



А.Ж. Алихан^{*}, А.У. Исаева^{1,2}, Д. Кудасова¹, Ж. Рахымбердиева^{1,2}, Ж. Рысбаева¹

¹М. Әуезов атындағы Оңтүстік-Қазақстан университеті,
160000, Қазақстан Республикасы, Шымкент, Тауке-хан 5

²Шымкент университеті,
160012, Қазақстан Республикасы, Шымкент, Каратауский ауд., квартал 225, 426 ғимарат
e-mail: akmaralka_050393@mail.ru

ЛЕНГЕР ҚОҢЫР КӨМІР ҚАЛДЫҚТАРЫНЫҢ МИКРОФЛОРАЛЫҚ ҚҰРАМЫ

Аңдатпа: Бұл мақалада Түркістан облысы Ленгер қоңыр көмір өндірістік қалдықтарының табиғи микрофлоралық құрамы зерттеліп, оның түрлік құрамы мен микроағзаларының генетикалық идентификациясына және микроағзалардың таза штамдарының ПТР талдамасының генетикалық талдаулар жүргізілді. Қоңыр көмір қалдықтарындағы микроағзалардың экологиялық маңызын түсіну, оны түсіну, олардың қоршаған ортаға, ауыл шаруашылығына және энергетикалық өндіріс процестеріне қалай әсер ететінін бағалауға мүмкіндік береді. Мақалада сонымен қатар, Ленгер қоңыр көмір қалдықтарының микрофлоралық құрамында целлюлоза ыдыратушы бактериялар мен гетеротрофты бактериялар тобы, микромицеттер мен актиномицеттер тобы кездесетіні нақтыланды. Микромицеттерден *Mucorales*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Candida* туыстарының өкілдері, бактериялардан *Bacillus*, *Rhodococcus*, *Pseudomonas* туысының өкілдері және азот айналымының бактериялары өкілдері негізгі түрлік құрамын құрады. Сэнгер әдісімен секвенирлеу арқылы бактерия штамдарын анықтау үшін молекулалық-генетикалық талдау нәтижесінде: *Priestia megaterium* LB.1 штаммы, *Pseudomonas* sp. LA.8 штаммы, *Aspergillus sydowii* LB.M2 штаммы идентификацияланды. Бұл зерттеу қоңыр көмір өндірістік қалдықтарындағы пайдалы микроағзаларының экологиялық процестердегі рөлін, олардың табиғаттағы және өндірістегі маңыздылығын терең түсінуге септігін тигізеді. Алынған зерттеу нәтижелері қоңыр көмір қалдықтарындағы микроағзалардың топырақ құнарлығын арттыру немесе биотехнологиялық мақсаттарда қолдану үшін тиімді пайдаланудың жолдарын анықтауға көмектеседі.

Түйін сөздер: ПТР, генетикалық идентификация, микроағза, штамм.

Кіріспе. Соңғы жылдары қоңыр көмір өнеркәсібіндегі инновациялық технологиялар үшін микроағзаларды қолдану саласындағы зерттеулердің белсенді дамуы байқалады. Қоңыр көмір өнеркәсібі қалдықтарын микробиологиялық өңдеудің мүмкіндіктерін зерттеу, көмір кен орныдарын рационалды әрі экологиялық тұрғыдан тиімді пайдалану үшін микроағзалармен жүргізілетін процестердің ғылыми негіздерін анықтауды қажет етеді. Микробиологиялық әдістер көмірді метан, сутек, метанол, этанол сияқты тағы басқа да бағалы өнімдерге айналдыру үшін қолданылуы мүмкін [1]. Мұндай өнімдер дәстүрлі энергетикалық ресурстарды ауыстыруға, сондай-ақ көміртек шығындыларын азайтуға ықпал етеді. Инновациялық энергетикалық стратегиялар мен экономикалық тиімді микробиологиялық өндіру әдістерін әзірлеуде микроағзалардың рөлі аса маңызды. Қоңыр көмір сияқты табиғи ресурстарды микробиологиялық әдістер арқылы бағалы химиялық өнімдерге айналдыру үшін микроағзалардың ерекше қабілеттері мен ферментативтік реакциялары тиімді пайдаланылуы мүмкін. Қоңыр көмір өндірісінің қалдықтарындағы жергілікті табиғи микробтық құрамының тозуын түсіну маңызды, себебі көмір құрамындағы органикалық қосылыстар мен минералдар микроағзалар арқылы өзгеріп, жаңа өнімдерге айналады. Микроағзалар көмірді терең өңдеуге, оның құрамын байытуға, қалдықтарды қайта өңдеуге көмектеседі [2, 3]. Көмір өнеркәсібінің экологиялық және экономикалық аспектілерін жақсартуға мүмкіндік беретін микробиологиялық технологияларды дамыту, технологияларды өндіріс процесіне енгізу жолдарын анықтауды көздейді. Zhang H. et al. зерттеуінде көрсетілгендей, көмірден *Bacillus* бактериялары арқылы анаэробты сутек өндірісі таза энергия алудың және және нөлдік парниктік газдар шығындыларын қамтамасыз етудің тиімді баламасы ретінде ұсынылады және

термоанаэробты бактериялардың жоғары температурада жұмыс істеу мүмкіндіктерін зерттеу арқылы экологиялық таза энергия алудың жаңа жолдарын ашады [4]. Symanowicz B. [5] жұмысының нәтижелері қазіргі заманғы агротехнологиялардың топырақтағы органикалық заттардың мөлшерін айтарлықтай төмендеткенін көрсетеді, сонымен қатар авторлар төмен энергиялы қоңыр көмір қалдықтары топырақ құнарлығын қалпына келтіру және қоршаған ортаны қорғау мақсатында пайдалануға болатын тиімді материал ретінде ұсынады. Көптеген ғалымдардың еңбектерінде қоңыр көмір қалдықтарының төмен энергиялы түрлерінің топырақтың физика-химиялық қасиеттерін жақсартуда және органикалық заттардың мөлшерінің төмендеуімен күресуде маңызды рөл атқара алатынын дәлелдеген. Қоңыр көмір құрамындағы минералды элементтер мен органикалық заттар топырақтың құнарлығын арттыруға көмектеседі, топырақ құрылымын жақсартып, су мен ауа өткізгіштігін арттыра алады. Бұл өсімдіктердің тамыр жүйесіне қажетті жағдайлар жасайды және топырақтағы су ұстап тұру қабылетін арттырады [6, 7]. Алдын-ала жүргізілген зерттеулерде Ленгер қоңыр көмір қалдықтары үйінділерінің фитоценозы жергілікті өсімдіктердің токситолерантты рудералды түрлерінен тұратыны анықталған. Бұл өсімдіктер қоңыр көмір қалдықтары сияқты ластанған топырақта өсіп, топырақтағы зиянды заттарға төзімді болып, топырақтың биорекультивациясына, экологиялық қалпына келуіне ықпал етеді [8, 9]. Қоңыр көмір қалдықтары құрамындағы табиғи микрофлора ассоциациясы көмірдің құрамындағы органикалық заттарды және басқа да қосылыстарды ыдыратуға қатысады. Зерттеу деректерінде *Aspergillus*, *Curvularia* және *Penicillium* микроағзалары көмірді өздерінің ферменттік әрекеттері арқылы ыдыратып, оның құрамындағы органикалық заттарды пайдалануға мүмкіндік беретіні айтылады [10-14]. Көмірдің микробтық деградациясы экологиялық тұрғыдан маңызды. Көмірдің биологиялық өңделуі энергия алу үшін потенциалды жаңа әдіс ретінде зерттеледі [15-18]. Сондықтан зерттеу жұмысының негізгі мақсаты ретінде қоңыр көмір қалдықтары микрофлоралық құрамын зерттеп, олардың түрлік және генетикалық идентификациясын анықтау болды. Бұл зерттеу қоңыр көмір қалдықтарындағы микроағзалардың құрылымы мен қызметін түсінуге мүмкіндік береді және олардың құрамындағы пайдалы микроағзаларды нақтылауға, оларды экологиялық процестерді жақсарту үшін қалай тиімді пайдалануға болатынын анықтауға көмектеседі.

Зерттеу нысандары мен әдістері. Зерттеу нысаны ретінде Түркістан облысы, Ленгер елді мекенінде орналасқан қоңыр көмір өндірісінің қалдықтары алынды. Қоңыр көмір қалдықтары үйіндісінен үлгілер МЕСТ 17.4.4.02-2017 талаптарына сай жиналды [19]. Қалдықтар үйіндісінің 6 орнынан үлгілер алынды, қалдық үйіндісі а және в қалдық үйіндісі болып белгіленді: 1) А1 – А үйіндісіндегі негізгі қалдық (42°11'22"N., 69°52'06"E); 2) А2 – А үйіндісіндегі негізгі қалдықпен шекаралас орыннан алынған үлгі (42°11'23"N., 69°52'07"E); 3) А3 – А үйіндісіндегі негізгі қалдықтан 7-8 м қашықтықта орналасқан кіші төбеден алынған үлгі (42°11'24"N., 69°52'04"E); 4) В1 – В үйіндісіндегі негізгі қалдық (42°12'11"N., 69°52'06"E); 5) В2 – В үйіндісіндегі негізгі қалдықпен шекарасынан 3-5м қашықтықта орналасқан қалдықтар (42°12'12"N., 69°52'06"E); 6) В3 – В үйіндісінің шекарасынан 30 м қашықтықта орналасқан қалдықтар (42°12'08"N., 69°52'04"E).

Қалдықтар үйіндісінің 0-50 см аралығындағы тереңдіктердің көлденең жазықтарынан үлгілер алынды, сынамалар алынған орны, температурасы, рН өлшеніп, таңбаланды.

Қоңыр көмір қалдықтарының табиғи микрофлоралық түрлік құрамының, микробтық популяциясының таралу заңдылықтары мен микроағзалардың түрлік идентификациясы, штамдардың генетикалық идентификациясы зерттелді.

Микробиологиялық зерттеулер жүргізуде қолданылған ыдыстар мен құрал-жабдықтардың асептикалық жағдайда микробиологиялық залалсыздандыру талаптарына сай жалпыға ортақ микробиологиялық әдістемелер ережесіне сүйене орындалды [20, 21]. Қоректік орталар мен микробиологиялық керекті құрал-жабдықтар мен ыдыстарды залалсыздандыруда СПГА-100-1-НН №141 автоклапта және медициналық ГП-20 СПУ стерилизаторында, Binder ED053-230V-RU лабораториялық кептіргіш шкаф қолданылды.

Микроағзаларды дақылдауға арналған қоректік орталарды дайындауда ВК-600.1 (Санкт-Петербург, 2023 ж.), ВК-1500 (Санкт-Петербург, 2023 ж.) лабораториялық таразылары қолданылды. Қалдықтар үлгілерінен микроағзаларды бөліп алу жұмыстары залалсыздандырылған абактериалды БАВп-01-"Ламинар-С"-1,2(01) (Россия) ламинар бокста жүргізілді. Микроағзаларды лабораториялық жағдайда бөліп алуда арнайы селективты

қоректік орталар қолданылды. Микромицеттер үшін Чапек қатты қоректік ортасы, целлюлозалитикалық бактериялар үшін Гетчинсон ортасы, гетеротрофты бактерияларға ГРМ қоректік ортасы, азоттұтқыш бактерияларға Эшби, нитрификациялаушы, денитрификациялаушы бактерияларға Виноградский I және II фазалы қоректік орталары қолданылды [22, 23].

Микроағзалар колонияларының инкубациясы 5-7 тәулік аралығында ГС-1/80 СПУТУ 9452-002-00141798-97 бағдарламаланған термостатта жүргізілді. Микроағзалар дақылдануда физикалық параметрлері қадағаланды, оңтайлы аэрация, оңтайлы температуралық режим, рН бақыланды. Микроағзалар колониялары қажетті 25-37°C температуралық аралықта дақылданды. Микроағзаларды бөліп алуда Кох әдістері, он еселік сұйылту, сиретіп егу, қисық агарда, сұйық қоректік ортада егу әдістері қолданылды.

Таксономиялық және микроскопиялық зерттеулер жүргізуде биологиялық МХ 100 Microoptix микроскопы қолданылды.

Микроағзалардың дақылдық-морфологиялық қасиеттері Петри табақшасында өскен колонияларының түсі, пішіні, мөлшері, колония беті, жанынан көрінісі, мөлдірлігі, консистенциясы, колониялар шеті, құрылымы, көлденең қимасы, пигментациясы бойынша сипатталды, микроморфологиялық ерекшеліктері микроскопиялық зерттеу әдістері арқылы анықталды.

Микроағзалардың түрлік идентификациясы мен таксономиялық талдаулары Саттон және Берджи анықтағыштармен жүргізілді [24, 25].

Микроағзалар жасушасының молекулярлық-генетикалық зерттеу әдістері. Бөліп алған таза штамдардың жасушасын генетикалық сәйкестендіру 16S r DNA консервативті локусы бойынша генотиптеу арқылы жүргізілді. Геномдық ДНҚ өндіруші (Invitrogen, Carlsbad, USA) нұсқаулығына сәйкес PureLink Genomic DNA Kit жинағы арқылы тәуліктік бактериялар дақылдарынан бөлініп алынды. Үлгілердегі ДНҚ және ПТР өнімінің концентрациясы Qubit™ dsDNA HS Assay Kit (Life Technologies, Oregon, USA) талдау жинағы көмегімен Qubit® 2.0 флуориметрде анықталды.

16s РНК учаскесін амплификациялау үшін 25 мл мөлшерінде реакциялық қоспа дайындалды. 12,5 µl Q5® Hot Start High-Fidelity 2X Master Mix (New England Biolabs Ins., USA) әмбебап праймерлер жұбы 8F (5'-AGAGTTTGATCTGGCTCAG-3') және 806R (5'-GGACTACCAGGGTATCTAAT-3') 10 µM концентрацияда 1,2 мкл ДНК матрицасы және су 25 µl-ге дейінгі мөлшерінде алынды. Амплификациялау режимі келесі циклдардан тұрды: 5 минут ішінде 95°C, содан кейін: 95°C – 30 сек., 55°C – 40 сек., 72°C – 50 сек. – 30 цикл, 72°C-та элонгация 10 минут ішінде тізбектің ұзаруы уақыты болды [26].

Бактериялардың 16S rRNA гені фрагменттерін секвенирлеу өндірушінің хаттамасына сәйкес (BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit Protocol Applied Biosystems USA) Big Dye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, USA) жиынтығын пайдалана отырып жүргізілді. Капиллярлық форец ABI 3500 DNA Analyzer (Applied Biosystems, USA) генетикалық анализаторында жүргізілді.

Секвенирлеу нәтижелері SeqA (Applied Biosystems) бағдарламасында өңделді. Филогенетикалық талдау MEGA6 бағдарламалық қамтамасыз етуін пайдаланылды. Нуклеотидтік тізбектерді теңестіру ClustalW алгоритмін пайдалана отырып жүргізілді.

Саңырауқұлақ үлгілерінің молекулярлық-генетикалық идентификациясында саңырауқұлақтың 3-7 тәуліктік штамдары пайдаланылды.

Материалдардың бейнетіркеу OXFORD Instruments (Ұлыбритания) INCA Energy 350 энергодисперсиялық микроталдау жүйесі мен JEOL (Жапония) 649 LV JSM электронды растрлық микроскопының бейнекартасында, құрылымдық талдау мен сурет түсіру арқылы объектілердің беткі қабатына зерттеулер жүргізілді.

Статистикалық талдаулар. Эксперименттер 3-4 рет қайталамада жүргізілді, стандартты ауытқу $0.95 > P > 0.80$ аралығында есептелді. Статистикалық өңдеулер Microsoft Excel бағдарламасында статистикалық функциялар мен орташа мәндер, стандартты ауытқу, басқа да статистикалық көрсеткіштер бойынша есептелді [27, 28].

Зерттеу нәтижелері. Зерттеулер нәтижесінде қоңыр көмір қалдықтарының А тобындағы қалдық үлгілеріндегі ең жоғары титр 5-10 см арылықтарында гетеротрофты бактериялар тобында болды, олардың титрі КТБ кл/г $(7,2 \pm 0,7) \times 10^9$, микромицеттер КТБ кл/г $(5,3 \pm 0,5) \times 10^7$ титрді құрады. Ал В тобындағы қалдық үйіндісінде микроағзалардың тараламы әсіресе 10-20 см тереңдік аралықтарында жоғары кездесті, гетеротрофты бактериялар КТБ

кл/г $(6,2 \pm 0,5) \times 10^8$, микромицеттер КТБ кл/г $(4,8 \pm 0,4) \times 10^6$, ал нитрифицирующеі бактериялар а және в тобындағы барлық үлгілерде КТБ кл/г $(7,6 \pm 0,7) \times 10^6$ - $(6,5 \pm 0,6) \times 10^7$ дәрежесі аралығында кездесті.

Қоңыр көмір үйіндісінің территориясынан алынған қалдық үлгілеріндегі микробтық популяция құрылымы қоршаған ортадағы өзгерістер мен биологиялық процестердің көрсеткіштері болуы мүмкін. Қоңыр көмір қалдықтарының микробтық популяциясы құрылымының негізгі түрлік құрамын целлюлоза ыдыратушы бактериялар мен гетеротрофты бактериялар тобы, микромицеттер мен актиномицеттер тобы құрады. Микромицеттерден *Mucorales*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Candida* туыстарының өкілдері, бактериялардан *Bacillus*, *Rodococcus*, *Pseudomonas* туысының өкілдері және азот айналымының бактерияларының кездесетіні белгілі болды.

Зерттеулер жүргізу нәтижесінде 15 таза изолят бөлініп алынды, олардың ішінен селекциялық, скринингтік зерттеулер нәтижесінде таза штамдар бөлініп алынды.

А үлгінің 0 см – 50см тереңдік қабаттарынан бөлінген гетеротрофты микроағзалардың кейбір штамдарының таксономиялық белгілеріне қарай дақылдық-морфологиялық қасиетінің сипаттары жасалды.

АК-20 штамының таксономиялық белгілеріне қарап *Bacillus* тобына жатқызылды. Колониялар түсі ақшыл -сарғыш түсті, пішіні дөңгелек, шеттері тегіс, беті дөңес, мөлдірлігі жарқыраған, профилі тамшы тәрізді, құрылымы ұсақ, жұмсақ консистенциялы. Жасуша пішіндері таяқшалы, қысқа, тізбектер түрінде, жекелей, жұп күйінде де орналасқан болды. Грам-теріс, аэробты. ГРМ қоректік ортасында дақылданды, оңтайлы температурасы $25-27^{\circ}\text{C}$, pH-7. Қоңыр көмір қалдықтардың 10-15 см тереңдік горизонтынан бөлініп алынды.

АК 30 штамы *Bacillus* sp. туысы өкіліне жатқызылды. Колония пішіні дұрыс емес, мөлшері 2-3 мм, беті қатпарлы, жанынан көрінісі томпақ, мөлдірлігі көмескі, түсі ақшыл сары, колония шеті толқынды, құрылымы біртекті, консистенциясы шырышты. Микроморфологиялық ерекшеліктері жасуша пішіні майда таяқша, жасушалары бірігіп, жекелей де орналасқан. Грам теріс, оттегіне қатынасы аэробты, ЕПА қоректік ортасында дақылданды, инкубациясы 3-4 тәулік, $30-37^{\circ}\text{C}$ температура аралығында жақсы өседі, орта pH 7. Қалдық горизонттарының 10-20 см аралығынан бөлініп алынды.

Rodococcus sp. – қатты агар бетінде колониялары домаланып, дөңгелеген пішінде өседі, мөлшері 3-4 мм., беті тегіс, жанынан көрінісі тегіс, мөлдірлігі күңгірт, шеттері тегіс, құрылымы ұсақ, консистенциясы агардан тез алынады. Колонияларының түсі алқызыл түсті. Жасуша пішіндері коктар, коккобацилдерге тән, жұптасып орналасқан, плеоморфты, морфологиялық пішіндері өзгермелі. Грам бойынша оң, қозғалмайды, спора түзбейді. Инкубациялық кезеңдегі оптимум температурасы $+30^{\circ}\text{C}$, $+10^{\circ}\text{C}$ - $+40^{\circ}\text{C}$ температураға дейін өсе алады. pH ортасы 7. Инкубациялық дақылдану уақыты 48 сағат.

Priestia megaterium LB.1 штамы – колониялары бастапқыда ақ түсті, домалақ пішінді, дөңес, грам бойынша оң, спора түзеді, аэробты, жасуша пішіндері таяқша, мөлшері 5-6 мкм, Дақылдауға қолайлы температурасы $+30^{\circ}\text{C}$, $+37^{\circ}\text{C}$ температура, pH ортасы 7. Инкубациялық дақылдану уақыты 48 сағат.

Pseudomonas sp. LA.8 штамы туысының өкілдеріне тән белгілер байқалды, колония пішіні дөңгелек, шеті иректелген, диаметрі 2,5-3 мм, беті көтеріңкі, жанынан көрінісі томпақ, мөлдірлігі көмескі, түсі қоңырқай сарғыш, құрылымы біртекті, консистенциясы жұмсақ. Жасуша пішіндері майда таяқша, бір-бірден жекелей де, жұптасып та орналасқан, Грам бойынша теріс. Инкубациялық кезеңі 3-4 тәулік, оңтайлы температурасы $+30^{\circ}\text{C}$, $+37^{\circ}\text{C}$ температураға дейін өсе алады. pH ортасы 6-7.

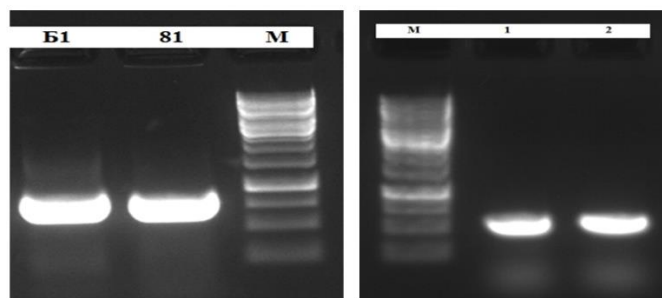
Aspergillus sydowii LB.M2 штамы колония пішіні дөңгелеген, мөлшері 3-3,5 мм, шеті иректелген, колониялардың жанынан көрінісі төмпешікті, құрылымы тарамды, беті қатпарлы, мөлдірлігі көмескі, күңгіртті, түсі басында ақ сары, уақыт өте қызғыш түске енеді, консистенциясы жұмсақ, пигментация түзеді, мицелийлері жіктелген, гифтері септаланған, конидий тасушыларындағы бұйра келген конидийлерінің ұштарында домалақ споралар орналасқан. Грам бойынша оң. Инкубациялық кезеңі 4 тәулік, оңтайлы өсу температурасы $+30^{\circ}\text{C}$, $+37^{\circ}\text{C}$ температураға дейін өсе алады, pH ортасы 6-7.

Қалдықтар құрамынан бөлініп алынған таза штамдардың генетикалық -молекулалық идентификациясын анықтау үшін ДНҚ-н ПТР талдаулары жүргізілді.

Белсенді изоляттардың түрлік сәйкестігі сақталған 16s r РНҚ консервативті локусында генотиптеу арқылы анықталды.

Зерттеуге алынған штамдардың генетикалық идентификациясы BLAST бағдарламасының алгоритміне сүйене отырып жасалынды, зерттеуге алынған штамдардың нуклеотидтің тізбектері халықаралық деректер қорында тиісті штамдармен жақын ұқсастықты көрсете отырып, расталды, филогенетикалық талдау нәтижелері бойынша ең жақын штамдардың гомологиялық дәрежесіне сәйкестелді: талдау нәтижесінде LB.1 штам *Priestia megaterium*, LA.8 штам *Pseudomonas* sp. туысының өкілі болып анықталса, ал микромицеттер тобынан LB.M2 штам *Aspergillus sydowii* түрі екені анықталды.

16S рРНҚ гені үшін әмбебап праймерлермен алынған ПТР өнімінің өлшемдері келесі болды: маркер ұзындығы 1000 bp, 16S праймерлері бар өнімнің өлшемі шамамен 650 б.б., ITS праймерлері бар өнімнің мөлшері шамамен 500 б.б құрады (сурет 1):



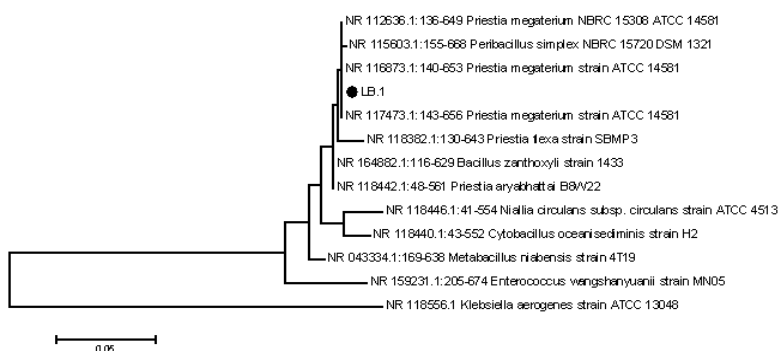
Сурет 1 – 16S рРНҚ гені үшін әмбебап праймерлермен алынған ПТР өнімі
Ескерту: М – 1000 bp маркер ұзындығы. Б1-81-16S праймерлері бар өнімнің өлшемі шамамен 650 б.б.,
1-2 – ITS праймерлері бар өнімнің мөлшері шамамен 500 б.б.

Priestia megaterium LB.1 штам

16S rRNA генін секвенирлеу арқылы алынған нуклеотидтер тізбегі:

CGAAGCTAATACCGGATAGGATCTTCTCCTTCATGGGAGATGATTGAAAGATGGTTTC
GGCTATCACTTACAGATGGGCCCCGCGGTGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAA
GGCAACGATGCATAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCC
AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCA
ACGCCGCGTGAGTGATGAAGGCTTTCGGGTTCGTAAACTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTA
CAAGAGTAACTGCTTGTACCTTGACGGTACCTAACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCA
GCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCG
CAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCAATTGGAAC
TGGGGAACCTTGAGTGCAGAAAGAA

NR 117473.1:143-656 *Priestia megaterium* штаммының ATCC 14581 ең жақын штаммымен гомология дәрежесі 99,81% құрады (сурет 2).



Сурет 2 – *Priestia megaterium* штаммының филогентикалық ағашы

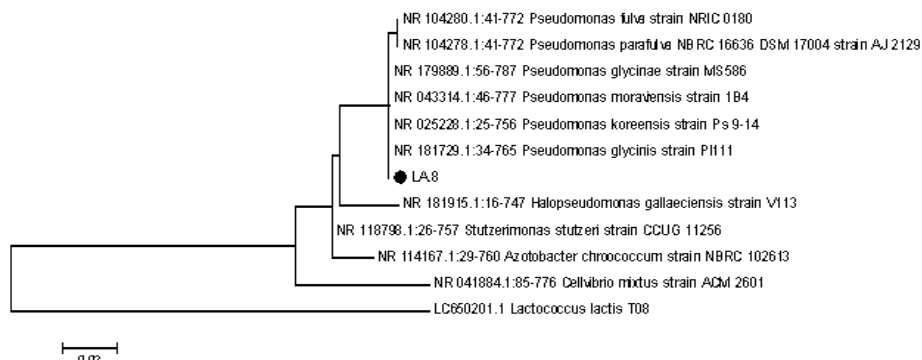
Pseudomonas sp. LA.8 штам

16S рРНҚ генін секвенирлеу арқылы алынған нуклеотидтер тізбегі:

TGCAAGTCGAGCGGATGAAAGGAGCTTGCTCCTGGATTACAGCGGCGGACGGGTGAGTAATG
CCTAGGAATCTGCCTGGTAGTGGGGGACAACGTTTCGAAAGGAACGCTAATACCGCATACGT
CCTACGGGAGAAAGCAGGGGACCTTCGGGCCTTGCGCTATCAGATGAGCCTAGGTCGGATT

AGCTAGTTGGTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATCCGTAAGTGGTCTGAGAGGATGAT
CAGTCACACTGGAAGTGAAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
GGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGTGTGAAGAAGGTCTTTCGATTGTA
AAGCACTTTAAGTTGGGAGGAAGGGTTGTAGATTAATACTCTGCTGTTTTGACGTTACCGACA
GAATAAGCACCGGCTAACTCTGTGCCAGCAGCCGCGGTAAACAGAGGGTGCAAGCGTTAAT
CGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGTGGTTTGTAAAGTTGGATGTGAAATCCCCGGG
CTCAACCTGGGAAGTGCATCCAACTGGCAAGCTAGAGTATGGTAGAGGGTGGTGGAAATTT
CCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACCACCT
GGACTGATACTGACACTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGAT

Зерттеуге алынған үлгілердің 16S рРНҚ генін NCBI (National Center for Biotechnology Information) халықаралық дерекқорындағы эталондық штамдар тізбегімен салыстыру арқылы жасалынған филогенетикалық ағаштар (сурет 3, 4).



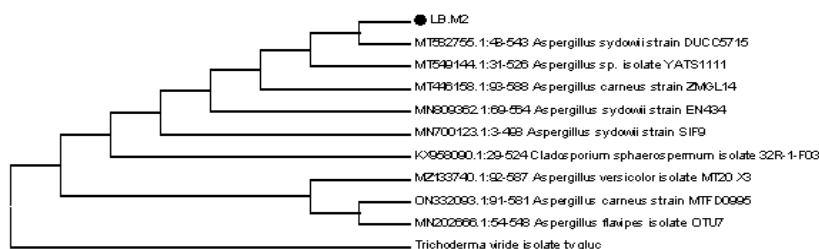
Сурет 3 – LA.8 – *Pseudomonas* sp. штамының *Pseudomonas* туысының штамдарымен сәйкестігін көрсететін филогенетикалық ағаш

Pseudomonas sp LA.8 штамына ең жақын *Pseudomonas* штамдарымен гомологиялық ұқсастық дәрежесі 99,73% құрады.

***Aspergillus sydowii* LB.M2** штамы

ITS аймағын секвенирлеу арқылы алынған нуклеотидтер тізбегі:

CCCGTGAATACCTAACACTGTTGCTTCGGCGGGGAACCCCTCGGGGGCGAGCCGCCGGGG
ACTACTGAACTTCATGCCTGAGAGTGATGCAGTCTGAGTCTGAATATAAAATCAGTCAAACTT
TCAACAATGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAACTGCGATAAGTAATGT
GAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGCATTCCGG
GGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCATCAAGCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCGTC
GTCCCCCCCCGGGGGACGGGCCCCGAAAGGCAGCGGCGGCACCGTGTCCGGTCTCTCGAGCGT
ATGGGGCTTTGTACCCGCTCGACTAGGGCCGGCCGGGCGCCAGCCGACGTCTCCAACCAT
TTTTCTTCAGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGC



Сурет – 4 *Aspergillus sydowii* сәйкестігін көрсететін филогенетикалық ағаш

Ең жақын штамм MT582755.1:48-543 *Aspergillus sydowii* DUCC5715 штамымен гомологиялық ұқсастық дәрежесі 100,00% құрады.

Зерттеуге алынған микроағзалардың ITS аймағын салыстыру негізінде филогенетикалық ағаштар құрылды, олардың ITS аймағы NCBI халықаралық дерекқорындағы эталондық штамдар тізбегімен салыстырылып, ұқсастығы анықталды. Филогенетикалық ағаштар зерттеуге алынатын биологиялық үлгілердің генетикалық қатынасын зерттеу үшін маңызды болып табылады, сәйкестендірілген тізбектердің арасындағы генетикалық айырмашылықтарды бағалау үшін филогенетикалық ағаш құрылады. ITS аймағы ДНҚ

молекуласындағы транскрипцияланбайтын ішкі бөліктерін көрсетіп, үлгілер арасындағы филогенетикалық қатынастарды бағалап, сараптама жасалынып, нәтижесінде зерттеліп отырған үлгілердің филогенетикалық орны мен оны басқа түрлермен салыстыруға мүмкіндіктер берді.

Қорытынды

Ленгер қоңыр-көмір өндірісінің қалдықтарының микрофлоралық құрамын целлюлоза ыдыратушы бактериялар мен гетеротрофты бактериялар тобы, микромицеттер мен актиномицеттер тобы құрады.

Микромицетті саңырауқұлақтардан *Mucorales*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Candida* туыстарының өкілдері, бактериялардан *Bacillus*, *Rhodococcus*, *Pseudomonas* туысының өкілдері және азот айналымының бактериялары өкілдері негізгі түрлік құрамын құрады.

Микромицетті саңырауқұлақ штамының 16S rRNA генін және ITS аймағын Сэнгер әдісімен секвенирлеу арқылы бактерия штамдарын анықтау үшін молекулалық-генетикалық талдау нәтижесінде зерттелетін үлгілердің таксономиясы анықталды: LB.1 – *Priestia megaterium*, LA.8 – *Pseudomonas sp.*, LB.M2 – *Aspergillus sydowii*.

Әдебиеттер тізімі

1. Exploring the Potential of Microbial Coalbed Methane for Sustainable Energy Development / Y. Niu et al // *Molecules*. – 2024. – Т. 29, № 15. – С. 3494. <https://doi.org/10.3390/molecules29153494>.
2. Biotechnological potentials of surfactants in coal utilization: a review / N. Akimbekov et al // *Environmental Science and Pollution Research*. – 2024. – P. 1-20.
3. Optimization of extrinsic parameters for beneficiation of coal with the help of *Cronobacter sp* / S. Rai et al // *International Journal of Coal Preparation and Utilization*. – 2024. – Т. 44, № 10. – P. 1606-1621.
4. H₂ production from coal by enriching sugar fermentation and alkane oxidation with hyperthermophilic resistance microbes in municipal wastewater / H. Zhang et al // *Chemical Engineering Journal*. – 2024. – Т. 489. – P. 151487. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2024.151487>.
5. Symanowicz B. Brown coal waste in agriculture and environmental protection: A review / B. Symanowicz, R. Toczko // *Sustainability*. – 2023. – Т. 15, № 18. – P. 13371. <https://doi.org/10.3390/su151813371>.
6. Borrow pit disposal of coal mining byproducts improves soil physicochemical properties and vegetation succession / J. Bakr et al // *Agronomy*. – 2024. – Т. 14, № 8. – P. 1638.
7. Coal biotransformations under aerobic conditions: Screening and characterization of potential biocatalysts / A.N. Khan et al // *International Journal of Coal Preparation and Utilization*. – 2024. – Т. 44, № 9. – P. 1266-1286. <https://doi.org/10.1080/19392699.2023.2270929>.
8. Study of the Possibility of Biorecultivation of Soils Contaminated with Brown Coal Waste / I. Akmaral et al // *Journal of Ecological Engineering*. – 2024. – Т. 25, № 4. – P. 1-10.
9. Sharma A. Ecobiology of coal mines and spoils / A. Sharma, G. Sumbali // *Journal of Applied and Natural Science*. – 2019. – vol.11, № 3. – P. 624-631.
10. Studying the microbiological solubilization of brown coal / Unitsky A.E. et al // null. – 2022. – vol. 56, № 4. – P.1-15. <https://doi.org/10.46646/sakh-2022-2-322-324>.
11. Diversity patterns in microfloras recovered from Miocene brown coals of the lower Rhine Basin reveal distinct coupling of the structure of the peat-forming vegetation and continental climate variability / Utescher et al // *Geological Journal*. – 2020. – vol. 56, № 4. – P. 1-18. <https://doi.org/10.1002/gj.3801>.
12. Changes in soil physico-chemical and microbiological properties during natural succession: a case study in lower subtropical china / X. Zhao et al // *Frontiers in Plant Science*. – 2022. – Т. 13. – P. 878908.
13. Changes in soil physico-chemical and microbiological properties during natural succession on abandoned farmland in the Loess Plateau / B. Wang et al // *Environmental Earth Sciences*. – 2011. – Т. 62. – P. 915-925.
14. Wastewater Treatment Using Membrane Bioreactor Technologies: Removal of Phenolic Contaminants from Oil and Coal Refineries and Pharmaceutical Industries / M.J. Khan et al // *Polymers*. – 2024. – Т. 16, № 3. – P. 443.

15. Vítová M. Microbial recovery of rare earth elements from various waste sources: a mini review with emphasis on microalgae / M. Vítová, D. Mezrický // *World Journal of Microbiology and Biotechnology*. – 2024. – Т. 40, № 6. – P. 1-13.
16. Weiler J. Coal waste derived soil-like substrate: An opportunity for coal waste in a sustainable mineral scenario / J. Weiler, B.A. Firpo, I.A.H. Schneider // *Journal of Cleaner Production*. – 2018. – Т. 174. – P. 739-745.
17. Gawor L. Coal mining waste dumps as secondary deposits—examples from the Upper Silesian Coal Basin and the Lublin Coal Basin / L. Gawor // *Geology, Geophysics and Environment*. – 2014. – Т. 40, № 3. – P. 285-289.
18. Feasibility study on the utilization of coal mining waste for Portland clinker production / B. Malagón et al // *Environmental science and pollution research*. – 2020. – Т. 27, № 1. – P. 21-32.
19. ГОСТ 17.4.4.02-2017. Охрана природы. Почвы. Методы отбора и подготовки проб для химического, бактериологического и гельминтологического анализа. – Введ. 2019.01.01. – М. Изд-во стандартов, 2017. – № 52. – 10 с.
20. Микробиология и вирусология: учебно-методическое пособие / сост. Н.В. Шеховцова: Яросл. гос. ун. им. П.Г. Демидова. – Ярославль: ЯрГУ, 2017. – 64 с.
21. Лавренчук Л.С. Микробиология: практикум / Л.С. Лавренчук, А.А. Ермошин: М-во науки и высш. образования Рос. Федерации, Урал. федер. ун-т. – Екатеринбург: Изд-во Урал. ун-та, 2019. – 107 с.
22. Нетрусов А.И. Микробиология: теория и практика в 2 ч. Часть 1: учебник для вузов / А.И. Нетрусов, И.Б. Котова. – Москва: Издательство Юрайт, 2023. – 315 с.
23. Унифицированные методы исследования качества вод. Часть IV. Методы микробиологического анализа вод. – М.: «СЭВ», 1975. – 35 с.
24. Bergey's manual of systematic bacteriology / Don J. Brenner et al. – Изд. Спрингер. 2004. – Т.1.2. – P. 400.
25. Саттон Д. Определитель патогенных и условно патогенных грибов / Д. Саттон, А. Фотергил, М. Ринальди. – М.: Мир, 2001. – 468 с.
26. PureLink™ Genomic DNA Kits. For purification of genomic DNA // https://docviewer.yandex.kz/view/0/?*=4l0. 15.08.2020.
27. The Taguchi methodology as a statistical tool for biotechnological applications: a critical appraisal / R.S. Rao et al // *Biotechnology journal*. – 2008. – Vol. 3, № 4. – P. 510-523. <https://doi.org/10.1002/biot.200700201>.
28. Ehsanul Tanvir. Basic understanding of biostatistics is necessary for the study of biology particularly doing research in biological science. 27.12. 2020. – Importance of statistics in biotechnology | by Ehsanul Tanvir | Medium. <https://tanvirmahtab547.medium.com/importance-of-statistics-in-biotechnology-761fc226ff2a>.

References

1. Exploring the Potential of Microbial Coalbed Methane for Sustainable Energy Development / Y. Niu et al // *Molecules*. – 2024. – Т. 29, № 15. – S. 3494. <https://doi.org/10.3390/molecules29153494>. (In English).
2. Biotechnological potentials of surfactants in coal utilization: a review / N. Akimbekov et al // *Environmental Science and Pollution Research*. – 2024. – R. 1-20. (In English).
3. Optimization of extrinsic parameters for beneficiation of coal with the help of Cronobacter sp / S. Rai et al // *International Journal of Coal Preparation and Utilization*. – 2024. – Т. 44, № 10. – R. 1606-1621. (In English).
4. H₂ production from coal by enriching sugar fermentation and alkane oxidation with hyperthermophilic resistance microbes in municipal wastewater / H. Zhang et al // *Chemical Engineering Journal*. – 2024. – Т. 489. – R. 151487. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2024.151487>. (In English).
5. Symanowicz B. Brown coal waste in agriculture and environmental protection: A review / B. Symanowicz, R. Toczko // *Sustainability*. – 2023. – Т. 15, № 18. – R. 13371. <https://doi.org/10.3390/su151813371>. (In English).
6. Borrow pit disposal of coal mining byproducts improves soil physicochemical properties and vegetation succession / J. Bakr et al // *Agronomy*. – 2024. – Т. 14, № 8. – R. 1638. (In English).

7. Coal biotransformations under aerobic conditions: Screening and characterization of potential biocatalysts / A.N. Khan et al // International Journal of Coal Preparation and Utilization. – 2024. – T. 44, № 9. – R. 1266-1286. <https://doi.org/10.1080/19392699.2023.2270929>. (In English).
8. Study of the Possibility of Biorecultivation of Soils Contaminated with Brown Coal Waste / I. Akmaral et al // Journal of Ecological Engineering. – 2024. – T. 25, № 4. – R. 1-10. (In English).
9. Sharma A. Ecobiology of coal mines and spoils / A. Sharma, G. Sumbali // Journal of Applied and Natural Science. – 2019. – vol.11, № 3. – P. 624-631. (In English).
10. Studying the microbiological solubilization of brown coal / Unitsky A.E. et al // null. – 2022. – vol. 56, № 4. – P.1-15. <https://doi.org/10.46646/sakh-2022-2-322-324>. (In English).
11. Diversity patterns in microfloras recovered from Miocene brown coals of the lower Rhine Basin reveal distinct coupling of the structure of the peat-forming vegetation and continental climate variability / Utescher et al // Geological Journal. – 2020. – Vol. 56, № 4. – P. 1-18. <https://doi.org/10.1002/gj.3801>. (In English).
12. Changes in soil physico-chemical and microbiological properties during natural succession: a case study in lower subtropical china / X. Zhao et al // Frontiers in Plant Science. – 2022. – T. 13. – R. 878908. (In English).
13. Changes in soil physico-chemical and microbiological properties during natural succession on abandoned farmland in the Loess Plateau / B. Wang et al // Environmental Earth Sciences. – 2011. – T. 62. – R. 915-925. (In English).
14. Wastewater Treatment Using Membrane Bioreactor Technologies: Removal of Phenolic Contaminants from Oil and Coal Refineries and Pharmaceutical Industries / M.J. Khan et al // Polymers. – 2024. – T. 16, № 3. – R. 443. (In English).
15. Vítová M. Microbial recovery of rare earth elements from various waste sources: a mini review with emphasis on microalgae / M. Vítová, D. Mezricky // World Journal of Microbiology and Biotechnology. – 2024. – T. 40, № 6. – R. 1-13. (In English).
16. Weiler J. Coal waste derived soil-like substrate: An opportunity for coal waste in a sustainable mineral scenario / J. Weiler, B.A. Firpo, I.A.H. Schneider // Journal of Cleaner Production. – 2018. – T. 174. – R. 739-745. (In English).
17. Gawor L. Coal mining waste dumps as secondary deposits—examples from the Upper Silesian Coal Basin and the Lublin Coal Basin / L. Gawor // Geology, Geophysics and Environment. – 2014. – T. 40, № 3. – R. 285-289. (In English).
18. Feasibility study on the utilization of coal mining waste for Portland clinker production / B. Malagón et al // Environmental science and pollution research. – 2020. – T. 27, № 1. – R. 21-32. (In English).
19. GOST 17.4.4.02-2017. Okhrana prirody. Pochvy. Metody otbora i podgotovki prob dlya khimicheskogo, bakteriologicheskogo i gel'mintologicheskogo analiza. – Vved. 2019.01.01. M. Izd-vo standartov, 2017. – № 52. – 10 s. (In Russian).
20. Mikrobiologiya i virusologiya: uchebno-metodicheskoe posobie / sost. N.V. Shekhovtsova: Yarosl. gos. un. im. P.G. Demidova. – Yaroslavl': YaRGU, 2017. – 64 s. (In Russian).
21. Lavrenchuk L.S. Mikrobiologiya: praktikum / L.S. Lavrenchuk, A.A. Ermoshin: M-vo nauki i vyssh. obrazovaniya Ros. Federatsii, Ural. feder. un-t. – Ekaterinburg: Izd-vo Ural. un-ta, 2019. – 107 s. (In Russian).
22. Netrusov A.I. Mikrobiologiya: teoriya i praktika v 2 ch. Chast' 1: uchebnik dlya vuzov / A.I. Netrusov, I.B. Kotova. – Moskva: Izdatel'stvo Yurait, 2023. – 315 s. (In Russian).
23. Unifitsirovannye metody issledovaniya kachestva vod. Chast' IV. Metody mikrobiologicheskogo analiza vod. – M.: «SEHV», 1975. – 35 s. (In Russian).
24. Bergey's manual of systematic bacteriology / Don J. Brenner et al. – Izd. Springer. 2004. – T.1.2. – P. 400. (In English).
25. Satton D. Opredelitel' patogennykh i uslovno patogennykh gribov / D. Satton, A. Fotergil, M. Rinal'di. – M.: Mir, 2001. – 468 s. (In Russian).
26. PureLink™ Genomic DNA Kits. For purification of genomic DNA // https://docviewer.yandex.kz/view/0/?*=4l0. 15.08.2020. (In English).
27. The Taguchi methodology as a statistical tool for biotechnological applications: a critical appraisal / R.S. Rao et al // Biotechnology journal. – 2008. – vol. 3, № 4. – R. 510-523. <https://doi.org/10.1002/biot.200700201>. (In English).

28. Ehsanul Tanvir. Basic understanding of biostatistics is necessary for the study of biology particularly doing research in biological science. 27.12. 2020. – Importance of statistics in biotechnology | by Ehsanul Tanvir | Medium. <https://tanvirmahtab547.medium.com/importance-of-statistics-in-biotechnology-761fc226ff2a>. (In English).

А.Ж. Алихан*, А.У. Исаева^{1,2}, Д. Кудасова¹, Ж. Рахымбердиева^{1,2}, Ж. Рысбаева¹

¹Южно-Казахстанский университет имени М. Ауэзова,
160000, Республика Казахстан, Шымкент, Тауке-хан 5

²Шымкентский университет,
Республика Казахстан, Шымкент, Каратауский р/н, квартал 225, зд. 426
e-mail: akmaralka_050393@mail.ru

СОСТАВ МИКРОФЛОРЫ ОТХОДОВ ЛЕНГЕРСКОГО БУРОГО УГЛЯ

В данной статье проведены генетический анализ видовой идентификации состава естественной микрофлоры отходов бурого угольного производства Ленгерского месторождения Туркестанской области и ПЦР-анализ чистых штаммов микроорганизмов. Понимание экологического значения микроорганизмов в отходах бурого угля позволяет оценить их влияние на окружающую среду, сельское хозяйство и процессы производства энергии. Установлено, что в состав микрофлоры отходов бурого угля входят целлюлозоразрушающие и гетеротрофные бактерии, микромицеты и актиномицеты. Основной видовой состав был представлен из микромицетов представителями родов *Mucorales*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Candida*, из бактерий – представителями родов *Bacillus*, *Rodococcus*, *Pseudomonas*, а также представителями азотфиксирующих бактерий. В результате молекулярно-генетического анализа с целью идентификации штаммов бактерий методом секвенирования по Сэнгеру были выявлены: штамм LB.1 – *Priestia megaterium*, штамм LA.8 – *Pseudomonas* sp., штамм LB.M2 – *Aspergillus sydowii*. Данное исследование позволяет глубоко понять роль полезных микроорганизмов в промышленных отходах бурого угля в экологических процессах, их значимость в природе и на производстве. Полученные результаты исследований помогают определить пути эффективного использования микроорганизмов в отходах бурого угля для повышения плодородия почвы или использования в биотехнологических целях.

Ключевые слова: ПЦР, генетическая идентификация, микроорганизм, штамм.

A. Alikhan*, A. Issayeva^{1,2}, D. Kudasova¹, Zh. Rakhymberdieva^{1,2}, Zh. Rysbaeva¹

¹M. Auezov South Kazakhstan University,
160000, Republic of Kazakhstan, Shymkent, Tauke Khan 5

²Shymkent University,
160012 Republic of Kazakhstan, Shymkent, Karatau district, block 225, building 426
*e-mail: akmaralka_050393@mail.ru

COMPOSITION OF MICROFLORA OF LINGER BROWN COAL WASTE

This article presents a genetic analysis of the species identification of the natural microflora composition of brown coal waste from the Lenger deposit in the Turkestan region and a PCR analysis of pure microorganism strains. Understanding the ecological significance of microorganisms in brown coal waste allows us to assess their impact on the environment, agriculture and energy production processes. It has been established that the microflora of brown coal waste includes cellulose-destroying and heterotrophic bacteria, micromycetes and actinomycetes. The main species composition was represented by micromycetes from the genera *Mucorales*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Candida*, and bacteria from the genera *Bacillus*, *Rodococcus*, *Pseudomonas*, as well as nitrogen-fixing bacteria. As a result of molecular genetic analysis to identify bacterial strains using the Sanger sequencing method, the following were identified: LB.1 strain – *Priestia megaterium*, LA.8 strain – *Pseudomonas* sp., LB.M2 strain – *Aspergillus sydowii*. This research allows to deeply understand the role of beneficial microorganisms in industrial wastes of brown coal in ecological processes, their significance in nature and in production. The obtained research results help to determine the way of effective use of microorganisms in brown coal waste to increase soil fertility or use for biotechnological purposes.

Key words: PTR, genetic identification, microorganism, strain.

Авторлар туралы мәліметтер

Ақмарал Жапбарқызы Әлихан* – М. Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан университетінің «Биотехнология» кафедрасының 3-курс докторанты; Шымкент, Қазақстан; e-mail: akmaralka_050393@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-0237-158X>.

Ақмарал Өмірбекқызы Исаева – профессор, б.ғ.д., «Биология және экология» ҒЗИ директоры, Шымкент университетінің ғылым жөніндегі проректоры, М. Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан университетінің «Биотехнология» кафедрасының профессоры, Шымкент, Қазақстан; e-mail: akissayeva_@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8323-3982>.

Дариха Ераділқызы Құдасова – М. Әуезова атындағы Оңтүстік Қазақстан университеті, «Биотехнология» кафедрасының оқытушысы, Шымкент, Қазақстан; e-mail: darikha.kudasova@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8530-3443>.

Жанар Шерахметқызы Рахымбердиева – М. Әуезова атындағы Оңтүстік Қазақстан университетінің «Биология және География» кафедрасының доценті, Шымкент университетінің «Педагогика және психология» ҒЗИ директоры; Шымкент, Қазақстан; e-mail: rakhimberdiyeva_80@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9752-5986>.

Жанар Алтынбекқызы Рысбаева – «Биотехнология» кафедрасының 2 курс докторанты, Оңтүстік Қазақстан университеті. М. Әуезова, Шымкент; e-mail: rysbaeva_janar87@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-5119-8949>.

Сведения об авторах

Ақмарал Жапбарқызы Алихан* – докторант 3-го курса кафедры «Биотехнология» Южно-Казахстанского университета им. М. Ауэзова; Шымкент, Казахстан; e-mail: akmaralka_050393@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-0237-158X>.

Ақмарал Умирбековна Исаева – профессор, д.б.н., директор НИИ «Биология и экология», проректор по научной работе Шымкентского университета, профессор кафедры «Биотехнология» Южно-Казахстанского университета им. М. Ауэзова; Шымкент, Казахстан; e-mail: akissayeva_@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8323-3982>.

Дариха Ерадиловна Кудасова – преподаватель кафедры «Биотехнология», Южно-Казахстанского университета им. М. Ауэзова, Шымкент, Казахстан; e-mail: darikha.kudasova@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8530-3443>.

Жанар Шерахметовна Рахымбердиева – доцент кафедры «Биология и География», Южно-Казахстанского университета им. М. Ауэзова, директор НИИ «Педагогика и психология» Шымкентского университета; Шымкент, Казахстан; e-mail: rakhimberdiyeva_80@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9752-5986>.

Жанар Алтынбековна Рысбаева – докторант 2-го курса кафедры «Биотехнология», Южно-Казахстанского университета им. М. Ауэзова, Шымкент, Казахстан; e-mail: rysbaeva_janar87@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-5119-8949>.

Information about the authors

Akmaral Alikhan* – 3rd year doctoral student of the Department of Biotechnology of the M. Auevov South Kazakhstan University; Shymkent, Kazakhstan; e-mail: akmaralka_050393@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-0237-158X>.

Akmaral Issayeva – professor, Doctor of Biological Sciences, Director of the Research Institute of Biology and Ecology, Vice-Rector for Research of Shymkent University, professor of the Department of Biotechnology of the M. Auevov South Kazakhstan University; Shymkent, Kazakhstan; e-mail: akissayeva_@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-8323-3982>.

Darikha Kudasova – lecturer of the Department of Biotechnology, M. Auevov South Kazakhstan University, Shymkent, Kazakhstan; e-mail: darikha.kudasova@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8530-3443>.

Zhanar Rakhimberdieva – PhD, Associate Professor, Department of Biology and Geography, M. Auevov South Kazakhstan University; Director of the Research Institute of Pedagogy and Psychology of Shymkent University, Shymkent, Kazakhstan; e-mail: rakhimberdiyeva_80@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9752-5986>.

Zhanar Rysbaeva – 2 year doctoral student of the Department of Biotechnology, M. Auevov South Kazakhstan University, Shymkent, Kazakhstan; e-mail: rysbaeva_janar87@mail.ru. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-5119-8949>.

Редакцияға енуі 05.02.2025

Өңдеуден кейін түсуі 17.03.2025

Жариялауға қабылданды 18.03.2025