

MATERIALS
OF THE XV INTERNATIONAL SCIENTIFIC AND
PRACTICAL CONFERENCE

SCIENCE AND CIVILIZATION - 2019

30 January - 07 February , 2019

Volume 10

Biological sciences

Veterinary

Ecology

Medicine

Chemistry and chemical technology

SHEFFIELD
SCIENCE AND EDUCATION LTD
2019

SCIENCE AND EDUCATION LTD

Registered in ENGLAND & WALES Registered Number: 08878342

OFFICE 1, VELOCITY TOWER, 10 ST. MARY'S GATE,
SHEFFIELD, S YORKSHIRE, ENGLAND, S1 4LR

Materials of the XV International scientific and practical Conference
Science and civilization - 2019 , 30 January - 07 February , 2019 Biological
sciences. Veterinary. Ecology. Medicine. Chemistry and chemical technology.
: Sheffield. Science and education LTD -64 p.

Date signed for printing ,

For students, research workers.

Price 3 euro

ISBN 978-966-8736-05-6

© Authors , 2019

© SCIENCE AND EDUCATION LTD, 2019

CONTENTS**BIOLOGICAL SCIENCES****Microbiology**

Кистаубаева А.С., Батыкова Ж.К., Машжан А.С., Мусабеков Ж.Т.
 ТЕРМОФИЛЫ И ОСОБЕННОСТИ ЖИЗНИ ПРИ ВЫСОКИХ ТЕМПЕРАТУРАХ 3

The physiology of man and animals.

Шилина М.В., Глушаненко А.В., Глушаненко Г. ВЛИЯНИЕ РЕФЛЕКТОРНОЙ
 ГИМНАСТИКИ НА ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ СЕРДЕЧНОГО РИТМА (ВСР) У
 СТУДЕНТОВ I КУРСА 9

Шилина М.В., Лицкевич Т.Н. ОСОБЕННОСТИ ПИТАНИЯ ДЕТЕЙ
 ДОШКОЛЬНОГО ВОЗРАСТА, НЕ ПОСЕЩАЮЩИХ ДЕТСКИЕ ДОШКОЛЬНЫЕ
 УЧРЕЖДЕНИЯ 11

ECOLOGY**Environmental monitoring**

Лысенко И.В., Лысенко Н.В. REGULATORY AND LEGAL SUPPORT OF
 UKRAINE 13

CHEMISTRY AND CHEMICAL TECHNOLOGY

Жантасов М.К., Шуханова Ж.К., Жүніс Д.Ә., Орынбасаров А.К.,
 Ибрагимова З.А., Шегенова Г.К., Мутапов Е. ҚАБАТТАН МҰНАЙДЫ АЛУ
 МЕХАНИЗМІ БОЙЫНША ЗАМАНАУИ ҰСЫНЫСТАР 18

MEDICINE**Health organization**

Абдуов М.К. EFFECTIVE MECHANISMS OF CORPORATE MANAGEMENT IN CITY
 CLINICAL HOSPITALS IN THE INTERNATIONAL PRACTICE 22

Баранова І.І., Бреусова С.В., Нікітіна М.В. МЕДИЧНЕ ТА ФАРМАЦЕВТИЧНЕ
 ТОВАРОЗНАВСТВО 26

Pediatrics

Литвинова Т.В., Заболотняя Н.И. ХАРЧУВАННЯ ПРИ МУКОВІСЦИДОЗІ 30

Clinical medicine

Мокия-Сербина С.А., Заболотняя Н.И. ОЖИРІННЯ У ДІТЕЙ. 42

Гузенко В.И. СОВРЕМЕННЫЕ МЕТОДЫ ЛАБОРАТОРНОЙ ДИАГНОСТИКИ
 ТУБЕРКУЛЕЗА 48

Костюченко Н. В. ДІАГНОСТИЧНА ЦІННІСТЬ ВИЗНАЧЕННЯ МУЗИЧНОГО
 СЛУХУ ПРИ ПСИХІЧНИХ РОЗЛАДАХ ЕНДОГЕННОГО СПЕКТРУ 57

VETERINARY**Zooengineers**

Скляренко О.В., Герасимов В.І. ЗАПРЯГ КОНЕЙ У ТРІЙКУ – КРАСА ТА СИЛА
 60

CONTENTS **64**

BIOLOGICAL SCIENCES

Microbiology

Кистаубаева А.С., Батыкова Ж.К., Машжан А.С., Мусабеков Ж.Т.

Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Казахстан

ТЕРМОФИЛЫ И ОСОБЕННОСТИ ЖИЗНИ ПРИ ВЫСОКИХ ТЕМПЕРАТУРАХ

Археи стали одним из наиболее интересных объектов современной микробной биотехнологии, молекулярной биологии и биохимии. Интерес к ним возник с момента описания архей Карлом Во́зе в качестве отдельного домена, наряду с бактериями и эукариотами, домена живых существ. Решающим аргументом в пользу того, что археи образуют третий домен живых организмов, вместе с бактериями и эукариотами стало создание единой филогенетической системы прокариот, основанной на сравнении последовательностей генов 16S рибосомальной РНК, – консервативных участков генома, имеющих у всех микроорганизмов. Этот подход нашел в дальнейшем широкое применение в филогенетическом анализе как культивируемых архей, так и «некультивируемых» линий, представленных исключительно нуклеотидными последовательностями генов 16S рРНК, выделенных из природных источников [1, 2]. Длительное время наиболее известной группой архей были метаногены, широко распространенные в различных анаэробных местообитаниях. Другие археи рассматривались как «экстремофилы», обитающие в специфических экологических нишах, в которых не могут развиваться другие организмы.

Умеренно-термофильные микроорганизмы, растущие при температуре 50–60°C, были известны ещё с начала XX в. Они обычные компоненты многих микробных сообществ и получают преимущества для роста при временных повышениях температуры (например, при компостировании). Однако лишь в 1970-е годы Т. Брок [3] обнаружил, что горячие источники вулканического происхождения населены микроорганизмами гипертермофилами. Гипертермофилы относятся к филогенетически удаленным группам и могут представлять довольно древние механизмы приспособления к теплу. Гипертермофильные микроорганизмы были открыты в начале 1980-х годов

немецкими микробиологами В. Циллигом и К. Штеттером. Как правило, они растут быстрее всего при температуре от 80 °С до 100 °С [4].

Термофильные археи были обнаружены в горячих источниках Йеллоустонского парка США, Исландии, Камчатки, Новой Зеландии и т.д. Среди архей были выделены микроорганизмы, живущие при экстремальных значениях одновременно и температуры, и рН – термоацидофилы и термоалкалифилы [5]. Археи были найдены в глубоководных гидротермах на глубинах более 1000 м, где вода остается жидкой даже при температуре, значительно превышающей 100°, в том числе так называемых «чёрных курильщиках» – глубоководных гидротермах, где за счёт гидростатического давления температура воды значительно превышает точку кипения. Несмотря на неспособность расти при низких температурах, гипертермофилы могут выживать в течение длительного времени при температуре окружающей среды. Эта способность может быть существенной для распространения через холодную атмосферу и гидросферу [6, 7]. Работы последних двух десятилетий, в первую очередь связанные с анализом последовательностей генов рибосомных 16S РНК, выделенных непосредственно из природных источников, показали, что археи распространены глобально и встречаются в почвах [8], морской воде [9] и донных осадках [10], пресных водоемах [11], глубинных подземных местообитаниях [12], кишечнике человека и животных [13]. Во многих местообитаниях археи являются важными компонентами сообществ, например, в мировом океане их доля оценивается в 10–40% всех микроорганизмов [14]. Широкое распространение и многочисленность архей в различных морских и наземных экологических нишах свидетельствует о том, археи могут играть важную роль в глобальных биогеохимических процессах. Для культивирования гипертермофилов можно брать пробы из аэробных и анаэробных источников из горячей воды, отложений и камней. В лабораторных условиях используя определенные питательные среды можно выращивать некоторые виды термофилов, состав среды и условия культивирования зависят от типа микроорганизма. Несмотря на развитие технологии культивирования микроорганизмов очень большая часть все еще остается невозможным для вынашивания в *in vitro*.

Учитывая большой интерес к археям, успехи в изучении их молекулярной биологии, эволюции и метаболизма до середины 1990-х гг. были весьма ограничены. Это во многом было связано со сложностью культивирования

большинства этих микроорганизмов и практически полным отсутствием генетических «инструментов». Многие эволюционно древние линии архей, известные по последовательностям 16S рНК из природных источников, до настоящего времени не имеют представителей, культивируемых в лабораторных условиях, и остаются практически не изученными. Поэтому успехи в развитии геномики, вызвавшие в середине 1990-х гг. «геномную революцию» в микробиологии, внесли особенно заметный вклад в исследование архей [15]. Развитие геномных технологий позволило секвенировать геномы «некультивируемых» архей непосредственно из накопительных культур [16], метагеномных образцов [17] и даже из единичных клеток [18]. К 2018 г. расшифровано уже двухсот полных геномов архей [19].

Размеры геномов архей находятся в диапазоне от 0,49 МВ до 5,75 МВ. Как и у бактерий, размер генома архей определяется совокупностью генетических процессов, включающих дупликацию генов с их последующей диверсификацией, приобретение генов в результате событий горизонтального переноса, потерю генов в отдельных линиях и др. Размер генома в абсолютном большинстве случаев прямо пропорционален числу кодируемых генов, в соотношении примерно один ген на тысячу нуклеотидов. Все геномы архей представляют собой кольцевые молекулы ДНК, как правило, имеется одна хромосома, исключением является *H. marismortui*, которая содержит две кольцевые хромосомы. Все плазмиды архей также имеют кольцевую форму, линейные репликоны до настоящего времени обнаружены не были. Как и у бактерий, хромосомы большинства архей содержат единственный сайт инициации репликации [20, 21], хотя у некоторых архей было обнаружено два или три *ori* сайта, активных одновременно [22]. Однако ферментативный аппарат системы репликации ДНК у архей близок к эукариотическому, а не к бактериальному. G+C состав архейных геномов варьирует от 27,63% (*M. stadtmanae*) до 68,01% (*H. salinarum*). Отметим, что G+C состав у архей не коррелирует с температурой роста. Для геномов большинства гипертермофильных видов характерен низкий G+C состав, а стабильность хромосомы обеспечивается комплексом ДНК связывающих белков. Практически единственным белком, специфическим для гипертермофилов, является обратная гираза, фермент, способный обеспечивать положительную сверхспирализацию ДНК. Роль этого фермента *in vivo* до конца неясна, однако

он имеется не только у архей, но и у гипертермофильных бактерий, которые, вероятно, получили его в результате горизонтального переноса генов от архей [23].

Интроны у архей часто встречаются в генах рибосомных и транспортных РНК [24, 25]. В геномах архей обнаружены мобильные элементы различных типов. К ним относятся транспозоны, кодирующие ферменты, необходимые для их перемещения, а также миниатюрные инвертированные повторяющиеся элементы (MITE). В большинстве геномов архей были найдены последовательности, представляющие собой кластеры из коротких повторяющихся последовательностей (от 20 до 40 п.н.), разделенных спейсерами с уникальными последовательностями. Эти кластеры, которые также присутствуют в геномах многих бактерий, были названы CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Palindromic Short Repeats) [26]. Предполагается, что спейсерные последовательности «отбираются» из вирусов, плазмид и транспозонов [27], а роль CRISPR систем состоит в блокировании распространения мобильных элементов, последовательности которых совпадают с последовательностями спейсеров, с помощью механизма, напоминающего РНК интерференцию у эукариот [28 - 30].

Интерес к геномике архей продолжает сохраняться, и во многом будет даже увеличиваться в будущем. Работы последнего десятилетия выявило, что известные «культивируемые» линии составляют лишь малую часть истинного разнообразия архей в экологических нишах. Большинство этих линий остается некультивируемыми в лабораторных условиях, что делает метагеномный анализ основным инструментом их изучения. Ближайшее время основные достижения в области геномики архей будут связаны с расшифровкой геномов «некультивируемых» линий непосредственно из накопительных культур, метагеномных образцов и геномов единичных клеток.

Литература:

1. Woese C. R., & Fox G. E. Proceedings of the National Academy of Sciences. – 1977. – № 74(11). - P. 5088–5090.
2. Barns S.M., Delwiche C.F., Palmer J.D. and Pace N.R. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 1996. - № 93. – P. 9188–9193.

3. Brock T.D. N. Y.: Springer-Verlag, 1978. – 465 p.
4. Huber R., Kurr M., Jannasch H.W. and Stetter K.O. *Nature*. – 1989. - № 342. – P. 833-834.
5. Schleper, C., Puehler, G., Holz, I., et al. *J. of Bacteriol.* – 1995. - № 177. – P. 7050–7059.
6. Stetter K.O. *FEMS Microbiol. Revs.* 1996. V.18. P. 149–158.].
7. Huber, R., Stoffers, P. et al. *Nature*. – 1990. – V 345. – P. 179-182
8. Ochsenreiter T., Selezi D., Quaiser A., Bonch Osmolovskaya L., et al, *Environ. Microbiol.* – 2003. № 5. – P. 787–797.
9. DeLong E.F. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 1992. - V 89. P. 5685–5689.
10. Witte, U., and Pfannkuche, O. *A Nature*. – 2000. - V 407. - P. 623–626.
11. Keough B.P., Schmidt, T.M., Hicks R.E. *Mic. Ecol.* – 2003. V 46. – P. 238–248.
12. Takai, K., Moser, D.P., DeFlaun, M., Onstott, T.C., and Fredrickson, J.K. *Appl. Environ. Microbiol.* – 2001. - V 67. - P. 5750–5760.
13. Lepp P.W., Brinig M.M., Ouverney C.C., et al. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 2004. V 101. – P. 6176–6181.
14. Karner M.B., DeLong E.F., Karl D.M. *Nature*. – 2001. - V 409. – P. 507–510.
15. Марданов А.В., Равин Н.В. *Биохимия*. – 2012. - № 8. С. 965-980.
16. Elkins J.G., Podar M., Graham D.E., Makarova K.S., et al. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. – 2008. - V 105. - P. 8102–8107.
17. Nunoura, T., Takaki, Y., Kakuta, J., Nishi, S., et al. *Nucleic Acids*. – 2011. - V 39. - P. 3204–3223.
18. Blainey, P.C., Mosier, A.C., Potanina, A., Francis, C.A., and Quake, S.R. *PLoS One*. – 2011. - V 6. – P. 1-12. (e16626).
19. Бонч-Осмоловская Е.А., Равин Н.В. *Вестник российской академии наук*. – 2010. № 80. - С. 977–984.

20. Matsunaga, F., Forterre, P., Ishmo, Y., and Myllykallio, H. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* – 2001. – V 98. – P. 11152–11157.
21. Myllykallio, H., Lopez, P., Lopez Garcia, P., et al. *Science.* – 2000. - V 288. P. 2212–2215.
22. Robinson, N.P., and Bell, S.D. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* – 2007. - V 104. – P. 5806–5811.
23. Forterre, P. *Curr. Opin. Microbiol.* – 2002. - V 5. – P. 525–532.
24. Kjems, J., and Garrett, R.A. *Cell.* – 1988. - V 54. - P. 693–703.
25. Kjems, J., Leffers, H., Olesen, T., and Garrett, R.A. *J. Biol. Chem.* – 1989. – 264. – P. 17834–17837.
26. Jansen R., Embden J.D., Gaastra W., and Schouls L.M. *Mol. Microbiol.* – 2002. - V 43. – P. 1565–1575.
27. Mojica F.J., Diez-Villasenor C., Garcia-Martinez J., and Soria E. *Mol. Evol.* – 2005. - V 60. - P. 174–182.
28. Liljestol, R.K., Redder, P., Garrett, R.A., et al. *Archaea.* – 2006. - V 2. - 59–72.
29. Barrangou, R., Fremaux, C., Deveau, H., et al. *Science.* – 2007. – V. 315. P. 1709–1712.
30. Marraffini, L.A., and Sontheimer, E.J. *Nat. Rev. Genet.* – 2010. - V 11. - P. 181–190.