УДК 579.26: 631.4

МИКРОБНЫЕ СООБЩЕСТВА ВЫСОКОГОРНЫХ И НИЗКОТЕМПЕРАТУРНЫХ ПОЧВ ДОЛИНЫ СОН-КУЛЬ КЫРГЫЗСТАНА

[1]Доолоткельдиева Т.Д., [2]Бобушева С.Т., [3]Бектурганова Б.Ш.

[1]Кыргызско-Турецкий университет Манас, e-mail: tdoolotkeldieva@gmail.com;
[2]Кыргызско-Турецкий университет Манас, e-mail: e-mail: Saikal_B@mail.ru;
[3]Кыргызский национальный аграрный университет им. К.И. Скрябина, Бишкек, e-mail: Baku_KNAU@mail.ru

С помощью классического метода микробиологии и анализа последовательностей 16SrRNA впервые было изучено количественное соотношение и биоразнообразие микробных комплексов низкотемпературных почв долины Сон-Куль. Структура видового состава бактерий отличалась в почвах под различным покровом растительности по мере возрастания высоты местности. Анализ последовательностей 16SrRNA показал, что в летний период в почвах высокогорной долины Сон-Куль доминирующими филогенетическими группами были Actinobacteria (55,0%), Gammaproteobacteria (33,0%) и Firmicutes phyla (22,0%). Видовой состав обнаруженных функциональных групп бактерий дает основание полагать, что в почвах Сон-Кульской долины из-за постоянных низких температур в процесс минерализации органических растительных остатков вовлечена приемущественно автохтонная и зимогенная микрофлора, интенсивно разлагающая остатки за крайне короткий летний период.

Ключевые слова: высокогорные и низкотемпературные экосистемы, структура микробных сообществ, биоразнообразие почвенных микроорганизмов, экология микроорганизмов

THE HIGH MOUNTAIN AND LOW-TEMPERATURE SOILS OF SON-KUL VALLEY IN KYRGYZSTAN MICROBIAL COMMUNITY

[1]Doolotkeldieva T.D., [2]Bobusheva S.T., [3]Bekturganova B.S.

[1]The Kirghiz-Turkish Manas University, e-mail: tdoolotkeldieva@gmail.com;
[2]The Kyrgyz-Turkish Manas University, e-mail: Saikal_B@mail.ru;
[3]The Kyrgyz National Agrarian University of Skryabin, e-mail: Baku_KNAU@mail.ru

The quantitative correlation and the soil microbial communities' biodiversity of low-temperature soils of Son-Kul valley have been first studied by the classical microbiology method and the 16SrRNA sequence analysis. The structure of the bacterial species composition has been differed in soils under different vegetation with increasing altitude. The 16SrRNA sequence analysis had been showed, that the Actinobacteria (e.g.55,0%), the Gammaproteobacteria (e.g. 33,0%), and the Firmicutes phyla (e.g. 22,0%) were the dominant phylogenetic groups during the summer in the alpine soils of Son-Kul valley.Of the 10 studied sites in 5 sites the representatives of Actinobacteria phyla have been dominated. In other sites, under the meadow vegetation the representatives of Gammaproteobacteria phyla have been dominated. The species composition of the detected bacterial functional groups has been suggested to be assumed, that under constantly low temperatures conditions of Son-Kul Valley an autochthonous microflora is predominantly involved in the mineralization process of organic crop residues. And the zymogenic microflora is rapidly decomposed the organic crop residues for the extremely short summer period.

Keywords: high-and low-temperature ecosystems, the structure of microbial communities, soil microbial biodiversity, ecology of microorganisms

В условиях резкого перепада сезонных температур микроорганизмы, обладающие способностью расти в широком интервале температур, от отрицательных до 30 °С, ответственны за разложение органического вещества в холодное время года. Более того, в экосистемах, находящихся под воздействием постоянно низких температур, таких как океаны и полярные наземные регионы, наряду с истинными психрофилами обнаружены психротрофы, успешно развивающиеся в условиях, далеких от оптимальных [2].

Бактерии вместе с архей и вирусами являются важными двигателями таких биохимических процессов, как C, N, and S циклов, и непосредственно влияют на широкий круг функций экосистем [7].

Высокогорная долина Сон-Куль представляет собой уникальный и еще неисследованный уголок Земного шара с точки зрения изученности микробиологического биоразнообразия, которое определяет процессы распада и трансформации растительного органического вещества при низких температурных режимах. Данная территория сильно приподнята, включает окруженную со всех сторон горами высокогорную котловину озера Сон-Куль и находится на высоте более 3000 м над уровнем моря. Среднегодовая температура воздуха минус 2 °С. Лето дождливое, прохладное со среднемесячной температурой в июле 7–10 °С. Почвы здесь субальпийские и альпийские, лугового-степные и луговые.

Цель настоящей работы явилось изучение и сравнение численности, таксономической структуры сапротрофного блока бактерий в разных биотопах, расположенных на разных рельефах и высотных поясах Сон-Кульской долины для оценки роли почвенных микроорганизмов в трансформации органических растительных остатков в низких температурных жизненных условиях.

Материалы и методы исследования

Почвенные образцы были отобраны в летний период (в начале июля) из 10 биотопов по мере возрастания высоты от предгорной долины до вершины субальпийского и альпийского поясов (таблица).

При использовании традиционных методов микробиологии выделение сапротрофных бактерий осуществляли на плотных питательных средах: на мясо-пептонном агаре, РДА и СПА. Численность выражали в колониеобразующих единицах (КОЕ). Культивирование микроорганизмов проводили при температурах 5, 10, 20 и 28 °С.

Идентификацию бактерий проводили на основании их культуральных, морфо-физиологических особенностей [1].

Экстракция общей ДНК. Экстракцию проводили непосредственно из почвенной вытяжки в обогащенной среде, используя Ultra Clean ™ Soil DNA Isolation Kit и альтернативный протокол MO BIO Company.

Экстракция ДНК из чистых культур. Чистые культуры культивировали на МПА за 48 часов при температуре 25 °С. Клетки бактерий собирали на ранней стадии экспоненциальной фазы роста, и экстракцию ДНК проводили по протоколу MO BIO Company.

ПЦР анализ и амплификация генов. Амплификацию проводили на приборе Multigene Thermal Cycler (TC9600-G/TC, Labnet International), используя 15 µl PCR Master Mix (*Taq* DNA polymerase, $MgCl_2$, deoxyribonucleotide triphosphate и буферный раствор), 2 µl каждого праймера, 1 µl ДНК образца и 1 µl воды. ПЦР продукты были разделены в 1,0 % агарозном электрофорезном геле. Визуализацию геля проводили с помощью BioDoc-It™ системы (It™ Imaging Systems (Ultra-Violet Products Ltd) после окрашивания бромидом этидия.

Праймеры. Почти полной длины фрагменты гена 16Sp RNA были амплифицированы, используя следующие праймеры:

16S-27F (5′-AGAGTTTGATCMTGGCTCAG-3′)

и

1492R (5′-TACGGYTACCTTGTTACGACTT-3′).

Секвен-анализ был проведен в Macrogen Company (10F World Meridian Center, #60-24 Gasan-dong, Geumchun-gu Seoul, Korea, 153–023), выравнивание нуклеотидных последовательностей проводили с помощью Applied Biosystems 3730XL. Поиск нуклеотидных последовательностей в базе данных GenBank осуществлялся с помощью программы BLAST n (ttp://www.ncbi.nlm.nih.gov/ BLAST).

Филогенетический анализ проводили с помощью программы MEGA 4 [9].

Статистический анализ результатов проводили с использованием пакета программ SPSS 12.0. Рассчитывали среднеквадратичное отклонение (σ), результаты считали достоверными при $\sigma \leq 10\%$. При расчете достоверности получаемых разностей использовали критерий Стьюдента, принимая $P \leq 0{,}05$ за достоверный уровень значимости.

Места отбора почвенных образцов в долине Сон-Куль

Номера образцов	Описание местностей, растительность	Тип почвы	Температура воздуха, °С	Температура почвы, °С	Высота, м н. ур. моря	pH почвы
1	2	3	4	5	6	7
SK-1	Побережье озера Сон-Кол (10 м от берега). Растительность – низкотравные луга, доминирует обыкновенный шлемник. *(Scutelleriae gaericulata)*	Высокогорные торфяно-дерновидные	18,1	8,3	3027, N – 41° 45620° E – 075° 07,877°	7,777
SK-2	Местность 100 м от берега Сон-Куль. Луговые низкорослые разнотравные ассоциации. Доминируют эдельвейс (*Leontopodium fedschen-koanum*	Горные коричневые темные	18,1	10,0	3031, N – 41° 45,611° E – 075° 07,890°	7,173
SK-3	Впадина между предгорьями хребта «Суук колот» от озера 1,5 км, луговая разнотравная растительность, доминируют желтые герани и тюльпаны	Горно светло-коричневые	15,3	8,0	3095, N – 41° 45.286° E – 075° 07.974°	7,673
SK-4	**Хребет «**Суук колот» Растительность луговая, доминируют болотно-торфяные злаковые сообщества	Горные светло-коричневые	9,3	7,3	3200, N – 41° 45,123° E – 075° 07,995°	8,283
SK-5	Пойменные берега реки «Узун-Булак», луговая растительность, преобладают ковыль, герань	Высокогорные темно-каштановые	9,4	9,5	3088, N – 41° 42,279° E – 075° 04,410°	8,115
SK-6	Местность «Узун-Булак». Место, которое раньше интенсивно использовалось для содержания сельскохозяйственных животных. сильно удобрено навозом, преобладают одуванчик (*Taraxacum officinale*) и лапчатники	Горные темно-каштановые	9	8,6	3103 m N – 41° 42.224° E – 075° 04,465°	7,936

Окончание таблицы

1	2	3	4	5	6	7
SK-7	Предгорная местность «Кондой Тоо», южный хребет, горно-долинная низкорослая растительность, доминируют губоцветные ассоциации	Горные черноземовидные	8,1	8,4	3141, N – 41° 42,019° E – 075° 03,636°	7,593
SK-8	Вершина горы «Кондой Тоо». Рядом с горным ледником. Альпийские луга. Густые заросли ассоциации дикого лука и желтых тюльпанов	Горные темно-коричневые	11,6	8,9	3222, N – 41^0 41.929^0. E – 075^0 03.407^0	6,320
SK-9.	Вершина горы «Кондой Тоо», почва под ледником, влажность почвы – 100%, без растительности	Горно-светло-коричневые	11,7	0,0	3243, N – 41° 41,937° E – 075° 03,380°	6,596
SK-10	Вершина горы «Кондой Тоо», почва под тающим ледником, влажность почвы – 100%, без растительности	Горные светло-коричнвые	10,7	3	3244, N – 44° 41,963° E – 075° 03,310°	6,592

Результаты исследования и их обсуждение

Численность колониеобразующих единиц (КОЕ) аммонифицирующих бактерий, способных расти при температуре 20 °С

Численность бактерий, осуществляющих распад органических остатков в десяти исследованных образцов, взятых из различных биотопов, колебалась от 2,3·10^3 до 23,3·10^3 клеток г/почвы, что свидетельствует в целом о низкой биомассы бактерий в этом высокогорном регионе. Наиболее богатыми по содержанию аммонификаторов были темно-каштановые почвы местности «Узун-Булак», где КОЕ бактерий, использующих органический азот, составляло 23,3·10^3 клеток на г/почвы. Наиболее минимальные их значения были обнаружены в почве, взятой после таяния ледника (на высоте 3244 м н.у.м), где КОЕ составило 3·10^2 клеток на г/почвы (рис. 1).

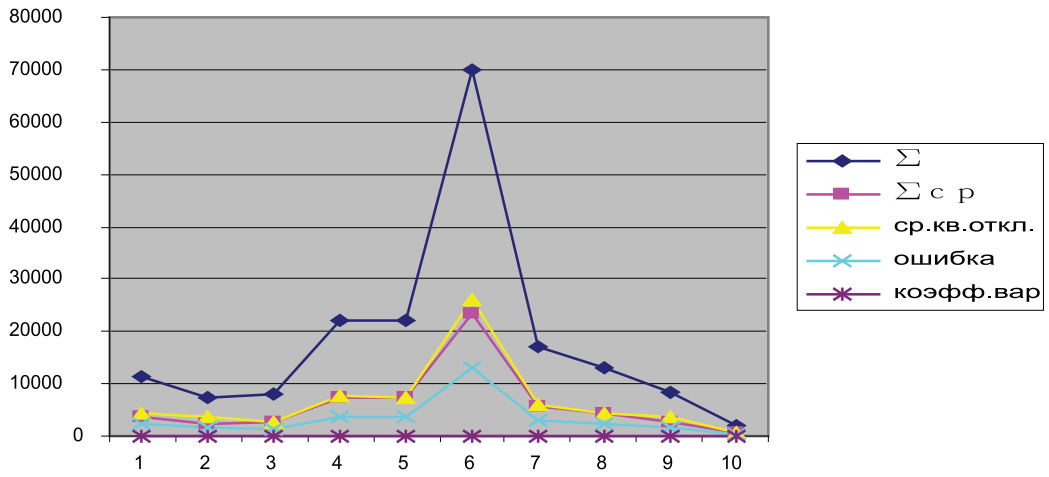

Рис. 1. Численность аммонифицирующих бактерий (колониеобразующие единицы – КОЕ) в исследованных почвенных биотопах:
1: SK-1; 2: SK-2; 3: SK-3; 4: SK-4; 5: SK-5; 6: SK-6; 7: SK-7; 8: SK-8; 9: SK-9; 10: SK-10

Биоразнообразие почвенных бактерий

Как показали наши исследования, в летний период в почвах высокогорной долины Сон-Куль доминирующими филогенетическими группами были *Firmicutes, Actinobacteria, Gammaproteobacteria, Betaproteobacteria.* Структура видового состава бактерий отличалась в почвах под различным покровом растительности по мере возрастания высоты местности.

На сайте SK-1 доминирующими были спорообразующие бактерии – представители филотипа *Firmicutes: Bacillus sp, Bacillus pumilus, Bac.safensis, Bac.altidudinus,*

а также неспорообразующие представители этой же филогенетической группы: Lactobacillus rhamnosus, Coprococcus eutactus, Dorea longicatena. Heliobacterium modesticaldum Ice1. Незначительную долю составили представители филотипа *Actinobacteria*: *Collinsella aerofaciens*, *Dermacoccus sp., Micrococcus sp.*

Тогда как на сайте SK-2 были обнаружены только неспорообразующие бактерии из филотипа *Gammaproteobacteria: Pseudomonas putida, Pseudomonas fluorescens, Pseudomonas migulae, Pseudomonas tolaasii, Ps. corrugata, Ps. thivervalensis, Ps. chlororaphis subsp.aurantiaca, Ps. brassicacearum, Ps. sp (рис. 2, 3).*

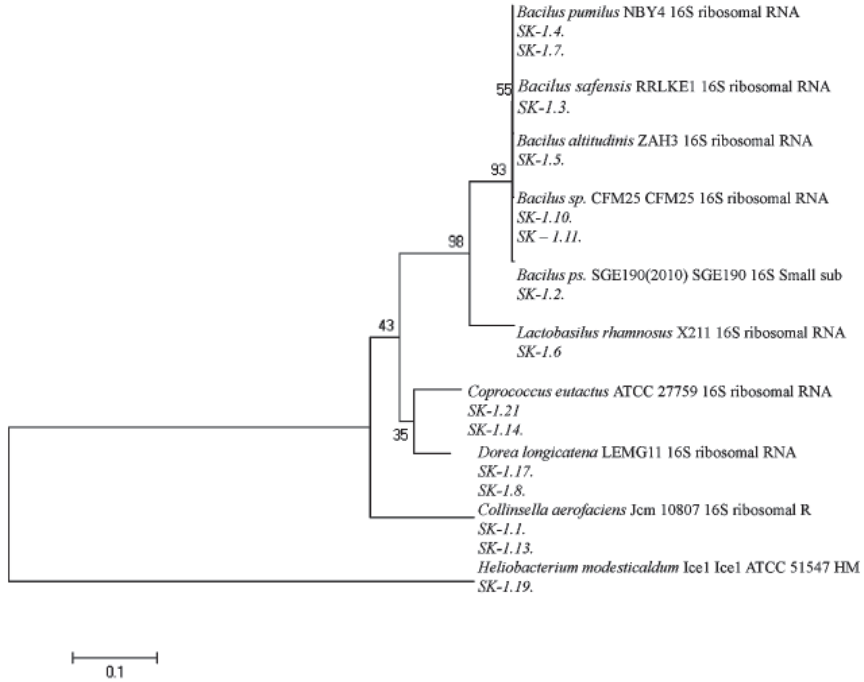

Рис. 2. Филогенетическое дерево бактерий обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-1, основанном на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

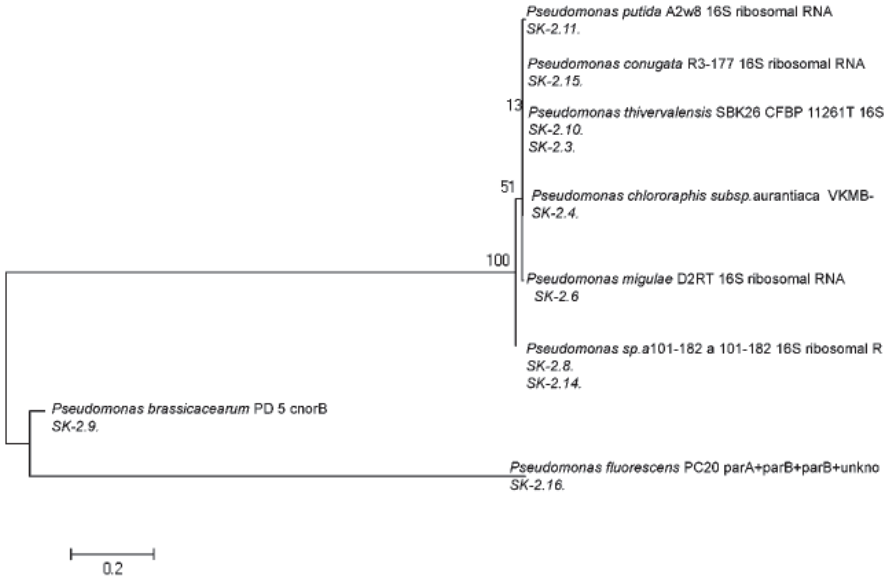

Рис. 3. Филогенетическое дерево бактерий, обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-2, основанном на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

На сайте SK-3 были обнаружены опять же бактерии рода *Pseudomonas*, но в отличие от предыдущего сайта в этой местности были обнаружены другие виды: *Ps. mandeli, Ps. thivervalensis*, *Ps. chlororaphis, Ps. mediterranea, Ps. frederiksbergensis, Ps. borealis, Ps. syringae, Ps. collierea, Ps. brenneri, Ps. marginalis, Ps. lin.*

Как известно, неспорообразующие бактерии как активные аммонификаторы осуществляют разложение свежего растительного опада, следовательно, их полное доминирование в этих двух биотопах свидетельствует об энергичном их вовлечении в процесс аммонификации в высокогорных лугах, представленных низкорослыми разнотравными сообществами.

На сайте SK-4 доминирующими были представители филотипа *Actinobacteria: Arthrobacter sp. Arth. Luteolus, Arth. koreensis, Nocardia sp., nanoD, Arth.sp.everest, Arth. gandavensis., Arth.citreus.,*а также были выявлены некультивируемые бактерии: *Uncultural bacterium (рис. 4, 5).*

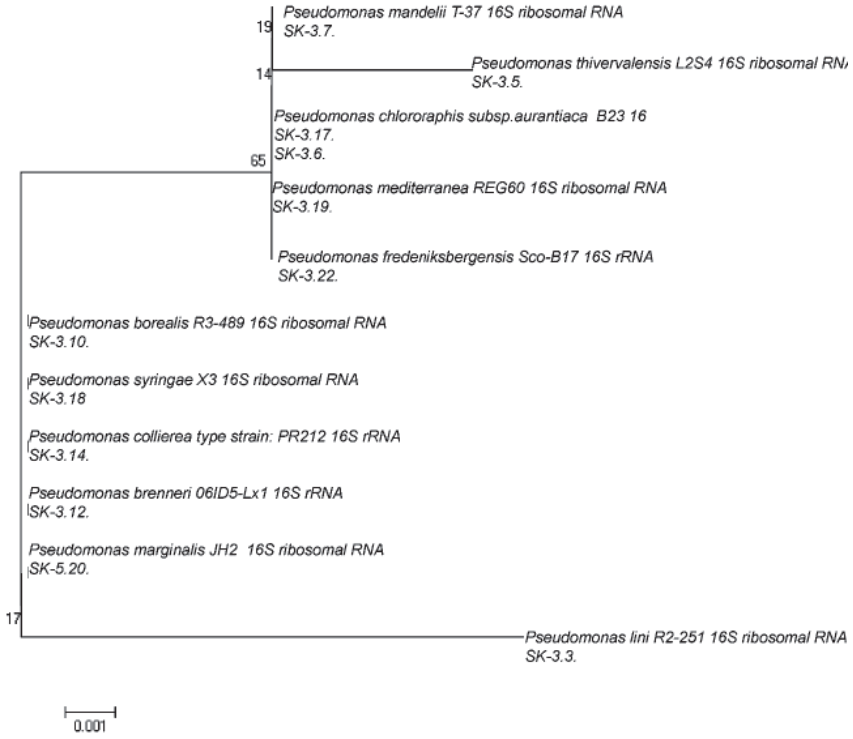

Рис. 4. Филогенетическое дерево бактерий, обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-3, основанном на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

На сайте SK-5 преобладали виды филотипа *Gammaproteobacteria*: *Stenotrophomonas rhizophila*, S. *maltophilia,* S. sp., uncultured *Stenotrophomonas,* также значительными были представители рода *Xanthomonas: Xanthomonas oryzae pv. oryzae, X.bacterium IK1*. Были обнаружены представители других филотипов в незначительном количестве. Например, из *Actinobacteria: Arthrobacter sp, из Firmicutes: Brevibacterium sp, из Bacteria: Uncultured bacterium sp*

На сайте SK-6. Эта местность прежде была интенсивно использована для содержания сельскохозяйственных животных, и сильна удобрена навозом, покрыта низкорослой растительностью. Обнаруженное бактериальное сообщество почти до 95% состояло из представителей филотипа *Actinobacteria.* Однако внутри этой филогенетической группы было выявлено более богатое родовое и видовое разнообразие. Так процент встречаемости 6 родов было выражен в следующих значениях: *Dermacoccus (46,15%), Terracoccus (23,076%), Janibacter (7,6), Luteipulveratus (7,6), Intrasporangium (7,6%) и, Yimella (7,6%).* Род *Dermacoccus* был представлен следующими видами: *D. profundi, D. barathni, D. abyssi, D. nishinomiyaensis, D. sp.Ellin. B* составе рода *Terracoccus* были обнаружены следующие виды: *Terracoccus sp. WPCB166, T.lapilli typestrain, T.terrae*. Род *Intrasporangium* был представлен одним видом – *Intrasporangium calvum.* Род *Janibacter* содержал один вид – *Janibacter sp. BSi20546.* Род *Luteipulveratu: Luteipulveratus mongoliensis*, Род *Yimella* также имел один вид – *Yimella lutea (рис. 6, 7).*

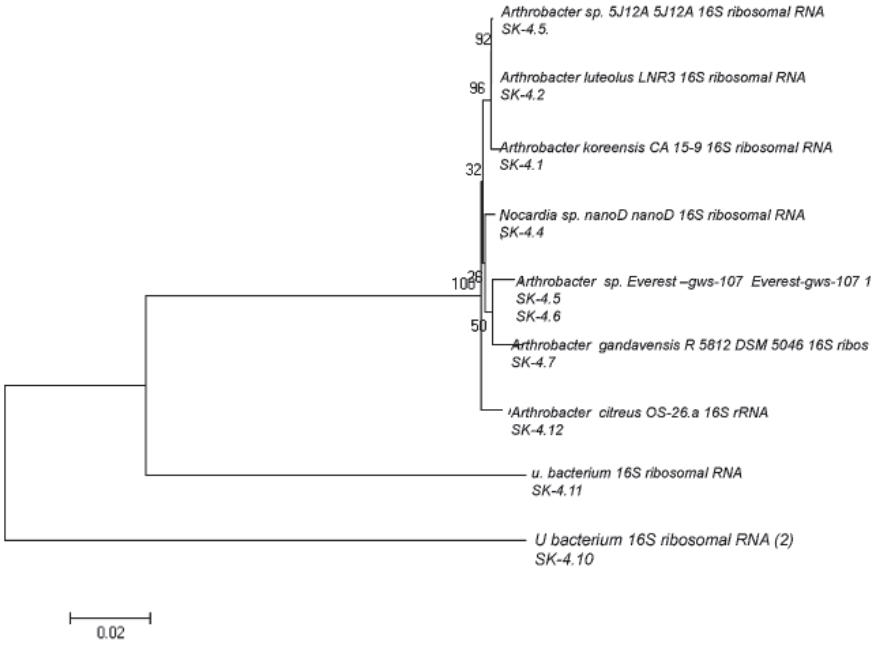

Рис. 5. Филогенетическое дерево бактерий, обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-4, основанном на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

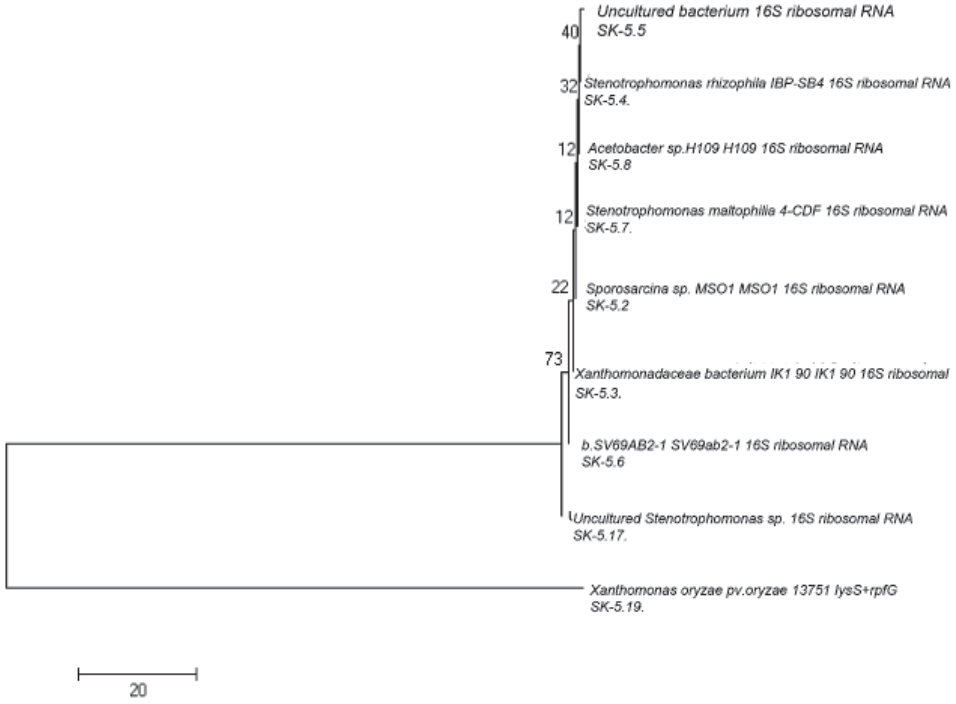

Рис. 7. Филогенетическое дерево бактерий, обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-6, основанном на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

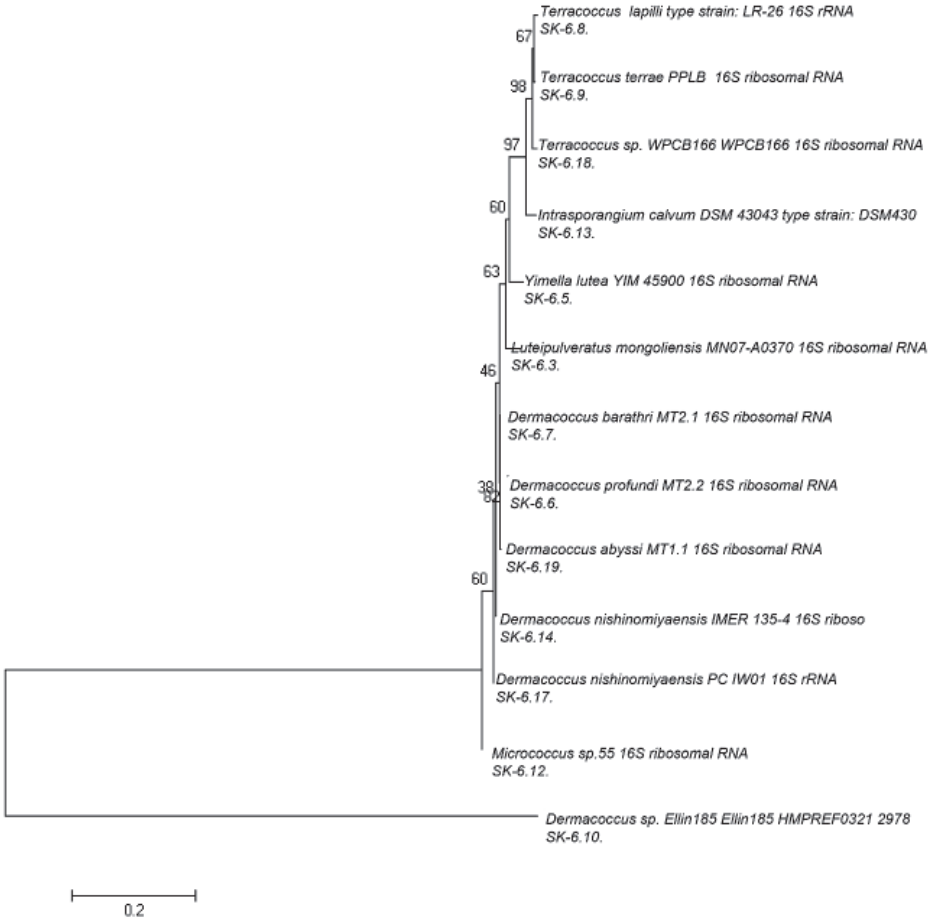

Рис. 6. Филогенетическое дерево бактерий, обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-5, основанного на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

На сайте SK-7 было выявлено богатое разнообразие бактерий из *Firmicutes, Actinobacteria, Gammaproteobacteria Alphaproteobacteria и Bacteria филотипов. Firmicutes* филотип был богаче представлен по видовому разнообразию и количеству обнаруженных видов: *Paenibacillaceae bacterium Ts2, Brevibacterium frigoritolerans, Sporosarcina sp. CL3.9, eubacterium sp. 11–12, Firmicutes bacterium. По* количеству обнаруженных видов и по разнообразию на второй позиции был филотип *Actinobacteria: Micrococcineae bacterium BF.10, Corynebacterineae bacterium CL1.15, Arthrobacter sp. 210_15,* затем *Bacteria phyla: glacial ice bacterium G500K-17, Antarctic bacterium L2, marine sponge bacterium plateOTU5.* Остальные филогенетические группы содержали по одному виду. Так *Gammaproteobacteria phyla: Lysobacter sp. CL4.11, Alphaproteobacteria phyla: Rhizobium sp. CL4.3.*

Здесь бактерии были представлены в основном связанные с корневой системой растений видами, например, *Paenibacillaceae,* а также связанные виды с растениями обитающими в торфяно-дернистых почвах, например виды: *Sporosarcina sp, Micrococcineae bacterium, Corynebacterineae bacterium*. Эти виды были обнаружены в таких же торфяных почвах других странах мира [3].

На сайте SK-8 обнаруженное микробное сообщество почти до 99,0% состояло из представителей *Actinobacteria* филотипа*: Rhodococcus sp. RE 59, Rh groberulus, Rh. gingshengii L-10, Rh. bonitorelans, Rh. erythropolis, Rh.sp. Nocardia coeliaca, N. globerula, N. bacteruim PhyCEM, N. bacteruim KDV, N. smegmatus str. actinobacterium CH21i, uncultured actinobacterium, а также* из *Bacterium* филотипа*: marine bacterium WP02-3-63 (рис. 8, 9).*

На сайтах SK-9 и SK-10 (вершина горы «Көңдөй Тоо», почва под ледником, влажность почвы – 100%, без растительности, тип почвы – горно-светло-коричневые) микробные сообщества были представлены из филотипа *Actinobacteria: Actinobacteria ilicis, Ac.oxydans, Ac.luteolus и др.,* среди них обнаружен вид, обитающий в леднике, – *Glasial ice bacterium (рис. 10).*

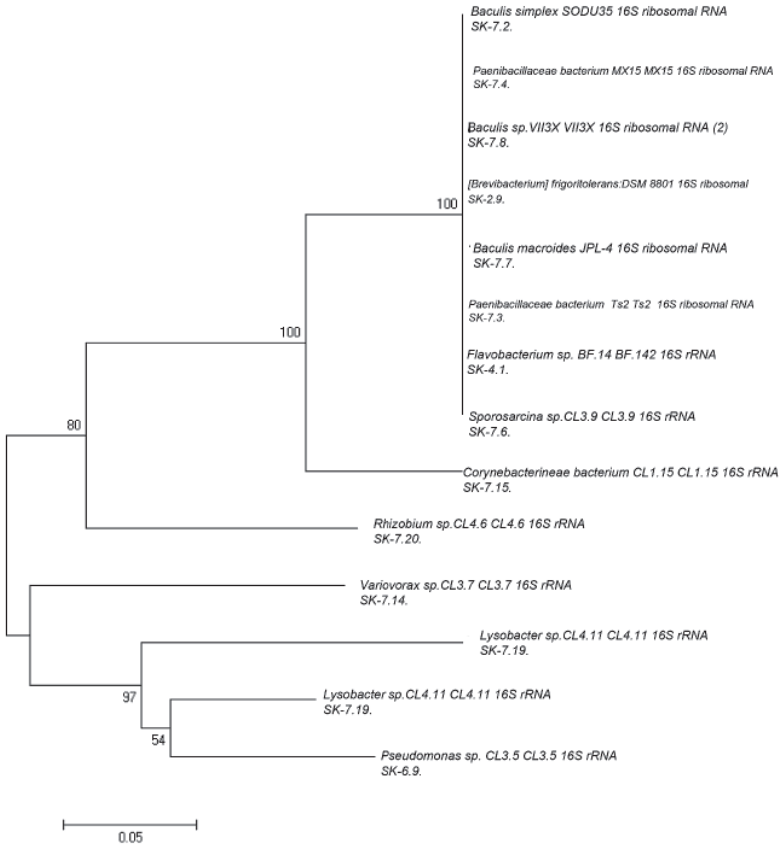

Рис. 8. Филогенетическое дерево бактерий, обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-7, основанного на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

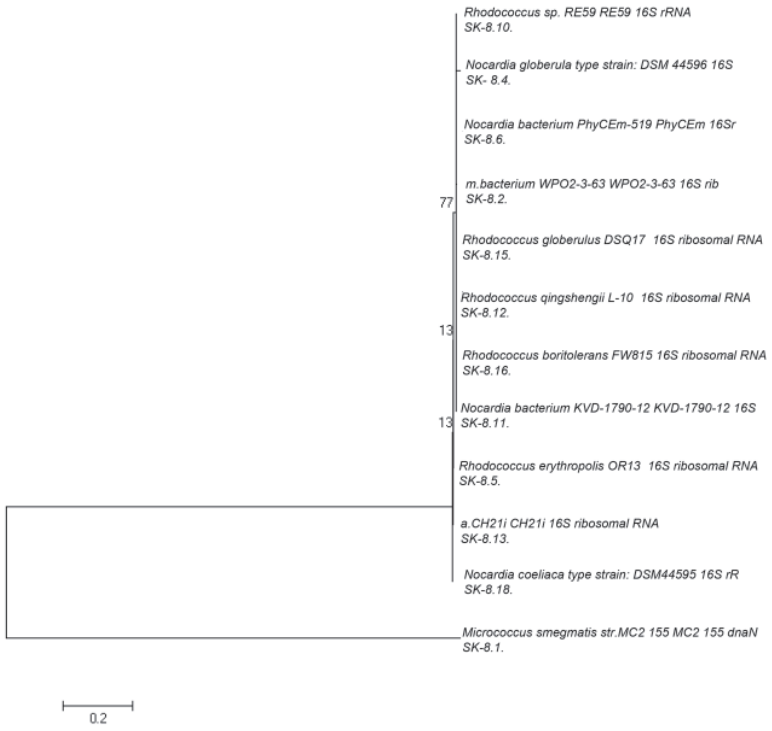

Рис. 9. Филогенетическое дерево бактерий, обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-8, основанного на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

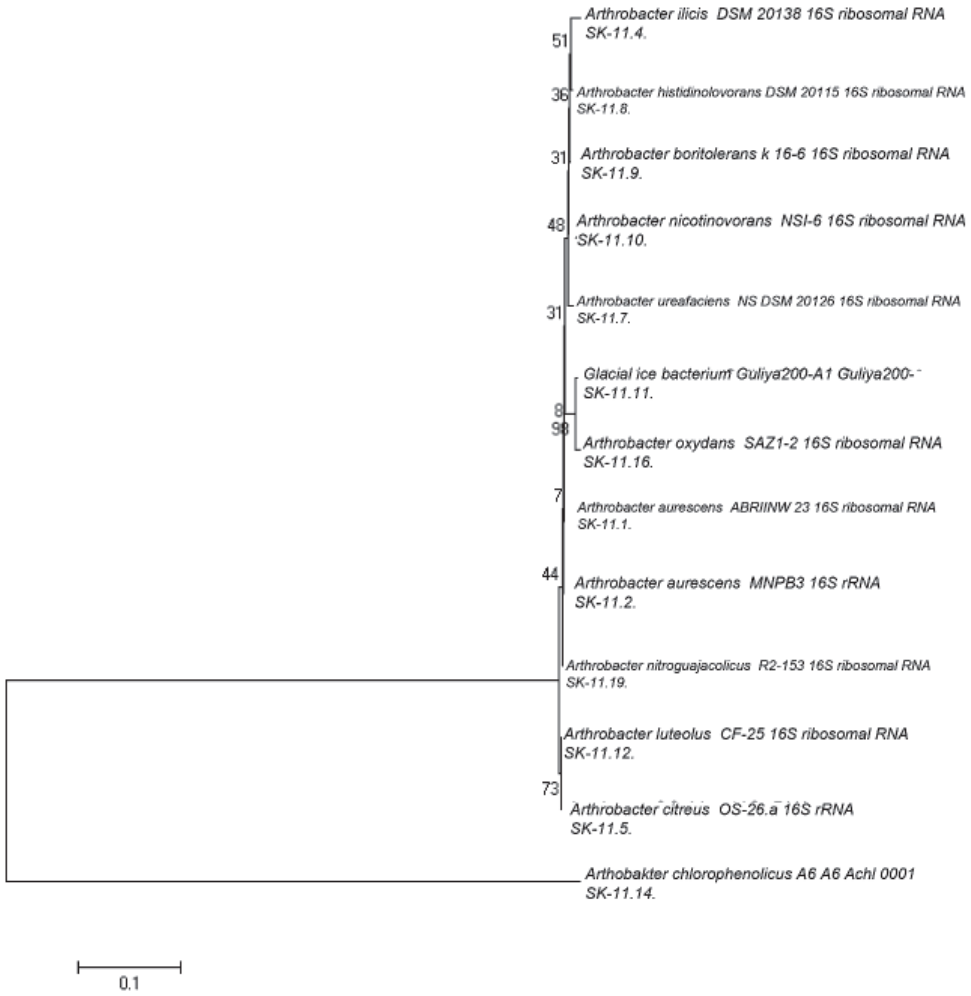

Рис. 10. Филогенетическое дерево бактерий, обнаруженных в почвах Сон-Кульской долины на сайте SK-9 и SK-10, основанного на анализе последовательностей 16SrRNA. Каждая группа содержит по крайней мере > 97% сходности последовательностей, имеющихся в Генбанке данных

Исследованные нами почвы высокогорной экосистемы Сон-Куль имели различные физико-химические и биологические характеристики, следовательно, различные местообитания отражали различие в фенотипе обитающих в почве микроорганизмов.

Почвенное органическое вещество влияет на почвенные функции и является ключевым компонентом глобального цикла углерода [4, 6].

Как показали результаты полученных данных, численность аммонифицирующих бактерий, способных расти при температуре 20 °С, участвующих в процессе разложения растительного опада, была невысокой, что свидетельствует о замедленном темпе распада свежего органического вещества. Полученные данные показали, что основными регулирующими факторами являются: наличие растительности, тип почвы, содержание органического вещества в почве и низкая температура даже в середине лета.

Самое максимальное количество аммонифицирующих бактерий было обнаружено в почве, богатой органическим веществом и покрытой под густой луговой растительностью. Самое минимальное количество выделенных бактерий было зафиксировано в почве под ледником, где почва была представлена с низким содержанием органического вещества и отсутствием растительности в этом биотопе, постоянной ниже нуля температурой.

Анализ 16SrRNA позволил выявить состав последовательностей ДНК бактерий непосредственно из почвенной экстракции, а также некоторые отличия по видовому биоразнообразию между бактериями, занимающими различные экологические ниши в исследованных биотопах. Как показали результаты исследований в неустойчивых холодных условиях проявляют активность представители как автохтонной, так и зимогенной популяции почвенных микробных

комплексов. В почвах Сон-Кульской долины, где температура крайне неустойчива и в разное время года может колебаться от – 50 до +18–20 °С, микробные сообщества биотопов были представлены преимущественно автохтонной популяцией. Так, из исследованных 10 биотопов в 5 представители филотипа *Actinobacteria* были доминирующими, т.е. почти 55,5% обнаруженного общего биоразнообразия было представлено этими бактериями. Представители *Actinobacteria* широко распространены в различных экосистемах земного шара, исследователи их выявляли в самых различных почвенных типах, среди них есть виды, адаптированные в холодных экстремальных условиях жизни. Так, обнаруженный нами вид *Janibacter sp. BSi20546 был выделен из льда Арктического Моря,* на берегах Канады [8]. Метаболизм представителей *Actinobacteria* рассчитан на усвоение органического *вещества.* Обычно группы бактерий *Nocardia и Arthrobacter* из этого филотипа представляют функцию, разлагающую гумусовые соединения в почве. Они свойственны более поздним стадиям распада органического вещества и предпочитают нейтральную среду.

Представители филотипа *Gammaproteobacteria* занимали вторую позицию по концентрации видов и представляли зимогенную популяцию. Они доминировали в почвах под сочной, низкорослой и луговой растительностью. Бактерии рода *Pseudomonas* из этого филотипа, как организмы, являющиеся пионерами освоения органических растительных остатков, были богато представлены в почвах высокогорной низкотемпературной долины. А также представители родов *Stenotrophomonas и Xanthomonas,* по ряду признаков родственные к *Pseudomonas,* были богато представлены в этих почвах и являются пионерами освоения органических растительных остатков, где медленно идет процесс минерализации.

Относительное изобилие этих протеобактерий зависит от химического состава растительных остатков. Это группа бактерий может служит хорошим индикатором разлагаемости растительных остатков и изменения течения процесса распада [5]. На поздних стадиях распада материал интенсивно разлагается с помощью *Actinobacteria* групп бактерий.

Следует отметить, что все вышеобнаруженные группы бактерий дали интенсивный рост при температуре 20 °С за 48 часов. Их можно отнести к психротрофам, которые отличаются более широкой областью температур роста и активности, чем психрофилы. Эти организмы способны обычно выдерживать длительное воздействие температур значительно выше максимальной температуры их роста. Не исключено, что эти организмы, растущие при низких температурах, устойчивы также к экстремальным значениям других физических и химических параметров.

Список литературы/References

1. Bergey's Manual of Determinative Bacteriology, Ninth Edition. W&W,USA, 2000. 787 p.

2. Microbial life in extreme environments. Edited by D.J. Kushner University of Ottava Academic Press London New York San Francisco. 1978. 504 p.

3. Cousin S., Brambilla E., Stackebrandt E. Spatial Bacterial Diversity in a Recent Freshwater Tufa Deposit. Geomicrobiology Journal. 2010. vol. 27, no. 4, pp. 275–291.

4. Lal R. Soil carbon sequestration impacts on global climate. Change and food security. *Science*. 2004. no. 304, p. 1623–162.

5. Noemie P., Lauric C., Olivier M., Catherine H., Amadou S., Jean L., Pascal F., Lionel R., Pierre -Alain M. In situ dynamics of microbial communities during decomposition of wheat, rape, and alfalfa residues. *Microb Eco*, 2010, Vol. l, no. 60, p. 816–828.

6. Piccolo A. Humus and soil conservation. In: PiccoloA (ed) Humic substances in terrestrial ecosystems. Elsevier, Amsterdam, 1996, pp. 225–264.

7. Schimel J. Ecosystem consequences of microbial diversity and community structure. In: Chapin FS, Korner C (eds) Arctic and Alpine biodiversity: patterns, causes, and ecosystem consequences. Springer, Berlin, 1995. pp. 239–254

8. Yu Y., Li H.R., Zeng Y. and Chen B. Extracellular enzymes of cold-adapted bacteria from Arctic sea ice, Canada Basin *Journal Polar Biol.* 32, 1539–1547.

9. Tamura K., Dudley J., Nei M., Kumar S.MEGA 4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4,0. *Mol. Biol. Evol.* 2007. Vol. 24. pp. 1596–1599.

Рецензенты:

Токтосунов А.Т., д.б.н., профессор, зав. кафедрой биоэкологии Кыргызского национального университета им. Ж. Баласагына, г. Бишкек;

Карабаев Н.А., д.с.-х.н., профессор, декан агрономического факультета Кыргызского национального аграрного университета им. К.И. Скрябина, г. Бишкек.

Работа поступила в редакцию 20.07.2012.