

17. Yu H.G., Koshland D. Chromosome Morphogenesis: Condensin-Dependent Cohesin Removal during Meiosis // Cell. – 2005. – 123. – P. 397–407.
18. Zhang L., Tao J., Wang Sh., Chong K., Wang T. The rice OsRad21-4, an orthologue of yeast Rec8 protein, is required for efficient meiosis // Plant Molecular Biology. – 2006. – 60. – P. 533–554.

LISOVSKA T.P., KUZMISHYNA I.I., KOTSUN L.O., VOITIUK V.P., ANDREEVA V.V.

*Lesia Ukrainka Estern European National University,
Ukraine, 43025, Lutsk, Voli prosp., 13, e-mail: tlisovska@ukr.net*

TOMATO MEIOTIC MUTATION THAT DISORDERS CHROMATIN CONDENSATION

Aims. This paper presents the results of cytological and genetic analysis of new meiotic mutant of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) sti. **Methods.** Studies on meiosis in microsporogenesis were made in iron-acetocarmine smears of anther fixed in acetic alcohol (3:1). **Results.** Cytological analysis revealed that starting from the stage dyplotene and diakinesis chromosomes showed defects in condensation by fuzzy contours, irregular chromosomes condensation, intertwined chromatin, non-homologous chromosomes and univalents that are difficult to identification. Meiotic mutation tomato sti (stickyness) is monogenic recessive nature of inheritance. Mutant plants exhibit a high male and female sterility. **Conclusions.** Meiotic mutant of tomato sti is defected in chromosome condensation.

Key words: meiosis, meiotic mutants, chromosome condensation, *Lycopersicon esculentum* Mill.

УДК 579.873.71:577.214.2:004.9

ПОЛИЩУК Л.В., МАЦЕЛЮХ Б.П.

*Институт микробиологии и вирусологии им. Д.К. Заболотного НАН Украины,
Украина, 03680, г. Киев, ул. Заболотного, 154, e-mail: LVPolishchuk@ukr.net*

рРНК-ГЕНЫ АКТИНОМИЦЕТОВ, ГОМОЛОГИЧНЫЕ ГЕНАМ рРНК-КЛАСТЕРА *STREPTOMYCES GLOBISPORUS* 1912-2

Установлено, что рибосомальная РНК составляет до 75 % всей РНК клеток как эукариот, так и прокариот [1]. Определено наличие 3 видов рРНК в клетках прокариот: 16S рРНК, 23S рРНК и 5S рРНК [1–5]. По одному рРНК-гену трех видов образуют в хромосомах микроорганизмов кластер и транскрибируются в виде одной молекулы прерибосомальной РНК с последующим сплайсингом [1]. Выявлена множественность рРНК-оперонов генов в клетках организмов эукариот и прокариот [1–3]. Например, у *Streptomyces ambofaciens* обнаружено 4 копии рРНК-оперонов, 7 копий у *S. venezuela*, по 6 копий у *S. lividans*, *S. coelicolor*, *S. griseus* и многих других видов (*Rhodobacter sphaeroides* – 3 копии) [2–4]. По одному оперону найдено в хромосоме других родов актиномицетов – *Mycobacterium bovis*, *M. leprae* [5].

У ряда штаммов актиномицетов выявлены отличия в строении рРНК-оперонов. Так, у *S. niveus* NCIMB 11891 (NZ_CM002285) в хромосоме выявлены 6 рРНК-оперонов, но только в двух из них есть 5S рРНК-гены, а 23S рРНК-гены представлены в виде 2 фрагментов

(996 пн и 1396 пн). Только 2 рРНК-оперона из трех содержат 5S рРНК-гены у штамма *Rothia dentocaris* ATCC 17831 (NC_014643).

Как известно, ДНК стрептомицетов характеризуется ГС-богатым составом (69–73 %), однако, рРНК-кластеры имеют уменьшенное содержание данных нуклеотидов. Так, рРНК гены *S. ambofaciens* содержат 59 %, 57 % и 60 % (соответственно, 16S рРНК-гены, 23S рРНК-гены и 5S рРНК-гены) [1].

В настоящее время большое внимание исследователей уделяется изучению нуклеотидного строения рРНК-генов микроорганизмов [1–7, 10]. Например, сравнительный анализ первичного строения 16S рРНК-гена используется для определения таксономической принадлежности. Одними из основных положений генотипирования бактерии служат нуклеотидный состав (соотношение Г/С и А/Т пар) хромосомной ДНК и степень гомологии нуклеотидных последовательностей 16S рРНК. Кроме того, установлено, что устойчивость к аминогликозидным антибиотикам может быть вызвана модификациями 16S рРНК: метилированием рРНК или ее gts-мутацией [6, 7].

Изучение гомологии нуклеотидного строения рРНК-генов у микроорганизмов различных таксонов, с одной стороны, позволит выявить их эволюционное сродство, а, с другой, может быть полезной, например, для увеличения биосинтеза антибиотиков штаммами продуцентами.

Цель данной работы – изучить распространение рРНК-генов, гомологичных генам рРНК-оперона *S. globisporus* 1912-2 в геномах актиномицетов.

Материалы и методы

Проводился *in silico* анализ доступных Интернет ресурсов (базы данных сервера NCBI Microbial Genome [8]). В качестве реперной последовательности использовался фрагмент хромосомной ДНК *Streptomyces globisporus* 1912-2 (5184 пн).

In silico исследования Интернет базы данных с целью выявления степени их идентичности с выбранной последовательностью рРНК-генов *S. globisporus* 1912-2 осуществлялся с помощью программы BLASTN 2.2.29 (megablast) с установками по умолчанию [9].

Результаты и обсуждение

В доступных Интернет ресурсах (база данных Microbial Genomes) представлено информация о полном первичном строении хромосом 4435 представителей царства *Bacteria*, из них 68 видов рода *Streptomyces* [15].

In silico анализом библиотеки 1438 контигов, содержащей информацию о первичном строении 1438 последовательностей тотальной ДНК штамма *Streptomyces globisporus* 1912-2 было определено нуклеотидное строение трех рРНК-генов (в публикации).

Определение первичного строения хромосомной ДНК штамма *S. globisporus* 1912-2 было проведено аккредитованной компанией «BaseClear» (Лейден, Голландия) в 2013 г. Использование в качестве реперной последовательности известную частичную нуклеотидную последовательность 16S рРНК wild-type штамма *S. globisporus* 1912-2 (AJ132630, GenBank – 464 пн) и данных доступных Интернет ресурсов о первичном строении генов рРНК-оперона *S. griseus* NBRC 13350 (AP009493, GenBank) позволило определить локализацию рРНК-генов *S. globisporus* на Contig 207 (10000 пн – 15184 пн).

У множества актиномицетов определен молекулярный размер рРНК-генов и их расположение в рРНК-кластере. Для генов рРНК-кластера характерна синтения – гены прокариот в кластере располагаются, как правило, в одинаковой последовательности 16S

рРНК – 23S рРНК – 5S рРНК [1–7], молекулярные размеры рРНК-генов в среднем составляют, соответственно, 1500 пн, 3000 пн и 120 пн. Установлено молекулярные размеры генов рРНК-кластера *S. globisporus* 1912-2: последовательности 16S рРНК – 1535 пн, 23S рРНК – 3149 пн, 5S рРНК – 134 пн. Общий размер его рРНК-кластера 5142 пн, включая 2 спейсера (290 пн, 80 пн). Количество Г+Ц пар в первичном строении генов рРНК-кластера *S. globisporus* составлял для 16S рРНК-гена – 58,3 %, 23S рРНК-гена – 56,5 % и для 5S рРНК-гена – 59,1 %. В то время, как в целом Г+Ц состав всех 1438 контигов тотальной ДНК штамма – 75 %.

При проведении *in silico* анализа базы данных Microbial Genome последовательности, идентичные на 82–99 % последовательностям рРНК-кластера *S. globisporus* 1912-2, были обнаружены у 100 штаммов актиномицетов, принадлежащим к 28 различным семействам. Наибольшее количество штаммов принадлежали к семействам *Streptomycetaceae*, *Mycobacteriaceae*, *Micrococcaceae* и ряда других, в то время как к большинству семейств принадлежат только по одному штамму. В Интернет базе данных Microbial Genome представлены данные о нуклеотидном строении 631 штамма порядка *Actinobacteria*, из них, например, 68 штаммов представителей семейства *Streptomycetaceae*, 49 штаммов – *Mycobacteriaceae* (табл.).

Таким образом, *in silico* анализ выявил, что последовательности, гомологичные последовательностям рРНК-кластера *S. globisporus* 1912-2, преимущественное распространение у представителей отдельных семейств: например, у представителей семейств *Streptomycetaceae* и *Micrococcaceae*, в то время как среди представителей семейства *Corynebacteriaceae* в 9 раза реже.

Показатели статистической значимости попарного выравнивания первичного строения рРНК-кластеров (Score) составляли от 8983 до 1954. Из них 16 штаммов, имеющих наибольшую идентичность (99–95 %) с рРНК-генами *S. globisporus* 1912-2 и значение Score (8983–5156) относились семейству *Streptomyces*. В то же время, штамм *S. niveus* NCIMB 11891 (NZ_CM002285) характеризовался низким показателем Score (2324).

У всех 100 штаммов актиномицетов были выявлены последовательности, гомологичные последовательностям 23S рРНК- и 16S рРНК-генов *S. globisporus* 1912-2. Однако, последовательности, гомологичные 5S рРНК-гену

S. globisporus 1912-2 не были выявлены у 73 культур. Из них, 1 штамм – представитель семейства Streptomyces (*S. roseochromogenes* DS 12.976 – CM002285). Только у 10 культур, принадлежащих к другим семействам актиномицетов, были выявлены 5S рРНК-гены с первичным строением, идентичным аналогичному гену *S. globisporus* (например, *Microbacterium testaceum* StLB037 – NC_015125, *Frankia sp.* Eulle – NC_014666, *Actinoplanes missouriensis* 431 – NC_017093).

Как установлено, первичное строение рибосомальных РНК – наиболее консервативно (по сравнению с тРНК и иРНК) у прокариот и эукариот [1, 10]. Наряду с консервативными фрагментами, в последовательности кластера присутствуют и фрагменты со значительной изменчивостью – спейсеры [1–3]. Доказано, что первичное строение 5S рРНК-генов (из трех видов рРНК-генов) как прокариот, так и эукариот – наиболее консервативное [1, 10].

Таблица. Таксономическое распределение видов актиномицетов в выборках

Семейства порядка <i>Actinomycetales</i>	Интернет база данных Microbial Genomes		Наша выборка микроорганизмов*	
	Количество видов	Вклад в базу данных, %	Количество видов	Вклад в выборку, %
Streptomycetaceae	68	10,78	17	17
Mycobacteriaceae	49	13,57	10	10
Micrococcaceae	32	5,07	10	10
Pseudonocardiaceae	46	7,29	9	9
Nocardiaceae	100	15,85	8	8
Micromonosporaceae	14	2,22	8	8
Frankineae	6	0,95	5	5
Nocardioidaceae	12	1,9	4	4
Gordoniaceae	26	4,12	3	3
Geodermatophilaceae	4	0,64	2	2
Cellulomonadaceae	6	0,95	3	3
Nocardiopsaceae	20	3,16	2	2
Promicromonosporaceae	6	0,95	2	2
Microbacteriaceae	46	7,29	2	2
Catenulisporaceae	1	0,16	1	1
Acidothermaceae	1	0,16	1	1
Nakamurellaceae	2	0,32	1	1
Streptosporangiaceae	4	0,64	1	1
Thermosporaceae	12	1,9	1	1
Tsukamurellaceae	2	0,32	1	1
Corynebacteriaceae	59	9,35	1	1
Segnilipaceae	2	0,32	1	1
Intrasporangiaceae	14	2,22	1	1
Sanguibacteraceae	2	0,32	1	1
Dermatococcaceae	3	0,48	1	1
Dermabacteriaceae	10	1,58	1	1
Kineosporiaceae	1	0,16	1	1
Propionibacteriaceae	18	2,85	1	1

Примечание: * – культуры актиномицетов, в хромосомах которых присутствуют гены, гомологичные рРНК-генам *S. globisporus* 1912-2.

Нашим *in silico* анализом первичного строения генов рРНК-кластеров в геномах 100 актиномицетов выявлено существование наибольшего различия в строении 5S рРНК-генов. Например, у штаммов *Beutenbergia cavernae* DSM 12333 (NC_012669) и *Catenulispora acidiphila* DSM 44928 (NC_0131310) нуклеотидное строение 5S рРНК-генов не гомологично аналогичному гену *S. globisporus* 1912-2. К первичному строению 5S рРНК-гена Bcav_R0020 *Beutenbergia cavernae* DSM 12333 были гомологичны (на 84–95%) последовательности 5S рРНК-генов пяти актиномицетов (*Sanguibacter keddieii* DSM 10542 – NC_013521, *Rhodococcus jostii* RHA1 – NC_008268, *Gordonia gronchialis* DSM 43247 – NC_013441, *Gordonia polyisoprenivorans* VH2 – NC_016906, *Saccharomonospora glauca* K62 – CM0011484). Идентичными на 80–91% последовательности 5S рРНК-гена Caci_R0032 *Catenulispora acidiphila* DSM 4492829 были 5S рРНК-гены 29 штаммов актиномицетов (например, *Nocardia brasiliensis* ATCC 700358 NC_018681, *Mycobacterium bovis* AF2122/98). В то же время, у 4 штаммов, при отсутствии гомологии с 5S рРНК геном *S. globisporus* 1912-2, выявлено 5S рРНК-гены, идентичные 5S рРНК-генам как *Beutenbergia cavernae* DSM 12333, так и *Catenulispora acidiphila* DSM 44928 (*Sanguibacter keddieii* DSM 10542 – NC_01351, *Gordonia gronchialis* DSM 43247 – NC_013441, *Saccharomonospora glauca* K62 – CM0011484, *Gordonia polyisoprenivorans* VH2 – NC_016906). Первичное строение 5S рРНК-генов штамма *Frankia sp. Eulle* было гомологично 5S рРНК-генам штаммов *S. globisporus* 1912-2 и *Catenulispora acidiphila* DSM 4492829 (соответственно на 86 % и 85 %).

Литература

1. Барков А.Н., Трубникова Е.В., Стабровская Н.В. Молекулярные особенности организации и транскрипции рибосомных генов [Электронный ресурс] // Ученые записки : электрон. науч. журн. Курского государственного университета. – 2007. – № 1 (3) – Режим доступа: <http://www.scientific-notes.ru/pdf/sa11.pdf>.
2. van Wezel G.P., Vijgenboom E., Bosch L. A comparative study of the ribosomal RNA operons of *Streptomyces coelicolor* A3(2) and sequence analysis of *rrnA* // *Nucleic Acids Research*. – 19, N 16. – P. 4399–4403.
3. Pujic P., Durajija-Zinic S., Pandza S., Mikoc A., Plohl M., Gamulin V. Ribosomal RNA operons in *Streptomyces rimosus*: sequence of the *rrnF* and comparative analysis of *rrn* promoter regions // *Food. technol. biotech.* – 2001. – 39, N 2. – P. 77–81.
4. Pernodet J.-L., Bocard F., Alegre M.-T., Gagnat J., Guirineau M. Organization and nucleotide sequence analysis of a ribosomal RNA gene cluster from *Streptomyces ambofaciens* // *Gene*. – 1989. – 79, N 1. – P. 33–46.
5. La Farina M., Stira S., Mancuso R., Grisanti C. Characterization of *Streptomyces venezuelae* ATCC 10595 rRNA gene clusters and cloning of *rrnA* // *J Bacteriol.* – 1996. – 178, N 5. – P. 1480–1483.
6. Kim Eunjoona R., Hongika K., Hong Seung-Pyoa, Kook Hee Kangb, Yung Hee Khoa, Park Yong-Ha Gene organization and primary structure of a ribosomal RNA gene cluster from *Streptomyces griseus* subsp. *griseus* // *Gene*. – 1993. – 132, N 1. – P. 21–31.

In silico анализом первичного строения библиотеки контигов штаммов *S. globisporus* 1912-2 не было выявлено последовательностей ДНК, гомологичных 5S рРНК-генам как *Beutenbergia cavernae* DSM 12333 и *Catenulispora acidiphila* DSM 44928, так и ряда других штаммов – например, *Frankia alni* ACN14a (NC_008278) *Streptosporangium roseus* DSM 43021 (NC_013595) и *Catenulispora acidiphila* DSM 44928 (NC_13131).

Выводы

Последовательности, идентичные на 82–99 % последовательностям всех 3 генов рРНК-кластера *S. globisporus* 1912-2, обнаружены у 100 штаммов актиномицетов, принадлежащим к 28 различным семействам при проведении *in silico* анализа базы данных Microbial Genome. Наибольшее количество штаммов принадлежали к семействам *Streptomycetaceae* (17 видов), *Mycobacteriaceae* (10 видов), *Micrococcaceae* (10 видов), *Pseudonocardiaceae* (9 видов), *Nocardiaceae* (8 видов), *Micromonosporaceae* (8 видов). К большинству (12 культур) семейств принадлежат только по одному штамму актиномицета.

Последовательности, гомологичные 5S рРНК-гену *S. globisporus* 1912-2, не были выявлены у 73 культур. Из них, 1 штамм – представитель семейства *Streptomyces* (*S. roseochromogenes* DS 12.976 – CM002285). Только у 10 культур, принадлежащих к другим семействам актиномицетов, были выявлены 5S рРНК-гены с первичным строением, идентичным аналогичному гену *S. globisporus* 1912-2.

In silico анализ первичного строения генов рРНК-кластеров в геномах 100 актиномицетов выявлено существование наибольшего различия в строении 5S рРНК-генов у исследуемых актиномицетов.

7. Ochi K., Zhang D., Kawamoto S., Hesketh A. Molecular and functional analysis of the ribosomal L11 and S12 protein genes (rplK and rpsL) of *Streptomyces coelicolor* A3(2) // *Mol Gen Genet.* – 1997. – 5, N 256. – P. 488–498.
8. Чернов В.М., Гоголев Ю.В., Мухаметшина Н.Е., Нестерова Т.Н., Чернова О.А. Особенности амплификации нуклеотидных последовательностей оперонов *trnA* и *trnB* *Acholeplasma laidlawii* PG8 // *Вестник биотехнологии и физ.-хим. биологии.* – 2006. – 2, N 3. – С. 5–13.
9. [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/Microbial Genomes/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/Microbial%20Genomes/)
10. [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLASTN 2.2.29 \(megablast, bl2seq\)/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLASTN%202.2.29%20(megablast,%20bl2seq)/)
11. Смирнов А.В., Энтелис Н.С., Крашенинников И.А., Мартэнс Р., Тарасов И.А. Особенности структуры 5S рРНК, ее взаимодействие с макромолекулами и возможные функции // *Успехи современной биохимической науки.* – 2008. – 48. – С. 133–180.

POLISHCHUK L.V., MATSELUKH B.P.

Zabolotny Institute of Microbiology and Virology of Natl. Acad. Sci. of Ukraine, Ukraine, 03680, Kyiv, Akad. Zabolotnoho str., 154, e-mail: LVPolishchk@ukr.net

rRNA-GENES OF ACTINOMYCETES, WHICH ARE GOMOLOGOUS TO *STREPTOMYCES GLOBISPORUS* 1912-2 rRNA-CLUSTER

Aims. To study the spread of the rRNA-genes homologous fo analogous genes of *S. globisporus* 1912-2 in the genomes of actinomycetes. **Methods.** The program BLASTN 2.2.29 was used for in silico analysis of Internet base of dates NCBI (Microbial genomes). **Results.** Sequence gomologous on 82–99 % to sequences of rRNA-genes of *S. globisporus* 1912-2, were detected in 100 actinomycetes strains from 28 different families. The greatest number of strains belonging to some families: *Streptomycetaceae* (17 species), *Mycobacteriaceae* (10 species), *Micrococcaceae* (10 species), *Pseudonocardiaceae* (9 species), *Nocardiaceae* (8 species), *Micromonosporaceae* (8 species). The majority of families (14 spesies) included only one such strain actinomycetes. Sequences homologous to the 5S rRNA-gene of *S. globisporus* 1912-2 were detected in chromosomes of 25 actinomycetes cultures. **Conclusions.** In silico analysis of the primary structures of rRNA-gene clusters in the genomes of 100 actinomycetes revealed the existence of the largest differences in structures and spreading of 5S rRNA-genes in the studied cultures.

Key words: rRNA, identity, *Actinomycetes*, chromosome, *Streptomyces globisporus* 1912-2.

УДК [575.22 : 582.542.11] (292.3)

ТВАРДОВСЬКА М.О.¹, АНДРЕЄВ І.О.¹, АМОСОВА А.В.², СПІРІДОНОВА К.В.¹, НАВРОЦЬКА Д.О.¹, САМАТАДЗЕ Т.Е.², ЗОЩУК С.А.², МУРАВЕНКО О.В.², КУНАХ В.А.¹

¹ Інститут молекулярної біології і генетики НАН України,

Україна, 03680, м. Київ, вул. Академіка Заболотного, 150, e-mail: twardovska06@mail.ru

² Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН,

Россия, 119991, г. Москва, ул. Вавилова, 32, e-mail: atomar@mail.ru

ВИВЧЕННЯ ГЕНОМІВ РОСЛИН *DESCHAMPSIA ANTARCTICA* DESV. З РІЗНИХ ЛОКАЛІТЕТІВ ПРИБЕРЕЖНОЇ АНТАРКТИКИ ЗА ДОПОМОГОЮ ХРОМОСОМНИХ ТА МОЛЕКУЛЯРНИХ МАРКЕРІВ

Судинні рослини регіону Прибережної Антарктики представлені лише двома видами: щучником антарктичним (*Deschampsia antarctica* Desv.) та колобантусом Кіто (*Colobanthus quitensis* Kunth. Bartl.). Питання виключного поширення в Антарктиці тільки двох видів судинних рослин і досі залишається невирішеним. *D. antarctica* викликає науковий інтерес завдяки ряду фізіологічних ознак, що забезпечують її виживання у суворих умовах

Антарктики, серед яких короткий вегетаційний період та здатність до вегетації і цвітіння за низьких температур, що, зокрема, пов'язано із високим рівнем фотосинтезу за цих умов; можливість існування в умовах високого рівня ультрафіолетового опромінення; стійкість до світлового стресу; пристосування до екстремально-сухих та надмірно зволжених ґрунтів та інше [1].

Відомо, що стресові фактори середовища