1. *В.И. Билай, И.М. Пидопличко, Н.Я. Артемчук* Распространение глюкозооксидаз у разных видов рода *Penicillium Lk* // Белки в медицине и народном хозяйстве / Отв. ред. М.Ф. Гулый – Киев. – 1965. – С. 124–131.
2. *Л.М. Андеркофлер* Производство и применение ферментных препаратов в пищевой промышленности / Под ред. Р.В. Фениксовой – М. – 1963. – С. 73–88.
3. *M. Roehr, Ch.P. Kubicek, I. Kominek* Gluconi acid // Biotehnology / Ed. by H.S. Rehm, G. Reed – 1996. – Vol. 6. – P. 347–362.
4. *B.A. Alberti, A.M. Klibanov* Preperative production of hydroquinone from benzoquinone catalysed by immobilized D-glucose oxidase // Enzyme Microb. Technol. – 1982. – Vol. 4, № 1. – P. 47–49.
5. *Р.В. Михайлова, Л.А. Жуковская, А.Г. Лобанок* Изучение спонтанной изменчивости *Penicillium adametzii* ЛФ F-2044 – продуцента глюкозооксидазы // Прикл. Биохим. и микробиол. – 2007. – Т.43, № 2. – С. 207-211.
6. *Л.А. Жуковская, Д.Г. Ярмолинский, Р.В. Михайлова, Т.В. Семашко, Н.А. Картель, А.Г. Лобанок* Секвенирование и характеристика гена глюкозооксидазы *Penicillium adametzii* ЛФ F-2044.1 // Весці Нац. Акад. Навук Беларусі. – 2008. – №1. – С. 69-73.
7. *R.B. Diez* Strategies for the transformation of filamentous fungi // Journal of Appl. Microbiol. – 2002. – Vol. 92. – P. 189-195.
8. *H.P. Roger et al.* pGreen: a versatile and flexible binary Ti vector for *Agrobacterium*-mediated plant transformation // Plant Mol. Biol. – 2000. – Vol. 42. – P. 819-832.

ЭКЗОН-ИНТРОННАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ГЕНОВ НЕКОТОРЫХ ВИДОВ ПРОТИСТОВ

А.Т. Иващенко, А.А. Кабдуллина
Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Алматы, Казахстан
a_ivashchenko@mail.ru

Экзон-интронная организация генов характерна для геномов высших эукариот. Например, геномы человека, крысы, риса, арабидопсиса, дрозофилы, нематоды содержат таких генов более 80% [1-4]. Доля генов с интронами в геномах низших эукариот изменяется в широких пределах. Геномы грибов содержат от 0.3% генов с интронами до 97% таких генов. Полностью секвенированные геномы протистов тоже имеют большой диапазон изменения доли генов с интронами. Например, геномы *Leishmania infantum, Trypanosoma brucei, Cryptosporidium parvum* содержат единичные гены в каждой хромосоме, а в геномах *Dictyostelium discoideum*, *Plasmodium falciparum, Paramecium tetraurelia* и *Theileria parva* таких генов более 50%. Кроме варьирования числа генов с интронами в геномах протистов, проявляется различное отношение длин экзонов и интронов в каждом геноме. Представляется важным выяснить закономерности в экзон-интронной организации генов протистов и установить ее особенности в геноме каждого вида.

Нуклеотидные последовательности геномов *P. falciparum*, *D. discoideum, P. tetraurelia* и *T. parva* получены из GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov). Гены распределяли в выборки с 1, 2, 3, 5, 6-9, 10-14, 15 и более интронами в гене. Определяли длину экзонов (l_{ex}), интронов (l_{in}), сумму длин экзонов (L_{ex}) в гене, длину гена (L_{gn}) и долю длины экзонов (L_{ex}/L_{gn}) в гене. N_{in} – число интронов в гене, N_{gn} – число генов в выборке. Анализировали количество интронов и экзонов с длиной в интервалах 1-20, 21-40, 41-60 н. и так далее до 400 н., а также с длиной более 400 н.

Из полностью секвенированных геномов нескольких видов протистов только четыре (*P. alciparum*, *D. discoideum, P. tetraurelia* and *T. parva*) имеют существенную долю генов с экзон-интронной организацией. Изученные геномы имеют соответственно 55, 69, 83 and 75% генов с интронами. Длина безинтронных генов этих организмов равна 2351, 1037, 1129 and 1642 н. которая больше в 2.2, 1.4, 1.8 and 2.6 раза чем средняя длина экзонов в одноинтронных генах. Увеличение числа интронов в генах *P. falciparum*, *D. discoideum*, *P. etraurelia* и *T. parva* ведет к снижению средней длины экзонов соответственно в 5.8, 3.9, 2.0 and 2.7 раза (Таблица). Такое значительное уменьшение средней длины экзонов

происходит за счет снижения доли экзонов в генах длиной более 400 н. с 38-50 % до 5.4-7.8 %. При этом число экзонов с длиной в интервале 60 - 120 н. значительно увеличивается.

Таблица

Изменения длин интронов, экзонов, суммы длин экзонов и генов *P. falciparum*, *T. parva*, *P. tetraurelia* и *D. discoideum*.

N_{in}	l_{ex}	l_{in}	L_{ex}	L_{gn}	L_{ex}/ L_{gn},%	N_{gn}
P. falciparum						
1	1087	241	2173	2414	90	1434
2	739	197	2216	2610	85	539
3	602	165	2406	2901	83	303
4	433	173	2164	2855	76	201
5	331	163	1988	2802	71	123
7.0	280	147	2244	3275	69	253
11.7	213	142	2714	4376	62	47
17.6	189	131	3499	5806	60	22
T. parva						
1	560	124	1120	1245	90	846
2	376	112	1128	1352	83	579
3	288	99	1151	1449	79	487
4	287	97	1436	1825	79	302
5	249	94	1492	1962	76	247
7.1	202	84	1639	2233	73	467
11.1	197	77	2380	3234	74	104
16.7	211	78	3731	5036	74	18
P. tetraurelia						
1	643	25	1285	1310	98	104
2	374	25	1123	1172	96	98
3	491	25	1965	2039	96	78
4	445	25	2227	2326	96	53
5	355	25	2132	2258	94	25
6.6	322	25	2443	2609	94	24
10.5	367	25	4218	4476	94	2
15.7	317	25	5280	5664	93	3
D. discoideum						
1	737	144	1474	1618	91	4301
2	533	143	1600	1886	85	2257
3	506	136	2025	2434	83	998
4	446	140	2224	2786	80	449
5	465	144	2791	3508	80	190
6.5	440	128	3310	4144	80	185
11.1	384	121	4652	5995	78	9
16.7	190	104	3359	5099	66	3

Длина интронов уменьшается в генах *P. falciparum* and *T. parva* и не изменяется в генах *P. tetraurelia* и *D. discoideum* с ростом числа интронов в них. Несмотря на значительное уменьшение средней длины экзонов с ростом числа интронов сумма длин экзонов увеличивается (Таблица).

Связь между изменениями суммы длин экзонов и числом интронов описывается линейной регрессией с высокими коэффициентами корреляции (0.78 – 0.98): $N_{in} = aL_{ex} + b$, где a и b – параметры линейной регрессии. Соответствующие уравнения регрессии для генов изученных геномов таковы:

P. falciparum $N_{in} = 0.0104L_{ex} – 18.8$;
D. discoideum $N_{in} = 0.0038L_{ex} – 4.1$;
P. tetraurelia $N_{in} = 0.0034L_{ex} – 2.7$;
T. parva $N_{in} = 0.0058L_{ex} – 3.9$.

От числа интронов зависела общая длина гена. Многократные изменения длины генов коррелировали (коэффициенты корреляции изменялись в интервале 0.88 – 0.99) с числом интронов в них и описывались уравнением: $N_{in} = cL_{gn} + d$, где c и d – коэффициенты линейной регрессии. Соответствующие зависимости для генов изученных геномов следующие:

P. falciparum $N_{in} = 0.0048L_{gn} – 9.9$;
D. discoideum $N_{in} = 0.0030L_{gn} – 4.1$;
P. tetraurelia $N_{in} = 0.0031L_{gn} – 2.5$;
T. parva $N_{in} = 0.0041L_{gn} – 3.2$.

Приведенные результаты свидетельствуют о том, что в генах изученных протистов существует связь между суммой длин экзонов, а также длиной генов и числом интронов в них. Увеличение числа интронов в генах происходит с уменьшением длинных экзонов и увеличением числа экзонов с длиной в интервале 60 – 120 нуклеотидов.

1. *M. Deutsch.* Long Intron-exon structures of eukaryotic model organisms // Nucl. Acids Res. -1999. - V. 27. - P. 3219-3228.
2. *M.D. Adams, S.E. Celiker, R.A. Holit, et al.* The genome sequence of *Drosophila melanogaster* // Science. - 2000. - V. 287. - P. 2185-2195.
3. *J.C. Venter, M.D. Adams, E.W. Myers et al.* The sequence of the human genome // Science. -2001. - V. 291, - P. 1304-1351.
4. *S.W. Roy, D. Penny* Intron length distributions and gene prediction // Nucleic Acids Res. – 2007. – V. 35. - P. 4737-4742.
5. *S. Atambaeva, V. Khailenko, A. Ivashchenko* Changes of introns and exons length in genes of arabidopsis, rice, nematode and human // Mol. Biol. (Russ). – 2008. – V. 42. – P. 1-10.

МАРКЕРЫ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ ШТАММОВ-АНТАГОНИСТОВ

М.В. Камаева, А.В. Бережная, М.Н. Мандрик, Н.В. Сверчкова, Т.В. Романовская
ГНУ ««Институт микробиологии» НАН Беларуси, Минск, Беларусь
microbio@mbio.bas-net.by

При создании биологических средств защиты сельскохозяйственных растений значительный интерес представляет получение полифункциональных бактериальных препаратов, обладающих энтомоцидным, антибактериальным, антифунгальным и ростостимулирующим действием. Наиболее перспективным является создание комбинированных препаратов, действующим началом которых являются клетки и метаболиты одновременно нескольких различных штаммов-антагонистов [1]. Для изучения взаимоотношений микроорганизмов в составе такого препарата и получения более полной информации о действии антагонистов в естественных условиях при проведении полевых испытаний представляются весьма интересными селективные маркеры антибиотикоустойчивости, которые позволяют легко выделить и идентифицировать микроорганизмы на плотных питательных средах чашечным методом.

На первом этапе работы было проведено исследование штаммов-антагонистов на способность к росту в присутствии антибиотиков различных групп (тетрациклины, аминогликозиды, макролиды, бета-лактамы, хлорамфениколы). Для этого исследуемые