УДК 637.336.5

Л.А. Остроумов, Т.Н. Садовая, К.В. Беспоместных

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ТИПОВЫХ ШТАММОВ ПЛЕСЕНЕЙ *ROQUEFORTI, CAMEMBERTI* РОДА *PENICILLIUM**

Исследовано разнообразие в строении последовательности 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области (internal transcribed spacer, внутренний транскрибируемый спейсер или ITS-область) у различных представителей рода *Penicillium* для выявления внутривидовых различий в последовательностях этих генов и возможности использования результатов данного исследования при молекулярной идентификации близкородственных видов этого рода. Объектами исследования в данной работе являлись нуклеотидные последовательности 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области 7 видов типовых штаммов пенициллов, депонированные в базу данных NCBI. Множественное выравнивание последовательностей и построение филогенетического дерева проведено в программе ClustalW (www.ebi.ac.uk/clustalw/).

Мягкие сыры, плесени видов *P. roqueforti*, *P. camemberti*, штамм, филогенетический анализ, нуклеотидные последовательности генов 5.8, 18, 28S рРНК ITS-области.

Сыры, вырабатываемые с помощью плесневых грибов, составляют небольшой процент от общего производства сыров, но благодаря специфическому, хорошо выраженному вкусу и аромату, нежной консистенции они становятся все более популярными. Они подразделяются на сыры с поверхностным ростом плесневых грибов и сыры с развитием плесневых грибов по всей массе (интерьеру). Из плесневых грибов в сырах первого класса главную роль играет *Penicillium camemberti*, в сырах второго класса – *Penicillium roqueforti* [1–3].

Применяемые в сыроделии виды плесневых грибов подробно описаны французскими учеными [2]. Ранее выделяли два вида этого микроорганизма: *P. caseicolum* (старое название *P. candidum*), всегда имеющий мицелий белого цвета, и *P. camemberti* (старое название *P. album* – белая плесень), мицелий которого сначала белый, а на 10–14 сутки приобретает бледную серо-зеленую окраску. *P. camemberti* образует пушистый мицелий. *P. caseicolum* образует мицелий трех видов: плотный, с короткими, тесно перевитыми нитями; с длинными, высокими, свободно расположенными нитями и типа «невшатель» (neufchatel), очень быстро образующийся толстый, бело-желтый мицелий. Последний вариант обладает самой высокой протеолитической и липолитической активностью. В настоящее время *P. caseicolum* рассматривают как белый мутант *P. camemberti*. Местом обитания *P. camemberti* является поверхность некоторых сыров и помещения вырабатывающих эти сыры заводов, особенно камеры для созревания и солильные бассейны. По сравнению с другими видами пенициллов растет медленно: 25–35 мм на сусло-агаре за две недели при 25 ^{o}C, причем белый мутант растет более медленно. Время до появления светло-зе-леной окраски мицелия может варьировать в широких пределах (от 4 до 14 суток при 22 ^{o}C).

Большинство штаммов хорошо растет при pH 3,5–6,5, но лишь некоторые, полученные в результате селекции, растут при щелочном pH. По другим данным, нормальный рост наблюдается при pH 3,0–9,5, оптимальный pH для образования конидий 4,5, для роста мицелия 7,0. *P. camemberti* образует по крайней мере две протеиназы: кислую (расщепляет α_s- и β-казеины) и нейтральную (действует на β-казеин), две внеклеточные карбоксипептидазы и аминопептидазу с относительно высоким оптимальным pH [4].

Суспензию спор *P. camemberti* наносят на поверхность сыров с помощью ватного тампона или пульверизатора, а также распыляют в камерах созревания [1]. Физико-химические условия на поверхности сыров неблагоприятны для прорастания спор. Для ускорения развития *P. camemberti* французские ученые предложили обсеменять поверхность сыров не спорами, а мицелием, который выращивают на сывороточной среде при периодическом перемешивании в течение 1–3 суток. Это на 30 % сокращает период между инокулированием сыра и появлением видимого роста плесени на поверхности головки, а также повышает качество сыра.

В отличие от *P. camemberti*, *P. roqueforti* широко распространен в природе. Он не имеет ничего общего с *P. glaucum*, с которым его отождествляли ранее в литературе [2]. Близок к нему *P. verrucosum var. cyclopium*, который иногда загрязняет культуры плесневых грибов для сыроделия, но *Penicillium roqueforti* не имеет запаха, который напоминает запах сырой земли; иногда его называют «запах дикой плесени». Кроме этого, они отличаются морфологическими и культуральными свойствами, отношением к кислороду и углекислому газу, скоростью роста [4].

Оптимальная температура роста для *Penicillium roqueforti* 35–40 ^{o}C, но он растет хорошо и при низких температурах. Растет при pH от 3 до 10,5, но при 4,0 лучше, чем при 6,0. Рост не прекращается даже в присутствии молочной кислоты.

* Работа выполнена в рамках Федеральной целевой программы «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009–2013 годы.

Penicillium roqueforti образует внеклеточные кислую и нейтральную протеиназы, расщепляющие α_s- и β-казеины [5].

Плесени рода *Penicillium* (*P. album, P. candidum, P. roqueforti* и др.) отличаются особенно высокой липазной активностью. В некоторых сырах (рокфор, русский камамбер) липазы микроскопических грибов обеспечивают образование специфического вкуса и аромата в результате выделения летучих жирных кислот при расщеплении жира [4].

Филогенетические связи между живыми организмами могут быть прослежены путем сравнения последовательностей генов и отдельных участков генов, кодирующих рибосомальные РНК. Данные полностью либо частично секвенированных генов рРНК различных видов микроорганизмов поступают в международные базы данных и доступны через компьютерную сеть. В настоящее время методы, основанные на определении нуклеотидной последовательности рибосомальных генов, широко используются для видовой идентификации бактерий.

Метод сравнения последовательностей генов часто используется для определения видовой принадлежности микрофлоры в молочных продуктах. Плесени вида *P. roqueforti* и *P. camemberti* используются в качестве культур при производстве мягких сыров.

Целью настоящей работы было исследование разнообразия в строении последовательности 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области (internal transcribed spacer, внутренний транскрибируемый спейсер или ITS-область) у различных представителей рода *Penicillium* для выявления внутривидовых различий в последовательностях этих генов и возможности использования результатов данного исследования при молекулярной идентификации близкородственных видов этого рода.

Объектами исследования в данной работе являлись нуклеотидные последовательности 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области 7 видов типовых штаммов пенициллов, депонированные в базу данных NCBI.

Филогенетический анализ, множественное выравнивание последовательностей и построение филогенетического дерева проводили в программе ClustalW (www.ebi.ac.uk/clustalw/).

Прежде всего нами был проведен поиск по базе данных полных нуклеотидных последовательностей 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области типовых представителей плесеней рода *Penicillium*: *P. camemberti* strain ATCC 10387 (GQ458039.1), *P. camemberti* strain MA09-L (GQ458020.1), *P. camemberti* strain 095827 (EU664481.1), *P. camemberti* strain 082331 (EU664463.1), *P. camemberti* strain 095007 (EU664462.1), *P. roqueforti* strain ATCC 10110 (GQ458035.1), *P. roqueforti* strain FSU 503 (EU484300.1) (табл. 1).

Выбранные нами нуклеотидные последовательности использованы для сравнительного филогенетического анализа, результаты которого отражены на рис. 1.

Таблица 1

Номера последовательностей 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области представителей рода *Penicillium*, депонированные в NCBI

№ п/п	Номер последовательности в NCBI	Название штамма
1	GQ458039.1	Penicillium camemberti strain ATCC 10387 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
2	GQ458020.1	Penicillium camemberti strain MA09-L 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
3	EU664481.1	Penicillium camemberti strain 095827 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
4	EU664463.1	Penicillium camemberti strain 082331 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
5	EU664462.1	Penicillium camemberti strain 095007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
6	GQ458035.1	Penicillium roqueforti strain ATCC 10110 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
7	EU484300.1	Penicillium roqueforti strain FSU 503 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

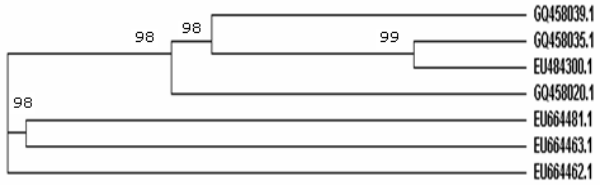

Рис. 1. Филогенетическое дерево, основанное на анализе структур фрагментов последовательностей 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области, отражающее родственные связи исследуемых штаммов плесеней рода *Penicillium*

Семь использованных нами последовательностей 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области двух видов пенициллов распределились в три кластера. На основании сходства последовательностей генов 5.8, 18, 28S рРНК ITS-области, представленного на рис. 1, кластер 1 объединяет в себя четыре вида *Penicillium*: два вида *P. camemberti* (GQ458039.1, GQ458020.1) и два вида *P. roqueforti* (GQ458035.1, EU484300.1), полные нуклеотидные последовательности которых характеризуются от 99 до 97%-ным сходством; кластер 2 – два вида *P. camemberti* (EU664481.1, EU664463.1), полные нуклеотидные последовательности которых характеризуются 98%-ным сходством; кластер 3 – один вид *P. camemberti* (EU664462.1).

В табл. 2 представлены результаты уровней подобия внутри каждого кластера филогенетического дерева и между ними.

Столь высокие уровни гомологии последовательности 5.8, 18, 28S рРНК у видов *P. camemberti* и *P. roqueforti* объяснимы наличием всего 12 нуклеотидных замен и 3 мононуклеотидными вставками у штамма под номером GQ458035.1; наличием всего 13 нуклеотидных замен и 3 монуклеотидными вставками у штамма под номером EU484300.1; наличием всего одной мононуклеотидной вставки у штаммов под номерами GQ458020.1 и GQ458039.1 (рис. 2).

Таблица 2

Уровень подобия штаммов видов *P. camemberti* и *P. roqueforti*

Номер последовательности А	Номер последовательности В	Уровень подобия, %
GQ458039.1	GQ458020.1	99
GQ458039.1	GQ458035.1	99
GQ458039.1	EU484300.1	97
GQ458020.1	GQ458035.1	99
GQ458020.1	EU484300.1	97
GQ458035.1	EU484300.1	99
EU664481.1	EU664463.1	98
GQ458039.1	EU664481.1	96
GQ458039.1	EU664463.1	98
GQ458039.1	EU664462.1	98
GQ458020.1	EU664481.1	96
GQ458020.1	EU664463.1	98
GQ458020.1	EU664462.1	98
EU664481.1	EU664462.1	98
EU664481.1	GQ458035.1	91
EU664481.1	EU484300.1	97
EU664463.1	EU664462.1	100
EU664463.1	GQ458035.1	94
EU664463.1	EU484300.1	97
EU664462.1	GQ458035.1	93
EU664462.1	EU484300.1	97

```
EU664481.1    CCTGCGGAAGGATCATTACCGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTA 86
EU664463.1    CCTGCGGAAGGATCATTACCGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTA 86
EU664462.1    CCTGCGGAAGGATCATTACCGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTA 86
GQ458020.1    CCTGCGGAAGGATCATTACCGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTA 1796
GQ458039.1    CCTGCGGAAGGATCATTACCGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTA 1800
GQ458035.1    CCTGCGGAAGGATCATTACCGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTA 1796
EU484300.1    -------AAGGATCATTACCGAGTGAGGGCCCTCTGGGTCCAACCTCCCACCCGTGTTTA 53
    ****************************************************

EU664481.1    TTTTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGCTCACGCCCCCG 146
EU664463.1    TTTTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGCTCACGCCCCCG 146
EU664462.1    TTTTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGCTCACGCCCCCG 146
GQ458020.1    TTTTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGCTCACGCCCCCG 1856
GQ458039.1    TTTTACCTTGTTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGCTCACGCCCCCG 1860
GQ458035.1    TTT-ACCTTATTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGTTTACACCCCCG 1855
EU484300.1    TTT-ACCTTATTGCTTCGGCGGGCCCGCCTTAACTGGCCGCCGGGGGGTTTACACCCCCG 112
               *** ***** ************************************* * ** ******

EU664481.1    GGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCCTCGAACTCTGTCTGAAGATTGAAGTCTGAGTGAAAA 206
EU664463.1    GGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCCTCGAACTCTGTCTGAAGATTGAAGTCTGAGTGAAAA 206
EU664462.1    GGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCCTCGAACTCTGTCTGAAGATTGAAGTCTGAGTGAAAA 206
GQ458020.1    GGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCCTCGAACTCTGTCTGAAGATTGAAGTCTGAGTGAAAA 1916
GQ458039.1    GGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCCTCGAACTCTGTCTGAAGATTGAAGTCTGAGTGAAAA 1920
GQ458035.1    GGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCC-CGAACTCTGTCTGAAGAATGCAGTCTGAGAACAAA 1914
EU484300.1    GGCCCGCGCCCGCCGAAGACACCC-CGAACTCTGTCTGAAGAATGCAGTCTGAGAACAAA 171
               ************************ ***************** ** ********   ***
```

Рис. 2. Участки нуклеотидных последовательностей 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области видов *P. camemberti* и *P. roqueforti*, содержащие нуклеотидные замены (начало)

```
EU664481.1    TATAAATTATTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGC 266
EU664463.1    TATAAATTATTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGC 266
EU664462.1    TATAAATTATTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGC 266
GQ458020.1    TATAAATTATTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGC 1976
GQ458039.1    TATAAATTATTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGC 1980
GQ458035.1    TATAAATTATTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGC 1974
EU484300.1    TATAAATTATTTAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCCGGCATCGATGAAGAACGC 231
              ************************************************************

EU664481.1    AGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGC 326
EU664463.1    AGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGC 326
EU664462.1    AGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGC 326
GQ458020.1    AGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGC 2036
GQ458039.1    AGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGC 2040
GQ458035.1    AGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGAATCATCGAGTCTTTGAACGC 2034
EU484300.1    AGCGAAATGCGATACGTAATGTGAATTGCAAATTCAGTGGATCATCGAGTCTTTGAACGC 291
              ************************************** *********************

EU664481.1    ACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAA 386
EU664463.1    ACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAA 386
EU664462.1    ACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAA 386
GQ458020.1    ACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGAGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAA 2096
GQ458039.1    ACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGAGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAA 2100
GQ458035.1    ACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAA 2094
EU484300.1    ACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTGCTGCCCTCAA 351
              ************************ **********************************

EU664481.1    GCCCGGCTTGTGTGTTGGGCCCCGTCCTCCGATCTCCGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGC 446
EU664463.1    GCCCGGCTTGTGTGTTGGGCCCCGTCCTCCGATCTCCGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGC 446
EU664462.1    GCCCGGCTTGTGTGTTGGGCCCCGTCCTCCGATCTCCGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGC 446
GQ458020.1    GCCCGGCTTGTGTGTTGGGCCCCGTCCTCCGATCTCCGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGC 2156
GQ458039.1    GCCCGGCTTGTGTGTTGGGCCCCGTCCTCCGATCTCCGGGGGACGGGCCCGAAAGGCAGC 2160
GQ458035.1    GCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCTCCGAT-TCTGGAGGACGGGCCCGAAAGGCAGC 2153
EU484300.1    GCCCGGCTTGTGTGTTGGGTCTCGTCCTCCGAT-TCTGGAGGACGGGCCCGAAAGGCAGC 410
              ******************* * *********** ** ** ********************

EU664481.1    GGCGGCACCGCGTCCGGTCCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGG 506
EU664463.1    GGCGGCACCGCGTCCGGTCCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGG 506
EU664462.1    GGCGGCACCGCGTCCGGTCCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGG 506
GQ458020.1    GGCGGCACCGCGTCCGGTCCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGG 2216
GQ458039.1    GGCGGCACCGCGTCCGGTCCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGG 2220
GQ458035.1    GGCGGCACCGCGTCCGGTCCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGG 2213
EU484300.1    GGCGGCACCGCGTCCGGTCCTCGAGCGTATGGGGCTTTGTCACCCGCTCTGTAGGCCCGG 470
              ************************************************************

EU664481.1    CCGGCGCTTGCCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATA 566
EU664463.1    CCGGCGCTTGCCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATA 566
EU664462.1    CCGGCGCTTGCCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATA 566
GQ458020.1    CCGGCGCTTGCCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATA 2276
GQ458039.1    CCGGCGCTTGCCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATA 2280
GQ458035.1    CCGGCGCTTGCCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATA 2273
EU484300.1    CCGGCGCTTGCCGATCAACCCAAATTTTTATCCAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATA 530
              ************************************************************

EU664481.1    CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA------AGCGGAGGACGCGTCCGG---TCCTCGAG          617
EU664463.1    CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA------TCAATAAGC------------------------------------------  600
EU664462.1    CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATATCAATAAGCGGAGGAAAAG-----------------------------  610
GQ458020.1    CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCCAG 2336
GQ458039.1    CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCCAG 2340
GQ458035.1    CCCGCTGAACTTAATCATA------------------------------------------------------------------------------------------ 2292
EU484300.1    CCCGCTGAACTTAA------------------------------------------------------------------------------------------------ 544
**************
```

Рис. 2. Участки нуклеотидных последовательностей 5.8, 18, 28S рРНК межгенной области видов *P. camemberti* и *P. roqueforti*, содержащие нуклеотидные замены (окончание)

Исходя из полученных нами данных о филогенетическом родстве пенициллов следует отметить важность точной идентификации и дифференциации видов *Penicillium camemberti* и *Penicillium roqueforti*. Таким образом, определение нуклеотидных последовательностей генов 5.8, 18, 28S рРНК ITS-области может рассматриваться в качестве быстрого и достоверного подхода к идентификации близкородственных видов плесеней рода *Penicillium*.

Список литературы

1. Николаев, А.М. Технология мягких сыров. – М.: Пищевая промышленность, 1980. – 213 с.
2. Шуази, К. Производство сыра: технология и качество / пер. с фр.; под ред. и с предисл. Г.Г. Шиллера. – М.: Агропромиздат, 1989. – С. 240–270.
3. Сыроделие: технологические, биологические и физико-химические аспекты / под ред. С.А. Гудкова. – 2-е изд., испр. и доп. – М.: ДеЛи принт, 2004. – 804 с.
4. Горбатова, К.К. Физико-химические и биохимические основы производства молочных продуктов. – СПб.: ГИОРД, 2004. – 352 с.
5. Скотт, Р. Производство сыра: научные основы и технологии. – СПб.: Профессия, 2005. – 464 с.

ГОУ ВПО «Кемеровский технологический институт
пищевой промышленности»,
650056, Россия, г. Кемерово, б-р Строителей, 47.
Тел./факс: (3842) 73-40-40
e-mail: office@kemtipp.ru

SUMMARY

L.A. Ostroumov, T.N. Sadovaya, K.V. Bespomestnykh

Phylogenetic analysis of type strains of fungi Roqueforti, Camemberti genus Penicillium

The diversity in the structure of the sequence of 5.8, 18, 28S rRNA intergenic region (internal transcribed spacer or ITS-region) from various representatives of the genus *Penicillium* for revealing intraspecific variation in sequences of these genes and the possibility of using the results of this study with Molecular identification of closely related species of this genus. The objects of this study were the nucleotide sequences of 5.8, 18, 28S rRNA intergenic region 7 of the type strains of *Penicillium*, deposited in a database of NCBI. Multiple alignment of sequences and construction of phylogenetic tree conducted in the program ClustalW (www.ebi.ac.uk/clustalw/).

Soft cheeses, mold species *P. roqueforti*, *P. camemberti*, strain, phylogenetic analysis, nucleotide sequences of genes 5.8, 18, 28S rRNA ITS-region.

Kemerovo Institute of Food Science and Technology
47, Boulevard Stroiteley, Kemerovo, 650056, Russia
Phone/Fax: +7(3842) 73-40-40
e-mail: office@kemtipp.ru