

<https://doi.org/10.61308/EKVR9826>

Сравнително проучване на коренова и почвена микробиологична активност при самостоятелно и съвместно отглеждане на зеле (*Brassica oleraceae* L. var. *capitata* L.)

Гергана Младенова, Милена Йорданова, Бойка Малчева*

Лесотехнически университет, София, България

*E-mail: boika.malcheva@gmail.com

Резюме: Проведено е сравнително проучване на коренова и почвена микробиологична активност при самостоятелно и съвместно отглеждане на зеле с други култури: праз, фасул, тагетес, копър и цветен микс. Взаимното отглеждане на зеле и цветен микс повишава количеството на микроорганизмите в непосредствена близост до корените на зелето в най-висока степен. Най-ниска е биогенността на кореновата зона при варианта със зеле и тагетес. При самостоятелното отглеждане на зеле се установява по-висока стойност на общата микрофлора спрямо вариантите с основна култура зеле и допълнителни култури тагетес или праз. Комбинирането на зелето с цветен микс, фасул или копър повишава количеството на микроорганизмите от ризоплана и ризосферата в по-висока степен отколкото самостоятелното отглеждане на зеле. Основен дял в състава на общата микрофлора заемат неспорообразуващите бактерии, следвани от бацилите. Прегрупиране се установява при съвместното отглеждане на зеле и цветен микс, като при този вариант количеството на спорообразуващите бактерии е по-високо от това на неспорообразуващите бактерии. По-слабо представени са актиномицетите и плесенните гъби. Каталазната активност е най-висока при контролата, следвана от варианта със съвместно отглеждане на зеле и праз, а най-ниска при зеле и цветен микс, и зеле и копър, като зависи значително от влажността на вариантите. Целулазната активност е по-висока при вариантите с култури спрямо контролата – най-висока при съвместно отглеждане на зеле и праз, и зеле и тагетес, а най-ниска при зеле и фасул, като зависи значително от общата микрофлора.

Ключови думи: коренова микрофлора; почвена биогенност; ензимни активности

Comparative study of root and soil microbiological activity in individual and co-cultivation of cabbage (*Brassica oleraceae* L. var. *capitata* L.)

Gergana Mladenova, Milena Yordanova, Boyka Malcheva*

University of Forestry, Sofia, Bulgaria

*E-mail: boika.malcheva@gmail.com

Citation: Mladenova, G., Yordanova, M., & Malcheva, B. (2024). Comparative study of root and soil microbiological activity in individual and co-cultivation of cabbage (*Brassica oleraceae* L. var. *capitata* L.) *Bulgarian Journal of Crop Science*, 61(2) 37-46 (Bg).

Abstract: A comparative study of root and soil microbiological activity was carried out during independent and co-cultivation of cabbage with other crops: leeks, beans, tagetes, fennel and flower mix. The intercropping of cabbage and flower mix increases the amount of microorganisms in the immediate vicinity of the cabbage roots to the highest degree. The biogenicity of the root zone is the lowest in the variant with cabbage and tagetes. In the independent cultivation of cabbage, a higher value of the total microflora is established compared to the variants with the main cabbage crop and additional tagetes or leek crops. Combining cabbage with flower mix,

beans or fennel increased the amount of microorganisms from the rhizoplane and rhizosphere to a higher degree than growing cabbage alone. The main share in the composition of the total microflora is occupied by non-spore-forming bacteria, followed by bacilli. Regrouping was found in the co-cultivation of cabbage and flower mix, and in this variant the amount of spore-forming bacteria was higher than that of non-spore-forming bacteria. Actinomycetes and mold fungi are less represented. Catalase activity was highest in the control, followed by the variant with co-cultivation of cabbage and leek, and lowest in cabbage and flower mix, and cabbage and fennel, depending significantly on the humidity of the variants. Cellulase activity was higher in the variants with crops compared to the control - highest in the co-cultivation of cabbage and leek, and cabbage and tagetes, and lowest in cabbage and beans, depending significantly on the total microflora.

Key words: root microflora; soil biogenicity; enzyme activities

ВЪВЕДЕНИЕ

Проучването на взаимодействията корени-почва-микроорганизми в земеделската почвена екосистема е от съществено значение за повишаване плодородието на почвата, качеството и добива на селскостопанските култури. Корените на растенията са колонизирани от удивителен брой микроорганизми, като броят на микробните гени в ризосферата далеч надвишава броя на растителните гени (Mendes et al., 2013). При проучване на ризосферната бактериална общност на 14 растителни вида са установени повече от 1200 различни бактериални таксони от 35 различни таксономични разреда, като Proteobacteria е най-доминиращият тип (Hawkes et al., 2007). Миксомицетите и свързаните с тях микроорганизми (бактерии, гъбички) са по-изобилни в кореновата зона на зеле (*Brassica oleracea*) и боб (*Vicia faba*), отколкото в почва извън кореновата зона (Amewowog & Madelin, 1991). Според друго изследване (Ling et al., 2022) в реалните селскостопански системи има спад в микробното разнообразие в близост до ризосферата. През последните години има доказателства, че няколко полезни за растенията ризосферни бактерии не само се свързват с растенията, но и с насекоми, като по този начин взаимодействията на тези бактерии с тяхната среда са дори по-сложни, отколкото се смяташе досега и могат да се разпрострат далеч извън ризосферата (Pronk et al., 2022). Интересът към използването на полезни ри-

зосферни микроорганизми става глобален, тъй като може да представлява екологична алтернатива на химизацията в ерата на заплахи за отглеждането на културите в съвременния свят (Paliwoda & Mikiciuk, 2020). Ризосферните микроорганизми имат жизненоважна функция за развитието и здравето на растенията (Fan et al., 2017).

Главестото зеле *Brassica oleracea* L. var. *capitata* L. принадлежи към семейство Brassicaceae. Кореновата му система се състои от централен корен и голям брой странични коренови разклонения, които са разположени на дълбочина 40 – 50 cm. Отделни разклонения могат да проникнат и по-дълбоко до около 75 – 100 cm. Кореновата система има добра възстановителна способност, при загърляне на стъблото се образуват адвентивни корени, които допринасят за увеличаване на нейния обем (Shaban et al., 2014).

Ризосферните микробни съобщества са много разнообразни и силно зависещи от типа растителност, кореновите екsudати и фактори на почвената среда – температура, влажност, рН, тип почва, механичен състав на почвата, наторяване, обработка на почвата и други фактори. В ризосферната почва при отглеждане на китайско зеле Proteobacteria, Acidobacteriota, Actinobacteriota и Bacteroidota са доминиращите бактериални типове, докато Olpidiomycota, Ascomycota, Mortierellomycota и Basidiomycota са преобладаващите гъбични типове (Wei et al., 2023). Изследването на ризосферната почвена микробна общност и нейната връзка с основна-

та почвена микробна общност е от решаващо значение за поддържане на здравето и плодородието на почвата и подобряване на добивите от селскостопански култури. Общо 20 морфологично различни, култивирани бактериални щамове са възстановени от ризосферната почва на зеле, култивирано в биофумигирано поле, като най-голямата част от изолатите принадлежат към род *Bacillus*, а другите изолирани бактериални родове са *Pseudomonas*, *Serratia*, *Stenotrophomonas*, *Microbacterium* и *Priestia* (Al-Daghari et al., 2023). При изследване на ризосферната микрофлора на диво зеле (*Brassica oleracea* L.) Gols et al. (2023) установяват, че гъбичните общности се различават по-силно отколкото бактериалните общности. По-високото количество на *Bacillus subtilis* в почвената и ризосферна зони на зеле може да насърчи растежа на растенията чрез отделяне на биоактивни съединения (гиберилини) (Kang et al., 2019). Установени разлики в качеството на отделните растения при отглеждане на зеле според някои автори се дължат на варирането на микробните съобщества в почвата, ризосфера и ризоплана (Gols et al., 2023; Lundberg et al., 2012).

Микробната общност притежава потенциал за по-бърз растеж и обмен, поради което е по-реактивен компонент на земната екосистема за външен стрес, отколкото растенията и животните (Panikov, 1999). Почвените микроорганизми са чувствителни към промени в заобикалящата ги среда (Schinner & Sonnet, 1996). Микробната биомаса и ензимните активности са признати за ранни показатели за настъпващи промени в резултат на различни земеделски практики. Освен това, съществуват значителни доказателства, че те могат да бъдат използвани за оценка на влиянието на управлението и използването на почвите (Caravaca et al., 2002; Saggiar et al., 1999). Почвената микробна общност произвежда извънклетъчни ензими, които имат основна роля за разграждането на растителните остатъци и поддържането на кръговратите на хранителните вещества в почвата. Взаимното отглеждане на селскостопански култури значително повишава ензимната активност със средно

13% ($P < 0,001$), като ефектът зависи от вида на основната и междинните култури, категорията на ензима, експериментални и екологични фактори (Curtright & Tiemann, 2021).

Ризосферните почвени микроорганизми и ензими са най-активните компоненти в почвата, които са тясно свързани с почвения въглероден цикъл и могат да отразяват чувствително динамиката на почвения органичен въглерод (Qu et al., 2022). Ризосферата, в която може да се отдели значително количество нетен фиксиран въглерод, е сферата за микробна активност, където кореновите ексудати и други ризоотлагания играят важна роля при определяне на състава на микробната общност в ризоплана и ризосфера (Jones et al., 2009; Raaijmakers et al., 2009).

Повечето проучвания са фокусирани върху бактериални и гъбични съобщества (Zhang et al., 2017) и има ограничени изследвания върху свойствата на микробните съобщества в ризосферата (Fan et al., 2018). Микробите от ризоплана и ризосфера, които директно взаимодействат с корените на растението, влияят положително или отрицателно на растението (Gols et al., 2023). Ризобактериите и арбускуларните микоризни гъби могат да стимулират растежа на растенията, докато патогенните микроби могат да имат вреден ефект върху растенията (Lugtenberg & Kamilova, 2009; Whipps, 2001; Barea et al., 2005; Raaijmakers et al., 2009).

Целта на изследването беше проучване и анализ на количеството, състава и активността на микрофлората в ризоплана и ризосфера на зеле при самостоятелно и съвместно отглеждане с други култури. Проучването беше фокусирано върху изследване на микробната общност в зоните най-близо до корените на растенията, а не в почвата като цяло, която микрофлора е определяща за почвеното плодородие и добива от културите.

МАТЕРИАЛИ И МЕТОДИ

Експерименталната работа е проведена през втората половина на 2022 година в Учеб-

но опитно поле “Враждебна” към Лесотехнически университет, София, България, върху алувиално-ливадна, слабо каменлива почва. Опитът е заложен по метода на рандомизираните парцели с по четири повторения, с големина на опитната парцелка от 3,5m на 5m. Основната култура е бяло късно главесто зеле (*Brassica oleraceae* L. var. *capitata* L.), сорт „Балкан“.

Изследването на микрофлората е проведено на корени и полепналите непосредствено върху корените почвени частици (микрофлора от ризоплана и ризосфера) при отглеждане на основна култура зеле – самостоятелно и при съвместно отглеждане с други култури по схемата представена в Таблица 1.

Корените на зелето са извадени и съхранени по-малко от 24 часа в стерилни хартиени пликове и в хладилник при температура 4 °C. Смлени са без отстраняване на почвените частици по тях.

Микробиологичните изследвания включват определяне на аеробни, мезофилни групи микроорганизми. Използван е метод на пределните разреждания, направени са повърхностни плътни посеви върху твърди хранителни среди (месопептонен агар за неспорообразуващи бактерии и бацили; Actinomycetes isolation agar за актиномицети и бактерии, усвояващи минерален азот; Чапек-Докс агар за плесенни гъби) и последващо култивиране в термостат при 25 °C и отчитане на колониеобразуващи единици. Резултатите са преизчислени за 1 гр. абсолютно сух субстрат (Mishustin & Emtsev, 1989). Определена е обща микрофлора и минерализационен коефициент (Mishustin & Runov, 1957; Malcheva & Naskova, 2018).

Каталазната активност е определена по мангано-метричен метод (Khaziev, 1976).

Целулазната активност е определена в динамика чрез залагане на филтърни ленти вър-

Таблица 1. Варианти на изследване
Table 1. Research variants

№ на вариант/ Variant №	Основна култура/ Basic culture	Допълнителна култура/ Additional culture
B0	Контрола – почва без растителност/ Control – soil without vegetation	
B1		Без допълнителна култура/ No additional culture
B2		Праз/ Leek <i>Allium porrum</i> L.
B3		Фасул/ Beans <i>Phaseolus vulgaris</i> L.
B4	Зеле/ Cabbage <i>Brassica oleraceae</i> L. var. <i>capitata</i> L.	Таретес/ Tagetes <i>Tagetes patula</i> L.
B5		Цветен микс: невен (<i>Calendula officinalis</i> L.), копър (<i>Anethum graveolens</i> L.), бораго (<i>Borago officinalis</i> L.), синя метличина (<i>Centaurea cyanus</i> L.), фацелия (<i>Phacelia</i> sp. Jus.), елда (<i>Fagopyrum esculentum</i> Mill.)/ Flower mix: calendula, borage, blue cornflower, phacelia, buckwheat
B6		Копър/Dill <i>Anethum graveolens</i> L.

ху смлените корени и полепналата почва по тях в петри, и последващо отчитане на процента разградена площ (Khaziev, 1976).

Влажността на пробите е определена на влагомерна везна, марка DBS.

Статистическата обработка на резултатите включва осредняване на стойностите за микробиологичните показатели от три повторения и корелационен анализ на MS Excel, показващ зависимости между някои от изследваните показатели.

РЕЗУЛТАТИ И ДИСКУСИЯ

Биогенността на вариантите показва различия при самостоятелно и съвместно отглеждане на зеле (Таблица 2).

Самостоятелното и съвместно отглеждане на зеле повишава общото количество на микрофлората от ризоплана и ризосфера спрямо контролата (без растителност) - 1,6 пъти при

самостоятелно отглеждане на зеле и от 0,8 до 1,6 пъти при съвместно култивиране на зеле с други култури. Съвместното отглеждане на зеле и цветен микс повишава биогенността на този вариант (B5) в най-висока степен. Следват вариантите: B3 (зеле и фасул), B6 (зеле и копър), B1 (зеле). Най-ниска е стойността на общата микрофлора при взаимното отглеждане на зеле и тагетес. Минерализационната активност е най-висока при контролата. Съвместното отглеждане на зеле с други култури повишава скоростта на разграждане на органичните вещества в почвата спрямо самостоятелното отглеждане на зеле с изключение при B5 (зеле и цветен микс). Най-висока е стойността на минерализационния коефициент при B4 (зеле и тагетес), при който вариант общата микрофлора е с най-ниска стойност. Следователно активността на микроорганизмите не зависи еднозначно само от количеството на микроорганизмите. Кореновите разклонения на зелето могат достигнат до 100

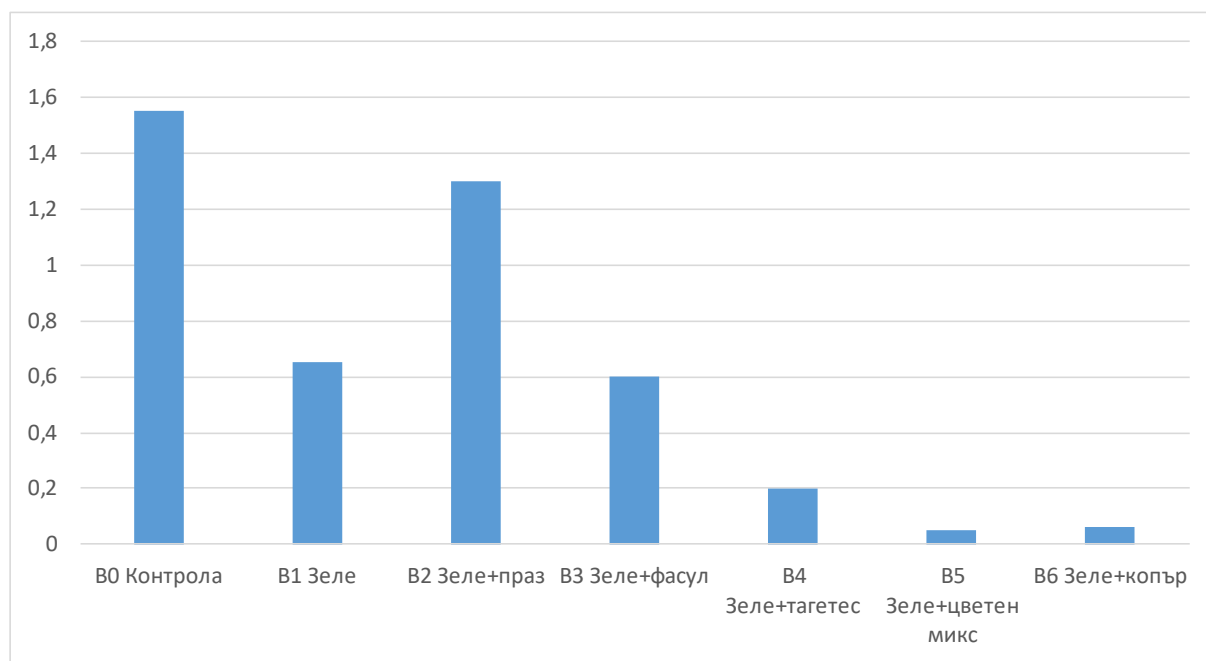
Таблица 2. Количество и състав на микрофлора от ризоплана и ризосфера (КОЕ/g)
Table 2. Amount and composition of microflora from the rhizoplane and rhizosphere (CFU/g)

Вариант/ Variant	Обща микрофлора/ Total microflora	Неспоро-образуващи бактерии/ Non-spore-forming bacteria	Бацили/ Bacilli	Актиномицети/ Actinomycetes	Микромицети/ Micro-mycetes	Бактерии, усвояващи минерален азот/ Bacteria assimilating mineral nitrogen	Минерализационен коефициент/ Mineralization coefficient
B0 Контрола - без растителност/ Control - without vegetation	1909940	1085800	76540	694200	53400	4722933	4,063
B1 Зелe/ Cabbage	2974500	1624500	1287000	54000	9000	1453500	0,499
B2 Зелe+праз/ Cabbage + leek	2699600	1679600	884000	81600	54400	5895600	2,300
B3 Зелe+фасул/ Cabbage + beans	3273600	2198400	984000	62400	28800	3187200	1,002
B4 Зелe+тагетес/ Cabbage + tagetes	2018500	1100000	775500	93500	49500	5214000	2,780
B5 Зелe+цветен микс/ Cabbage+flower mix	3460200	1576800	1664400	51100	167900	1299400	0,401
B6 Зелe+копър/ Cabbage + fennel	3218400	1728000	1339200	113400	37800	2894400	0,944

ст дълбочина, което увеличава и разпространението на микроорганизми от ризоплана и ризосферата (Shaban et al., 2014). Amewowor & Madelin (1991) установяват, че бактерии и гъбички са по-изобилни в кореновата зона на зеле (*Brassica oleracea*), отколкото в почва извън кореновата зона, като гъбичните общности при диво зеле се различават по-силно отколкото бактериалните общности (Gols et al., 2023). Други автори (Ling et al., 2022) установяват, че в реалните селскостопански системи има спад в микробното разнообразие в близост до ризосферата. В ризосферната почва при отглеждане на китайско зеле *Proteobacteria*, *Acidobacteriota*, *Actinobacteriota* и *Bacteroidota* са доминиращите бактериални типове, докато *Olpidiomycota*, *Ascomycota*, *Mortierellomycota* и *Basidiomycota* са преобладаващите гъбични типове (Wei et al., 2023). Други автори (Al-Daghari et al., 2023) установяват, че в ризосферната почва на зеле доминира род *Bacillus*, а другите изолирани бактериални родове са *Pseudomonas*, *Serratia*, *Stenotrophomonas*, *Microbacterium* и *Priestia*. *Bacillus subtilis* в почвената и ризосферна зони

на зеле може да насърчи растежа на растенията чрез отделяне на биоактивни съединения (гиберилини) (Kang et al., 2019). Установени разлики в качеството на отделните растения при отглеждане на зеле според някои автори се дължат на варирането на микробните съобщества в почвата, ризосфера и ризоплана (Gols et al., 2023; Lundberg et al., 2012).

Основен дял в състава на общата микрофлора заемат неспорообразуващите бактерии (57% при контролата; най-висок процент при В3 зеле и фасул – 67%) при всички варианти, с изключение при съвместното отглеждане на зеле и цветен микс (В5), при който вариант количеството на бацилите е по-високо от това на неспорообразуващите бактерии. При контролата следват актиномицетите (2-ро място), бацилите (3-то място) и най-слабо представени са микромицетите (плесенни гъби). При вариантите с растителност след неспорообразуващите бактерии следват бацилите (2-ро място), актиномицетите (трето място) и най-слабо представени са плесенните гъби. Изключение от тази тенденция се установява при взаимното участие на зеле и цветен микс



Фигура 1. Каталазна активност (ml O₂/30 min) на кореновата и почвена микрофлора
Figure 1. Catalase activity (ml O₂/30 min) of root and soil microflora

(B5), където количеството на плесенните гъби е по-високо от това на актиномицетите.

Каталазната активност на кореновата и почвена микрофлора е представена на Фигура 1.

Резултатите показват, че самостоятелното и съвместно отглеждане на зеле не повишава каталазната активност на микрофлората от ризоплана и ризосфера – стойностите на ензима са по-ниски при вариантите с растителност спрямо контролата (без растителност). При вариантите с растителност най-висока е каталазната активност при съвместното отглеждане на зеле и праз (B2), по-висока от тази при самостоятелно отглеждане на зеле (B1). Най-ниски са стойностите на каталазата при съвместно отглеждане на зеле и цветен микс (B5), и зеле и копър (B6). Каталазната активност на почвените микроорганизми не зависи само от тяхното количество. Значение за общата каталазна активност има и каталазата от растителен произход. Активността на каталазата зависи от много фактори, влияещи поотделно и в комплекс – количество на микроорганизмите, подходяща влажност, тем-

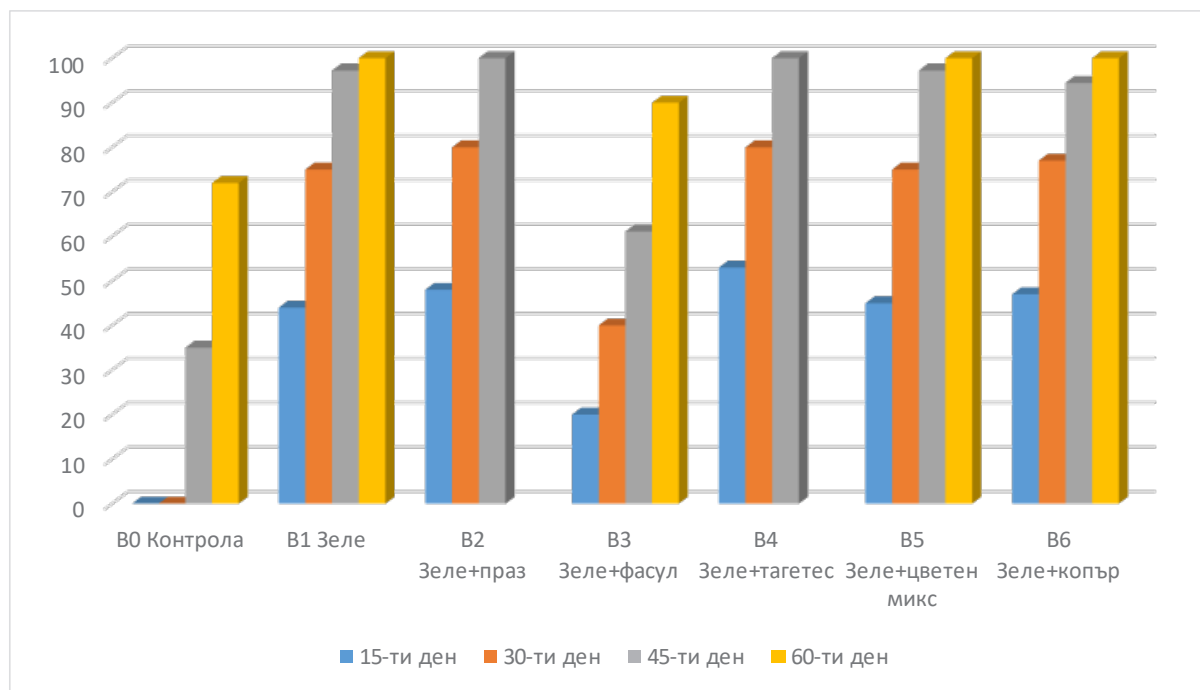
пература, запасеност с хранителни вещества на почвите, както и от типа растителност. При експеримент с рапица също се установява по-ниска каталазна активност при вариантите с растителност спрямо контролата без растителност (Malcheva et al., 2019).

За разлика от каталазата целулазната активност се повишава при вариантите с растителност спрямо контролата (без растителност) (Фигура 2).

Разграждането на целулозата до 100% протича най-бързо при съвместното отглеждане на зеле и праз (B2), и зеле и тагетес (B4) – 45 дни. Следват вариантите със самостоятелно отглеждане на зеле (B1) и съвместно отглеждане на зеле и цветен микс (B5), и зеле и копър (B6) – 60 дни. При вариантите със съвместно отглеждане най-ниска е целулазната активност при комбинирането на зеле и фасул (B3).

Корелационните зависимости за някои от изследваните показатели са представени в следващата Таблица 3.

Значителна положителна корелация се установява като влияние на целулазната актив-



Фигура 2. Целулазна активност (% разградена площ) на кореновата и почвена микрофлора
Figure 2. Cellulase activity (% degraded area) of root and soil microflora

Таблица 3. Корелационни зависимости
Table 3. Correlational dependencies

Показател/ Indicator	Обща микрофлора/ Total microflora	Влажност/ Humidity	Каталаза/ Catalase	Целулаза/ Cellulase
Обща микрофлора/ Total microflora	1			
Влажност/ Humidity	-0,424959371	1		
Каталаза/ Catalase	-0,535037984	0,5343006	1	
Целулаза/ Cellulase	0,507441364	-0,6270208	-0,668104	1

ност от общото количество микроорганизми, а на каталазната активност от влажността на почвата и корените.

ИЗВОДИ

Самостоятелното и съвместно отглеждане на зеле повишава общото количество на микрофлората от ризоплана и ризосфера на зеле, в най-висока степен при взаимно отглеждане на зеле и цветен микс. Най-ниска е биогенността на кореновата зона при варианта със зеле и тагетес. При самостоятелното отглеждане на зеле се установява по-висока стойност на общата микрофлора спрямо вариантите с основна култура зеле и допълнителни култури тагетес или праз. Докато комбинирането на зелето с цветен микс, фасул и копър повишава биогенността на почвата в непосредствена близост до корените в по-висока степен отколкото самостоятелното отглеждане на зеле.

Основен дял в състава на общата микрофлора заемат неспорообразуващите бактерии (с изключение при съвместното отглеждане на зеле и цветен микс, при който вариант спорообразуващите бактерии доминират), а най-слабо представени като цяло са плесенните гъби. Неспорообразуващите бактерии и бацилите участват в началните етапи на разграждане на органичните вещества в почвата, а актиномицетите и плесенните гъби в по-крайните етапи на деструкция на орга-

ничната материя. Скоростта на разграждане на органичните вещества в почвата не зависи еднозначно от общото количество на микроорганизмите.

Каталазната активност на кореновата и почвена микрофлора не се повишава при самостоятелно и съвместно отглеждане на зеле спрямо контролата без растителност. При вариантите с растителност най-висока е каталазната активност при съвместното отглеждане на зеле и праз, по-висока от тази при самостоятелно отглеждане на зеле. Най-ниски са стойностите на каталазата при съвместно отглеждане на зеле и цветен микс, и зеле и копър. Каталазната активност зависи значително от влажността на почвата и корените.

Целулазната активност на кореновата и почвена микрофлора е най-висока при съвместното отглеждане на зеле и праз, и зеле и тагетес. Следват вариантите със самостоятелно отглеждане на зеле и съвместно отглеждане на зеле и цветен микс, и зеле и копър. Най-ниска е целулазната активност при съвместното отглеждане на зеле и фасул. Целулазната активност зависи значително от общата микрофлора.

БЛАГОДАРНОСТИ

Настоящото изследване е подкрепено от МОН по НП „Млади учени и постдокторанти - 2“.

Конфликт на интереси: Авторите декларират, че липсва конфликт на интереси.

ЛИТЕРАТУРА

- Al-Daghari, D., Al-Sadi, A., Al-Mahmooli, I., Janke, R., & Velazhahan, R.** (2023). Biological control efficacy of indigenous antagonistic bacteria isolated from the rhizosphere of cabbage grown in biofumigated soil against *Pythium aphanidermatum* damping-off of cucumber. *Agriculture*, 13(3), 626. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture13030626>.
- Amewowor, D., & Madelin, M.** (1991). Numbers of myxomycetes and associated microorganisms in the root zones of cabbage (*Brassica oleracea*) and broad bean (*Vicia faba*) in field plots. *FEMS Microbiology Ecology*, 86, 69-82.
- Barea, J. M., Pozo, M. J., Azcon, R., & Azcon-Aguilar, C.** (2005). Microbial co-operation in the rhizosphere. *J. Exp. Bot.*, 56, 1761-1778.
- Caravaca, F., Masciandaro G., & Ceccanti, B.** (2002). Land use in relation to soil chemical and biochemical properties in a semiarid Mediterranean environment. *Soil Tillage Res.*, 68, 23-30.
- Curtright, A., & Tiemann, L.** (2021). Intercropping increases soil extracellular enzyme activity: A meta-analysis. *Agriculture, Ecosystems & Environment*. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agee.2021.107489>.
- Fan, K., Cardona, C., Li, Y., Shi, Y., Xiang, X., Shen, C., Wang, H., Gilbert, J., & Chu, H.** (2017). Rhizosphere-associated bacterial network structure and spatial distribution differ significantly from bulk soil in wheat crop fields. *Soil Biol. Biochem.*, 113, 275-284. doi: 10.1016/j.soilbio.06020.
- Fan, K., Weisenhorn, P., Gilbert, J. A., & Chu, H.** (2018). Wheat rhizosphere harbors a less complex and more stable microbial co-occurrence pattern than bulk soil. *Soil Biol. Biochem.*, 125, 251-260. DOI: 10.1016/j.soilbio.07, 022.
- Gols, R., Geem, M., Bullock, J., Martens, H., Wagenaar, R., Putten, W., & Harvey, J.** (2023). Communities of nematodes, bacteria and fungi differ among soils of different wild cabbage population. *European Journal of Soil Biology*. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2023.103512>.
- Hawkes, C. V., DeAngelis, K. M., & Firestone, M. K.** (2007). Root interactions with soil microbial communities and processes. In: *The rhizosphere* (pp. 1-29). Academic press. Elsevier, New York.
- Jones, D. L., Nguyen, C., & Finlay, R. D.** (2009). Carbon flow in the rhizosphere: carbon trading at the soil-root interface. *Plant Soil*, 321, 5-33.
- Kang, S., Hamayun, M., Khan, M., Iqbal, A., & Lee, I.** (2019). *Bacillus subtilis* JW1 enhances plant growth and nutrient uptake of Chinese cabbage through gibberellins secretion. *Journal of Applied Botany and Food Quality*, 92, 172 - 178. DOI: 10.5073/JAB-FQ.2019.092.023.
- Khaziev, F.** (1976). *Enzymatic activity of soils*. Nauka, Moskva, 180 (Ru).
- Ling, N., Wang, T. T., & Kuzyakov, Y.** (2022). Rhizosphere bacteriome structure and functions. *Nat. Commun.*, 13, 1-13. DOI: 10.1038/s41467-022-28448-9.
- Lugtenberg, B., & Kamilova, F.** (2009). Plant-growth-promoting rhizobacteria. *Annu. Rev. Microbiol.*, 63, 541-556.
- Lundberg, D. S., Lebeis, S. L., Paredes, S.H., Yourstone, S., Gehring, J., Malfatti, S., Tremblay, J., Engelbrektson, A., Kunin, V., Rio, T.G.d., Edgar, R. S., Eickhorst, T., Ley, R., Hugenholtz, P., Tringe, S. G., & Dangle, J. L.** (2012). Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome. *Nature*, 488, 86-90.
- Malcheva, B., & Naskova, P.** (2018). *Guide for laboratory exercises in Microbiology*. Universitetsko izdatelstvo pri TU-Varna, Varna, 70 (Bg).
- Malcheva, B., Naskova, P., Plamenov, D.** (2019). Investigation of the influence of mineral nitrogen fertilizers on the microbiological and enzymic activity of soils with rapeseed. *Novo znanie*, 8-4, 80-90 (Bg).
- Mendes, R., Garbeva, P. & Raaijmakers, J.** (2013). The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. *FEMS Microbiol Rev*, 37, 634-663.
- Mishustin, F., & Emtsev, N.** (1989). *Microbiology*. Kolos, Moskva, 367 (Ru).
- Mishustin, E., & Runov, E.** (1957). The success of the development of the principles of microbiological diagnosis of soil condition. *Uspekhi sovremennoy biologii*, 44, 256-268 (Ru).
- Paliwoda, D., & Mikiciuk, G.** (2020). Use of Rhizosphere Microorganisms in Plant Production – a Review Study. *Journal of Ecological Engineering*, 21(8), 292-310. DOI: <https://doi.org/10.12911/22998993/126597>.
- Panikov, N. S.** (1999). Understanding and prediction of soil microbial community dynamics under global change. *Applied Soil Ecol.*, 11, 161-176.
- Pronk, L., Bakker, P., Keel, C., Maurhofer, M., & Flury, P.** (2022). The secret life of plant-beneficial rhizosphere bacteria: insects as alternative hosts. *Environmental Microbiology*, 24(8), 3273-3289. DOI: 10.1111/1462-2920.15968.
- Qu, Y., Tang, J., Liu, B., Lyu, H., Duan, Y., Yang, Y., Wang, S., & Li, Z.** (2022). Rhizosphere enzyme activities and microorganisms drive the transformation of organic and inorganic carbon in saline-alkali soil

- region. *Scientific Reports*, 12, 1314. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-022-05218-7>.
- Raaijmakers, J. M., Paulitz, T. C., Steinberg, C., Al-abouvette, C., & Moenne-Loccoz, Y.** (2009). The rhizosphere: a playground and battlefield for soilborne pathogens and beneficial microorganisms. *Plant Soil*, 321, pp. 341–361.
- Saggar, S., McIntosh, M. D., Hedley, C. B., & Knicker, H.** (1999). Changes in soil microbial biomass, metabolic quotient and organic matter turnover under *Hieracium* (*H. pilosella* L.). *Biol. Fert. Soil*, 30, pp. 232-238.
- Schinner, F., & Sonnetner, R.** (1996). Soil ecology: Microbiology and soil enzymatics. Springer-Verlag, Berlin (De).
- Shaban, N., Bistrichanov, S., Moskova, T., Kadum, E., Mitova, I., Tityanov, M., & Bumov, P.** (2014). *Vegetable production (main traditional vegetable species)*. Izdatelska kashta pri Lesotehniicheski universitet (Bg).
- Wei, X., Fu, T., He, G., Zhong, Z., Yang, M., Lou, F., & He, T.** (2023). Characteristics of rhizosphere and bulk soil microbial community of Chinese cabbage (*Brassica campestris*) grown in Karst area. *Frontiers in Microbiology*, 14. DOI: 10.3389/fmicb.2023.1241436.
- Whipps, J. M.** (2001). Microbial interactions and bio-control in the rhizosphere. *Journal of experimental Botany*, 52(suppl_1), 487-511.
- Zhang, K., Adams, J. M., Shi, Y., Yang, T., Sun, R., He, D., ... & Chu, H.** (2017). Environment and geographic distance differ in relative importance for determining fungal community of rhizosphere and bulk soil. *Environmental Microbiology*, 19(9), 3649-3659.

Received: November 28 2023; Approved: February 15 2024; Published: April 2024