> sp. strain Hz 12	OR699064
		<i>Mycolicibacterium</i> sp. strain Hz 35-2	OR699073
		<i>Paenibacillus</i> sp. strain Hz 54-2	OR699077
		<i>Pantoea</i> sp. strain Hz 68	OR699080
		<i>Phyllobacterium</i> sp. strain Hz 48	OR699076
		<i>Pseudomonas</i> sp. strain Hz 19	OR699067
		<i>Rhodococcus</i> sp. Hz 102	OR673959
		<i>Sinorhizobium</i> sp. strain Hz 92	OR699083
		<i>Sinorhizobium</i> sp. strain Hz 95	OR699084
		<i>Stenotrophomonas</i> sp. strain Hz 103	OR699081
		<i>Streptomyces</i> sp. strain Hz110	OR699082
		<i>Streptomyces</i> sp. strain Hz 9	OR699062
		<i>Variovorax</i> sp. strain Hz 5	OR699059
		<i>Agromyces</i> sp. strain Hz 13	OR699065
		<i>Actinoplanes</i> sp. strain Hz 27	OR699070
		<i>Pantoea</i> sp. strain Hz 18	OR699066
		<i>Bacillus mycoides</i> strain Hz 7	OR699061
		<i>Peribacillus</i> sp. strain Hz 4	OR699058
<i>Streptomyces</i> sp. strain Hz 32	OR699072		
<i>Streptomyces</i> sp. strain Hz 10	OR699063		
<i>Streptomyces</i> sp. strain Hz 21	OR699068		
<i>Bacillus</i> sp. (in: firmicutes) strain Hz 29	OR699071		
<i>Streptomyces</i> sp. strain Hz40	OR699075		

Преобладание актиномицет можно рассматривать как адаптационный признак, учитывая, что их количество возрастает в условиях засухи [19].

Известно, что одним из перспективных направлений улучшения фосфорного питания сельскохозяйственных культур является биологическая фосфатмобилизация [20]. Из ризосферных штаммов только 12 были способны растворять ортофосфат кальция, в том числе *Bacillus mycoides* strain Hz 7, *Pantoea* sp. strain Hz 18, *Phyllobacterium* sp. strain Hz 48 и *Pseudomonas* sp. strain Hz 19. При этом ни один из штаммов, выделенных из эндосферы, способностью растворять ортофосфат кальция не обладал.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

К настоящему времени из эндо- и ризосферы редкого эндемичного вида западного побережья оз. Байкал *H. zundukii* нами выделено 88 штаммов микроорганизмов (31 – из эндосферы и 57 – из ризосферы). В ризосфере подавляющее большинство штаммов относится к актиномицетам, а в эндосфере – к бациллам. Штаммы, относящиеся к классу Actinomycetia, представляют интерес в качестве продуцентов биологически активных соединений, в том числе антибиотиков. Грамотрицательные бактерии *Lysobacter* sp. и *Variovorax paradoxus* перспективны для дальнейшего изучения в области стимуляции роста и развития растений, а также деструкции поллютантов.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Gamalero E., Bona E., Glick B.R. Current techniques to study beneficial plant-microbe interactions // *Microorganisms*. 2022. Vol. 10, no. 7. P. 1380. DOI: 10.3390/microorganisms10071380.
2. Zolla G., Badri D.V., Bakker M.G., Manter D.K., Vivanco J.M. Soil microbiomes vary in their ability to confer drought tolerance to *Arabidopsis* // *Applied Soil Ecology*. 2013. Vol. 68. P. 1–9. DOI: 10.1016/j.apsoil.2013.03.007.
3. Kour D., Rana K.L., Kaur T., Sheikh I., Yadav A.N., Kumar V., et al. Microbe-mediated alleviation of drought stress and acquisition of phosphorus in great millet (*Sorghum bicolor* L.) by drought-adaptive and phosphorus-solubilizing microbes // *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*. 2020. Vol. 23. P. 101501. DOI: 10.1016/j.bcab.2020.101501.
4. Rane N.R., Tapase S., Kanojia A., Watharkar A., Salama E.-S., Jang M., et al. Molecular insights into plant-microbe interactions for sustainable remediation of contaminated environment // *Bioresource Technology*. 2022. Vol. 344. P. 126246. DOI: 10.1016/j.biortech.2021.126246.
5. Costa O.Y.A., Raaijmakers J.M., Kuramae E.E. Microbial extracellular polymeric substances: ecological function and impact on soil aggregation // *Frontiers in Microbiology*. 2018. Vol. 9. P. 1636. DOI: 10.3389/fmicb.2018.01636.
6. Gorgi O.E., Fallah H., Niknejad Y., Tari D.B. Effect of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) and mycorrhizal fungi inoculations on essential oil in *Melissa officinalis* L. under drought stress // *Biologia*. 2022. Vol. 77. P. 11–20. DOI: 10.1007/s11756-021-00919-2.
7. Xu L., Pierroz G., Wipf H.M.-L., Gao C., Taylor J.W., Lemaux P.G., et al. Holo-omics for deciphering plant-microbiome interactions // *Microbiome*. 2021. Vol. 9. P. 69. DOI: 10.1186/s40168-021-01014-z.
8. Petrushin I.S., Vasilev I.A., Markova Yu.A. Drought tolerance of legumes: physiology and the role of the microbiome // *Current Issues in Molecular Biology*. 2023. Vol. 45, no. 8. P. 6311–6324. DOI: 10.3390/cimb45080398.
9. Ali S., Tyagi A., Park S., Mir R.A., Mushtaq M., Bhat B., et al. Deciphering the plant microbiome to improve drought tolerance: mechanisms and perspectives // *Environmental and Experimental Botany*. 2022. Vol. 201. P. 104933. DOI: 10.1016/j.envexpbot.2022.104933.
10. Rolli E., Vergani L., Ghitti E., Patania G., Mapelli F., Borin S. ‘Cry-for-help’ in contaminated soil: a dialogue among plants and soil microbiome to survive in hostile conditions // *Environmental Microbiology*. 2021. Vol. 23, no. 10. P. 5690–5703. DOI: 10.1111/1462-2920.15647.
11. Белозерцева И.А., Лопатина Д.Н., Зверева Н.А. Почвы восточного Приольхонья на побережье озера Байкал: современное состояние и использование // Бюллетень Почвенного института имени В.В. Докучаева. 2019. N 97. С. 21–51. DOI: 10.19047/0136-1694-2019-97-21-51. EDN: UAIHJB.
12. Пешкова Г.А. Флорогенетический анализ степной флоры гор Южной Сибири. Новосибирск: Наука, 2001. 192 с.
13. Карнаухова Н.А., Селютина И.Ю., Казановский С.Г., Черкасова Е.С. Онтогенез и структура ценопопуляций *Hedysarum zundukii* (Fabaceae) – эндемика западного побережья озера Байкал // Ботанический журнал. 2008. Т. 93. N 5. С. 744–755. EDN: JTCQJT.
14. Красная книга Российской Федерации (растения и грибы) / ред. Ю.П. Трутнев, Р.Р. Гизатулин, О.Л. Митволь, А.М. Амирханов, Р.В. Камелин, В.А. Орлов [и др.]. М.: Товарищество научных изданий КМК, 2008. 885 с. EDN: TCNFXR.
15. Красная книга Иркутской области / ред. С.М. Трофимова; отв. ред. В.В. Попов; сост. М.Г. Азовский, С.С. Алексеев, В.А. Барицкая, А.Д. Ботвинкин, Н.А. Букушук, А.В. Верховина. Улан-Удэ: Республиканская типография, 2020. 552 с. EDN: LWLAJL.
16. Safronova V.I., Sazanova A.L., Kuznetsova I.G., Belimov A.A., Andronov E.E., Chirak E.R., et al. *Phyllobacterium zundukense* sp. nov., a novel species of rhizobia isolated from root nodules of the legume species *Oxytropis triphylla* (Pall.) Pers. // *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2018. Vol. 68, no. 5. P. 1644–1651. DOI: 10.1099/ijsem.0.002722.
17. Panthee S., Hamamoto H., Paudel A., Sekimizu K. *Lysobacter* species: a potential source of novel antibiotics // *Archives of Microbiology*. 2016. Vol. 198. P. 839–845. DOI: 10.1007/s00203-016-1278-5.
18. Han J.-I., Spain J.C., Leadbetter J.R., Ovchinnikova G., Goodwin L.A., Han C.S., et al. Genome of the root-associated plant growth-promoting bacterium *Variovorax paradoxus* strain EPS // *Genome Announcements*. 2013. Vol. 1, no. 5. P. e00843-13. DOI: 10.1128/genomea.00843-13.
19. Naylor D., DeGraaf S., Purdom E., Coleman-Derr D. Drought and host selection influence bacterial community dynamics in the grass root microbiome // *The ISME Journal*. 2017. Vol. 11. P. 2691–2704. DOI: 10.1038/ismej.2017.118.
20. Чайковская Л.А., Овсиенко О.Л. Фосфатмобилизующие микроорганизмы: 1. Биоразнообразие, влияние на минеральное питание растений и их продуктивность // Таврический вестник аграрной науки. 2021. N 4. С. 159–182. DOI: 10.33952/2542-0720-2021-4-28-159-182. EDN: NBZFFEN.

REFERENCES

1. Gamalero E., Bona E., Glick B.R. Current techniques to study beneficial plant-microbe interactions. *Microorganisms*. 2022;10(7):1380. DOI: 10.3390/microorganisms10071380.
2. Zolla G., Badri D.V., Bakker M.G., Manter D.K., Vivanco J.M. Soil microbiomes vary in their ability to confer drought tolerance to *Arabidopsis*. *Applied Soil Ecology*. 2013;68:1-9. DOI: 10.1016/j.apsoil.2013.03.007.
3. Kour D., Rana K.L., Kaur T., Sheikh I., Yadav A.N., Kumar V., et al. Microbe-mediated alleviation of drought stress and acquisition of phosphorus in great millet (*Sorghum bicolor* L.) by drought-adaptive and phosphorus-solubilizing microbes. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*. 2020;23:101501. DOI: 10.1016/j.bcab.2020.101501.
4. Rane N.R., Tapase S., Kanojia A., Watharkar A., Salama E.-S., Jang M., et al. Molecular insights into plant-microbe interactions for sustainable remediation of contaminated environment. *Bioresource Technology*. 2022;344:126246. DOI: 10.1016/j.biortech.2021.126246.
5. Costa O.Y.A., Raaijmakers J.M., Kuramae E.E. Microbial extracellular polymeric substances: ecological function and impact on soil aggregation. *Frontiers in Microbiology*. 2018;9:1636. DOI: 10.3389/fmicb.2018.01636.

6. Gorgi O.E., Fallah H., Niknejad Y., Tari D.B. Effect of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) and mycorrhizal fungi inoculations on essential oil in *Melissa officinalis* L. under drought stress. *Biologia*. 2022;77:11-20. DOI: 10.1007/s11756-021-00919-2.
7. Xu L., Pierroz G., Wipf H.M.-L., Gao C., Taylor J.W., Lemaux P.G., et al. Holo-omics for deciphering plant-microbiome interactions. *Microbiome*. 2021;9:69. DOI: 10.1186/s40168-021-01014-z.
8. Petrushin I.S., Vasilev I.A., Markova Yu.A. Drought tolerance of legumes: physiology and the role of the microbiome. *Current Issues in Molecular Biology*. 2023;45(8):6311-6324. DOI: 10.3390/cimb45080398.
9. Ali S., Tyagi A., Park S., Mir R.A., Mushtaq M., Bhat B., et al. Deciphering the plant microbiome to improve drought tolerance: mechanisms and perspectives. *Environmental and Experimental Botany*. 2022;201:104933. DOI: 10.1016/j.envexpbot.2022.104933.
10. Rolli E., Vergani L., Ghitti E., Patania G., Mapelli F., Borin S. 'Cry-for-help' in contaminated soil: a dialogue among plants and soil microbiome to survive in hostile conditions. *Environmental Microbiology*. 2021;23(10):5690-5703. DOI: 10.1111/1462-2920.15647.
11. Belozertseva I.A., Lopatina D.N., Zvereva N.A. Soils of the eastern Priol'khonye on the coast of the Lake Baikal: current state and use. *Byulleten' Pochvennogo instituta imeni V.V. Dokuchaeva = Dokuchaev Soil Bulletin*. 2019;(97):21-51. (In Russian) DOI: 10.19047/0136-1694-2019-97-21-51. EDN: UAIHJB.
12. Peshkova G.A. *Florogenetic analysis of the steppe flora of Southern Siberia mountains*. Novosibirsk. Nauka; 2001, 192 p. (In Russian).
13. Karnaukhova N.A., Seluytina I.Yu., Kazanovsky S.G., Cherkasova E.S. Ontogenesis and age structure of *Hedysarum zundukii* (Fabaceae), an endemic species of the western coast of Baikal Lake. *Botanicheskii zhurnal*. 2008;93(5):744-755. (In Russian). EDN: JTCQJT.
14. Trutnev Yu.P., Gizatuln P.P., Mitvol' O.L., Amirhanov A.M., Kamelin R.V., Orlov V.A., et al. *Red Book of the Russian Federation (plants and fungi)*. Moscow: Tovarischestvo nauchnykh izdaniy KMK; 2008, 885 p. (In Russian). EDN: TCNFXR.
15. Azovskii M.G., Alekseev S.S., Baritskaya V.A., Botvinkin A.D., Bukshuk N.A., Verkhovzina A.V., et al. *Red Book of the Irkutsk Region*. Ulan-Ude: Respublikanskaya tipografiya; 2020, 552 p. (In Russian). EDN: LWLAJL.
16. Safronova V.I., Sazanova A.L., Kuznetsova I.G., Belimov A.A., Andronov E.E., Chirak E.R., et al. *Phyllobacterium zundukense* sp. nov., a novel species of rhizobia isolated from root nodules of the legume species *Oxytropis triphylla* (Pall.) Pers. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2018;68(5):1644-1651. DOI: 10.1099/ijsem.0.002722.
17. Panthee S., Hamamoto H., Paudel A., Sekimizu K. *Lysobacter* species: a potential source of novel antibiotics. *Archives of Microbiology*. 2016;198:839-845. DOI: 10.1007/s00203-016-1278-5.
18. Han J.-I., Spain J.C., Leadbetter J.R., Ovchinnikova G., Goodwin L.A., Han C.S., et al. Genome of the root-associated plant growth-promoting bacterium *Variovorax paradoxus* strain EPS. *Genome Announcements*. 2013;1(5):e00843-13. DOI: 10.1128/genomea.00843-13.
19. Naylor D., DeGraaf S., Purdom E., Coleman-Derr D. Drought and host selection influence bacterial community dynamics in the grass root microbiome. *The ISME Journal*. 2017;11:2691-2704. DOI: 10.1038/ismej.2017.118.
20. Chaikovskaya L.A., Ovsienko O.L. Phosphate-mobilizing microorganisms: 1. Biodiversity, influence on plants mineral nutrition and productivity. *Tavrisheskii vestnik agrarnoi nauki = Taurida Herald of the Agrarian Sciences*. 2021;4:159-182. (In Russian). DOI: 10.33952/2542-0720-2021-4-28-159-182 EDN: NBZFFN.

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

Васильев Илья Александрович,
аспирант, ведущий инженер,
Сибирский институт физиологии
и биохимии растений СО РАН,
664033, г. Иркутск, ул. Лермонтова, 132,
Российская Федерация,
ilvasil85@gmail.com
<https://orcid.org/0009-0005-3793-4493>

Кривенко Денис Александрович,
к.б.н., ведущий научный сотрудник,
Сибирский институт физиологии
и биохимии растений СО РАН,
664033, г. Иркутск, ул. Лермонтова, 132,
Российская Федерация,
krivenko.irk@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0003-2658-1723>

INFORMATION ABOUT THE AUTHORS

Ilya A. Vasilev,
Postgraduate Student, Leading Engineer,
Siberian Institute of Plant Physiology
and Biochemistry SB RAS,
132, Lermontov St., Irkutsk, 664033,
Russian Federation,
ilvasil85@gmail.com
<https://orcid.org/0009-0005-3793-4493>

Denis A. Krivenko,
Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher,
Siberian Institute of Plant Physiology
and Biochemistry SB RAS,
132, Lermontov St., Irkutsk, 664033,
Russian Federation,
krivenko.irk@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0003-2658-1723>

Петрушин Иван Сергеевич,

к.т.н., научный сотрудник,
Сибирский институт физиологии
и биохимии растений СО РАН,
664033, г. Иркутск, ул. Лермонтова, 132,
Российская Федерация,
ivan.kiel@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-8788-5352>

Кондратов Илья Геннадьевич,

к.б.н., научный сотрудник,
Научный центр проблем здоровья семьи
и репродукции человека,
664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16,
Российская Федерация,
kondratovig@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-2631-4724>

Огарков Олег Борисович,

д.м.н., руководитель отдела
эпидемиологии и микробиологии,
Научный центр проблем здоровья семьи
и репродукции человека,
664003, г. Иркутск, ул. Тимирязева, 16,
Российская Федерация,
obogarkov@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-3168-1983>

Маркова Юлия Александровна,

д.б.н., главный научный сотрудник,
заведующий лабораторией,
Сибирский институт физиологии
и биохимии растений СО РАН,
664033, г. Иркутск, ул. Лермонтова, 132,
Российская Федерация,
✉juliam06@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0001-7767-4204>

Ivan S. Petrushin,

Cand. Sci. (Engineering), Researcher,
Siberian Institute of Plant Physiology
and Biochemistry SB RAS,
132, Lermontov St., Irkutsk, 664033,
Russian Federation,
ivan.kiel@gmail.com
<https://orcid.org/0000-0002-8788-5352>

Ilya G. Kondratov,

Cand. Sci. (Biology), Researcher,
Scientific Centre for Family Health
and Human Reproduction Problems,
16, Timiryazev St., Irkutsk, 664003,
Russian Federation,
kondratovig@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-2631-4724>

Oleg B. Ogarkov,

Dr. Sci. (Medicine), Head of Department
of Epidemiology and Microbiology,
Scientific Centre for Family Health
and Human Reproduction Problems,
16, Timiryazev St., Irkutsk, 664003,
Russian Federation,
obogarkov@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-3168-1983>

Yuliya A. Markova,

Dr. Sci. (Biology), Chief Researcher,
Head of the Laboratory,
Siberian Institute of Plant Physiology
and Biochemistry SB RAS,
132, Lermontov St., Irkutsk, 664033,
Russian Federation,
✉juliam06@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0001-7767-4204>

Вклад авторов

Все авторы сделали эквивалентный вклад
в подготовку публикации.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта
интересов.

*Все авторы прочитали и одобрили
окончательный вариант рукописи.*

Информация о статье

Поступила в редакцию 03.08.2023.
Одобрена после рецензирования 30.10.2023.
Принята к публикации 31.10.2023.

Contribution of the authors

The authors contributed equally to this article.

Conflict interests

The authors declare no conflict of interests
regarding the publication of this article.

*The final manuscript has been read and approved
by all the co-authors.*

Information about the article

The article was submitted 03.08.2023.
Approved after reviewing 30.10.2023.
Accepted for publication 31.10.2023.