

**МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛКИ БЕЛАРУСЬ**  
**БЕЛОУРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ**  
**БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ**  
**Кафедра генетики**

ГАВРИК  
Алёна Викторовна

**ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ПРИРОДНЫХ  
ИЗОЛЯТОВ ГРАМПОЛОЖИТЕЛЬНЫХ  
МИКРООРГАНИЗМОВ ДЛЯ ПОИСКА ПРОДУЦЕНТОВ  
ЛИТИЧЕСКИХ ФЕРМЕНТОВ**

Аннотация  
к дипломной работе

Научный руководитель:  
кандидат биологических наук,  
доцент А. В. Лагодич

Минск, 2021

## РЕФЕРАТ

Дипломная работа 49 с., 11 рис., 4 табл., 32 источника.

*Ключевые слова:* экстремофильные микроорганизмы, экзоферментативная активность, изолят *Bacillus subtilis*, выделение ДНК, электрофоретический анализ, термоустойчивость.

*Объект исследования:* в работе исследовались образцы природных изолятов спорообразующих бактерий, выделенных из почвы.

*Цель:* Выделение природных изолятов спорообразующих микроорганизмов, изучение их экзоферментативной активности и определение принадлежности к роду *Bacillus*.

*Результаты работы:*

В ходе выполнения дипломной работы из 10 источников было получено 55 изолятов с морфологией, характерной для представителей рода *Bacillus*. Для них были определены спектр и величина ферментативных активностей. Было установлено, что исследуемые изоляты обладают амилолитической, протеолитической, целлюлолитической и пектолитической активностями. Так же были определены температурные интервалы их физиологической активности.

Изоляты 1.2, 2.8, 3.12, 4.16, 5.13, 6.21, 7.1, 9.16 обладают повышенным уровнем экзоферментативной активности, для них были получены препараты тотальной ДНК и ампликоны последовательности гена 16S РНК, используемые для родовой и видовой идентификации выделенных изолятов и оценке их биотехнологического потенциала.

## РЭФЕРАТ

Дыпломная праца 49 старонкі, 11 малюнкау, 4 табліцы, 32 крыніцы.

Ключавыя слова: экстремафільныя мікраарганізмы, экзаферментаціуная актыўнасць, ізялят *Bacillus subtilis*, вылучэнне ДНК, электрафарытычны анализ, тэрмавустойлівасць.

Аб'ект даследавання: У працы даследаваліся ўзоры прыродных ізялятаў спораобразуючых бактэрый, выдзеленых з глебы.

Мэта: вылучэнне і дослед прыродных ізялятоў спораобразуючых экстрэмальних мікраарганізмаў, вызначэнне іх ферментаціунай актыўнасці і прыналежнасці да роду *Bacillus*.

Вынікі працы:

У ходзе выканання дыпломнай працы з 10 крыніц было атрымана 55 ізялятаў з марфалогіяй, характэрнай для прадстаўнікоў роду *Bacillus*. Для іх былі вызначаны спектр і велічыня ферментатыўных актыўнасцяў. Было вызначана, што даследныя прадстаунікі валодаюць амилалітычнай, пратэялітычнай, целлюлалітычнай і пекталітычнай актыўнасцямі. Гэтак жа былі даследаваны іх температурныя інтэрвалы іх фізіялагічнай актыўнасці.

Узоры 1.2, 2.8, 3.12, 4.16, 5.13, 6.21, 7.1, 9.16 валодаюць павышаным уздоўнем экзоферментаціунай актыўнасці, таму для іх былі атрыманы прэпараты татальнай ДНК і ампліконы паслядоўнасці гена 16S РНК, якія ў наступным могуць быць задзейнічаны ў наступнай працы па ідэнтыфікацыі атрыманых ізялятаў і ацэнцы іх біятэхнолагічнага патэнцыялу.

## **ABSTRACT**

Diploma project 49 p., 11 fig., 4 table., 32 source.

Key words: extremophilic microorganisms, exoenzymatic activity, *Bacillus subtilis* isolate, DNA isolation, electrophoretic analysis, thermal stability.

Object of research: the study examined samples of natural isolates of spore-forming bacteria isolated from the soil.

Purpose: Isolation and study of natural isolates of spore-forming extremophilic microorganisms, determination of their belonging to the genus *Bacillus*.

Results of the work:

In the course of the thesis, 55 isolates with a morphology characteristic of representatives of the genus *Bacillus* were obtained from 10 sources. The spectrum and magnitude of the enzymatic activities were determined for them. It was found that the studied samples have amylolytic, proteolytic, cellulolytic and pectolytic activities. The temperature ranges of their physiological activity were also determined.

Samples 1.2, 2.8, 3.12, 4.16, 5.13, 6.21, 7.1, 9.16 They have an increased level of exo-enzymatic activity, so for them, total DNA preparations and amplicons of the 16S RNA gene sequence were obtained, which can later be used in subsequent work on the identification of the obtained isolates and the assessment of their biotechnological potential.