

МОНИТОРИНГ МИКРООРГАНИЗМОВ ОТКРЫТОЙ ЭКОСИСТЕМЫ ЯКУТСКОЙ СТАНЦИИ НИЗКОТЕМПЕРАТУРНЫХ ИСПЫТАНИЙ¹

MONITORING OF MICROORGANISMS IN THE OPEN ECOSYSTEM OF THE YAKUTSK LOW-TEMPERATURE TESTING STATION

**L. Erofeevskaya
A. Kychkin
A. Saltykova
A. Vit**

Summary. In the modern scientific context, the relevance and significance of the study of microbiological aspects of the bio expression of polymer composites, especially in the conditions of the Republic of Sakha (Yakutia), require a thorough scientific analysis and a multifaceted approach. The extreme climatic conditions of this territory can contribute to the accelerated destruction of composite materials under the influence of climatic factors, which, in turn, creates a predisposition to bio-contamination and exacerbates the degradation processes of these materials. The purpose of this work is to analyze the dynamics of changes in the microflora of the environment affecting experimental samples of polymer composites exhibited in the open ecosystem of the low-temperature testing station located in the city of Yakutsk. As a result of the conducted microbiological studies, significant data were obtained on the structure and dynamics of microbial communities on the territory of the station. These data indicate that certain changes are observed in the composition and level of contamination of samples in an open ecosystem, which are probably due to the influence of various biotic and abiotic factors. Among such factors, it is possible to distinguish the circulation of various groups of microorganisms in the environment, as well as the level of humidity and the availability of nutrients necessary for the vital activity of microorganisms. The obtained results emphasize the importance of an integrated approach to studying the interaction of microflora with polymer composite materials in extreme climate conditions, which opens new horizons for further research in this area.

Keywords: polymer composite materials, biodegradation, microorganisms, mold fungi, environment, ecotopes.

Ерофеевская Лариса Анатольевна

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Институт проблем нефти и газа СО РАН (обособленное подразделение) Федеральный исследовательский центр «Якутский научный центр Сибирское отделение Российской академии наук»
lora-07.65@mail.ru

Кычкин Анатолий Константинович

кандидат технических наук, ведущий научный сотрудник, Институт физико-технических проблем Севера им. В.П. Ларионова СО РАН (обособленное подразделение) ФГБНУ Федеральный исследовательский центр, «Якутский научный центр Сибирское отделение Российской академии наук»
kychkinplasma@mail.ru

Салтыкова Анастасия Леонидовна

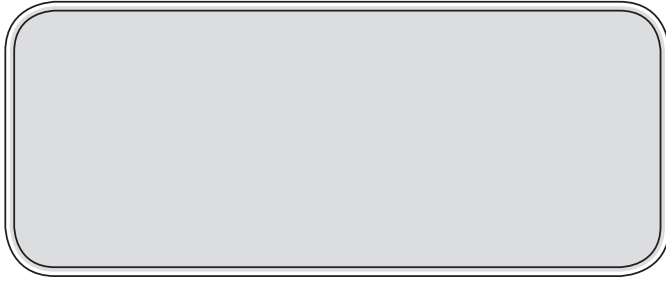
аспирант, младший научный сотрудник, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Федеральный исследовательский центр «Якутский научный центр Сибирское отделение Российской академии наук»
ny97@mail.ru

Вит Алина Александровна

аспирант, инженер, Институт проблем нефти и газа СО РАН (обособленное подразделение), Федеральный исследовательский центр «Якутский научный центр Сибирское отделение Российской академии наук»
alina_vit@list.ru

Аннотация. В современном научном контексте актуальность и значимость исследования микробиологических аспектов биопоражения полимерных композитов, особенно в условиях Республики Саха (Якутия), требуют основательного научного анализа и многогранного подхода. Экстремальные климатические условия данной территории могут способствовать ускоренному разрушению композитных материалов под воздействием климатических факторов, что, в свою очередь, создает предрасположенность к биозагрязнению и усугубляет процессы деградации этих материалов. Целью данной работы является анализ динамики изменений микрофлоры окружающей среды, влияющей на экспериментальные образцы полимерных композитов, экспонируемых в открытой экосистеме станции низкотемпературных испытаний, расположенной в городе Якутске. В результате проведенных микробиологических исследований были получены значимые данные о структуре и динамике микробных сообществ на территории станции. Эти данные свидетельствуют о том, что в составе и уровне контаминации образцов, находящихся в условиях открытой экосистемы, наблюдаются определенные изменения, которые, вероятно, обусловлены воздействием различных биотических и абиотических факторов. Среди таких факторов можно выделить циркуляцию разнообразных групп микроорганизмов в окружающую

¹ Работа выполнена при финансировании Государственного задания FWRS-2024–0058 на 2024–2026 гг. на оборудовании ЦКП ЯНЦ СО РАН.



Введение

В современном мире, где использование полимерных композиционных материалов (ПКМ) становится все более распространенным, вопросы исследования биопоражения этих материалов приобретают важное значение. Несмотря на свои технические преимущества, ПКМ, как и любые материалы подвержены биологическому повреждению, что негативно сказывается на их эксплуатационных характеристиках и долговечности. Важным аспектом исследования является изучение механизмов биологического повреждения ПКМ, что включает в себя анализ изменений химического состава образцов до и после воздействия биологического заражения. Особенно актуальной и значимой задачей, требующей глубокого научного анализа и комплексного подхода, является изучение микробиологических аспектов биопоражения полимерных композитов в условиях Республики Саха (Якутия). Суровый климат и уникальные особенности окружающей среды (ОС) региона могут способствовать интенсивному разрушению композитов под воздействием климатических факторов, что, в свою очередь, может создавать условия для биозагрязнения материалов и усугублять процесс деградации ПКМ.

Цель работы заключается в изучении динамики изменений микрофлоры объектов ОС, которые оказывают влияние на экспериментальные образцы ПКМ, экспонируемых в условиях открытой экосистемы станции низкотемпературных испытаний.

Материалы и методы

Материалом для исследований служили опытные образцы гибридных ПКМ, изготовленных на основе стекловолокна, базальтового волокна и углеродного волокна. Также в качестве объектов ОС были изучены почва, снежный покров и атмосферный воздух.

Отбор проб и пробоподготовка выполнены в соответствии с общепринятыми в микробиологии методиками [1, С. 172–185; 2, С. 56–61; 3, С. 50–53; 4, С. 138–148; 5, С. 158–160; 6, С. 135–140].

КМАФАнМ (количество мезофильных аэробных и анаэробных микроорганизмов) и общую численность

щей среде, а также уровень влажности и доступность питательных веществ, необходимых для жизнедеятельности микроорганизмов. Полученные результаты подчеркивают важность комплексного подхода к изучению взаимодействия микрофлоры с полимерными композиционными материалами в условиях экстремального климата, что открывает новые горизонты для дальнейших исследований в этой области.

Ключевые слова: полимерные композиционные материалы, биodeградация, микроорганизмы, плесневые грибы, окружающая среда, экотопы.

гетеротрофных бактерий определяли методом культивирования на мясопептонном агаре (МПА) после инкубации в стационарных условиях при (t) +30(±1)°C в течение 72 ч. — для КМАФАнМ и при (t) +37(±1)°C в течение 24 ч. — для гетеротрофов. Для культивирования плесневых грибов и дрожжей использовали агар Чапека и среду Сабуро. Для актинобактерий (микроорганизмов, занимающих промежуточное положение между грибами и бактериями) использовали крахмал-аммиачный агар (КАА). Для азотфиксирующих и олиготрофных бактерий использовали среду Эшби. Целлюлозолитические бактерии изучали на средах Гетчинсона и Клейтона. Угледородородоксиляющие микроорганизмы выделяли методом накопительных культур на минеральной среде Мюнца.

Результаты микробиологических исследований выражали в КОЕ/г АСВ (колониеобразующих единицах на 1 грамм абсолютно сухого веса) почвы или донных отложений (ДО) или в КОЕ/см³ воды.

Идентификацию микроорганизмов осуществляли по общепринятым в микробиологии методам [7, 429 с.].

Микробиологические исследования проводились с определенной периодичностью на протяжении всего периода экспозиции (осень, зима, весна, лето). Общая продолжительность мониторинга составила семь лет, охватывая период с 2018 по 2024 гг.

В работе использованы: лабораторный поляризованный микроскоп AxiolabPol, производство фирмы «Карл Цейсс» Германия с увеличением до x130000 ед. Биологический микроскоп «Biomed-3» с увеличением до x1000 крат. Растровый электронный микроскоп JEOLJSM-7800F с диапазоном увеличений — от x25 до x1000000.

Результаты исследований

В ходе микробиологического мониторинга установлено, что в период с 2018 по 2020 годы на поверхностях ПКМ, экспонируемых в условиях открытой экосистемы станции низкотемпературных испытаний в городе Якутске наблюдалось преобладание бактериальной флоры, содержание которой существенно превышало уровень плесневых грибов и актинобактерий на один-два порядка. В 2021 г. в составе микрофлоры произошло зна-

чительное изменение, в результате которого плесневые грибы стали доминирующей группой микроорганизмов. Данная тенденция сохранялась вплоть до 2024 г. (рис. 1).

Вероятными причинами указанных изменений могут являться разнообразные факторы ОС включая трансформации в составе загрязняющих веществ почвы и атмосферного воздуха, а также влияние внешних контаминационных факторов. Кроме того, определенные абиотические параметры, такие как изменение уровня влажности и влияние солнечной радиации могли существенно влиять на микрофлору. Согласно данным климатического монитора (http://www.pogodaiklimat.ru/history/24959_2.htm), наблюдается, что увеличение суммы среднегодовых осадков произошло в период с 2021 по 2023 гг. (рис. 2). Данная информация может свидетельствовать о тесной взаимосвязи между климатическими изменениями и динамикой микробного состава ПКМ.

Основываясь на результатах проведенного мониторинга изменений в составе микрофлоры, можно сформулировать гипотезу о том, что осадки влияют на уровень влагопоглощения ПКМ, что, в свою очередь, способствует развитию плесневых грибов на их поверхностях.

Показано (табл. 1), что в течение всего периода мониторинга наблюдалось наличие разнообразия видов плесневых грибов, среди которых доминировали представители рр. *Aspergillus* (*A. fumigatus*, *A. niger*), *Penicillium* (*P. chrysogenum*, *P. aurantiogriseum*, *P. rubens*), *Rhizopus* (*R. oryzae*), *Chaetomium* (*C. globosum*), *Fusarium* sp. и *Scopulariopsis* (*S. brevicaulis*) и бактерий рр. *Bacillus*, *Serratia*, *Brevundimonas*, *Pseudomonas*.

Штаммы, обладающие наибольшей деградирующей способностью по отношению к органическим компонентам ПКМ и углеводов исследованы с применением генетического анализа.

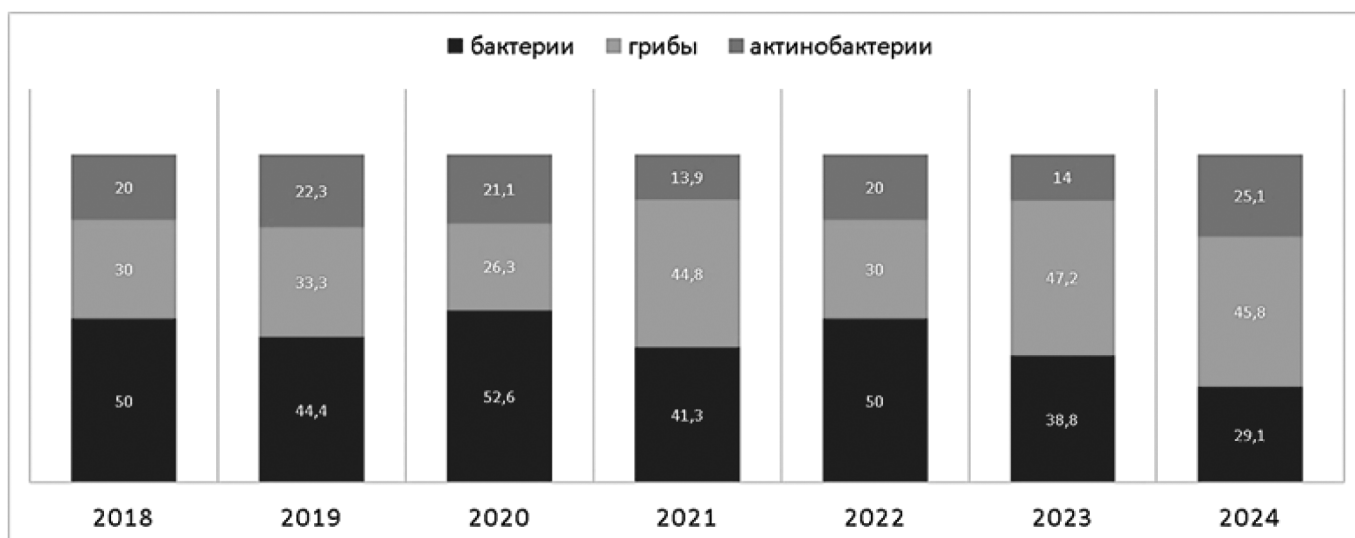


Рис. 1. Динамика изменения микробного пейзажа на поверхностях ПКМ, экспонируемых в условиях открытой экосистемы станции низкотемпературных испытаний

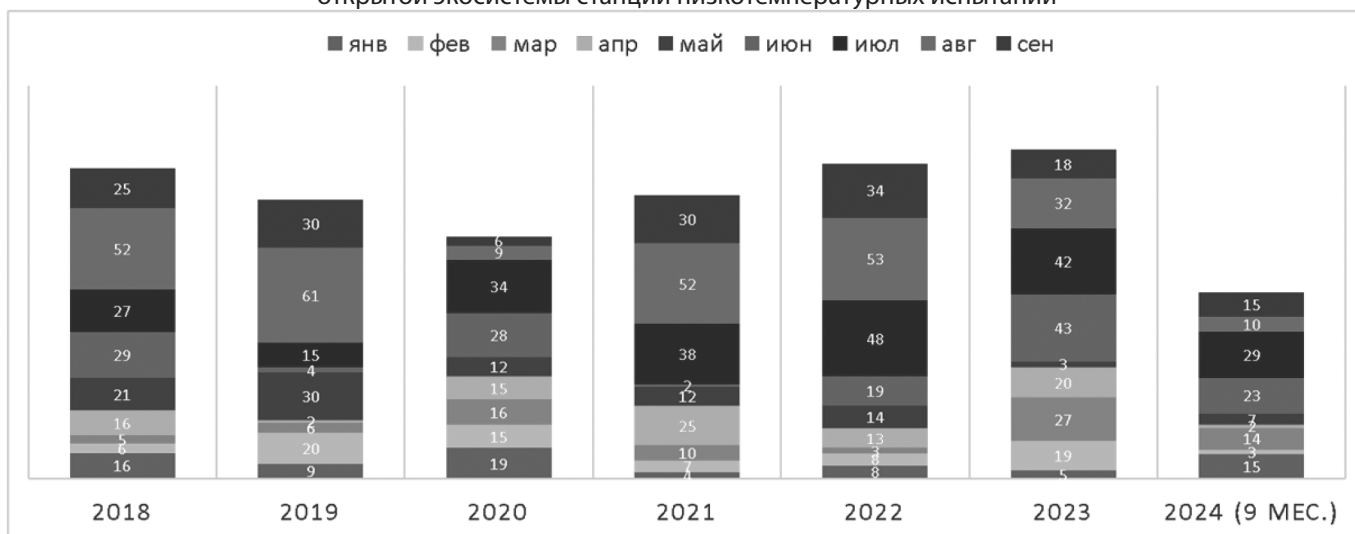


Рис. 2. Годовые суммы выпавших осадков в Якутске за 7 лет

1. Штамм ПКИ-12Л_1492_В_восемь. сег-Г.

Филогенетический анализ родства штамма ПКИ-12Л, выполненный на основе типовых штаммов близкородственных бактерий с учётом их физиологических характеристик, продемонстрировал, что наибольшую близость к исследуемому штамму ПКИ-12Л проявляет вид из домена Bacteria, относящийся к филуму Proteobacteria, классу Alphaproteobacteria, порядку Caulobacterales, семейству Caulobacteraceae и роду *Brevundimonas*.

Результаты анализа секвенсов, выполненного с использованием компьютерной программы, доступной на платформе RDB II (Ribosomal Database Project II), которая предназначена для исследования родословных связей микроорганизмов и построения филогенетических деревьев, представлена в графическом формате:

S000543524-not_calculated-0.942-0913-uncultured bacterium; OTU-30; AB220007

S000583832-not_calculated-0.948-0905-*Brevundimonas* sp. w-1; DQ104428

S000640172-not_calculated-0.957-0460-uncultured bacterium; J-3FECA28; DQ340878

S000653871-not_calculated-0.957-0491-*Brevundimonas* sp. J3-AN30; DQ454120

S000731734-not_calculated-0.966-1127-uncultured bacterium; JSC2-F4; DQ532179

S000995616-not_calculated-0.968-0402-*Brevundimonas* sp. C5; EU368189

S001098243-not_calculated-0.967-0547-*Brevundimonas diminuta*; XJTUMS24; EU603704

S001418590-not_calculated-0.950-0515-*Brevundimonas diminuta*; 384-1; FN298269

S002234041-not_calculated-0.962-0499-*Alphaproteobacterium* 3_68p; HQ154641

S002912835-not_calculated-0.954-0783-*Brevundimonas olei*; HKG 139; JF790199

S002988234-not_calculated-0.948-0862-*Brevundimonas diminuta*; IPSr105; HM134009

S003286831-not_calculated-0.936-0936-*Br. naejangsensis*; VT1; AB731591

S004220630-not_calculated-0.951-0889-*Brevundimonas* sp. MRL-AN1; KJ742424

S004355116-not_calculated-0.942-0516-un. bacterium; I1960TT01DWMD1; KM305621

S004358487-not_calculated-0.948-0515-un. bacterium; I1960TT01BJMPZ; KM309001

S004365761-not_calculated-0.971-0515-un. bacterium; I1960TT01DGSXQ; KM316303

S004409257-not_calculated-0.948-0985-uncultured bacterium; 11; KP003914

S004455279-not_calculated-0.948-1044-*Br. subvibrioides*; HBA2; KP402409

S004495251-not_calculated-0.947-0646-*Brevundimonas diminuta*; WEA123; KT277492

S004538274-not_calculated-0.990-0587-*Brevundimonas* sp. ST12.14/118; KP405866

На основании полученных результатов для исследуемого штамма ПКИ-12Л можно выделить несколько важных моментов:

1. В выборке представлены как культивируемые виды *Brevundimonas*, так и несколько некультивируемых бактерий, что подчеркивает биоразнообразие и потенциальные взаимодействия между различными таксонами. Примером являются некультивируемые штаммы с высоким уровнем сходства (от 0.936 до 0.990), что может свидетельствовать о близком родстве и схожих условиях обитания.
2. Высокое сходство последовательностей (от 0.936 до 0.990) среди штаммов *Brevundimonas* такие, как: *Brevundimonas diminuta* (например, идентификаторы S001098243, S001418590, S002988234, S004495251) с достаточно высокими индексами сходства, что может указывать на их экологическую роль и возможное схожее поведение в естественной среде. А также высокое сходство между некультивируемыми штаммами (например, S000543524, S000640172, S000731734). Это позволяет предположить, что бактерии могут играть важную роль в экосистемах, в которых они обитают, несмотря на отсутствие культуры в лабораторных условиях.
3. Изученные таксономические группы, в частности подвиды *Brevundimonas* имеют схожие метаболические пути и могут быть адаптированы под специфические экологические ниши. Указание на *Alphaproteobacterium* (S002234041) также вызывает интерес, так как эти бактерии известны своим разнообразием и роли в различных микробных экосистемах.
4. Изучение экологической роли некультивируемых бактерий, которые могут обладать уникальными

свойствами и указывать на ключевые функции в экосистемах, включая биоремедиацию или взаимодействие с другими микроорганизмами.

Полученные результаты свидетельствуют о значительном потенциале для исследования как культивируемых, так и некультивируемых штаммов *Brevundimonas* и их взаимодействия в экосистемах. Понимание этих аспектов будет важным для биологических, экологических и биотехнологических исследований.

2. Штамм СТ_555восемь_Δ4_3200-3_1492R_Двосемь.seg.

Филогенетический анализ родственных связей, проведённый на основе типовых штаммов близкородственных бактерий с учётом их физиологических характеристик, выявил, что наибольшую таксономическую близость к исследуемому штамму СТ демонстрирует вид, относящийся к домену Bacteria, филуму Proteobacteria, классу Gammaproteobacteria, порядку Pseudomonadales, семейству Pseudomonadaceae и роду *Pseudomonas*.

Результаты анализа секвенсов, выполненного с использованием компьютерной программы, доступной на платформе RDB II (Ribosomal Database Project II), которая предназначена для исследования родословных связей микроорганизмов и построения филогенетических деревьев, представлена в графическом формате:

S000094771-not_calculated-0.769-0398-*Pseudomonas* sp. EJP 115; AJ344222

S000139069-not_calculated-0.760-0454-uncultured *Pseudomonas* sp.; 103; AJ578066

S000333796-not_calculated-0.767-0417-uncultured bacterium; S1-113RD4; AY645043

S000361784-not_calculated-0.770-0399-*Pseudomonas* sp. A330; AY581679

S000648640-not_calculated-0.763-0489-*Pseudomonas* sp. J3-N6; DQ363425

S000749275-not_calculated-0.769-0394-uncultured bacterium; Ms-R510; EF094297

S000749866-not_calculated-0.763-0477-*Pseudomonas alcaligenes*; E0-I24; AM262105

S000775978-not_calculated-0.757-0437-*Pseudomonas* sp. EGU448; DQ768241

S000892578-not_calculated-0.757-0437-*Pseudomonas* sp. EGU448; EF633182

S001591797-not_calculated-0.757-0469-uncultured bacterium; CL42DTW4; FJ204970

S001591861-not_calculated-0.766-0432-uncultured bacterium; CL27STW5; FJ205034

S001591872-not_calculated-0.796-0431-uncultured bacterium; CL38STW5; FJ205045

S001591889-not_calculated-0.820-0411-uncultured bacterium; CL55STW5; FJ205062

S001591892-not_calculated-0.782-0432-uncultured bacterium; CL58STW5; FJ205065

S002227010-not_calculated-0.773-0683-bacterium F42CA; HM204985

S002227011-not_calculated-0.765-0599-bacterium F42CH; HM204986

S002236190-not_calculated-0.757-0703-*Pseudomonas aeruginosa*; HUC; AB576190

S003755629-not_calculated-0.761-0682-*Pseudomonas aeruginosa*; 34SS; KC433742

Анализ полученных последовательностей генов, включающих как культивируемые, так и некультивируемые штаммы, продемонстрировал разнообразие и богатство филогенетического родства внутри группы *Pseudomonas*. Из представленных данных также можно выделить несколько ключевых моментов:

1. В выборке обнаружены как хорошо изученные виды, такие как *Pseudomonas aeruginosa* и *Pseudomonas alcaligenes*, так и некультивируемые штаммы, что свидетельствует о биоразнообразии бактерий в изучаемой среде.
2. Анализ значений сходства показывает, что некультивируемые штаммы, такие как «uncultured bacterium» с идентификаторами, начиная от Ms-R510 до CL55STW5, имеют различные индексы сходства (от 0.757 до 0.820). Это может указывать на их потенциальное родство с известными видами *Pseudomonas* или другими близкими таксонами.
3. Наличие нескольких некультивируемых штаммов подчеркивает важность дальнейшего изучения их свойств и экологии, поскольку они могут обладать уникальными метаболическими путями или адаптациями, которые еще не были исследованы.
4. Высокая степень сходства между штаммами может также свидетельствовать о высоком уровне их адаптации к специфическим условиям окружающей среды, что имеет значение для понимания их экологии и биологических функций.

В ходе биохимического тестирования выявлены некоторые комплексные черты, которые отражают метаболическое и функциональное поведение доминантных культур.

3. Бактерии рода *Bacillus*

Род *Bacillus* включает множество разнообразных видов бактерий, которые имеют некоторые общие характеристики, например:

Bacillus обычно представляют собой грамположительные, палочковидные организмы. Они имеют жесткую клеточную стенку, которая придает им форму палочки. Некоторые виды могут образовывать эндоспоры, специальные структуры, которые позволяют им выживать в экстремальных условиях.

Большинство видов *Bacillus* являются аэробами и могут использовать различные источники питания, такие как: глюкоза, лактоза, сахароза и другие органические соединения. Оптимальная температура роста +30...+37 °С. Некоторые виды могут функционировать при +4 и +8 °С.

Бактерии рода *Bacillus* также проявляют активность в продукции ферментов, таких как амилазы, протеазы и липазы, которые позволяют им эффективно разлагать полимеры (например, крахмал, белки и жиры) и использовать их в качестве источников углерода и энергии.

Все бактерии рода *Bacillus* обладают активностью каталазы. Каталаза является ферментом, который катализирует разложение перекиси водорода (H_2O_2) до воды (H_2O) и кислорода (O_2). Перекись водорода может быть токсичной для клеток бактерий, поэтому наличие активной каталазы способствует обезвреживанию этого соединения и поддержанию внутриклеточного равновесия.

4. Плесневые грибы рода *Aspergillus*

Общие свойства, характерные для плесневых грибов р. *Aspergillus*:

1. *Aspergillus* имеют характерную морфологию, которая включает в себя веерообразные или головчатые структуры, называемые конидиофоры. Конидиофоры представляют собой разветвленные нити, на которых образуются споры — конидии.
2. Конидии *Aspergillus* часто имеют овальную форму и гладкую поверхность. Они обладают высокой репродуктивной способностью и способны быстро распространяться и колонизировать ОС. Конидии *Aspergillus* могут быть различной окраски, включая белую, зеленую или черную.
3. *Aspergillus* широко распространены как внутри помещений, так и в ОС. Они могут быть найдены в почве, на растениях, в пыли, на пищевых продуктах и в других природных и искусственных средах. Некоторые виды *Aspergillus* также могут вызывать инфекции у людей и животных.
4. *Aspergillus* обладают разнообразными метаболическими способностями. Они способны разлагать и использовать различные органические соединения как источник питания.

Вывод

Исследование, проведенное с 2018 по 2024 годы, выявило общие закономерности в распространении микроорганизмов на поверхностях ПКМ в условиях открытой экосистемы. Сравнительный анализ показал, что микробный состав поверхностей ПКМ имеет определенные аналогии с микробными сообществами, собранными из атмосферы и почвы, что подтверждает роль микроорганизмов в поддержании биологического разнообразия экосистемы и влияния на структурную целостность материалов, что согласуется с результатами других исследователей, занимающихся изучением механизмов биодеградации и механизмов образования биопленок на полимерных композитах [8, С. 68–79; 9, с. 5–14; 10, 6–22].

ЛИТЕРАТУРА

1. Метод экспресс-определения организмов-биодеструкторов полимерных композиционных материалов в природных средах / А.Б. Лаптев, Т.П. Турова, Д.Ш. Соколова [и др.] // Полимерные композиционные материалы нового поколения и технологии их переработки: материалы Всероссийской научно-технической конференции, Москва, 21 августа 2020 года / Всероссийский научно-исследовательский институт авиационных материалов. — Москва: Всероссийский научно-исследовательский институт авиационных материалов, 2020. — С. 172–185.
2. Открытые вопросы в области биоразложения биокомпозиционных материалов / П.В. Пантюхов, Е.Е. Масталыгина, З.Р. Абушахманова [и др.] // Плевневский научный бюллетень. — 2023. — № 2(24). — С. 56–61.
3. Полякова Е.А. Исследование процессов биодеструкции и экотоксикологической безопасности полимерного композиционного материала / Е.А. Полякова, И.С. Коротнева, Б.С. Туров // Научно-технический вестник Поволжья. — 2014. — № 3. — С. 50–53.
4. Ермишев В.Ю. Особенности оценки стойкости полимерных материалов к биодеструкции в лабораторных условиях*часть 2. Образцы и методы их анализа / В.Ю. Ермишев, А.Б. Лаптев, В.О. Старцев // Труды ВИАМ. — 2023. — № 8(126). — С. 138–148. — DOI 10.18577/2307–6046-2023-0-8-138-148.

5. Выделение предполагаемых биодеструкторов полимерных материалов из почвенных сред / А.В. Бушева, Г.Р. Хажиева, Е.Д. Мурзина, С.В. Шулаев // Успехи в химии и химической технологии. — 2022. — Т. 36, № 12(261). — С. 158–160.
6. Первичная санитарно-гигиеническая оценка микроорганизмов, применяемых в биотехнологиях / В.В. Королик, Н.И. Шеина, Л.И. Мясина [и др.] // Гигиена и санитария. — 2023. — Т. 102, № 2. — С. 135–140. — DOI 10.47470/0016-9900-2023-102-2-135-140.
7. Определитель бактерий Берджи [Текст]: в 2-х томах / [Р. Беркли и др.]; под ред. Дж. Хоулта [и др.]; пер. с англ. под ред. акад. РАН Г.А. Заварзина. — 9-е изд. — М.: Мир, 1997. — Т. 1. — 429 с.
8. Усачева М.Н. Биодegradация армированных полимерных композиционных материалов (обзор) / М.Н. Усачева, А.В. Хрульков // Труды ВИАМ. — 2022. — № 6(112). — С. 68–79. — DOI 10.18577/2307–6046-2022-0-6-68-79.
9. Лаптев А.Б. Общий механизм биологического разрушения полимерных материалов (обзор) / А.Б. Лаптев, А.А. Кривушина // Коррозия: защита, материалы. Приложение к журналу «Технология металлов». — 2023. — № 16. — С. 5–14. — DOI 10.31044/1684–2499-2023-0-16-5-14.
10. Воробьева Е.В. Биоразлагаемые композиты на основе ископаемых видов сырья. Часть II: Процесс биодegradации / Е.В. Воробьева, А.А. Попов // Полимерные материалы и технологии. — 2023. — Т. 9, № 1. — С. 6–22. — DOI 10.32864/polymmattech-2023-9-1-6–22.

© Ерофеевская Лариса Анатольевна (lora-07.65@mail.ru); Кычкин Анатолий Константинович (kychkinplasma@mail.ru);
Салтыкова Анастасия Леонидовна (ny97@mail.ru); Вит Алина Александровна (alina_vit@list.ru)
Журнал «Современная наука: актуальные проблемы теории и практики»