

почв. Рос. Академия сельскохозяйственных наук. М.: Почв. ин-т им. В.В. Докучаева, 1993. 191 с.

3. Рухович Д.И. Многолетняя динамика засоления орошаемых почв центральной части Голодной степи и методы ее выявления. Автореф. дис. ... к.б.н. М., 2009. 25 с.

4. Савин И.Ю., Отаров А. и др. Выявление многолетних изменений площади засоленных почв Шаульдерского орошаемого массива по космическим снимкам Landsat // Бюл. Почв. ин-та им. В.В. Докучаева, 2014.

5. Ambast S.K. Monitoring and evaluation of irrigation system performance in saline irrigated command using satellite remote sensing and Бюллетень Почвенного института им. В.В. Докучаева. 2014. Вып. 74. gis // Interne Mededeling,

Report No. 471. DLO Winand Staring Centre, Wageningen, the Netherlands, 1997. -106 p.

6. Fernandez-Buces N., Siebea C., Cramb S., Palacio J.L. Map-ping soil salinity using a combined spectral response index for bare soil and vegetation: A case study in the former lake Texaco, Mexico // J. of Arid Environments. 2006. V. 65 (4). P. 644–667.

7. Shrestha D.P., Farshad A. Mapping salinity hazard: an integrated application of remote sensing and modeling-based techniques // Remote sensing of soil salinization. Impact on land management, 2009. P. 257–272.

8. Хлебникова Г.М. Сравнительная характеристика биологической активности почв и подпочвенных осадочных пород: Автореф. дисс. ... канд. биол. наук. М., 1980. 24 с.

УДК 582.28

ГРНТИ 34.27.15

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ГРИБОВ РОДА *PENICILLIUM* И *TALAROMYCES*, АССОЦИИРОВАННЫХ С БУРЫМИ ВОДОРОСЛЯМИ РОДА *SARGASSUM*

DOI: 10.31618/ESU.2413-9335.2020.3.78.1011

Киричук Н.Н.¹, Пивкин М.В.², Худякова Ю.В.³

¹ Канд. биол. наук,

Тихоокеанский институт биоорганической химии ДВО РАН им. Г.Б. Елякова,
г. Владивосток

² Доктор биол. наук,

Тихоокеанский институт биоорганической химии ДВО РАН им. Г.Б. Елякова,
г. Владивосток

³ Канд. биол. наук,

Тихоокеанский институт биоорганической химии ДВО РАН им. Г.Б. Елякова,
г. Владивосток

АННОТАЦИЯ

В настоящей статье приведены результаты исследования разнообразия видов *Penicillium sensu lato*, выделенных из бурых водорослей рода *Sargassum* (*S. miyabei* и *S. pallidum*) Японского моря. Было изучено 17 штаммов грибов с использованием принципов полифазной таксономии, объединяющих как традиционные методы исследований культурально-морфологических признаков, так и современные молекулярно-генетические методы. В результате филогенетического анализа на основе генов ITS и BenA были выявлены представители рода *Penicillium* из пяти секций: *Fasciculata*, *Paradoxa*, *Ramosa*, *Canescentia*, *Aspergilloides*. Один штамм - из рода *Talaromyces* (секция *Talaromyces*). На основе анализа генов бета-тубулина были идентифицированы виды *P. spinulosum*, *P. subspinulosum*, *P. roseomaculatum*, *P. thomii*, *P. murcianum*, *P. antarcticum*. Установление видовой принадлежности некоторых штаммов требует проведение дополнительных исследований.

ABSTRACT

The results of the investigation of *Penicillium sensu lato* phylogenetic diversity of brown algae *Sargassum* spp. (the Sea of Japan) are presented in this article. Seventeen fungal strains were studied using traditional methods of phenotypic investigations and modern molecular-genetic approaches. As a result of phylogenetic analysis of ITS and BenA gene sequences, *Penicillium* species from five sections were revealed (sections *Fasciculata*, *Paradoxa*, *Ramosa*, *Canescentia*, *Aspergilloides*). One strain was identified as species of *Talaromyces* which more related to section *Talaromyces*. Five species (*P. spinulosum*, *P. subspinulosum*, *P. roseomaculatum*, *P. thomii*, *P. murcianum*, *P. antarcticum*) were identified based on BenA gene analysis. For species identification of some strains additional analysis of genetic and phenotypic features is necessary.

Ключевые слова: *Penicillium*, *Talaromyces*, филогения, систематика, грибы из бурых водорослей *Sargassum*.

Key words: *Penicillium*, *Talaromyces*, phylogeny, systematic, fungi from brown algae *Sargassum*.

Грибы рода *Penicillium* имеют широкое распространение, как в наземных, так и в морских местах обитания и в настоящее время включают более 350 видов. В составе группы вторичных морских грибов виды рода *Penicillium* принимают

активное участие во взаимоотношениях гидробионтов, как животного, так и растительного происхождения. Известно, что представители этого рода вызывают заболевания морских животных, а также паразитируют на водорослях [1,2,3]. Кроме

этого, виды рода *Penicillium* входят в состав грибных комплексов аквапочв, участвующих в процессе деструкции органического вещества [4,5,6].

По сравнению с аквапочвами, макрофиты (водоросли, морские травы) представляют собой более сложный субстрат. Известно, что морские растения почти половину синтезированного органического вещества выделяют в виде растворенной органики, поэтому они наиболее предпочтительны для развития микромицетов, которые являются неотъемлемым компонентом перифитона в автотрофных сообществах макробентоса [7,8]. Более того, существуют сведения о том, что вторичные морские грибы способны выполнять защитные функции и предотвращать заражение водорослей патогенными микроорганизмами, в том числе грибами, за счет продукции ими вторичных метаболитов [9]. Среди водорослей основным субстратом для мицелиальных грибов являются бурые водоросли, что, вероятно, связано с их большей устойчивостью к разложению бактериями и дрожжами, по сравнению с представителями зелёных и красных водорослей [10]. Среди микромицетов, населяющих бурые водоросли, представители рода *Penicillium* преобладают по численности и видовому составу [11]. Однако сведения об их видовом разнообразии ограничены [12,13].

Цель настоящего исследования – изучить филогенетическое разнообразие вторичных морских грибов рода *Penicillium*, ассоциированных с бурыми водорослями рода *Sargassum* (*S. miyabei* и *S. pallidum*).

Материалы и методы

Образцы водорослей были отобраны в период с июля по сентябрь в бухте Новик (о-в Русский), заливах Посьет (бухта Троицы) и Восток Японского моря. Сбор образцов проводился в стерильные полиэтиленовые пакеты. Образцы хранились при -20°C. Перед посевом водоросли пятикратно отмывались в стерильной морской воде. Выделение грибов проводилось по стандартной методике путем посева кусочков таллома водоросли на агаризованное сусло, приготовленное на морской воде [14], а также на фильтровальную бумагу. Для посева образцов было

использовано 30 чашек с агаризованной средой и 10 чашек с фильтровальной бумагой, которые инкубировались при комнатной температуре в течение 1-4 недель. Появившиеся колонии грибов переносились на скошенное агаризованное сусло на морской воде, где и содержались в чистой культуре. Выделенные штаммы грибов хранятся в Коллекции морских микроорганизмов (официальный акроним КММ) Тихоокеанского института биоорганической химии им. Г.Б. Елякова ДВО РАН (<http://www.wfcc.info/ccinfo/index.php/search/basic/>)

Фенотипические признаки грибов рода *Penicillium* изучались на стандартных агаризованных средах (среда Чапека с дрожжевым автолизатом (CYA), экстракт солода (MEA), дрожжевой экстракт с сахарозой (YES) [15].

Выделение геномной ДНК из мицелия проводили с использованием HiPurA™ Plant DNA Isolation kit (метод СТАВ) (HiMedia Laboratories Pvt. Ltd., Индия) согласно инструкции.

Аmplификацию проводили с использованием стандартных праймеров: ITS1 и ITS4 [16], Bt2a и Bt2b [17]. Секвенирование продуктов ПЦР проводили с теми же праймерами в двух направлениях.

Филогенетический анализ полученных последовательностей, множественные выравнивания по алгоритму ClustalW, построение филогенетического дерева проводили в программе MEGA5 [18]. Реконструкцию филогенетического дерева проводили с использованием алгоритма Maximum Likelihood (ML) по модели Tamura-Nei [19]. Оценку достоверности реконструированных деревьев проводили методом бутстреп-анализа на основе 1000 реплик [20]. Полученные последовательности были сопоставлены с данными электронной базы NCBI при помощи алгоритма Blastn с целью поиска имеющихся гомологов.

Результаты и обсуждение

В филогенетический анализ были включены последовательности 17 штаммов грибов, выделенных нами из водорослей, а также референсные последовательности ITS (internal transcribed spacer) и BenA (бета-тубулина) 37 типовых штаммов (ex-type culture) из базы данных GenBank (Таблица 1).

Таблица 1.

Референсные штаммы из базы данных GenBank, использованные в филогенетическом анализе.

Таксон	Номер штамма	Номер ITS	Номер BenA
<i>P. adametzii</i> K.M. Zalessky	CBS 209.28 ^T	JN714929	JN625957
<i>P. adametzoides</i> S. Abe ex G. Sm.	CBS 313.59 ^T	JN686433	JN799642
<i>P. antarcticum</i> A.D. Hocking et C.F. McRae	CBS 100492 ^T	KJ834503	KJ834432
<i>P. atramentosum</i> Thom	CBS 291.48 ^T	AF033483	AY674402;
<i>P. atrovenetum</i> G. Sm.	CBS 241.56 ^T	AF033492	JX140944
<i>P. attenuatum</i> Kirichuk et Pivkin	KMM4671 ^T	KU358555	KU358558
<i>P. canescens</i> Sopp	CBS 300.48 ^T	AF033493	JX140946
<i>P. cavernicola</i> Frisvad et Samson	CBS 100540 ^T	KJ834505	KJ834439
<i>P. chrysogenum</i> Thom	CBS 306.48 ^T	AF033465	AY495981
<i>P. commune</i> Thom	CBS 311.48 ^T	AY213672	AY674366
<i>P. coralligerum</i> Nicot et Pionnat	CBS 123.65 ^T	JN617667	KJ834444
<i>P. corylophilum</i> Dierckx	CBS 312.48 ^T	AF033450	JX141042
<i>P. crocicola</i> W. Yamam.	CBS 745.70 ^T	KM189581	KJ834445
<i>P. cyclopium</i> Westling	CBS 144.45 ^T	JN097811	AY674310
<i>P. dunedinense</i> Visagie, Seifert et Samson	CBS 138218 ^T	KJ775678	KJ775171
<i>P. echinulatum</i> Raper et Thom ex Fassat.	CBS 317.48 ^T	AF033473	AY674341
<i>P. glabrum</i> (Wehmer) Westling	CBS 125543 ^T	GU981567	GU981619
<i>P. janczewskii</i> K.M. Zalessky	CBS 221.28 ^T	AY157487	KJ834460
<i>P. jensenii</i> K.M. Zalessky	NRRL 909 ^T	AY443470	JX140954
<i>P. kewense</i> G. Sm.	CBS 344.61 ^T	AF033466	JX996849
<i>P. magnielliptisporum</i> Visagie, Seifert et Samson	CBS 138225 ^T	KJ775686	KJ775179
<i>P. mexicanum</i> Visagie, Seifert et Samson	CBS 138227 ^T	KJ775685	KJ775178
<i>P. murcianum</i> C.Ramirez et A.T. Martinez	CBS 161.81 ^T	NR138358	KP016924
<i>P. novae-zeelandiae</i> J.F.H. Beyma	CBS 137.41 ^T	JN617688	KJ834477
<i>P. ochotense</i> Kirichuk et Pivkin	KMM4670 ^T	KU358553	KU358556
<i>P. piltunense</i> Kirichuk et Pivkin	KMM4668 ^T	KU358554	KU358557
<i>P. raistrickii</i> G. Sm.	CBS 261.33 ^T	AY373927	KJ834485
<i>P. roseomaculatum</i> Biourge	CBS 137962 ^T	KM189755	KM089004
<i>P. roseomaculatum</i> (T of <i>P. subericola</i>)	CBS 125096 ^T	KM 189535	KM 088773
<i>P. sajarovii</i> Quintan.	CBS 277.83 ^T	KC411724	KJ834489
<i>P. solitum</i> Westling	CBS 424.89 ^T	AY373932	AY674354
<i>P. spinulosum</i> Thom	CBS 374.48 ^T	AF033410	KJ834493
<i>P. subspinulosum</i> Houbraken	CBS 137946 ^T	KM189483	KM088719
<i>P. thomii</i> Maire	CBS 225.81 ^T	KM189560	KM088799
<i>P. vancouverense</i> Houbraken, Frisvad et Samson	CBS 126323 ^T	JN617675	JN606663
<i>P. yarmokense</i> Baghd.	CBS 410.69 ^T	KC411757	KJ834502
<i>Talaromyces marneffei</i> (Segretain, Capponi et Sureau) Samson et al.	CBS 388.87 ^T	JN899344	JX091389

В качестве внешней группы выбран вид *Talaromyces marneffei*. В результате анализа последовательностей на основе локуса ITS выявлено, что 16 выделенных штаммов *Penicillium* являются представителями пяти секций рода *Penicillium*: *Fasciculata*, *Paradoxa*, *Ramosa*, *Canescentia*, *Aspergilloides* (рис.1). Один штамм относится к роду *Talaromyces*. При этом наиболее часто встречаемыми оказались представители секций *Aspergilloides* и *Canescentia*.

Филогенетический анализ на основе локуса BenA показал принадлежность некоторых штаммов к уже известным видам: уровень их сходства с гомологичными последовательностями из базы данных GenBank составил 98-100% (рис.2). В секции *Aspergilloides* идентифицированы виды *P. spinulosum* (штаммы S.m.54, S.m.72), *P.*

subspinulosum (штамм S.m.52), *P. roseomaculatum* (штамм S.m.74), *P. thomii* (S.m.78) образовавшие субклады с типовыми штаммами с высоким уровнем поддержки в соответствующих узлах (бутстреп более 80%). Два других штамма (S.m.47 и S.m.58) показали уровень гомологии с типовым штаммом *P. glabrum* 98.52% и 94.43%, соответственно и, как видно на филограмме, сформировали относительно типового штамма обособленную субкладу с высоким уровнем поддержки (бутстреп 99%). Следует отметить, что уровень сходства штаммов S.m.47 и S.m.58 между собой составляет 94,2% и, вероятно, они лишь в данном контексте располагаются в одной субкладе, что подтверждается достаточно низким уровнем поддержки в соответствующем узле (64%). Такие результаты молекулярно-генетического анализа не

позволяют с уверенностью определить таксономическую принадлежность этих двух штаммов, поэтому необходимо провести более детальное изучение их морфологических и физиологических особенностей. Несколько штаммов (S.m.59, S.m.70, S.m.71 и S.m.57) образовали отдельную кладу с видом *P. antarcticum*

из секции *Canescentia* с высоким доверительным интервалом (бутстреп 89%). Из них три штамма показали 100% сходство (S.m.59, S.m.70, S.m.71), а штамм S.m.57 – 99.72% сходства с типовым штаммом *P. antarcticum* CBS 100492 (ex-type culture).

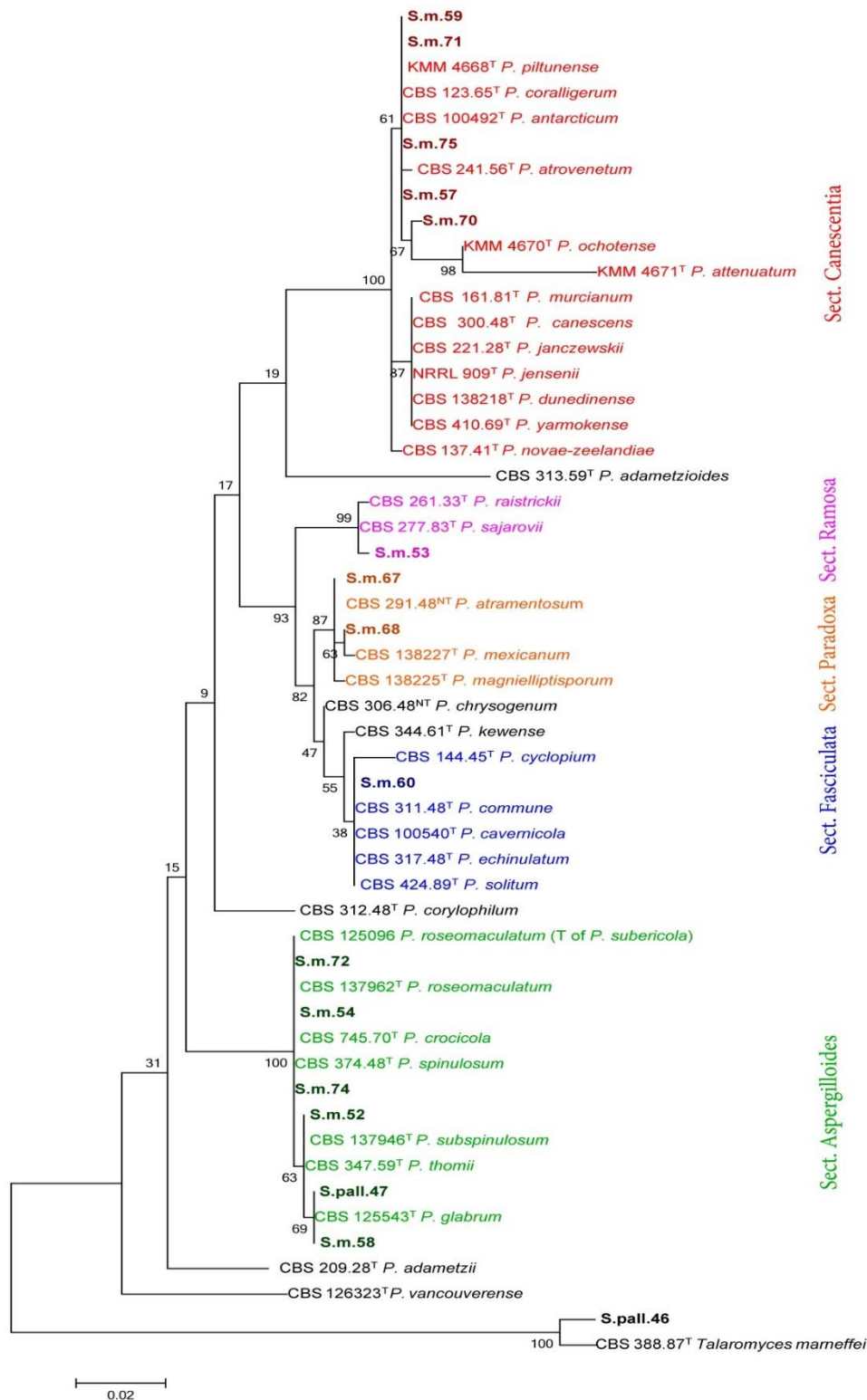


Рисунок 1. Филогенетическое древо, построенное на основе ITS последовательностей с использованием алгоритма максимального правдоподобия (Maximum Likelihood), по модели Tamura-Nei.

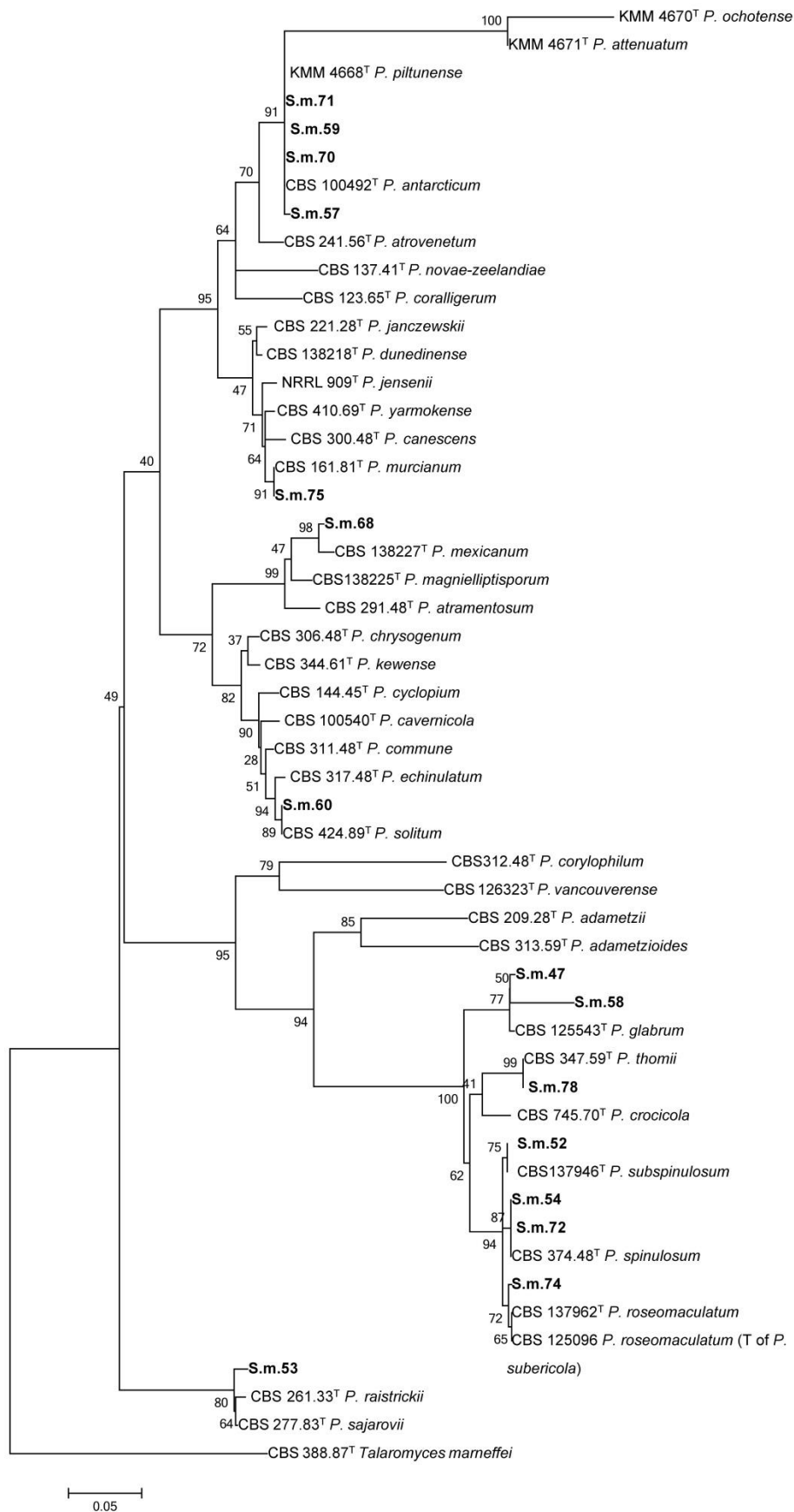


Рисунок 2. Филогенетическое древо, построенное на основе последовательностей гена *BenA* с использованием алгоритма максимального правдоподобия (*Maximum Likelihood*) (модель *Tamura-Nei*).

Впервые *P. antarcticum* был обнаружен в Антарктике, в образцах почвы вблизи гнезд буревестников, и описан как новый вид. В настоящее время, во многом благодаря наличию информации о таксономически значимых нуклеотидных последовательностях типового

штамма в базе данных GenBank, этот вид все чаще выявляется в результате молекулярно-генетических исследований микобиоты не только в наземных, но и в морских местах обитания далеко за пределами Антарктики, что говорит о космополитичности и эврибионтности этого вида [21,22]. В этой же секции идентифицирован еще один вид – *P. murcianum* (штамм S.m.75), образовавший субкладу с типовым штаммом с высоким доверительным интервалом (бутстреп 91%).

Кроме этого, выявлены представители секций *Paradoxa* и *Fasciculata*, показавшие наибольшее сходство с видами *P. mexicanum* (штамм S.m.68) и *P. solitum* (штамм S.m.60). Уровень их молекулярно-генетического сходства с соответствующими типовыми штаммами составил более 98%. Однако для окончательного подтверждения их видовой принадлежности необходимо провести изучение и фенотипических признаков.

В результате филогенетического анализа на основе ITS-локуса один из выделенных штаммов показал принадлежность к роду *Talaromyces* [23]. Согласно современной классификации, основанной на анализе генов ITS и BenA, род *Talaromyces* подразделяется на 7 секций и включает 88 видов. Blast-анализ показал максимальное сходство (на уровне 97.2%) штамма S.pall.46 по данному локусу с видом *Talaromyces marneffeii* (секция *Talaromyces*). Учитывая процент гомологии и тот факт, что гены ITS обладают достаточно низкой разрешающей способностью, можно сделать заключение лишь о высокой степени родства данного штамма с представителями секции *Talaromyces*.

Таким образом, таксономический анализ выявил, что наиболее часто встречаемыми видами оказались представители секций *Aspergilloides* и *Canescentia*. В результате молекулярно-генетического анализа по локусам ITS и BenA достоверно определена видовая принадлежность 10 штаммов грибов из 17 исследованных. Среди них выявлены виды *P. spinulosum*, *P. subspinulosum*, *P. roseomaculatum*, *P. thomii*, *P. murcianum*, *P. antarcticum*. Для установления видовой принадлежности 7 штаммов необходимо проведение дополнительных исследований с применением как молекулярно-генетических методов, так и традиционных методов изучения фенотипических признаков штаммов.

Работа поддержана грантом РФФИ №19-04-00697а.

Список литературы

1. Blaylock RB, Ovestreet RM, Klich MA. Mucosae in red snapper (*Lutjanus campechanus*) caused by two deuteromycete fungi (*Penicillium corylophilum* and *Cladosporium sphaerospermum*). *Hydrobiologia*. 2001; (460):221-228. <https://doi.org/10.1023/A:1013124214166>

2. Dewey FM, Donnelley KA, Foster D. *Penicillium waksmanii* isolated from a red seaweed,

Eucheuma striatum. *Trans. Br. Mycol. Soc.* 1983;81:433-434.

3. Sterflinger K, Hain WM, Scholz OJ, et al. Fungal infections of a colonial marine invertebrate: diversity and morphological consequences. *FACIES*. 2001;45:31-38.

4. Слинкина Н.Н., Пивкин М.В. Биоразнообразие грибов аквапочв южной части Сахалина // Микология и фитопатология. 2007. Т. 41, № 1. С. 48-56. [Slinkina NN, Pivkin MV. Fungal biodiversity of submarine soils from south part of Sakhalin island. *Mikologija i fitopatologija* [Mycology and phytopathology]. 2007;41(1):48-56. (in Russ).]

5. Слинкина Н.Н., Пивкин М.В., Полохин О.В. Мицелиальные грибы аквапочв Сахалинского залива (Охотское море) // Биол. моря. 2010. Т. 36, № 6. С. 410-414. [Slinkina NN, Pivkin MV, Polokhin OV. Filamentous Fungi of the Submarine Soils of the Sakhalin Gulf (Sea of Okhotsk). *Russian Journal of Marine Biology*. 2010;36(6):413-418. (in Russ).] <https://doi.org/10.1134/S1063074010060027>

6. Киричук Н.Н., Пивкин М.В., Полохин О.В. Грибные комплексы аквазёмов восточно-сахалинского шельфа // Биол. моря. 2012. Т. 38, № 5, С. 363-369. [Kirichuk NN, Pivkin MV, Polokhin OV. Fungal Assemblages of Submarine Soils of the Eastern Sakhalin Shelf. *Russian Journal of Marine Biology*. 2012;38(5):375-380. (in Russ).] <https://doi.org/10.1134/S1063074012050069>

7. Hyde KD. A study of the vertical zonation of intertidal fungi on *Rhizophora* spp. at Kampung Danau mangrove. 1988;36:255-262.

8. Жирков И.А. Жизнь на дне. Биогеография и биоэкология бентоса. М.; 2010. [Zhirkov IA. *Zhizn' na dne. Biogeografiya i bioecologiya bentosa*. М.; 2010. (in Russ).]

9. Ding L, Qin S, Li F, et al. Isolation, antimicrobial activity, and metabolites of fungus *Cladosporium* sp. associated with red alga *Porphyra yezoensis*. *Curr. Microbiol.* 2008;56:229-235.

10. Пивкин М.В., Кузнецова Т.А., Сова В.В. Морские грибы и их метаболиты. Владивосток: Дальнаука; 2006. [Pivkin MV, Kuznecova TA, Sova VV. *Marine fungi and their metabolites*. Vladivostok: Dal'nauka; 2006. (in Russ).]

11. Киричук Н.Н., Пивкин М.В. Вторичные морские грибы, ассоциированные с бурными водорослями рода *Sargassum* залива Петра Великого // Микология и фитопатология. 2015. Т. 49, № 3. С. 146-150. [Kirichuk NN, Pivkin MV. Secondary marine fungi associated with brown algae *Sargassum* spp. from Peter the Great Bay (Sea of Japan). *Mikologija i fitopatologija* [Mycology and phytopathology]. 2015;49:146-150. (in Russ).]

12. Зверева Л.В. Микобиота культивируемой бурой водоросли *Laminaria japonica* // Биол. моря. 1998. Т. 24, № 1. С. 19-23. [Zvereva LV. *Mycobiota of cultivated brown algae Laminaria japonica*. *Russian Journal of Marine Biology*. 1998;24(1):19-23. (in Russ).]

13. Zuccaro A, Schoch C, Spatafora J, Kohlmeyer J, Draeger S, Mitchell J. Detection and identification of fungi intimately associated with the brown seaweed

Fucus serratus. Appl. Environ. Microbiol. 2008;74:931-941.

14. Литвинов М.А., Дудка И.А. Методы исследования микроскопических грибов пресных и соленых (морских) водоемов. Л.: Наука; 1975. [Litvinov MA, Dudka IA Metody issledovaniya mikroskopicheskikh gribov presnykh I solenykh (morskikh) vodoemov. L.: Nauka; 1975. (in Russ).]

15. Visagie CM, Houbraeken J, Frisvad JC, et al. Identification and nomenclature of the genus *Penicillium*. Studies in Mycology. 2014;78:343-371. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2014.09.001>

16. White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor JW Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: PCR protocols: A Guide to Methods and Applications. London, UK: Academic Press; 1990.

17. Glass NL, Donaldson GC Development of primer sets designed for use with the PCR to amplify conserved genes from filamentous ascomycetes. Appl Environ Microbiol. 1995;61:1323-1330.

18. Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance and Maximum Parsimony

Methods. Molecular Biology and Evolution. 2011;28(10):2731-2739.

<https://doi.org/10.1093/molbev/msr121>

19. Tamura K and Nei M Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. Molecular Biology and Evolution. 1993;10:512-526.

20. Felsenstein J Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution. 1985;39:783-791.

21. McRae CF, Hocking AD, Seppelt RD *Penicillium* species from terrestrial habitats in the Windmill Island, East Antarctica, including a new species, *Penicillium antarcticum*. Polar Biol. 1999;21:97-111.

<https://doi.org/10.1007/s003000050340>

22. Park MS, Lee EJ, Fong JJ, Sohn JH, Lim YW A new record of *Penicillium antarcticum* from marine environments in Korea. Mycobiology. 2014;42:109-113. <https://doi.org/10.1007/s12275-015-4700-9>

23. Yilmaz N, Visagie CM, Houbraeken J et al. Polyphasic taxonomy of the genus *Talaromyces*. Studies in Mycology. 2014;78:175-341. <http://dx.doi.org/10.1016/j.simyco.2014.08.001>

УДК: 579.8.06

ГРНТИ: 34.27: микробиология

МИКРОФЛОРА ПОЧВЫ БАСЕЙНА ВЫСОХШЕГО АРАЛЬСКОГО МОРЯ В ЭКСТРЕМАЛЬНЫХ УСЛОВИЯХ ИЗМЕНЕНИЯ ЭКОСИСТЕМЫ

Мавлоний М.И

*академик Академии Республики Узбекистан,
доктор биологических наук, заведующей лабораторией
Технической микробиологии института микробиологии
Академии наук Республики Узбекистан,
г.Ташкент*

Рузиева Н.Л.

*младший научный сотрудник лабораторией
Технической микробиологии института микробиологии
Академии наук Республики Узбекистан,
г.Ташкент*

MICROFLORA OF SOIL IN THE BASIN OF THE HIGH ARAL SEA UNDER EXTREME CONDITIONS OF ECOSYSTEM CHANGE

АННОТАЦИЯ

В статье представлены результаты исследования одного из аспектов микробиологической экологии – микробиоценоз осушенных берегов Арала. Процесс исчезновения Аральского море является примером радикального изменения экосистемы современности. Эти изменения экосистемы стали причиной изменения видового состава растений, животных и микроорганизмов. В работе рассмотрены бактерии, микроскопические грибы и дрожжи, обитающие в экстремальных условиях в высушенной зоне Аральского моря. Впервые дана микробиологическая характеристика почвенного покрова осушенных берегов Арала. Экспериментально установлено количественное содержание в микробном сообществе Приаралья четырех физиологических групп микроорганизмов: бактерии - 50-55%; дрожжи - 2-3%; микроскопические грибы - 30-35%; актиномицеты - 12-15% от общего количества микрофлоры. В результате исследования собран ценный материал по систематике микроорганизмов, обитающих в “жестких” экстремальных условиях природы.

ABSTRACT

The article presents the results of a study of one of the aspects of microbiological ecology - microbiocenosis of the drained shores of the Aral Sea. The disappearance of the Aral Sea is an example of a radical change in the ecosystem of our time. These ecosystem changes caused changes in the species composition of plants, animals and