ЭКОЛОГИЯ И ОХРАНА ПРИРОДНЫХ РЕСУРСОВ

УДК 551.49:57:576.8

СОҢ-КӨЛДҮН СУУ БИОТОБУНДАГЫ БАКТЕРИЯЛАРДЫН РОЛУ ЖАНА АР ТҮРДҮҮЛҮГҮ

Дөөлөткелдиева Тинатин Дөөлөткелдиевна (ORCID 0000-0002-1633-6217)[1], Бектурганова Бааркүл Шаршенбековна (ORCID 0000-0003-1304-1250)[1], Бобушова Сайкал Токтосуновна (ORCID 0000-0002-5823-0541)[2]

[1]К.И. Скрябин атындагы Кыргыз улуттук агрардык университети,
Бишкек, Кыргызстан
[2]Кыргыз-Түрк "Манас" университети,
Бишкек, Кыргызстан

Аннотация. Бул макалада Соң-Көл өрөөнүнүн гидротүзүлүшүндө кездешкен микроорганизмдердин түрлөрү жана алардын сандык катышы экосистемадагы мааниси изилденди. Бул үчүн көлдүн ар кайсы четинен суу үлгүлөрү чогултулуп, лабораториялык шартта анализденди. Изилдөөдө Соң-Көл көлүнүн суу чөйрөсүндөгү бактериялардын био ар түрдүүлүгү жана алардын экосистемадагы негизги биологиялык функциялары туралуу кеңири маалымат берилди. Суунун үлгүлөрү июль айында Соң-Көл көлүнүн жээгинен горизонталдык багытта 5 жана 15 м аралыкта, ошондой эле вертикалдык тереңдиктен үлгүлөр үстүнкү (20-50 см), ортоңку (1-2 м) жана түпкү (5-8 м) катмарларынан алынган. Бул үлгүлөр *Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, Cyanobacteria* жана *Firmicutes* бөлүмдөрүнө кирген микроорганизмдердин өкүлдөрүн камтыды. Суунун үстүнкү катмарында цианобактериялар басымдуулук кылса, ортоңку катмарларда *Actinobacteria*, ал эми түпкү катмарларда *Proteobacteria* басымдуулук кылганы аныкталды. Изилдөөнүн жыйынтыгында *E. coli* бактериясы суунун ар кайсы тереңдик катмарларынан табылган эмес, бирок *Enterobacter, Pseudomonas* жана *Mycobacterium* урууларына кирген бактериялар кездешкен. Сандык көрсөткүчтөр боюнча *Enterococcus* бактериясы басымдуулук кылганы байкалган жана фекалдык булгануунун деңгээли аз же такыр жок деп эсептелди.

Өзөктүү сөздөр: Соң-Көл, бактериялар, фекалдык булгануу, суу микрофлорасы, адаптация, *Proteobacteria, Firmicutes*

РОЛЬ И РАЗНООБРАЗИЕ БАКТЕРИЙ В ВОДНОЙ БИОТЕ ОЗЕРА СОН-КУЛЬ

Доолоткелдиева Тинатин Доолоткелдиевна (ORCID 0000-0002-1633-6217)[1], Бектурганова Бааркул Шаршенбековна (ORCID 0000-0003-1304-1250)[1], Бобушова Сайкал Токтосуновна (ORCID 0000-0002-5823-0541)[2]

[1]Кыргызский национальный аграрный университет им. К.И. Скрябина,
Бишкек, Кыргызстан
[2]Кыргызско-Турецкий университет «Манас»,
Бишкек, Кыргызстан

Аннотация. В статье исследованы виды микроорганизмов, встречающиеся в гидроструктуре озера Сон-Куль, их количественное соотношение и значение в экосистеме. Для этого были собраны пробы воды с разных частей озера и проанализированы в лабораторных условиях. В исследовании представлена широкая информация о биоразнообразии бактерий в водной среде озера Сон-Куль и их основных биологических функциях в экосистеме. Пробы воды были собраны в июле с береговой линии озера Сон-Куль на горизонтальных расстояниях 5 и 15 м, а также с вертикальных глубин: верхний (20-50 см), средний (1-2 м) и нижний (5-8 м) слои. Эти пробы включали представители микроорганизмов, относящихся к отделам *Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, Cyanobacteria и Firmicutes*. На верхнем слое воды преобладали цианобактерии, на среднем слое – *Actinobacteria*, а на нижнем – *Proteobacteria*. В результате исследования было установлено, что бактерия *E. coli* не была найдена в водных пробах с разных глубин, однако были обнаружены бактерии, относящиеся к родам *Enterobacter, Pseudomonas* и *Mycobacterium*. По количественным показателям преобладала бактерия *Enterococcus*, и уровень фекального загрязнения был оценен как низкий или отсутствующий.

Ключевые слова: Сон-Куль, бактерии, фекальное загрязнение, водная микрофлора, адаптация, *Proteobacteria, Firmicutes*

ROLE AND DIVERSITY OF BACTERIA IN THE WATER BIOTA OF LAKE SON-KUL

Doolotkeldieva Tinatin Doolotkeldievna (ORCID 0000-0002-1633-6217)[1], Bekturganova Baarkul Sharshenbekovna (ORCID 0000-0003-1304-1250)[1], Bobushova Saykal Toktosunovna (ORCID 0000-0002-5823-0541)[2]

[1]Kyrgyz National Agrarian University named after K.I. Skryabin, Bishkek, Kyrgyzstan
[2]Kyrgyz-Turkish Manas University, Bishkek, Kyrgyzstan

Abstract. In this article, the types of microorganisms found in the hydrostructure of Lake Son-Kul, their quantitative ratio, and their significance in the ecosystem are investigated. For this, water samples were collected from different parts of the lake and analyzed under laboratory conditions. The study provides extensive information about the biodiversity of bacteria in the aquatic environment of Lake Son-Kul and their main biological functions in the ecosystem. Water samples were collected in July from the shoreline of Lake Son-Kul at horizontal distances of 5 and 15 m, as well as from vertical depths: upper (20-50 cm), middle (1-2 m), and bottom (5-8 m) layers. These samples included representatives of microorganisms belonging to the phyla *Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, Cyanobacteria,* and *Firmicutes. Cyanobacteria* predominated in the upper layer of water, *Actinobacteria* in the middle layer, and *Proteobacteria* in the bottom layer. The study found that the *E. coli* bacteria were not present in water samples from different depths, however, bacteria belonging to the genera *Enterobacter, Pseudomonas,* and *Mycobacterium* were detected. According to quantitative indicators, *Enterococcus* bacteria predominated, and the level of fecal contamination was considered low or absent.
Keywords: Son-Kul, bacteria, fecal contamination, aquatic microflora, adaptation, *Proteobacteria, Firmicutes*

Киришүү

Бактериялар суу экосистемасында органикалык заттарды ажыратуучулар, азык заттарды кайра иштетүүчүлөр, парник газдарын бөлүп чыгаруучулар жана колдонгондор катары, ошондой эле заттар менен энергиянын агымын жөнгө салуучулар катары маанилүү функцияны аткарышат [1-3]. Бактериялык клеткалардын сандык жана сапаттык курамын изилдөө суу микробиологиясында негизги орунда турат [4-6]. Катаал жана суук климаттык шарттарга ээ болгон Соң-Көл өрөөнүндөгү көлдүн суусунда жашаган микроорганизмдердин түрлөрү дээрлик изилденген эмес. Ошондой эле ал жерде камтылган биохимиялык процесс жолдору жана жаңы экинчилик метаболиттер ачыла элек. Ушул себептен улам, бул аймактагы суулардын микробиологиялык процесстерин, микроорганизмдердин ар түрдүүлүгүн, алардын биомассасын жана региондун экологиялык абалын илимий негизде баалоо өтө маанилүү болуп саналат.

Изилдөөнүн материалдары жана методдору

Изилдөөнүн максаты – Соң-Көл көлүндөгү сууда кездешкен бактериялардын түрлөрүн аныктоо, алардын экосистемадагы биохимиялык процесстерге тийгизген таасирин жана экологиялык ролун түшүнүү.

Изилдөөлөрдүн натыйжасында, көлдүн сууларында бактериялык коомдоштуктар негизинен *Proteobacteria* (негизги класстары Alpha, Beta жана Gammaproteobacteria), *Actinobacteria, Bacteroidetes, Cyanobacteria, Verrucomicrobia* жана *Firmicutes* бөлүмдөрүнөн турганы аныкталган [7-10]. Бирок ар бир топтун саны боюнча айырмачылыктар болушу мүмкүн. Мисалы, *Betaproteobacteria* жана *Bacteroidetes* класстары суунун үстүңкү катмарларында жана түбүндө көбүрөөк кездешет [9, 11], ал эми *Firmicutes* классы агынды сууларда көп байкалат [7]. Мындан сырткары, химиялык заттардын ар түрдүүлүгү айрым бактерия топторунун сандык курамына таасирин тийгизиши мүмкүн. Мисалы, *Verrucomicrobia* тобунун саны калийдин концентрациясы жогору болгон жерлерде көбөйсө, ал эми *Acidobacteria* органикалык булганган көмүртек көп болгон аймактарда көп кездешет [12]. Ошондой эле суунун агымынын өзгөчөлүктөрү жана мезгилдик өзгөрүүлөр негизги бактериялык топтордун курамына таасир тийгизиши мүмкүн [13,14]. Бирок көпчүлүк бактериялар өздөрүнүн жашаган чөйрөсүнө адаптацияланган аборигендик организмдер болуп саналат [14]. Сырттан кирген эндемик эмес бактериялар жергиликтүү шарттарга ыңгайлашып, табигый микробдук коомдоштуктун ажырагыс бөлүгүнө айланышат [15,16]. Ошентип, суу экосистемасындагы микробдук коомдоштуктар алардын экологиялык өзгөчөлүктөрүн тереңирээк түшүнүүгө өбөлгө түзөт.

Туссуз көлдүн сууларындагы негизги беш топ бактериялар жалпы микробдук өкүлдөрдүн 60-80% түзөт. Ошондуктан бактериялык коомдоштуктун түрдүүлүгүн кеңири таксономиялык деңгээлде так көрсөтүү татаал болуп саналат. Көлгө ар кандай азык заттар жана микробдук жүктөм кирет, бул өз кезегинде бактериялардын түрдүк курамына таасир этет. Алардын арасында чөйрөнүн pH деңгээли, физико-химиялык шарттары бактериялык коомдоштуктун түрлөрүнүн сандык жана сапаттык курамын аныктоочу негизги факторлордун бири болуп эсептелет [17-20].

Башка абиотикалык факторлорго төмөнкүлөр кирет: температура [17,13], эриген кычкылтектин көлөмү [21, 22], органикалык көмүртектин курамы [18,23], жалпы фосфор (TP) [24, 25], жалпы азот [26,27], ошондой эле суунун өткөрүмдүүлүгү [28,25]. Бул факторлордун ар бири микроорганизмдердин түрлөрүнүн ар түрдүүлүгүнө жана таралышынын мүнөзүнө олуттуу таасир этет.

Кыргызстандагы Ички Тянь-Шандын бийик тоолуу Соң-Көл көлү деңиз деңгээлинен 3016 м бийиктикте жайгашкан. Соң-Көлгө ар тараптан 20дан ашуун агын суулар агып келип, көлдүн деңгээлин түшүрбөйт. Ал эми Ак-Таш, Таш-Дөбө, Кара-Кече аймактарынан келген шар суулар кышкысын да көп тоңуп калбайт. Көлдүн узундугу 29, туурасы 17 километрге чейин созулуп, жалпы аянты 278 чарчы километрди түзөт. Көлдү түндүк тарабынан

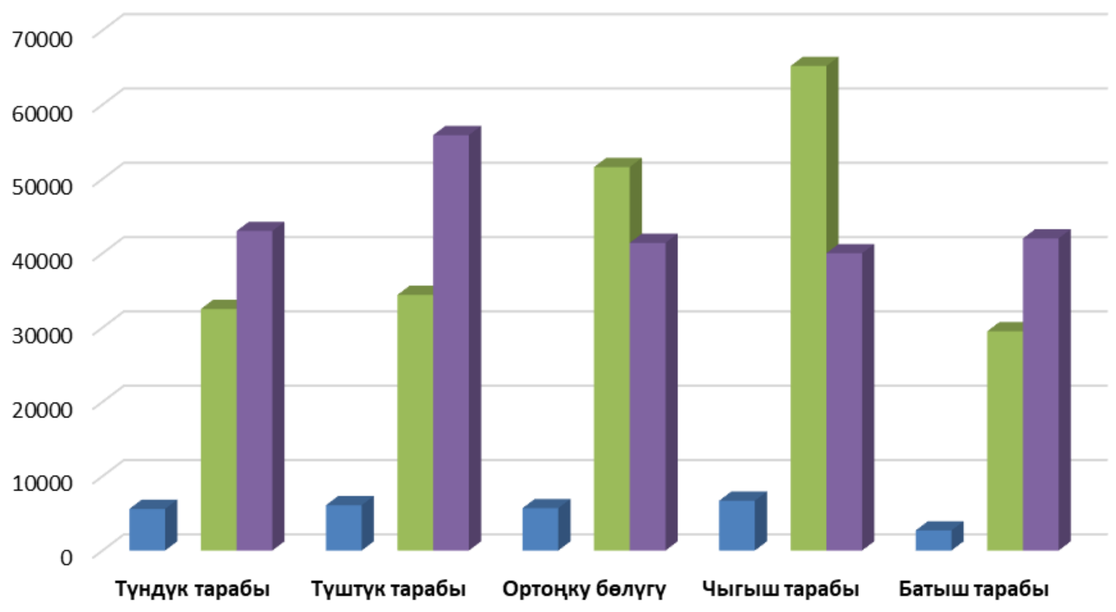
Соң-Көл тоосу, түштүк тараптан болсо Боор-Албас тоолору курчап, ал өзүнчө бир ойдуңду пайда кылат. Көлдүн узундугу чыгыштан батышка карай 57 км, туурасы 29-30 км чейин созулуп, жалпы аянты 290 км²ге жетет. Соң-Көл май айынын башына чейин эрибейт. Күз мезгилинде көл октябрь айынын экинчи жарымынан тарта тоно баштайт. Декабрь айында көл толугу менен тоңуп, муздун калыңдыгы 100-120 смге чейин жетет [29]. Соң-Көлдөн Кажырты суусу гана агып чыгып, Нарын дарыясына кошулат [30]. Көл жаз жана жай айларында карлардан жана мөңгүлөрдөн келген агын суулар менен толукталат. Бирок бир нече ири агын суулар көлдүн суусун толуктап турат, алардын арасында Кум-Бель, Таш-Дөбө, Кара-Кече жана Ак-Таш суулары бар. Көлдүн эң терең жери батыш тарабында 13,5-20 м, чыгыш тарабында болсо 2 мден 6-8 мге чейин тереңдикке жетет. Чыгыш жана түштүк чыгыш тарабында көлдүн тереңдиги кичирээк, ал жерде өлөңдөргө бай көптөгөн майда аралчалар жана суу-саздак жерлер бар [31]. Ошол өлөңдөрдөн көлдүн жээгине чейин 100 м аралыкка чейин жайылган аймактар пайда болот. Мындай жерлерде көлдүн жээктеринин 50-60 м узундуктагы тилкелери бир нече километрге чейин созулуп, жүздөгөн куштар үчүн ыңгайлуу уялоо жайларына айланат. Көлдүн суусу тузсуз болуп, ичүү үчүн да жарайт [29].

Методология

Изилдөө үчүн суунун үлгүлөрү июль айында Соң-Көл көлүнүн жээгинен горизонталдуу багытта 5 м жана 15 м аралыкта, ал эми вертикалдык тереңдиктен үлгүлөр үстүнөн (20-50 см), ортоңку бөлүгүнөн (1-2м) жана түбүнөн (5-8м) алынган. Суунун үлгүлөрүн алуу үчүн стерилденген атайын айнек идиштер жана жабык оозу бар идиштер колдонулган. Суунун температурасы орточо 6,5-7,0 °C, ал эми суунун pH деңгээли нейтралдуу (6,9-7,1) деп аныкталган. Лабораторияда үлгүлөрдөн 300 мкл аликовота Петри чөйчөгүнө куюлуп, Эт пептон агары, крахмал аммиак агары жана Чапек-Докса чөйрөлөрүндө өстүрүлдү. Термостатта 27 °C температурада 7 күн кармалып, морфологиялык жактан окшош колониялар таза культурага бөлүнүп алынды. Тереңдикке себүү менен жаңы булганууну баалоо максатында Эндо чөйрөсүнө 37 °C температурада 3 күн кармалып, байкоо жүргүзүлдү.

ДНК экстракциялоо жана бактериялык 16S рРНК гендерин амплификациялоо. Ар бир бактериялык ДНК үлгүсүнүн 2 мкл бөлүгү ExTaq ДНК полимераза (Эдисон, Нью-Джерси, АКШ) колдонуу менен 16S рРНК генин ПЧР менен амплификациялоо жүргүзүлдү, бул иш-аракеттер өндүрүүчүнүн көрсөтмөлөрүнө ылайык жүргүзүлдү. 16S рРНК генинин аймактарын амплификациялоо үчүн колдонулган ПЧР 16S-27F (5'-AGAGTT TGA TCC TGG CTC AG-3')) жана 16S-1492 R (5'-GGTTAC CTT CTT ACG ACT T-3') праймерлери менен төмөнкү шарттарда жүргүзүлдү: баштапкы денатурация 95 °Сда 3 мүнөт, андан кийин 30 термикалык цикл (95 °C үчүн 30 с, 56 °C үчүн 30 с, жана 72 °C үчүн 45 с), соңунда 72 °Сда 10 мүнөт узартуу. Амплификацияланган продукциялар гель-электрофорезде бөлүнүп, 1.0% агороза даярдалып жана тазаланган ПЦР продуктынын 10 мкл жана 2 мкл боек менен аралаштырылып, уячаларга жүктөлдү. 1kb ДНК маркер (GeneRuler, Thermo Scientific) колдонулду. Агароз гелде 100Vда 20 мүнөт жүгүртүлдү. Андан кийин GelDoc (Bio-Rad, ChemiDoc™ MP) сүрөттөө системасына жайгаштырылып сүрөттөр алынды. Акыркы продуктылар Qiaquick кити (Qiagen, Хильден, Германия) менен тазаланды. Ырааттуулукту талдоо же секвендөө Макроген компаниясы тарабынан (Сеул, Корея) жүргүзүлдү жана секвендештирилген нуклеотиддик тизмектер Applied Biosystems 3730XL секвенерлери менен редакцияланды.

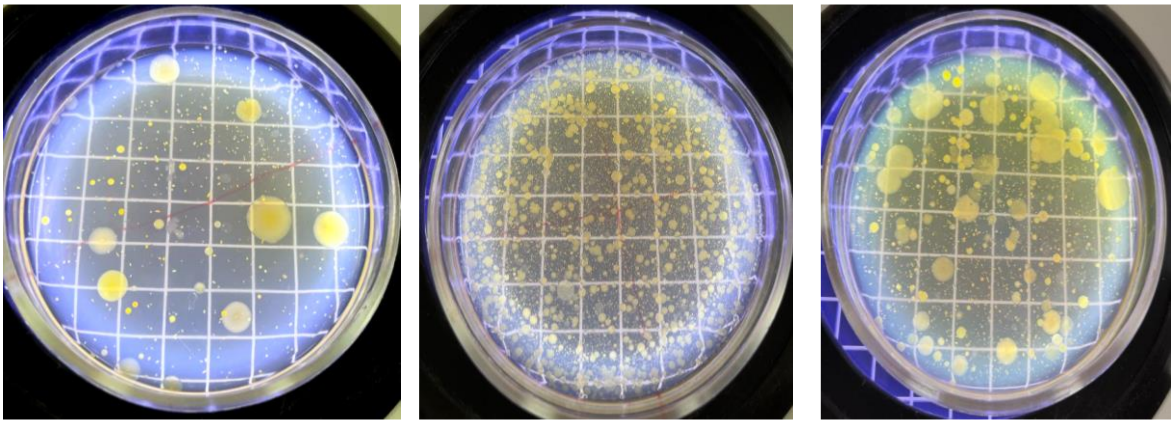
Натыйжалар. Изилдөөлөрдун натыйжалары көрсөткөндөй, 1 мл сууда кармалган бактериялардын саны алынган жерге жана суунун тереңдигине жараша өзгөрүлүп турду, бирок орточо эсептөөлөрдөн кийин төмөнкү жыштыкта кездеше тургандыгы далилденди (1-сүрөт).



1-сүрөт. Соң-Көл көлүнүн 1 мл суусунда кармалган жалпы бактериялардын саны (КПБ/мл суу)

Диаграммада көрүнүп тургандай, Соң-Көл суусунун микрофлорасы дээрлик бардык аймактарда кармалган бактерия клеткаларынын саны боюнча аз айырмачылыктарга ээ. Бирок, көлдүн үстүнкү катмарындагы бактериялардын саны башка катмарларга салыштырмалуу төмөн болду. Белгилей кетчү нерсе, көлдүн чыгыш жагында, көл жээктен 5 метр аралыктагы үстүнкү катмардын үлгүсүндө 67x10^{3} КПБ түзүлдү, ал эми чыгыш тараптын ортосунан алынган үлгүдө 62,2x10^{3} КПБ көрсөтүлдү. Кийинки орунда түштүк тарабынан алынган суунун түбүндөгү бактериялардын саны 55x10^{3} КПБ түздү. Көлдүн ортосунан алынган ортоңку тереңдиктеги үлгүдө 51x10^{3} КПБ көрсөткүчү табылды. Калган тараптардагы бардык тереңдиктерде бактериялардын орточо саны дээрлик бирдей болду. Чыгыш тарапта бактериялардын көбөйүшүнүн бир себеби - Соң-Көл ойдуңунун чыгыш бөлүгүндө саздак аймактын болушу жана түрдүү өсүмдүктөрдүн өсүшү. Мох жана өлөң чөптүү-мох саздарынын көлөмдүү массивдери Соң-Көл көлүнүн чыгыш тарабында орун алган. Чыгыш тарабындагы көл жээгинде Carex pamirensis ассоциациялары үстөмдүк кылат. Суунун жээгинен өтүү кыйын болгон аймактарда жашыл мохтордон (*Aulacominum palustre, Bryum ventricosum* ж.б.) гана турган сормо башталат. Жээктен ары, тоо боорлоруна жакын жогоруураак жерлерде мох саздары өлөң чөптүү-мох (*Polytrichum juniperinum, Tortula ruralis* ж.б.) саздарына алмашат. Көлдүн көлөкөдө калган аймактарында өлөң чөптөр (*Carex melanantha*, *C.oxyleuca* ж.б.) үстөмдүк кылат. Көлдөн ары карай бийик жерлерде өлөң чөптүү-мох саздары, мох-киңгак-өлөң чөптүү өңгүл-дөңгүл саздарга (*Carex melanantha, C. oxyleuca, C. stenocarpa Cobresia capilliformis*) алмашат. Ошондуктан көлдүн бактериялык коомдоштугунун санынын жогору болушу, ушул аймактагы өсүмдүктөрдүн таасири менен байланышы мүмкүн. Булардын ичинен чыгыш тараптагы суу азайгандыктан да бактериялардын саны жогору болгону байкалат. Көл суусундагы микроорганизмдердин санынын өзгөрүшү гидрологиялык, гидрохимиялык жана гидробиологиялык шарттар менен тыгыз байланышта. Суу катмарындагы бактериялардын жалпы саны бир миллилитрде жүз миңдеген клеткалардан бир нече миллионго чейин өзгөрүшү мүмкүн. Башка суу экосистемаларындагыдай эле, Соң-Көл көлүнүн микроорганизмдеринин арасында өстүрүлгөндөрдүн үлүшү анча чоң эмес, бул алардын жалпы санынын 0,01ден 0,001%ке чейин өзгөрөт. Максималдуу көрсөткүчтөр алардын жылдык жана сезондук динамикасына жараша өзгөрүп, 700 миңден 2-5 миллион клетка/млге чейин жетет. Жай мезгилинде интенсивдүү термикалык жана шамал аралашуу процессинин натыйжасында микроорганизмдердин таралышы бирдей болуп, температуранын түз катмарларда таралышы мезгилинде микроорганизмдердин саны туруктуу өсүп, августтун аягында жана сентябрдын башында максималдуу деңгээлге жетет деп божомолдоого болот.

а *б* *в*



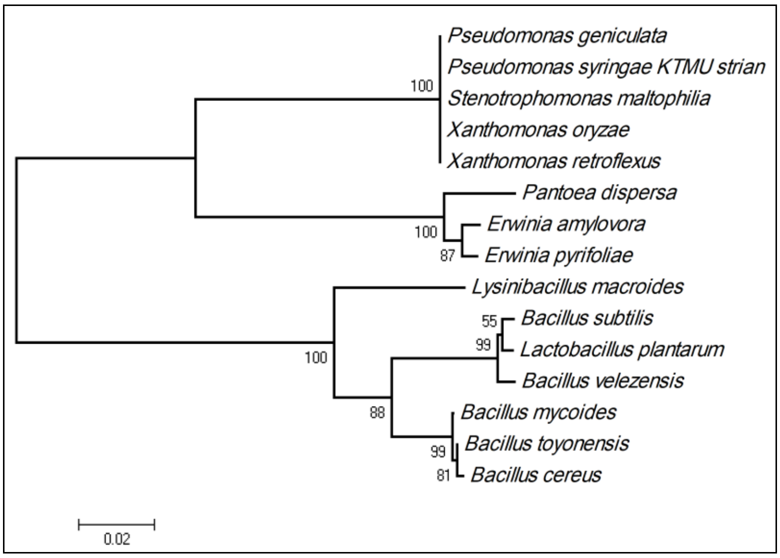
2-сүрөт. *а* – суунун үстүнкү бөлүгүнөн; *б* – ортосунан жана; *в* – суунун түбүнөн алынган бактериялардын колониялары

2-сүрөттөн көрүнүп тургандай, Соң-Көл көлүнүн суу микрофлорасын ушундан улам автохтондук (жергиликтүү) микрофлорасынан сырткары, аллохтондук сырттан (булгануу менен кошо кирген) тургандыгын байкоого болот. Соң-Көлдүн суусунда гетеротрофтук бактериялардын ар кандай систематикалуу топторунун жыйырмадан ашык түрлөрүнүн өкүлдөрү табылды. Алардын арасында *Pseudomonas* уруусуна кирген бактериялар басымдуулук кылган. Төмөнкү түрлөр сүрөттөлгөн (заманбап таксономия боюнча аты кашаада көрсөтүлгөн): *Pseudomonas gladioli (Burkholderia gladioli), Ps. aeruginosa, Ps. cepacia (Burkholderia cepacia), Ps. stutzeri, Ps. fluorescens, , Ps. desmolitica, Ps. auerofaciens, Ps. putida, Ps. marginata, Ps. oleovorans, Ps. striata (Ps. putida), Ps.* cohaerens), Ps. *mendocina*, б.а. илимге белгилүү бул тукумдагы бактериялардын бардык филогенетикалык топторунун өкүлдөрү (3-сүрөт)

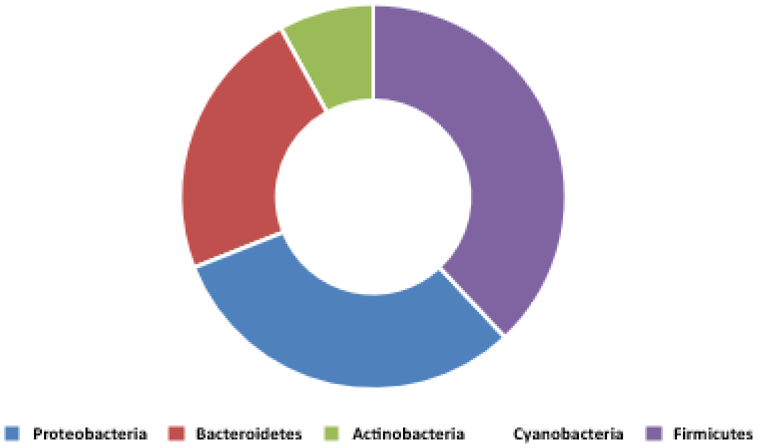
Көлдө ар кандай түрдөгү *Bacillus* уруусундагы дагы бактериялар кеңири таралган: *B. pumilis, B. megaterium, B. circulans, B. subtilis, B. glutinosus, B. salius, B. vitreus, B. cereus, B. palustris, B. sphaericus, B. candida*.

Бактериялык коомдоштуктун таксономиялык курамын карай турган болсок, Соң-Көлдүн суусунан *Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, Cyanobacteria* жана *Firmicutes* бөлүмүнүн өкүлдөрүн кездештирүүгө болот (4-сүрөт).

Микроорганизмдер көлдө заттын жана энергиянын айлануусуна чоң салым кошот. Алар суунун жана түбү чөкмөлөрдүн химиялык курамын түзүүдө, ошондой эле өзүн-өзү тазалоо процесстеринде алдыңкы ролду ойнойт. Көлдөгү органикалык заттардын өндүрүшү негизинен фитопланктондун активдүүлүгү менен камсыз кылынат. Жылуу мезгилде фитопланктон коомчулугунда үстөмдүк кылуучу позицияны кичинекей пикопланктондук организмдер ээлейт; алар 90%ке чейин органикалык заттарды чыгарышат.



3-сүрөт. Соң-Көл өрөөнүнүн суусунан табылган бактериялардын филогенетикалык дарагы, 16SrРНК тизмектеринин анализине негизделген. Ар бир топто GenBank маалымат базасындагы тизмектер менен кеминде 97% окшоштук бар



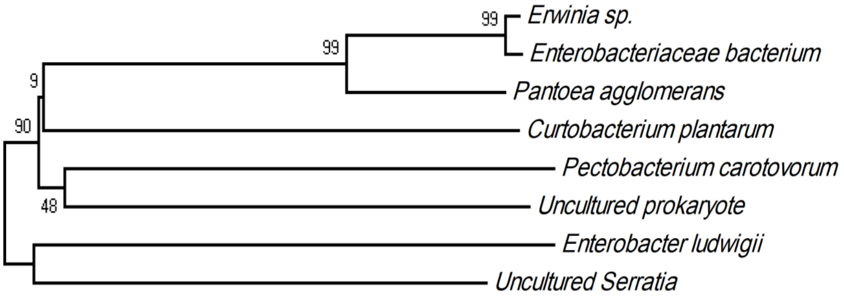
4-сүрөт. Соң-Көл көлүндөгү бактериялык коомдоштуктун таксономиялык курамы

Микроорганизмдердин эң маанилүү функциясы – алардын органикалык заттардын бузулуу процесстерине катышуусу. Алар өлүк организмдердин калдыктарын гана эмес, жаныбарлар жана өсүмдүктөр үчүн уулуу болгон көптөгөн заттарды чиритип, табигый тазалоочунун ролун ойношот. Суунун үстүнкү катмарларында кычкылтек болгон учурда CO_2 жана сууга аэробдук ажыроо процесстери жүрүп, бактериялык биомасса пайда болот.

Айлана чөйрөнүн шарттарына ыңгайланышуу жөндөмдүүлүгү тирүү организмдердин эң маанилүү өзгөчөлүгү болуп саналат. Алардын таралышы, саны жана ар түрдүүлүгү адаптацияланууу механизми менен түшүндүрүлөт. Дал ошолордун болгонунан микроорганизмдер экстремалдуу шарттарда жашап кетишет. Ар бир бактерия өкүлүнө температуранын, pH ушул чөйрө үчүн минималдуу, оптималдуу жана максималдуу болушу мүмкүн.

Окумуштууларды микроорганизмдердин экстремалдуу шарттарга биохимиялык адаптациясы кызыктырат [32] жана алардын айтымында бактериялардын мембраналык липиддери чоң роль ойнойт. Липиддерде каныккан жана каныкпаган май кислоталарынын чынжырынан турат. Бул өзгөчөлүк биологиялык мембрананын агып түшүүсүн төмөндөтөт.

Соң-Көл көлүнүн суусунун тазалыгын баалоо. Соң-Көл көлүнүн сууларынын тазалыгына антропогендик булгануунун көрсөткүчү болуп саналган колиформдуу бактериялардын болушуна баа берүү максатында изилдөөлөр жүргүзүлдү. 5-сүрөттө көрүнүп тургандай, фекалдык индикатордук бактериялар катары бир нече бактерияларга текшерүү жүргүзүлдү. Мисалы, изилдөө көрсөткөндөй *E. coli* бактериясы суунун ар кайсы тереңдигинен табылган жок, анткен менен *Enterobacter, Pseudomonas, Mycobacterium* урууларына кирген бактерияларды кездештирүүгө болот. Сан жагынан *Enterococcus* бактериясы жогору болду. Жыйынтыктай турган болсок, фекалдык булгануу жана башка булгануулар аз же болбойт деп айтууга болот. Демек, Соң-Көлдүн терең суулары санитардык-микробиологиялык көрсөткүчтөрү боюнча жогорку сапаттагы таза суулар (*E. coli* жок же анын саны коли индексинен ашпайт).



5-сүрөт. Соң-Көл өрөөнүнүн суусунда табылган бактериялардын филогенетикалык дарагы, 16SrRNA тизмектеринин анализине негизделген. Ар бир топто GenBank маалымат базасындагы тизмектер менен кеминде 97% окшоштук бар

Жыйынтык. Ошентип, суунун үстүнкү катмарында цианобактериялар, ортонку катмарларында *Actinobacteria*, терең катмарларда *Proteobacteria* үстөмдүк кылганы көрүндү. Соң-Көл суусунун орто жана түбүндөгү кездешкен микрофлораны автохтондук микрофлора деп айтууга болот жана биздин изилдөөдө *Pseudomonas* уруусундагы бактериялар, *Micrococcus candicans* жана *M. roseus, Sarcina lutea, Flavabacterium* уруусундагы бактериялар табылды. Ал эми сырттан келген микрофлора катары көлдүн жээктеринен *Proteus, Leptospira* түрлөрүн, *Micrococcus* тун түрлөрүн, *Bacillus* уруусуна кирген бактериялар бөлүнүп алынды. Соң-Көл көлүнүн негизги микробиологиялык көрсөткүчтөрү катары *Micrococcus candicans*, *M. roseus*, *Flavabacterium* сыяктуу таякча формасындагы бактерияларын айтууга болот. Ал эми изилдөөлөр көрсөткөндөй микроорганизмдердин башка топтору, козу карындар жана актиномицеттердин саны дээрлик жокко эсе болду.

Мындай көрүнүшкө, климаттык шарттын ыңгайсыз болгону, Соң-Көлдө адамдардын тиричилик кылышы кыска мөөнөттүү экендигинен булганууга шарт түзбөшү мүмкүн. Ошентип, Соң-Көлдүн суусу биотикалык түзүлүшүнүн эң маанилүү компоненти болуп саналган түрдүү микроорганизмдер менен ээленген. Алар органикалык заттарды өндүрүүгө катышат, ар кандай заттарды ажыратып бузууну ишке ашырышат, газ режимин жөнгө салууда жана азыктандыруучу заттардын айлануусунда маанилүү роль ойношот. Алар көлдүн өзүн-өзү тазалоо процесстерине катышып, ошону менен Соң -Көлдүн суусунун жогорку сапатын камсыз кылышат.

Колдонулган адабияттар

1. Sattler, B., Puxbaum, H., Psenner, R. (2001): Bacterial growth in super cooled cloud droplets. – Geophysical Research Letters 28: 239-242.
2. Segawa, T., Miyamoto, K., Ushida, K., Agata, K., Okada, N., Kohshima, S. (2005): Seasonal change in bacterial flora and biomass in mountain snow from Tateyama Mountains, Japan, analyzed by 16SrRNA gene sequencing and real-time PCR. – Applied and Environmental Microbiology 71: 123-130.
3. Selbmann L, Onofri S, Fenice M, Federici F, Petruccioli M (2002) Production and structural characterization of the exopolysaccharide of the Antarctic fungus *Phoma her- barum* CCFEE 5080. Res Microbiol 153:585–592
4. Schroers, H.-J.; Samuels, G.J.; Seifert, K.A.; Gams, W. 1999: Classification of the mycoparasite *Gliocladium roseum* in *Clonostachys* as *C. rosea*, its relationship to *Bionectria ochroleuca*, and notes on other *Gliocladium*-like fungi. *Mycologia 91(2)*: 365-385.
5. Suttle, C.A., (2005) Viruses in the sea. *Nature* 437: 356-361.
6. Suttle, C.A., (2007) Marine viruses - major players in the global ecosystem. *Nature Reviews Microbiology* 5: 801-812.
7. Staley, C., T.J. Gould, P. Wang, J. Phillips, J.B. Cotner & M.J. Sadowsky, (2014) Bacterial community structure is indicative of chemical inputs in the Upper Mississippi River. *Frontiers in Microbiology* 5.
8. Staley, C. & M.J. Sadowsky, (2016) Regional similarities and consistent patterns of local variation in beach sand bacterial communities throughout the Northern Hemisphere. *Applied and Environmental Microbiology* 82: 2751-2762.
9. Spietz, R.L., C.M. Williams, G. Rocap & M.C. Horner-Devine, (2015) A Dissolved Oxygen Threshold for Shifts in Bacterial Community Structure in Seasonally Hypoxic Estuary. *PLoS One* 10.
10. Szekely, A.J., M. Berga & S. Langenheder, (2013) Mechanisms determining the fate of dispersed bacterial communities in new environments. *Isme Journal* 7: 61-71.
11. Schlatter D., Fubuh A., Xiao K., Hernandez D., Hobbie S., Kinkel L, Resource Amendments Influence Density and Competitive Phenotypes of Streptomyces in Soil. Microb. Ecol. 57 (2009) 413–420. doi:10.1007/s00248- 008-9433-4
12. Shepherdson E.M., Baglio C.R., Elliot M.A., Streptomyces behavior and competition in the natural environment. Curr. Opin. Microbiol. 71 (2023) 102257. doi:10.1016/j.mib.2022.102257
13. Sousa JAJ, Olivares FL.2016. Plant growth promotion by Streptomycetes: ecophysiology, mechanisms and applications. Chem Biol Technol Agric 3(1):24
14. Shrivastava P, Kumar R.2018. Actinobacteria: eco-friendly candidates for control of plant diseases in a sustainable manner new and future developments in microbial biotechnology and bioengineering. Elsevier, pp. 79–91.
15. Taylor KC, Mayewski PA, Alley RB et al (1997) The Holocene- Younger dryas transition recorded at Summit, Greenland. Science 278:825–827.
16. Talbot PH. Principles of fungal taxonomy. Macmillan International Higher Education; 1971.
17. Tamura,K., Stecher G., Peterson D., Filipski, A and KumarS. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Mol Biol Evol. 2013,30(12): 2725–2729.
18. Tamames, J., J.J. Abellan, M. Pignatelli, A. Camacho & A. Moya, (2010) Environmental distribution of prokaryotic taxa. *BMC Microbiology* 10: 85.

19. Tyc O, Song C, Dickschat JS, Vos M, Garbeva P. 2017. The ecological role of volatile and soluble secondary metabolites produced by soil bacteria. Trends Microbiol 25(4):280-292
20. Uspon R, Newsham KK, Bridge PD, Pearce DA, Read DJ (2009) Taxonomic affinities of dark septate root endophytes of *Colobanthus quitensis* and *Deschampsia antarctica*, the two native Antarctic vascular plant species. Fungal Ecol 2:184–196 \
21. Wakelin S.A., Macdonald L.M.,. Rogers S.L, et al., "Habitat selective factors influencing the structural composition and functional capacity of microbial communities in agricultural soils. *Soil Biology and Biochemistry*, vol.40, no.3, pp.803-813,2008.
22. Wang G, Sh. Bei, J. Li, X. Bao,J.Ebinger, " Adapting to climate change in Eastern Europe and Central Asia", *World Bank Publications*, 2010.
23. Wieland G.,.Neumann R,.Backhaus H,"Variation of microbial communities in soil, rhizosphere, and rhizoplane in response to crop species, soil type, and crop development", *Appl. Environ. Microbiol.* Vol.67, pp.5849–5854, 2001.
24. Wagg C, Dudenho J.H, Widmer F., Heijden MGA, "Linking diversity, synchrony and stability in soil microbial communities|, *Functional Ecology*, vol.32, pp.1280–1292. DOI: 10.1111/1365-2435.13056, 2018
25. Wagg C., Hautier Y., Pellkofer S., Banerjee S., Schmid B.et al., "Diversity and asynchrony in soil microbial communities stabilizes ecosystem unctioning", *eLife,* vol.10, pp. e62813. DOI: 10.7554/eLife.62813,2021 .
26. Wynn-Williams, D. (1996): Antarctic microbial diversity: The basis of polar ecosystem processes. - Biodiversity conservation 5:1271–1293.
27. Weinstein RN, Montiel PO, Johnstone K (2000) Influence of growth temperature on lipid and soluble carbohydrate synthesis by fungi isolated from fellfield soil in the mar- itime Antarctic. Mycologia 92:222–229
28. White, T.J. (1990) Amplification and Direct Sequencing of Fungal Ribosomal RNA Genes for Phylogenetics. In: PCR Protocols, a Guide to Methods and Applications, 315-322.
29. Wang Y., Yang D., Z. Yu, New Lactones Produced by *Streptomyces* sp. SN5431 and Their Antifungal Activity against *Bipolaris* maydis. Microorganisms. 11 (2023) 616. doi:10.3390/microorganisms11030616
30. Xu, Z. F., Hansen, M. A., Hansen, L. H., Jacquiod, S., and Sorensen, S. J.(2014): Bioinformatic approaches reveal metagenomic characterization of soil microbial community. - PLoS One 9: e93445.
31. Yasir M., Azhar E.I., Khan I., Bibi F., Baabdullah R, et al., "Composition of soil microbiome along elevation gradients in southwestern highlands of Saudi Arabia", *BMC microbiology*, vol.15, no.1, pp.1-9,2015.
32. Yadav A. N., Verma P., Kumar V. et al., "Biodiversity of the genus Penicillium in diferent habitats," in *New and Future Developments in Microbial Biotechnology* and *Bioengineering: Penicillium System Properties and Applications*, V. K. Gupta and S. Rodriguez-Couto, Eds., pp. 1–18, Science Direct, Amsterdam, Te Netherlands, 2018.

УДК 663.1:664.292

ФОРМИРОВАНИЕ КАЧЕСТВА ПИЩЕВЫХ ПЛЕНОЧНЫХ ПОКРЫТИЙ НА ОСНОВЕ ПЕКТИНА

Аверьянова Елена Витальевна (ORCID 0000-0003-2144-1238),
Болдинов Даниил Игоревич (ORCID 0009-0001-9144-8278)

ФГБОУ ВО «Алтайский государственный технический университет им. И.И. Ползунова»,
Барнаул, Россия

Аннотация. В связи с необходимостью снижения количества отходов пластика, являющегося основой упаковочных материалов, актуальной задачей является разработка биоразлагаемых пленочных материалов, сырьем для производства которых являются природные полимеры. В пищевой промышленности особое внимание уделяется разработке составов на основе полисахаридов, которые являются нетоксичными, легко утилизируются без вреда для окружающей среды и проявляют функциональные свойства, что делает их перспективным сырьем для получения первичной/съедобной упаковки. В работе рассмотрена возможность получения и оценка качества съедобного пленочного материала на основе яблочного пектина, армированного глицерином и гидроксиэтилцеллюлозой.

Ключевые слова: пектин, состав, глицерин, гидроксиэтилцеллюлоза, пленочный материал, съедобная упаковка, показатели качества

ПЕКТИННИН НЕГИЗИНДЕГИ АЗЫК ПЛОНТОРУНУН САПАТЫН ТУРУУ

Аверьянова Елена Витальевна (ORCID 0000-0003-2144-1238),
Болдинов Даниил Игоревич (ORCID 0009-0001-9144-8278)

Атындагы Алтай мамлекеттик техникалык университети И.И. Ползунова, Барнаул, Орусия

Аннотация. Таңгактоочу материалдардын негизи болуп саналган пластик калдыктарынын көлөмүн азайтуу зарылчылыгына байланыштуу, өндүрүш үчүн чийки заты табигый полимерлер болуп саналган биологиялык ажыроочу пленкалык материалдарды иштеп чыгуу кечиктирилгис милдет болуп саналат. Тамак-аш өнөр жайында уулуу эмес, айлана-чөйрөгө зыян келтирбестен утилдештирүү оңой жана функционалдык касиеттерин көрсөткөн полисахариддердин негизиндеги рецепттерди иштеп чыгууга өзгөчө көңүл бурулат, бул аларды баштапкы/жегич таңгак үчүн келечектүү чийки зат кылат. Документте алма пектининин негизинде глицерин жана гидроксиэтилцеллюлоза менен бекемделген жегич пленкалуу материалды алуу жана сапатын баалоо мүмкүнчүлүгү каралат.

Өзөктүү сөздөр: пектин, составы, глицерин, гидроксиэтилцеллюлоза, пленкалык материалы, жегенге жарамдуу таңгагы, сапат көрсөткүчтөрү