

ОЦІНЮВАННЯ РОЗМІРУ МІКРОСАТЕЛІТНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ ДРІЖДЖІВ *SACCHAROMYCES PARADOXUS*

Римар Ю.Ю.¹, Проніна О.В.¹, Рушковський С.Р.², Моргун Б.В.¹

¹Інститут клітинної біології та генетичної інженерії НАН України,

²ННЦ «Інститут біології та медицини» Київського національного
університету імені Тараса Шевченка, yulia-r@i.ua

Загальновідомо, що мікросателітні послідовності характеризуються високим рівнем поліморфізму, тому цю властивість використовують в популяційно-генетичних, філогенетичних дослідженнях. Також їх використовують у генетичному моніторингу довкілля, наприклад наслідків радіоактивного забруднення. Для виявлення факторів та змін, які накопичуються в геномах організмів, що перебувають на радіоактивно зараженій місцевості, зручно використовувати дріжджі виду *Saccharomyces paradoxus*. Тому для з'ясування довгострокового ефекту радіоактивного забруднення на популяційну стабільність мікроорганізмів можна оцінити розміри мікросателітних послідовностей у штамів, отриманих з популяції Чорнобильської зони відчуження дріжджів *Saccharomyces paradoxus*, і відмітити зміни їх генофонду.

У дослідженні використано колекцію штамів дріжджів *S. paradoxus*, виділених з різних ділянок ґрунту Чорнобильської зони відчуження. Аналізували мікросателітні локуси *ECM16*, *YIL130*, *TFA1*, *UBA1*, *ZEO1* методом полімеразної ланцюгової реакції з подальшим розділенням продуктів ампліфікації методом електрофорезу у 2% агарозному гелі в трис-боратному буфері. Аналіз електрофореграм для визначення розмірів ампліконів здійснювався в програмі GelAnalyzer.

У результаті роботи проведено підбір мікросателітних маркерів для характеристики штамів природних популяцій дріжджів виду *S. paradoxus*. Також встановлено, що мікросателіти мали різний ступень поліморфізму. Виходячи з порівняння поліморфізму серед штамів даної популяції визначено, що мікросателітний локус *TFA1* є найменш поліморфним в порівнянні з іншими (штами майже не відрізняються між собою). Найбільша відмінність серед обраних штамів спостерігається для локуса *UBA1* - різниця у 203 п.н., для порівняння різниця для *YIL130* - 46 п.н., *ZEO1* - 61 п.н.

Крім того, ми спостерігали значне збільшення розміру локуса *UBA1* в ДНК штамів О34, О41. Саме штами О34, О41 та О33а виділені з «рудого» лісу - зони високої радіації, але розмір амплікона штаму О33а збільшився в меншій мірі. Внаслідок цього не можна визначити прямої кореляції між дозою радіації і збільшенням мікросателітного локуса *UBA1*. Для інших досліджуваних мікросателітів *YIL130* та *ZEO1* також зберігалася збільшення розміру послідовностей у штамів О34 та О41, але найбільш яскраво це проявляється на локусі *UBA1*.

Таким чином, нами було виявлено поліморфні варіанти мікросателітних локусів *UBA1*, *ZEO1*, *YIL130* у штамів дріжджів *S. paradoxus*, які належать до популяції Чорнобильської зони. Найбільші розбіжності в розмірах ампліфікованих фрагментів серед популяції Чорнобильської зони характерні для *UBA1*.