

раючої крони, які з часом також всихають. Саме їх наявність свідчить про глибоку патологію берези повислої [7]. Наразі проводять дослідження патогенних, анатомо-морфологічних, фізіолого-біохімічних і властивостей збудника бактеріальної водянки та іншої міко- та мікрофлори у загальній патології берези повислої в Житомирському Поліссі.

Висновки:

1. Береза повисла є досить чутливою до різних систематичних і функціональних груп міко- та мікроорганізмів.
2. Серед збудників плямистостей листків виявлено анаморфні гриби родів: *Septoria*, *Phoma*, *Phomitopsis*, *Ascochyta*, *Gloeosporium*, *Marssonina*, *Mycosphaerella*, а також представники класів *Ascomycetes* і *Urediniomycetes*.
3. Встановлено значне поширення базидіальних грибів із порядку *Aphyllphorales*, які спричиняють гнилі стовбурів берези різної інтенсивності.
4. Береза повисла є добрим живильним середовищем для *Viscum album*, яка є досить поширеною, проте зазвичай не призводить до відмирання дерев.
5. Наразі найшкодочинніші інфекційні хвороби берези повислої, які призводять до її швидкого мають бактеріальну етіологію.

Література

1. Билай В.И. Микроорганизмы – возбудители болезней растений / В.И. Билай, Р.И. Гвоздяк, И.Г. Скрипаль. – К.: Изд-во "Наук. думка", 1988. – С. 373-466.
2. Визначник грибів України / відп. ред. Д.К. Зеров. – К.: Вид-во "Наук. думка", 1969. – Т. 2. – 517 с.
3. Визначник грибів України / відп. ред. Д.К. Зеров. – К.: Вид-во "Наук. думка", 1971. – Т. 3. – 696 с.
4. Визначник грибів України / відп. ред. Д.К. Зеров. – К.: Вид-во "Наук. думка", 1971. – Т. 4. – 316 с.
5. Гвоздяк Р.И. Бактериальные болезни лесных древесных пород / Р.И. Гвоздяк, Л.М. Яковлева. – К.: Вид-во "Наук. думка", 1979. – 244 с.
6. Гвоздяк Р.И. Лісова фітопатобактеріологія: навч. посібн. / Р.И. Гвоздяк, А.Ф. Гойчук, В.В. Розенфельд / за ред. проф. А.Ф. Гойчука. – К.: Вид. дім "Вініченко", 2014. – 252 с.
7. Черпаков В.В. Бактериальные болезни лесных пород в патологии леса / В.В. Черпаков // Известия Санкт-Петербургской лесотехнической академии: сб. науч. тр. – СПб.: Изд-во ЛГТУ, 2012. – Вып. 200. – С. 292-303.
8. Щербин-Парфененко А.Л. Бактериальные заболевания лесных пород / А.Л. Щербин-Парфененко. – М.: Изд-во "Гослесбумиздат", 1963. – 148 с.
9. Hall J.W. The comparative anatomy and phylogeny of the Betulaceae / J.W. Hall. Bot. Gaz. 1952. – Vol. 113. – Pp. 235-270.
10. Henningsson V. Ecology of decay fungi in birch and aspen pulpwood / V. Henningsson. – London, 1968. – 119 p.
11. Venn K. Discoloration and microflora in stored pulpwood of birch (*Betula pubescens* Ehrh.) in Norway / K. Venn. – Oslo, 1972. – 148 p.

Надійшла до редакції 15.04.2016 р.

Швец М.В. Инфекционные болезни *Betula pendula* L. в насаждениях Житомирского Полесья Украины

Приведены результаты исследований видового состава возбудителей инфекционных болезней березы повислої в насаждениях Житомирского Полесья Украины, описаны их биологические и морфологические особенности, симптомы поражения. Акцентировано внимание на чувствительности березы в разных систематических и функциональных групп мико- и микроорганизмов, особенно к возбудителям бактериозов. Показано, что среди возбудителей пятнистости листьев обнаружены анаморфные грибы, установлено значительное распространение базидиальных грибов, которые вызывают

гнили стволов березы различной интенсивности. Сейчас наиболее вредоносным возбудителем инфекционных болезней березы повислої, которые приводят к ее быстрому отмиранию, являются бактерии, в том числе бактериальная водянка.

Ключевые слова: инфекционные болезни, симптоматика, патология, патогенез, распространенность, фитосанитарное состояние, микроорганизмы, микроорганизмы.

Shvets M. V. Infectious Diseases of *Betula Pendula* L. in Plantations of Zhytomyr Polissya, Ukraine

Some results of studies of species of infectious diseases of *Betula pendula* in Zhytomyr Polissya of Ukraine, and the description of their biological and morphological features as well as lesion symptoms are presented. Attention is focused on the sensitivity of birch to different taxonomic and functional groups of mico- and microorganisms, especially pathogens of bacteriosis. It is shown that among pathogens of leaf spot dominating are anamorphic fungi belonging to Deuteromycota division. Widespread basidiomycetes, including order Aphyllphorales that cause rottenness of birch trunks of varying intensity are established. Currently, certain bacteria including bacterial dropsy should be regarded as the most harmful agents causing infectious diseases of *Betula pendula*, which leads to its rapid extinction.

Keywords: infectious diseases, symptoms, pathology, pathogenesis, prevalence, phytosanitary microorganisms, microorganisms.

УДК 575:582.632

ДЕФЕНЗИНОПОДІБНІ ПОСЛІДОВНОСТІ У ГЕНОМАХ ПРЕДСТАВНИКІВ ПОРЯДКУ БУКОЦВІТІ (*FAGALES*)

Ю.М. Юсипович¹

У міжнародній базі даних EST (Expressed Sequence Target) NCBI (США) виявлено 295 кДНК клонів, які кодують дефензини у рослин порядку Букоцвіті (*Fagales*). Розраховані амінокислотні послідовності цих клонів поділено на три групи за їх структурною ідентичністю. Оцінено гомологію амінокислотних послідовностей дефензинів між представниками родів: Бук (*Fagus*), Береза (*Betula*), Вільха (*Alnus*), Дуб (*Quercus*), Горіх (*Juglans*) та Каштан (*Castanea*). Встановлено філогенетичні зв'язки між дефензинами різних груп рослин. Визначено консервативність 26 амінокислотних залишків у дефензинів порядку *Fagales*.

Ключові слова: *Fagales*, геном, дефензиноподібні послідовності, експресія, філогенетичні зв'язки.

Вступ. На різних етапах онтогенезу деревних рослин задіяні різноманітні механізми захисту проти патогенного впливу, провідне місце серед яких займає синтез антимікробних пептидів (АМП). Одну із найчисельніших груп АМП, яку інтенсивно досліджують останніми роками, утворюють рослинні дефензини. Ці короткі пептиди, довжиною 45-54 амінокислотних залишків, мають високий вміст цистеїну та основних амінокислот, які зумовлюють їх позитивний заряд. Дефензини рослин проявляють широкий спектр біологічної активності, найчастіше – це антифунгальна та антибактеріальна активності, зрідка інсектицидна. Гени дефензинів можуть експресуватися конститутивно або індуковано під дією зовнішніх стресорів у вегетативних та генеративних органах рослин [8].

¹ мол. наук. співроб. Ю.М. Юсипович, канд. біол. наук – НЛТУ України, м. Львів

Геноми деревних рослин, порівняно із трав'яними, є маловивченими. З цієї причини гени дефензинів деревних порід достатньою мірою не досліджені. Протягом минулих двадцяти років значну увагу приділяли дослідженню дефензинів сільськогосподарських культур, які важливі для потреб споживачів, таких як: пшениця, ячмінь, картопля, томати, виноград, редиска та ін. [8]. Наразі активно реалізуються проекти із секвенування геномів плодкових дерев і лісотворних деревних порід, які поширені у США, Канаді, Скандинавії та інших країнах Європи, що сприяло швидкому поповненню Міжнародної електронної бази GenBank. Зокрема, серед перших деревних рослин, дефензини SPI1 та SPI1B було клоновано у *Picea abies* (L.) Karst. (2001 р.) [5], у каштана їстівного *Castanea sativa* Mill. (2002 р.) [9], дефензин GbD1 у *Ginkgo biloba* L. (2005 р.) [7] і дефензини *PsDef1* та *PsDef2* – у *Pinus sylvestris* L. (2009 р.) [6]. З огляду на те, що бук лісовий, дуб звичайний та інші види порядку Букоцвіті є екологічно та економічно важливими породами в Україні, і хвороби цих видів завдають істотних збитків лісовому господарству, актуальним завданням є виявлення генів дефензинів у геномах цих рослин з метою їх використання для підвищення біологічної стійкості лісів.

Мета роботи – виявити дефензиноподібні послідовності (DEFLs) у геномах представників порядку Букоцвіті за допомогою електронних баз даних та здійснити їх порівняльний аналіз.

Методи дослідження. Пошук нуклеотидних послідовностей здійснено в електронній службі BLAST 2.0 Національного центру біотехнологічної інформації США (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) із використанням алгоритмів blastn, blastp. Для пошуку відкритих рамок читування у нуклеотидних послідовностях застосовано ORF Finder (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>). Амінокислотні послідовності виведено за допомогою серверної програми Translate tool (<http://web.expasy.org/translate/>). Для визначення сигнальної послідовності дефензинів використано програму SignalP (<http://www.cbs.dtu.dk/services/SignalP/>). Для визначення філогенетичних зв'язків та ступеня ідентичності амінокислотних послідовностей зрілих пептидів дефензинів здійснено у програмі MegAlign (<http://www.dnastar.com/t-megalign.aspx>). Визначення молекулярних мас, заряду молекул та їх ізоелектричних точок здійснено в Protein Calculator v3.4 (http://www.geneinfinity.org/sp/sp_proteinpinmw.html).

Результати дослідження та їх обговорення. У лабораторії молекулярних маркерів деревних рослин кафедри лісівництва НЛТУ України клоновано дефензини сосни звичайної *PsDef1* (№ GenBank EF 455616.1), *PsDef2* (№ GenBank EF 455617.1) *PsDef3* (№ GenBank JN 980401.1), *PsDef4* (№ GenBank KJ 601732.1) і *PsDef5.1* (№ GenBank DN 633232.1). Це дало змогу вивчити особливості їхньої експресії та з'ясувати їх роль у стійкості сосни звичайної проти фітопатогенних грибів [2, 3]. Для пошуку гомологів дефензинів у рослин порядку Букоцвіті в електронній службі BLAST за допомогою алгоритму пошуку blastp використано амінокислотну послідовність дефензину 1 сосни – *PsDef1*. Параметри пошуку обмежено родиною *Fagales*, внаслідок чого виявлено лише одну гомологічну послідовність до *PsDef1* – дефензин каштана їстівного (*Castanea sativa* Mill.) № GenBank AF417297.1. Це перший відомий представник дефензи-

нів у листяної породи, що належить до цього порядку. Безпосередньо амінокислотних послідовностей дефензинів у інших представників *Fagales* не виявлено. Тому, за допомогою алгоритму пошуку blastn на основі нуклеотидної послідовності гена дефензину каштана їстівного, здійснювався подальший пошук дефензиноподібних послідовностей у представників порядку Букоцвіті, у спеціальному підрозділі GenBank – dbEST, де подані послідовності генів, які експресуються (EST – Expressed Sequence Target).

Серед виявлених 295 клонів DEFLs у представників *Fagales* визначено 10 різних за амінокислотним складом дефензинів, які умовно позначено різними літерами латинського алфавіту (рис. 1). Шляхом вирівнювання амінокислотних послідовностей знайдено консервативні амінокислотні залишки (а.з.): для цистеїну (C) – це позиції: 3, 14, 20, 24, 34, 41, 43, 47; аргініну (R) – 1, 38, 40; глутамінової кислоти (E) – 4, 27; серину (S) – 5, 7; гістидину (H) – 8; фенілаланіну (F) – 10, 29, 42; гліцину (G) – 12, 28, 32, 36; аспарагіну (N) – 19; валіну (V) – 23 та треоніну (T) – 44 позиція. У первинних структурах дефензинів букоцвітих збережені позиції амінокислотних залишків, які характерні для всіх рослинних дефензинів: гліцин (G) – у позиціях 12, 32, серин (S) – у 7 позиції, ароматичний залишок у 10 позиції, у цьому випадку це фенілаланін (F) та в 27 – глютамінова кислота (E) [1]. Повна амінокислотна послідовність усіх досліджуваних дефензинів містить сигнальний пептид, місце відщеплення якого від зрілого пептиду визначено за допомогою програми SignalP. Внаслідок порівняльного аналізу підраховано, що сигнальні пептиди дефензинів (SP) мають різну довжину – від 27 амінокислотних залишків до 32 а.з. (див. рис. 1).

SP(а.з.)	10	20	30	40	47
A (-32)	-R T C E S Q S H R F	Q G T C V R K S N C	A A V C Q T E G F H	G G H C R G F R R R	C F C T K H C N
B (-30)	-R T C E S Q S H R F	K G P C V R K S N C	A S V C Q T E G F H	G G Q C R G F R R R	C F C T K H C -
C (-27)	-R V C E S Q S H K F	K G A C M S N H N C	A L V C R N E G F S	G G R C R G F R H R	C F C T R I C -
D (-27)	-R V C E S Q S H G F	K G A C A M D H N C	A L V C R N E G F S	G G R C R G F R H R	C F C T K L C -
E (-27)	-R V C E S K S H G F	R G M C A R D H N C	A L V C R N E G F S	G G N C R G F R H R	C F C T K L C -
F (-27)	-R V C E S Q S H K F	Q G P C V R D N N C	G L V C K N E G F S	G G K C R G F R R R	C F C T K I C -
G (-27)	-R V C E S K S H H F	K G P C A G D H N C	A M V C R N E G F S	G G N C R G L R R R	C F C T R Q C -
H (-28)	-R V C E S Q S H K F	K G P C V G D H N C	A L V C R N E G F S	G G D C K G L R R R	C F C T R L C -
I (-27)	-R V C E S K S H N F	K G P C S G D H N C	A L V C R N E G F S	G G D C K G L R R R	C F C T R R C -
J (-27)	-R V C E S K S H N F	K G P C V S D Q N C	G M V C R N E G F S	A G D C K G L R R R	C F C T R S C -
	*	*	*	*	* * *

Рис. 1. Вирівнювання амінокислотних послідовностей дефензинів букових: SP – сигнальний пептид, у дужках кількість амінокислотних залишків (а.з.); -R – початок зрілого пептиду; цифри зверху – відлік амінокислотних залишків; * – позиції цистеїнів; курсивом виділено спільні амінокислотні залишки

Порівнюючи амінокислотні послідовності зрілих пептидів, став очевидним загальний лейтмотив, який характерний для DEFLs: X_n-C-X_n-C-X_n-C-X₃-C-X_n-C-X_n-C-X₁-C-X_n-C-X_n, де C – цистеїн та X_n – кількість амінокислотних залишків. Отримані амінокислотні послідовності за цим лейтмотивом поділено на дві групи. Перша група із структурою лейтмотиву: X₂-C-X₁₀-C-X₅-C-X₃-C-X₉-C-X₆-C-X₁-C-X₃-C-X₁ має довжину ланцюга 48 а.з., до неї входять клони дефензину А, виявлені у бука лісового (*Fagus sylvatica* L.) та бука японського (*Fagus crenata* Blume). У пептиді цієї групи на С-кінці міститься аспарагіновий аміно-

кислотний залишок. Друга група описується лейтмотивом: X₂-C-X₁₀-C-X₃-C-X₃-C-X₉-C-X₆-C-X₁-C-X₃-C-X₀, до неї належать дефензини В-І, знайдені у представників родів: Береза (*Betula*), Вільха (*Alnus*), Дуб (*Quercus*), Горіх (*Juglans*) та Каштан (*Castanea*). На відміну від попередньої групи, пептиди цієї групи на С-кінці молекули завершуються восьмим цистеїновим амінокислотним залишком і мають довжину 47 а.з.

Порівнюючи фізичні показники пептидів, визначено, що їх молекулярні маси є типовими для рослинних дефензинів і в середньому змінюються від 5,23-5,49 кілоДальтон (кДа) з ізоелектричними точками в межах 8,52-9,20. Сайт-специфічний точковий мутагенез із заміною амінокислотних залишків у послідовності дефензину редиски Rs-AFP2, який здійснили De Samblanx G.W. з колегами, показав, що в молекулі дефензину існують два суміжні сайти, важливі для антифунгальної активності [4]. Перший сайт утворений амінокислотними залишками: тирозин-38 (позиція 38), фенілаланін-40, пролін-41, аланін-42, лізин-44 та ізолеїцин-46. Усі ці залишки, крім проліну та лізину, високогідрофобні. У разі заміни позитивно зарядженого лізину у 44 позиції на нейтральний глютамін, спостережено істотне зменшення антифунгальної активності пептиду. Це свідчить про те, що позитивний заряд в цій ділянці має важливе значення. Аналогічно, коли у середину кластера другого сайту, утвореного треоїном-10, серином-12, лейцином-28 і фенілаланіном-49, було введено позитивний заряд, це призводило до посилення антифунгальної активності [4]. Відтак і загальний позитивний заряд молекул дефензинів має важливе значення [1]. Високі значення позитивного заряду при рН 7,0 можуть свідчити про високу антимікробну активність пептидів. У дефензинів А і В це +7,6 та +8,4 відповідно. Найнижчі ці значення +4,9 у дефензину І і +5,2 у дефензину Н.

Аналіз бібліотек кДНК бази dbEST показав, що виявлені DEFLs експресуються як індуковано, так і конститутивно, переважно у корнях та корі – рослинних органах, які найчастіше контактують з патогенною мікробіотою (табл. 1).

У деяких деревних видів ідентифіковано по кілька різних дефензинів, що є типовим для рослинних геномів, адже дефензини у них подані родинними генами [8, 10]. Вважається, що серед досліджуваних видів порядку Букоцвіті, у дуба звичайного на цей час, виявлено найрізноманітніший набір DEFLs. Як видно з табл. 1, це дефензини В, С і D. Найбільшу кількість клонів дефензину В, а це 100 послідовностей, які є ідентичними між собою на 100 %, знайдено у дуба звичайного, що також трапляються у геномах: дуба скельного (45 ідентичних послідовностей), каштана їстівного (одна послідовність) та каштана китайського (13 ідентичних послідовностей).

Для визначення ступеня ідентичності та філогенетичних зв'язків, було здійснено попарне порівняння 10 амінокислотних послідовностей зрілих пептидів знайдених дефензинів. Внаслідок такого порівняння визначено найменша частка дивергенції між пептидами А і В, що становить 9,1 %, і навпаки, найбільше розходження до 57,4 % виявилось між дефензинами І та А. Висока частка ідентичності – 91,5 %, визначено між послідовністю А, яка виявлена у двох видів бука та послідовністю В у дуба і каштана, що дало змогу виділити їх в окрему групу *Fagus* (табл. 2).

Табл. 1. DEFLs у представників порядку Букоцвіті

№ з/п	Назва виду		№ деяких клонів у GenBank	Умовне позначення з.ф. *DEFLs та кількість клонів	Експресія в органі
	українська	латинська			
1	Береза повисла	<i>Betula pendula</i> Roth.	CD278481.1	J (2)	Корені під час формування ектомікоризи
2	Береза плосколиста	<i>Betula platyphylla</i> Sukaczew	FG066825.1	I (5)	Камбій
3	Бук лісовий	<i>Fagus sylvatica</i> L.	FR602335.1	A (32)	Бруньки у спокої
4	Бук японський	<i>Fagus crenata</i> Blume	DC652481.1	A (21)	Внутрішня кора
5	Вільха клейка	<i>Alnus glutinosa</i> (L.) Gaerth.	FQ345240.1	H (34)	Бульбочки коренів
6	Горіх грецький	<i>Juglans regia</i> L.	CV196236.1 CV194784.1	E (4) F (3)	Покривна шкірка плоду
7	Дуб звичайний	<i>Quercus robur</i> L.	FR634505.1 FN703154.1 FN723051.1	B (100) C (2) D (30)	Апікальна меристема коренів
8	Дуб сірий	<i>Casuarina glauca</i> Sieber	FQ364550.1	G (2)	Бульбочки коренів
9	Дуб скельний	<i>Quercus petraea</i> (Matt.) Liebl.	FN743590.1 FN759723.1	B (45) C (1)	Корені, вторинна ксилема
10	Каштан їстівний	<i>Castanea sativa</i> Mill.	AF417297.1	B (1)	Стебла при пораненні та грибковому ураженні
11	Каштан китайський	<i>Castanea mollissima</i> Blume	GO922774.1	B (13)	Кора, вторинна флоєма

з.ф.* DEFLs – зріла форма дефензиноподібних послідовностей.

Табл. 2. Ідентичність та дивергенція між пептидами дефензинів

		Percent Identity												
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10			
Divergence	1	█	91.5	66.0	68.1	68.1	74.5	63.8	66.0	61.7	59.6	1	A	I - <i>Fagus</i>
	2	9.1	█	68.1	70.2	68.1	74.5	68.1	70.2	66.0	63.8	2	B	
	3	45.2	41.5	█	87.2	78.7	76.6	76.6	80.9	76.6	70.2	3	C	II - <i>Quercus</i>
	4	41.5	37.9	14.0	█	89.4	76.6	78.7	80.9	76.6	68.1	4	D	
	5	41.5	41.5	25.1	11.5	█	76.6	80.9	76.6	76.6	68.1	5	E	
	6	31.2	31.2	28.1	28.1	28.1	█	72.3	78.7	72.3	72.3	6	F	
	7	49.1	41.5	28.1	25.1	22.2	34.5	█	85.1	87.2	80.9	7	G	III - <i>Betula</i>
	8	45.2	37.9	22.2	22.2	28.1	25.1	16.6	█	91.5	83.0	8	H	
	9	53.2	45.2	28.1	28.1	28.1	34.5	14.0	9.1	█	85.1	9	I	
	10	57.4	49.1	37.9	41.5	41.5	34.5	22.2	19.4	16.6	█	10	J	
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10			

Найнижча частка ідентичності послідовності дефензину А визначено з дефензинами берези, дефензином J – 59,6 % та дефензином І – 61,7 % відповідно. За первинною структурою близькими між собою є дефензини С, D, Е та F, ідентичність між якими становить не менше 76,6 % і які було об'єднано у другу групу – *Quercus*. Решта пептидів G, H, I та J увійшли до групи *Betula*. Ідентичність їх первинних структур дорівнює не менше 80,9 %. До групи *Betula* за своєю структу-

рою близький також дефензин тополі (*Populus trichocarpa*). Його амінокислотну послідовність у GenBank подано за номером XP_002325734.2. Формування цих груп можна простежити за філогенетичним деревом, яке побудоване на основі філогенетичних відстаней між дефензинами, які порівнювались (рис. 2).

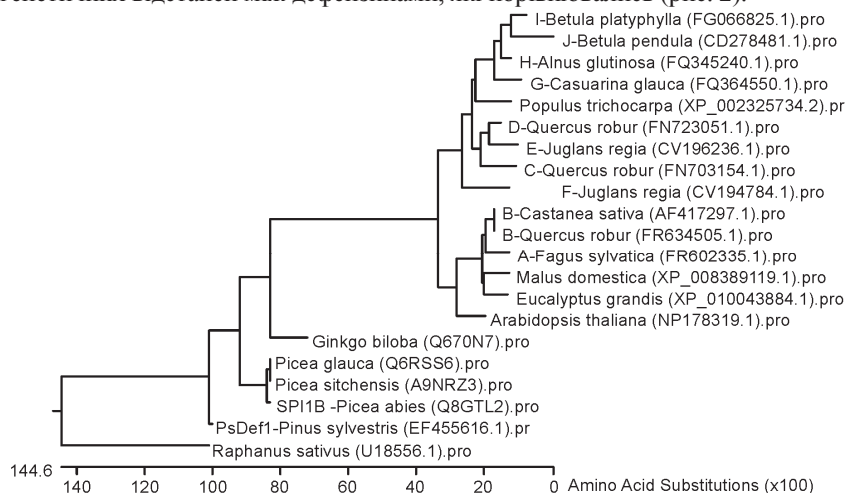


Рис. 2. Філогенетичні відстані між дефензинами різних груп рослин

Наприклад, інші послідовності дефензинів деревних рослин, які виявлені у базі даних і які за філогенетичними відстанями близькі до групи *Fagus*, є дефензини *Malus domestica* Borkh. (XP_008389119.1) та *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden (XP_010043884.1). Подібну структуру з дефензинами цієї групи має дефензин трав'яної рослини – Різушки Таля (*Arabidopsis thaliana* L.) (NP_178319.1). Значну відмінність у амінокислотних послідовностях містить дефензин *Ginkgo biloba* і дефензини родини соснових (*Pinaceae*), які, відповідно, знаходяться поряд на іншій гілці філогенетичного дерева.

Висновки. Міжнародна база даних BLAST безперервно поповнюється, тому не виключено, що надалі будуть ідентифіковані нові дефензиноподібні послідовності у деревних рослин, які подані у геномах великими групами і це дасть змогу розширювати їх класифікацію. На сьогодні знайдено 10 гомологічних амінокислотних послідовностей дефензинів в 11 представників порядку Букоцвіті, таких як: береза повисла, береза плосколиста, бук лісовий та бук японський, вільха клейка, горіх грецький, дуб звичайний, дуб сірий, дуб скельний, каштан їстівний і каштан китайський. Ці клони дефензинів поділено за структурною ідентичністю на три групи. Перша група *Fagus* з ідентичністю між дефензинами не менше 91,5 %, друга група – *Quercus* ($\leq 76,6$ %), та третя група – *Betula* ($\leq 80,9$ %). На цей час у представників Букоцвіті виявлені клони генів дефензинів, які переважно секвеновано із тканин кореневої системи, тканин кори, бруньок, покривних тканин плодів. Клонування окремих генів дефензинів, вивчення їх експресії за різних умов та дослідження властивостей рекомбінантних протеїнів дали б вичерпні відповіді на запитання щодо їх біологічної активності та їх значення у механізмах захисту в окремих представників порядку *Fagales*.

Література

1. Ковальова В.А. Дефензини в геномах рослин родини Pinaceae / В.А. Ковальова // Науковий вісник НЛТУ України : зб. наук.-техн. праць. – Львів : ПВВ НЛТУ України. – 2010. – Вип. 20.2. – С. 32-36.
2. Шаловило Ю.І. Характеристика дефензину з насіння сосни звичайної (*Pinus sylvestris* L.) / Ю.І. Шаловило, В.А. Ковальова, Р.Т. Гут // Молодь і поступ біології : матер. X-ої Міжнар. наук. конф. студентів і аспірантів, 8-11 квітня 2014 р. – Львів, 2014. – С. 297-298.
3. Юсипович Ю.М. Роль дефензинів у стійкості сосни звичайної до фітопатогенних грибів : автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. біол. наук: спец. 11.09.14 / Юсипович Юрій Михайлович; НЛТУ України. – Львів, 2014. – 20 с.
4. De Samblanx G.W. Mutational analysis of a plant defensin from radish (*Raphanus sativus* L.) reveals two adjacent sites important for antifungal activity / G.W. De Samblanx, I.J. Goderis, K. Thevis-sen [and others] // The Journal of Biological Chemistry. – 1997. – Vol. 272, № 2. – Pp. 1171-1179.
5. Elfstrand M. Identification of candidate genes for use in molecular breeding: a case study with the Norway spruce defensin-like gene, SPI1 / M. Elfstrand, C.G. Fossdal, G. Swedjemark [and others] // Silvae Genet. – 2001. – Vol. 50, № 2. – Pp. 75-81.
6. Kovaleva V.A. Purification and molecular cloning of antimicrobial peptides from Scots pine seedlings / V. Kovaleva, R. Kiyamova, R. Cramer // Peptides. – 2009. – Vol. 30, № 12. – Pp. 2136-2143.
7. Shen G. Molecular cloning, characterization and expression of a novel jasmonate-dependent defensin gene from *Ginkgo biloba* / G. Shen, Y. Pang, W. Wu [and others] // Plant Physiol. – 2005. – Vol. 162, № 10. – Pp. 1160-1168.
8. Broekaert W.F. Plant defensins: novel antimicrobial peptides as components of the host defense system / W.F. Broekaert, F. R.G. Terras, B. P.A. Cammune [and others] // Plant Physiol. – 1995. – Vol. 108, № 4. – Pp. 1353-1358.
9. Schafleitner R. Isolation of wound-responsive genes from chestnut (*Castanea sativa*) microtoms by mRNA display and their differential expression upon wounding and infection with the chestnut blight fungus (*Chryphonectria parasitica*) / R. Schafleitner, E. Wilhelm // Physiol. Mol. Plant Pathol. – 2002. – Vol. 61, № 6. – Pp. 339-348.
10. Veluthakkal R. Pathogenesis-related genes and proteins in forest tree species / R. Veluthakkal, M.G. Dasgupta // Trees. – 2010. – Vol. 24, Issue 6. – Pp. 993-1006.

Надійшла до редакції 20.05.2016 р.

Юсипович Ю.М. Дефензиноподобные последовательности в геномах растений порядка Букоцветные (*Fagales*)

В международной базе данных EST (Expressed Sequence Target) NCBI (США) обнаружено 295 кДНК клонов, которые кодируют дефензины у растений порядка Букоцветные (*Fagales*). Выведенные аминнокислотные последовательности этих клонов разделены на три группы согласно структурной идентичности. Проведена оценка гомологии аминнокислотных последовательностей дефензинов между представителями родов: Бук (*Fagus*), Береза (*Betula*), Ольха (*Alnus*), Дуб (*Quercus*), Орех (*Juglans*) и Каштан (*Castanea*). Определены филогенетические связи между дефензинами разных групп растений. Установлена консервативность 26 аминнокислотных остатков в дефензинах порядка *Fagales*.

Ключевые слова: *Fagales*, геном, дефензиноподобные последовательности, экспрессия, филогенетические связи.

Yusypovych Yu.M. Defensin-like Sequences in the Genomes of Tree Plants of the Order *Fagales*

In international database EST (Expressed Sequence Target) NCBI (USA) we have identified 295 cDNA clones encoding plant defensins in woody plants of the Order *Fagales*. The amino acid sequences of these clones were divided into three groups according to their structural identity. Homology of amino acid sequences of defensins was determined between representatives of such Genera as Beech (*Fagus*), Birch (*Betula*), Alder (*Alnus*), Oak (*Quercus*), Walnut (*Juglans*) and Chestnut (*Castanea*). Phylogenetic relationships between different groups of plant defensins were established. Conservative amino acid residues in 26 defensins of the Order *Fagales* were found.

Keywords: *Fagales*, genome, defensin-like sequences, expression, phylogenetic relationships.