УДК 604.2:661.722:63.002.8-035.4:582.28:577.152.3 https://doi.org/10.7124/FEEO.v38.1821

СИРЧІН С. О.[1]✉
САВЧУК Я. І.[1]
ЮР'ЄВА О. М.[1]
ГАЙДАЙ А. О.[2]
СИПЛИВА Н. О.[2]

[1] *Інститут мікробіології і вірусології ім. Д. К. Заболотного НАН України, Україна, 03143, м. Київ, вул. Академіка Заболотного, 154*
[2] *Український інститут експертизи сортів рослин, Україна ,03041 м. Київ, вул. Генерала Родимцева, 15*
✉ *syrchin@ukr.net*

ВАРІАБЕЛЬНІСТЬ ВТОРИННОЇ СТРУКТУРИ ITS2 РЕГІОНУ рДНК ЯК ДІАГНОСТИЧНИЙ МАРКЕР ДЛЯ НЕ-*MARNEFFEI* ВИДІВ РОДУ *TALAROMYCES*

Мета. Визначення збудників фунгемії, що належать до мікроскопічних грибів роду *Talaromyces* C. R. Benj., на сьогодні залишається складним завданням. Метою роботи було дослідження варіабельності вторинної структури ITS2 регіону рибосомальної ДНК потенційних не-*marneffei* збудників таларомікозу на основі аналізу консенсусних моделей і визначення можливості її використання як додаткового філогенетичного маркера. ***Методи.*** Використано методи порівняльного аналізу первинних послідовностей ДНК, побудови їх вторинної структури на основі найменшої вільної енергії (MFE RNAfold) й аналізу консервативних структур і точок мутації (ITS2 Database). ***Результати.*** Визначено, що ITS2 регіон досліджених видів грибів роду *Talaromyces* складається з 153–158 п. н. Встановлено, що моделі вторинної структури побудовані за методом MFE утворюють три класичні для ITS2 шпильки. Мутації у послідовності другої петлі з 5′-кінця структури визнані визначальними для ідентифікації досліджених видів *Talaromyces*. ***Висновки.*** Вторинна структура ITS2 регіону рДНК може бути використана як додатковий маркер при молекулярній ідентифікації відомих не-*marneffei* збудників таларомікозів.

Ключові слова: не-*marneffei* види, *Talaromyces* C. R. Benj., рибосомальна ДНК, ITS2 регіон, вторинна структура ДНК.

Таларомікоз – це інвазивна інфекція, головним збудником якої є мікроскопічний гриб *Talaromyces marneffei* Segretain, яка на сьогодні зазнає все більшого розповсюдження. *T. marneffei* притаманий диморфізм, за температури 37 °C він переходить у дріжджоподібну стадію. Проте інші види грибів роду *Talaromyces* не виявляють температурної диморфії, але можуть бути причиною системних мікозів, включаючи фунгемію. До недавна ці види вважалися переважно сапрофітами, проте в останні роки вони все частіше реєструються як опортуністичні патогени, що викликають інфекції у людей з ослабленим імунітетом (Narayanasamy et al., 2021).

Рід *Talaromyces* C. R. Benj. (*Trichocomaceae, Eurotiales*) – монофілетичний рід мікроскопічних грибів, що широко розповсюджений у природі. Вперше рід *Talaromyces* був описаний як телеоморфна стадія при класифікації грибів роду *Penicillium* Link. Філогенетичний аналіз на основі маркерних генів показав, що *Talaromyces* включав види *Penicillium* підроду *Biverticillium*, які мали симетричні двовертицильні конідіофори з голчастими фіалідами, на відміну від асиметричних 1–4 вертицильних конідіофорів й ампулоподібних або колбоподібних фіалідів у *Penicillium sensu stricto* (Samson et al., 2011). На основі методів поліфазної таксономії представники *Penicillium* були класифіковані у вісім секцій: *Bacillispori, Helici, Islandici, Purpurei, Subinflati, Teneus, Talaromyces* і *Trachyspermi*. На сьогодні, з літературних джерел відомо, що більш

© 2026 Сирчін С. О., Савчук Я. І., Юр'єва О. М., Гайдай А. О., Сиплива Н. О. This work is licensed under CC BY 4.0. To view a copy of this license, visit https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/

ніж 180 видів грибів роду *Talaromyces* зареєстровано у міжнародних базах даних.

Внутрішня транскрибована спейсерна ділянка рДНК (ITS rDNA) найбільш широко використовується як філогенетичний маркер для мікроскопічних грибів (Schoch et al., 2012). Ця ділянка складається з міжгенних послідовностей ITS1/ITS2 з висококонсервативною 5.8 рРНК, що розміщується між ними. ITS регіон є основним генетичним маркером для ідентифікації мікроскопічних грибів і стандартизованою ділянкою для штрих-кодування ДНК. ITS регіон є достатньо консервативною послідовністю ДНК, при цьому ITS2 фрагмент вважається основним джерелом мутацій у ITS регіоні і, за рахунок меншої довжини, простіше секвенується методами наступного покоління. Проте, використання виключно цієї ділянки не завжди дозволяє достатньо чітко ідентифікувати види роду *Talaromyces*. Для значної частини таксонів (~17%) було показано, що ITS є малоінформативним і не дозволяє надійно ідентифікувати зразки до виду (Lücking et al., 2021). Visagie et al., 2024 запропонував використовувани ген *BenA* для ідентифікації видів *Talaromyces*, який має відповідну роздільну здатність для розрізнення видів. У більшості досліджень ідентифікацію видів *Talaromyces* проводили на основі порівняльних результатів BLAST або філогенетичного аналізу регіонів рРНК. Проте такий підхід вважається не достатньо інформативним для ідентифікації видів *Talaromyces*, оскільки різні види мають практично однакову послідовність ITS (Visagie et al., 2024). Тому для видів *Talaromyces,* ідентифікованих на основі результатів порівняння послідовностей ITS рДНК з використанням BLAST, повинна бути проведена верифікація, оскільки деякі види грибів зареєстрованих у базі даних GenBank можуть бути неправильно ідентифіковані. Крім того, важливим етапом для ідентифікації збудників фунгемії є вивчення їх морфоло-культуральних ознак на основі дихотомічних ключів, але цей метод має недоліки.

На сьогодні філогенетичний аналіз на основі мультигеномних послідовностей за маркерами ITS, *BenA, CaM* та *RPB2* є головним методом ідентифікації видів роду *Talaromyces* (Wei et al., 2025). Однак, збільшення ділянок секвенування є дорогим і трудомістким процесом, який не гарантує підвищення точності ідентифікації таксономічними методами. Тому, одним з можливих шляхів вирішення даної проблеми є отримання додаткової філогенетичної інформації про ITS2 регіон. Раніше філогенетичний аналіз ITS2 регіону проводили за його нуклеотидними послідовностями, але інформація про його вторинну структуру вивчалася недостатньо. Вторинна структура рДНК утворюється внаслідок взаємодії канонічних пар основ (AT, GC), неканонічних стабільних (GT), нестабільних (AC) і рідкісних пар (GA, AA). Утворені парні та непарні структури типу стебло-петля (stem-loop) містять додаткову філогенетичну інформацію, що може значно покращити філогенетичний аналіз ITS2 регіону. На сьогодні використання вторинної структури ITS2 регіону є актуальним. Модель вторинної структури ITS2 рДНК прогнозують за мінімальною вільною енергією термодинамічної рівноваги. Розроблено декілька алгоритмів прогнозування, які використовуються у програмних продуктах Mfold і RNAfold. Метою наших досліджень була побудова консенсусної вторинної структури ITS2 регіону близькоспоріднених мікроскопічних грибів роду *Talaromyces* потенційних збудників фунгемії і перевірка можливості використання елементів цієї структури як додаткового філогенетичного маркеру для розмежування видів.

Матеріали і методи

У роботі використано 20 штамів мікроскопічних грибів *Talaromyces funiculosus* (Thom) Samson et al., що виділено з різних екологічних ніш, які зберігаються у відділі фізіології та систематики мікроміцетів Інституту мікробіології і вірусології ім. Д. К. Заболотного НАН України в Український колекції мікроорганізмів (UCM:1203). Послідовності ITS регіону рДНК цих штамів було визначено і зареєстровано у базі даних NCBI GenBank. Всього у роботі було використано послідовності 60 штамів *T. funiculosus,* 80 *T. marneffei,* 35 *Talaromyces amestolkiae* Yilmaz et al. і єдина відома *Talaromyces tumuli* Jurjević & S.W. Peterson. Для побудови вторинної структури ITS рДНК використано програмний пакет RNAfold (http://rna.tbi.univie.ac.at/cgi-bin/RNAWebSuite/-RNAfold.cgi) та ITS2 Ribosomal RNA DataBase (https://its2.bioapps.biozentrum.uni-wuerzburg.de/). Для побудови консенсусної моделі ITS2 регіону використано послідовності типових і верифікованих колекційних штамів.

Результати та обговорення

На рис. 1 представлена типова вторинна структура ITS2 фрагменту ITS регіону рДНК досліджених видів грибів роду *Talaromyces*.

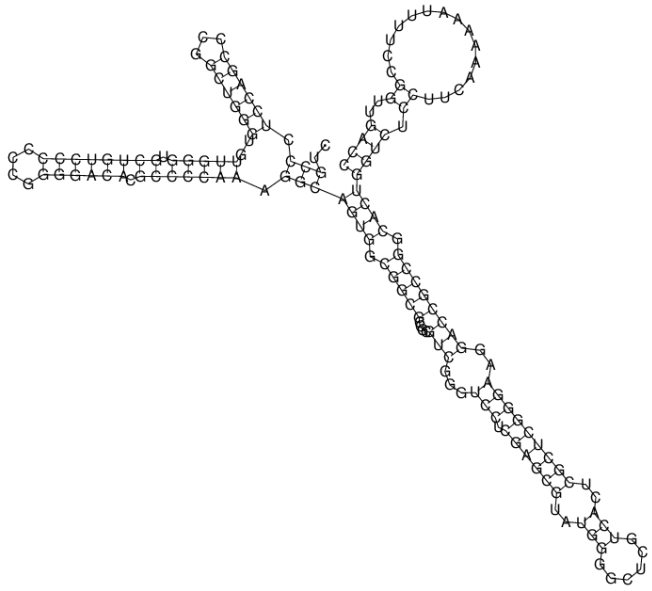

Рис. 1. Консенсусна модель вторинної структури ITS2 регіону рДНК побудована за методом мінімальної вільної енергії (MFE RNAfold).

На рис. 1 продемонстровано, що вторинна структура ITS2 фрагменту рДНК утворює класичну структуру з трьома головними шпильками і набором петель. При побудові моделей вторинної структури ITS2 регіону перевага надавалась типовим штамам *T. tumuli* NRRL 62151, *T. marneffei* CBS 388.87, *T. funiculosus* CBS 272.86, *T. amestolkiae* CBS 132696, а також послідовностям верифікованих видів колекційних штамів мікроскопічних грибів. Вільна енергія (ΔG) термодинамічної рівноваги отриманих структур знаходилась в діапазоні від -68 до -72 ккал/моль.

Незважаючи на значні досягнення у діагностичних технологіях, вибір відповідного методу діагностики збудників таларомікозу залежить від надійності інтерпретації результатів. Важливо, що не існує єдиної думки щодо оптимальної методики швидкої діагностики через відмінності у чутливості та специфічності різних методів, особливо, коли розглядаються різні типи клінічних зразків (Won et al., 2025).

Рідкісні випадки таларомікозу, причиною яких є не-*marneffei* види *Talaromyces*, *T. tumuli*, *T. piceum*, *T. amestolkiae*, є опортуністичними інфекціями, що виникають у пацієнтів при тривалому застосуванні антибіотиків або імунодефіцитом. Ці рідкісні патогени, що відрізняються від *T. marneffei*, часто неправильно ідентифікують, що може бути причиною тяжких, системних інфекцій з летальними наслідками, зокрема у осіб без явних проявів імунодефіциту.

Приклад недоліків стандартної ідентифікації не-*marneffei* видів викладено у роботі (Won et al., 2025). При аналізі зразків використовували систему MALDI Biotyper і отримали найбільший збіг з видом *T. funiculosus* з ненадійним показником ідентифікації 1,63. Надалі використовували мультигенне секвенування за генами ITS, *BenA*, *CaM* і *RPB*2, що дозволило ідентифікувати збудник як *T. tumuli*. Слід зазначити, що для *RPB*2 і *CaM* доступна значна кількість референсних послідовностей, тоді як для ділянки *RPB1* значно менше. Вважають, що гени *RPB*1 і *RPB*2 є важкими для ампліфікації, на відміну від ITS, *BenA* і *CaM*. Проблеми розмежування ознак при ідентифікації також полягає у використанні різного набору маркерних генів (Li et al., 2019). Тому пошук нових додаткових маркерів був спрямований на дослідження вторинної структури ITS, а саме ITS2 фрагменту. Незначні варіації послідовностей, що були виявлені, не впливали на консенсусну структуру фрагменту. Основні зміни полягали у мутаціях, головним чином, шляхом трансверсії C→T, делецій, вставок і дзеркальних мутацій, які не порушували загальну вторинну структуру ITS2 фрагменту. Друга петля з 5`-кінця послідовностей виявила ознаки специфічні для досліджених видів (рис. 2).

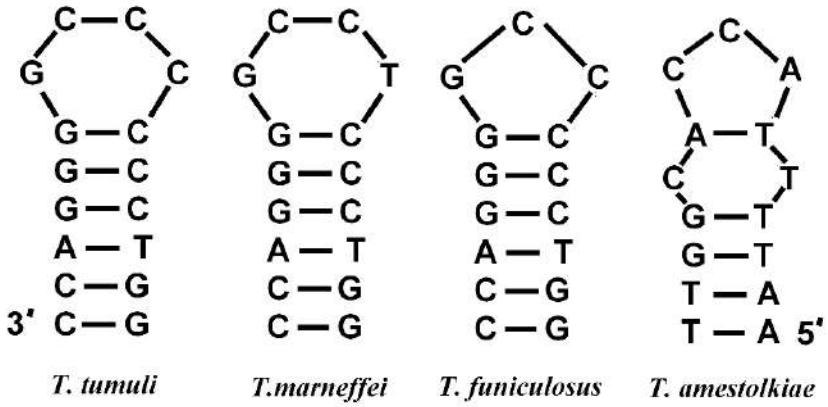

Рис. 2. Вторинна структура другої петлі з 5′-кінця ITS2 регіону рДНК деяких представників роду *Talaromyces*.

Висновки

На основі порівняльного аналізу вторинної структури ITS2 регіону рДНК побудованої за методом MFE RNAfold, встановлено, що мутації у структурі другої з 5′-кінця послідовності петлі проявляють видоспецифічний характер і можуть бути використані як додатковий маркер при молекулярній ідентифікації досліджених не-*marneffei* збудників таларомікозів.

Інформація про фінансову підтримку, подяки: відсутня.

Конфлікт інтересів: автори заявляють про відсутність конфлікту інтересів.

Список використаних джерел

1. Li L., Chen K., Dhungana N., Jang Y., Chaturvedi V., Desmond E. Characterization of Clinical Isolates of *Talaromyces marneffei* and Related Species, California, USA. *Emerging Infectious Diseases.* 2019. Vol. 25 (9). P. 1765–1768. https://doi.org/10.3201/eid2509.190380.
2. Lücking R., Aime M.C., Robbertse B., Miller A. N., Aoki T., Ariyawansa H. A. Cardinali G., Crous P. W., Druzhinina I. S., Geiser D. M., Hawksworth D. L., Hyde K. D., Irinyi L., Jeewon R., Johnston P. R., Kirk P. M., Malosso E., May T. W., Meyer W., Nilsson H. R., Öpik M., Robert V., Stadler M., Thines M., Schoch C. L. Fungal taxonomy and sequence-based nomenclature. *Nature Microbiology.* 2021. Vol. 6 (5). P. 540–548. https://doi.org/10.1038/s41564-021-00888-x.
3. Narayanasamy S., Dat V. Q., Thanh N. T., Ly V. T., Chan J. F-W., Yuen K-Y., Ning C., Liang H., Li L., Chowdhary A., Youngchim S., Supparatpinyo K., Aung N. M., Hanson J., Andrianopoulos A., Dougherty J., Govender N. P., Denning D. W., Chiller T., Thwaites G., van Doorn H. R., Perfect J., Le T. A global call for talaromycosis to be recognised as a neglected tropical disease. *The Lancet Global Health*. 2021. Vol. 9. e1618–e1622. https://doi.org/10.1016/S2214-109X(21)00350-8.
4. Samson R. A., Yilmaz N., Houbraken J., Spierenburg H., Seifert K. A., Peterson S. W., Varga J., Frisvad J. C. Phylogeny and nomenclature of the genus *Talaromyces* and taxa accommodated in *Penicillium* subgenus *Biverticillium*. *Studies in Mycology*. 2011. Vol. 70 (1). P. 159–183. https://doi.org/10.3114/sim.2011.70.04.
5. Schoch C. L., Seifert K. A., Huhndorf S., Robert V., Spouge J. L., Levesque C. A., Chen W. Fungal Barcoding Consortium; Fungal Barcoding Consortium Author List. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2012. Vol. 109 (16). P. 6241–6246. https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109.
6. Visagie C. M., Yilmaz N., Kocsubé S., Frisvad J. C., Hubka V., Samson R. A., Houbraken J. A review of recently introduced Aspergillus, *Penicillium*, *Talaromyces* and other *Eurotiales* species. *Studies in Mycology*. 2024. Vol. 107. P. 1–66. https://doi.org/10.3114/sim.2024.107.01.
7. Wei H., Thammasit P., Amsri A., Pruksaphon K., Deng F., Nosanchuk J. D., Youngchim S. An overview of rapid non-culture-based techniques in various clinical specimens for the laboratory diagnosis of *Talaromyces marneffei*. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2025. 15. 1591429. https://doi.org/10.3389/fcimb.2025.1591429.
8. Won E. J., Lee J., Baek J. S., Seol S., Park S., Lee H. B., Sung H., Kim M. Unusual fungemia caused by non-*marneffei Talaromyces* in an immunocompetent host. *ASM Case Reports*. 2025. 1. e00096-25. https://doi.org/10.1128/asmcr.00096-25.

SYRCHIN S. O.[1], SAVCHYK Ya. I.[1], YURIEVA O. M.[1], GAIDAI A. O.[2], SYPLYVA N. O.[2]
[1] D. K. Zabolotny Institute of Microbiology and Virology of the NAS of Ukraine,
Ukraine, 03143, Kyiv, Akademika Zabolotnogo str., 154
[2] Ukrainian Institute for Plant Variety Examination,
Ukraine, 03041, Kyiv, Henerala Rodymtseva str., 15

VARIABILITY OF THE SECONDARY STRUCTURE OF ITS2 REGION OF rDNA AS A DIAGNOSTIC MARKER FOR NON-*MARNEFFEI* SPECIES OF THE GENUS *TALAROMYCES*

Aim. Identifying the causative agents of fungemia belonging to the microscopic fungi of the genus *Talaromyces* C. R. Benj. remains a difficult task today. Therefore, the aim of this study was to investigate the variability of the secondary structure of the ITS2 region of ribosomal DNA of potential non-marneffei causative agents of talaromycosis based on the analysis of consensus models and to determine the possibility of its use as an additional phylogenetic marker. ***Methods***. The study used methods of comparative analysis of primary DNA sequences, construction of their secondary structure based on minimum free energy (MFE RNAfold), and analysis of conservative structures and mutation points (ITS2 Database). ***Results***. It was determined that the ITS2 region of the studied species consists of 153–158 bp. It was established that secondary structure models constructed using the MFE method form three classic ITS2 hairpins. Mutations in the sequence of the second loop from the 5' end of the structure are considered decisive for the identification of the studied species *Talaromyces*. ***Conclusions***. The secondary structure of the ITS2 region of rDNA can be used as an additional marker in the molecular identification of known non-*marneffei* pathogens of talaromycosis.
Keywords: non-*marneffei* species, *Talaromyces* C. R. Benj., ribosomal DNA, ITS2 region, secondary DNA structure.

Надходження статті: 27 лютого 2026 р.
Прийняття до друку після рецензування: 6 квітня 2026 р.
Публікація: 30 червня 2026 р.

УДК 577.21:575.22:581.6 https://doi.org/10.7124/FEEO.v38.1822

СЛІЩУК Г. І.✉
ВОЛКОВА Н. Е.

Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН,
Україна, 67667, Одеська обл., Одеський р-н, смт Хліободарське, вул. Маяцька дорога, 24
✉ *heorhii.slishchuk@icsanaas.com.ua*

ДИФЕРЕНЦІЙНА ЕКСПРЕСІЯ ХЛОРОПЛАСТНОГО РЕГУЛЯТОРНОГО БІЛКА ХЛОРИДНОЇ ПРОВІДНОСТІ *ICLN* ТА ХЛОРОПЛАСТНОГО ПОТЕНЦІАЛЗАЛЕЖНОГО ХЛОРИДНОГО КАНАЛУ 1, НУТУ (*CICER ARIETINUM* L.) В УМОВАХ ІМІТОВАНОЇ ПОСУХИ

Мета. Вивчення впливу генів, що асоційовано із транспортом хлорид-іонів, на посухотолерантність нуту. ***Методи***. Для дослідження диференційної експресії генів у двох генотипів нуту Desi PI598080 (чутливий до посухи) та Kabuli Flip07 318C (стійкий до посухи), було проаналізовано 12 транскриптомів. Експерименти проводили у контрольних і стресових імітованої посухи. Вирівнювання виконано за допомогою інструменту Bowtie2. Для оцінки впливу чинників «генотип» та «умови» на рівень експресії виконано двофакторний дисперсійний аналіз (ANOVA) з використанням мови програмування R. Значущість різниць визначалася за рівнем $p < 0,05$. ***Результати***. За геном *ICLN* показано чіткий та статистично значущий вплив фактору «генотип» у реакції на посуху, у той час як за геном, що кодує хлоропластний потенціалзалежний хлоридний канал 1 не виявлено статистично значущих відмінностей. ***Висновки***. Встановлено, що ген *ICLN* є залученим у реакцію рослини на посуху і є перспективною мішенню як для визначення механізмів стійкості до посухи, так і для створення молекулярних маркерів для селекції на підвищення посухотолерантності.

Ключові слова: нут, посухотолерантність, транскриптоміка, хлориди.

Нут (*Cicer arietinum* L.) має великий потенціал для України в умовах змін клімату, завдяки великому природньому рівню посухотолерантності через високу ксерофітність, зручну і просту агротехніку. Через аридізацію клімату півдня України площі посівів ростуть, що може привести до переходу нуту із категорії нішевих культур до стратегічних (Sichkar, 2021). Окрім цього, нут, завдяки азот-фіксуючим симбіотним мікроорганізмам, здійснює підвищення родючості ґрунтів і сприяє їхньому відновленню. Крім того, включення нуту до сівозміни покращує фітосанітарний стан ґрунтів (Dolia and Kovalska, 2021).

Посухостійкість нуту є складною кількісною ознакою, що охоплює архітектуру кореневої системи, осмотичну адаптацію, антиоксидантний захист і гормональну сигналізацію та контролюється численними локусами з малим до значного ефекту. Нещодавні дослідження з картування QTL, GWAS і мультиоміки знайшли перспективні маркери на кількох «гарячих точках» геному і генах-кандидатах, які тепер впроваджуються у селекційні програми (Slishchuk and Volkova, 2025).

Зараз активно вивчається роль хлорид-аніону (Cl^-) у посухотолерантності. Так, у тютюну та ксерофіта *Pugionium cornutum* (L.) Gaertn, іони Cl^- накопичуються у вакуолях як основний неорганічний осмотик, збільшуючи розмір клітин листка, посилюючи осмотичну адаптацію і підтримуючи тургор за умов водного дефіциту чи осмотичного стресу (Franco-Navarro et al., 2021, Cui et al., 2020). Тонопласт-локалізований хлоридний канал 1 (OsCLC1) у рису підвищує посухостійкість і врожайність зерна; коренеспецифічна надекспресія посилює стійкість до посухи, тоді як нокаут знижує її (Um et al., 2018). Транспорт і компартментація хлориду інтегровані у ширші механізми відповіді на посуху – регуляцію продихів, контроль активних форм кисню та іонний гомеостаз (Silva-Herrera et al., 2025).

© 2026 Сліщук Г. І., Волкова Н. Е. This work is licensed under CC BY 4.0. To view a copy of this license, visit https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/

Саме тому метою роботи було дослідити роль генів, що асоційовано із транспортом хлорид-іонів у посухотолерантності нуту за допомогою дослідження їх диференційної експресії.

Матеріали і методи

Для визначення диференційної експресії генів в умовах осмотичного стресу (імітованої посухи) і контрольних умов використано дванадцять транскриптомів, які представлені у таблиці 1. Об'єкти дослідження включали два генотипи нуту: Desi PI598080, який є нестійкий до посухи і Kabuli Flip07 318C, що стійкий (Negussu et al., 2023). Обидва генотипи проаналізовані в однакових експериментальних повтореннях, щоб порівняти рівень транскрипції генів без будь-якої обробки (контрольні умови) і під впливом умов імітованої посухи.

мРНК XM_004506301.4 Chloride conductance regulatory protein ICln voltage-dependent chloride channel 1, chloroplastic та XM_073363957.1 *C. arietinum* voltage-dependent chloride channel 1, chloroplastic використовувались як мішені для аналізу диференційної експресії, тоді як NM_001365163.1 *C. arietinum* elongation factor 1-alpha (EF1A) слугував референтним геном для нормалізації підрахунків. Побудову індексів мРНК, а також вирівнювання і підрахунок прочитів транскриптому проводили з використанням програмного забезпечення Bowtie2 (Langmead and Salzberg, 2012).

Для оцінки статистичної відмінності рівнів експресії мРНК двох вибраних мішеней в умовах різних генотипів та експериментальних умов виконано двофакторний дисперсійний аналіз ANOVA з використанням R (версія 4.3.1) (R Core Team…). Основні ефекти, пов'язані з генотипом та умовами, а також їхня взаємодія були перевірені на наявність статистично значущих відмінностей. Нульова гіпотеза відхилялась, якщо значення $p < 0,05$. ANOVA проведено за допомогою пакету stats, для пост-хок аналізу використано пакет TukeyHSD.

Результати та обговорення

Аналіз гена хлоропластного регуляторного білка хлоридної провідності *ICLN* показав, що фактор «генотип» мав статистично значущий вплив на досліджуваний показник ($F(1,8) = 5,346$; $p = 0,0495$). Натомість фактор «умови вирощування» не мав достовірного впливу ($F(1,8) = 0,078$; $p = 0,7869$). Взаємодія між генотипом та умовами також не була статистично значущою ($F(1,8) = 0,788$; $p = 0,4005$) (табл. 2, рис. 1, 2).

Таблиця 1. Транскриптоми нуту, що були використані для проведення дослідження

Транскриптом ID	Генотип	Умови
ERR11526165	Desi PI598080	Контроль
ERR11526166	Desi PI598080	Контроль
ERR11526167	Desi PI598080	Контроль
ERR11526168	Desi PI598080	Посуха
ERR11526169	Desi PI598080	Посуха
ERR11526170	Desi PI598080	Посуха
ERR11526171	Kabuli Flip07 318C	Контроль
ERR11526172	Kabuli Flip07 318C	Контроль
ERR11526173	Kabuli Flip07 318C	Контроль
ERR11526174	Kabuli Flip07 318C	Посуха
ERR11526175	Kabuli Flip07 318C	Посуха
ERR11526176	Kabuli Flip07 318C	Посуха

Таблиця 2. Результати ANOVA для гена *ICLN*

Фактор	F-статистичний критерій	Значення p	Рівень значущості
Генотип	5,346	0,0495	Значущий
Умови	0,078	0,7869	Незначущий
Взаємодія	0,788	0,4005	Незначущий