

**БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ КОНСЕРВАТИВНИХ
ЛОКУСІВ ГЕНОМІВ ПРЕДСТАВНИКІВ
ASCOMYCOTA І BASIDIOMYCOTA**

Гладких Г.О¹, Ткачук Н.В.², Зелена Л.Б.^{1,3}

¹*Відкритий міжнародний університет розвитку людини «Україна»*

²*Національний університет «Чернігівський колегіум» імені Т.Г. Шевченка*

³*Інститут мікробіології і вірусології ім. Д.К. Заболотного НАН України*

Вивчення фізіолого-біохімічних властивостей і біотехнологічного потенціалу дріжджів пов'язане з детальним аналізом геномів цих організмів, а саме чіткою генетичною ідентифікацією представників та вивченням мінливості консервативних та варіабельних ділянок їх

геномів [1]. З розвитком молекулярно-генетичних і біоінформатичних методів дослідження геномів мікроорганізмів стало можливим проводити їх ідентифікацію та вивчати мікроеволюційні процеси шляхом порівняльного аналізу консервативних ділянок геному [2].

На основі нуклеотидних послідовностей генів 18S рРНК, 26S рРНК та ITS-послідовностей, задепонованих у базах даних GenBank (BioProject PRJNA177353), Barcoding і AFTOL, проведено філогенетичний аналіз між видами дріжджів *Ascomycota* і *Basidiomycota*: *Rhodotorula hordea* (n=7), *R.mucilaginosa* (n=12), *R.glutinis* (n=7), *Saccharomyces cerevisiae* (n=10), *Kluveromyces lactis* (n=8), *K.marxianus* (n=6). Конкатенацію сиквенсів здійснювали за допомогою програми FaBox (1.41), порівняння послідовностей та філогенетичний аналіз проводили з використанням пакету програм MEGA 6.06, дендрограми на основі сиквенсів будували методами максимальної парсимонії та об'єднання найближчих сусідів (2-параметрична модель Кімури).

Отримані результати показали високий рівень міжродової мінливості за трьома локусами та високий відсоток синглетон-сайтів у гені 26S рРНК (табл.1).

Таблиця 1.

Аналіз нуклеотидних послідовностей трьох локусів у геномах видів *Ascomycota* і *Basidiomycota*.

Характеристика (сайти)	Локуси		
	18S рРНК	26S рРНК	ITS
Варіабельні	43%	74%	61%
Інформативні для парсимонії	42%	31%	57%
Синглетон-сайти	< 1%	43%	< 1%

Дендрограми, отримані методами максимальної парсимонії та об'єднання найближчих сусідів мали однакову топологію, відмінності спостерігали лише в індексах бутстреп-аналізу. Чітку диференціацію досліджуваних дріжджів на роди і види виявляли за використання ITS-послідовностей. Найвищу ступінь внутрішньородової мінливості спостерігали при порівнянні нуклеотидних послідовностей гена 18S рРНК (роди *Kluveromyces* і *Saccharomyces*) та ITS-послідовностей (рід *Rhodotorula*). При конкатенації послідовностей трьох локусів спостерігали чітку родову і видову диференціацію.

Таким чином, результати проведеного біоінформатичного аналізу представників *Ascomycota* і *Basidiomycota* свідчать, що

найбільш еволюційно консервативні ділянки геному (гени рРНК, ITS-послідовності) можуть слугувати ДНК-маркерами для аналізу міжвидової варіабельності дріжджів; аналіз конкатенованих сиквенсів всіх трьох локусів є найбільш ефективним для видової ідентифікації дріжджів.

Список використаних джерел:

1. Warringer J. et al. *Trait variation in yeast is defined by population history // PLoS genetics.* – 2011. – Vol. 7. – N 6. – P. e1002111.
2. Engel S. R., Cherry J. M. *The new modern era of yeast genomics: community sequencing and the resulting annotation of multiple Saccharomyces cerevisiae strains at the Saccharomyces Genome Database // Database.* – 2013. – Vol. 2013.