

ГЛАДКА Г.В.¹✉, РОМАНОВСЬКА В.О.¹, БЕЛЬКОВА Н.Л.², ЮНГІН О.С.¹, ТАШИРЕВ О.Б.¹¹ Інститут мікробіології і вірусології ім. Д.К. Заболотного НАН України, Україна, 03143, м. Київ, вул. Заболотного, 154, e-mail: gladkagv@ukr.net² Лімнологічний інститут Сибірського відділення Російської академії наук, Росія, 664033, м. Іркутськ, вул. Улан-Баторська, 3, e-mail: nlbelkova@gmail.com

✉ gladkagv@ukr.net, (097) 893-80-17

ТАКСОНОМІЧНЕ ПОЛОЖЕННЯ ПІГМЕНТОВАНИХ ДРІЖДЖІВ,
ІЗОЛЬОВАНИХ З ЕКОСИСТЕМ АНТАРКТИКИ

Мета. Визначити видовий склад і таксономічне положення екстремотолерантних антарктичних дріжджів. **Методи.** Об'єкти дослідження – дріжджі з ґрунтів і фітоценозів Антарктики, які зберігаються в Колекції екстремофільних мікроорганізмів в Інституті мікробіології і вірусології НАН України, Київ. Дріжджі вирощували на солодовому суслі (рН 5,0–5,5, температура 18–20°C). Виділення геномної ДНК проводили, використовуючи комерційний набір ДНК-сорб; ампліфікацію препаратів ДНК – використання праймерів NL1 і NL4; філогенетичний аналіз – побудова дендрограм, які показують положення досліджуваних штамів серед близькосторідних і типових видів. **Результати.** Аналіз показав високий відсоток подібності (98,4–99,9%) послідовностей генів 18S рРНК дріжджових антарктичних штамів із послідовностями дріжджів із бази даних GenBank. Встановлено, що штамми дріжджів належали до філуму *Basidiomycota* (роди: *Rhodosporidium* і *Rhodotorula*) та *Ascomycota* (рід *Exophiala*). **Висновки.** Як показав філогенетичний аналіз, червоні дріжджі S33, S48, S182 кластеризуються з *Rhodotorula mucilaginosa*; S14 – з *Rhodosporidium diobovatum* і можуть бути віднесені до цих видів. Екстремотолерантні чорні дріжджі S10, S36 і S237 відносно до виду *Exophiala nigra*.

Ключові слова: Антарктика, екстремотолерантні дріжджі, філогенетичний аналіз, видовий склад.

Антарктида – це географічно ізольований континент не тільки з низькою температурою, а й з різкими коливаннями температурного діапазону, низькою доступністю поживних речовин, дегідратацією і високою УФ радіацією. Незважаючи на те, що публікуються численні статті про мікробні угруповання, які колонізують Антарктиду, неможливо повній мірі оцінити мікробне різноманіття в цій унікальній географічній зоні. Так, наприклад, у порівнянні з бактері-

ями, угруповання дріжджів наземних середовищ в Антарктиді були мало досліджені [1–3]. Дріжджі представляють собою універсальну групу еукаріотних мікроорганізмів, які проявляють різні харчові профілі і можуть виживати в найрізноманітніших середовищах існування в різних географічних районах [4, 5]. Найбільш часто в Антарктиці трапляються штами *Cryptococcus* і *Leucosporidium* [3, 6, 7], рідше – штами *Rhodotorula* [3, 8], хоча в інших регіонах із постійно суворими умовами штами *Rhodotorula* широко поширені, наприклад, у високогірних Альпах [2], тропічній береговій лінії Малайзії [9]. Відомо, що далеко не всі мікроорганізми можуть існувати в суворих або стресових природних умовах. Вивчення впливу екстремальних абіотичних факторів на виживання антарктичних дріжджів показало, що вони є резистентними до УФ радіації, висушування, низької температури, неодноразового заморожування-відтавання, високих концентрацій солі [7, 10]. У цій роботі представлені результати визначення видового складу дріжджових ізолятів, які колонізують наземні екосистеми різних регіонів Антарктики.

Матеріали і методи

Виділення і культивування. Зразки ґрунту, трави, мохів та лишайників були відібрані під час антарктичної дослідницької експедиції у 2004–2011 роках. Вони були доставлені до лабораторії під льодом і зберігалися у замороженому стані -20°C у стерильних контейнерах до аналізу. Мікроорганізми з десятикратних розведень природних зразків розсівали на агаризоване солодове суслі (СА) й інкубували за температури 5°C і 30°C (5–15 діб). Для виділення чистих культур використовували домінуючі в зразках мікроорганізми. Для цього з чашок, де загальна кількість колоній не перевищувала 50, відбирали поодинокі колонії. Для отримання чис-

тих культур їх трічі реізолювали і мікроскопіювали.

Об'єкти дослідження – антарктичні дріжджі (табл. 1), які зберігаються в Колекції екстремофільних мікроорганізмів в Інституті мікробіології і вірусології НАН України, Київ.

Виділення геномної ДНК проводили з клітинних суспензій. Нуклеїнові кислоти виділяли за допомогою комерційного набору ДНК-сорб за вкладеними до набору інструкціями виробника з невеликими модифікаціями [11].

Ампліфікацію препаратів ДНК ізольованих дріжджів проводили з комерційним набором N-Taq (НТІ-Байкал, Иркутськ), праймери – NS3 (5'–3': GCAAGTCTGGTGCCAGCAGCC) і NS6 (5'–3': GCATCACAGACCTGTATTGCC TC) [12]. Використовували такий режим реакції: в першому циклі денатурація за 95°C – 5 хв потім 30 циклів: денатурація 94°C – 30 с, відпал 52°C – 30 с і елонгація 72°C – 90 с, в останньому циклі час елонгації збільшували до 7 хв. Ампліфікацію проводили в термоциклері Біс (БІС-Н, Росія). Подальший аналіз ампліконів і підготовку до сиквенсної реакції вели за розробленими раніше методиками [13].

Філогенетичний аналіз. Отримані послідовності генів 18S рРНК дріжджових ізолятів порівнювали з такими ж мікроорганізмів, які депоновані в базі даних GenBank, використовуючи пакет програми BLAST. Філогенетичне положення визначали побудовою дендрограм, що показують положення досліджуваного штаму серед близькоспоріднених і типових видів (пакети програм ClustalX 2.1, Mega v. 6.00) з використанням методу найближчих сусідів.

Результати та обговорення

Вивчено 7 штамів ізолятів, які представлені червоними і чорними штамми дріжджів, ізольованих нами раніше з ґрунтів і фітоценозів

Антарктики. Як ми і припустили, в умовах низьких температур і високого рівня УФ радіації перевагу для виживання в Антарктиці отримали мікроорганізми, які спочатку були здатні рости за низької температури (1–5°C) і які мали ефективні механізми репарації клітинних пошкоджень (зокрема, пошкоджень ДНК), і/або пігменти (каротиноїди і меланіни). Тому червоні і чорні дріжджі траплялися в біотопах Антарктики значно частіше, ніж непігментовані. Представники кожної групи дріжджів були відібрані для філогенетичного аналізу з метою визначення їх таксономічного положення.

На основі попарної подібності генів 18S рРНК найближчими гомологами антарктичних червоних дріжджів S33, S48, S182 були штами *Rhodotorula mucilaginosa* (99,8–99,9% подібність); штаму S14 – *Rhodospiridium diobovatum* (99,9% подібність) (табл. 2).

Повнорозмірні фрагменти малої субодиниці рРНК зареєстровані тільки для представників родів *Rhodotorula mucilaginosa*, *R. glutinis* і *R. graminis*, саме вони і були використані для побудови філогенетичних дендрограм й ідентифікації антарктичних червоних дріжджів. З огляду на наявність серед найближчих гомологів штаму S14 також представників роду *Rhodotorula* і для дозволу філогенії серед представників цих видів додатково були включені повнорозмірні послідовності 18S рРНК представників роду *Rhodospiridium*, наявні в міжнародній базі даних: *Rh. azoricum*, *Rh. babjevae*, *Rh. diobovatum*, *Rh. fluviale*, *Rh. kratochvilovae*, *Rh. lusitaniae*, *Rh. sphaerocarpum* і *Rh. toruloides*. Згідно з визначенням філогенетичних відношень червоних дріжджів, штами S33, S48, S182 кластеризуються з *Rhodotorula mucilaginosa*; штаму S14 – з *Rhodospiridium diobovatum* (рис. 1), і тому можуть бути віднесені до цих видів.

Таблиця 1. Список досліджених у роботі дріжджів, ізольованих з наземних біотопів Західної Антарктики

№№ штамів	Пігментація штамів	Характеристика зразків, звідки були ізольовані штами
S10	Чорні	Чорний лишайник, о. Galindez
S14	Червоні	Лишайник на дні сухого озера, о. Three little pig
S33	Червоні	Ґрунт під мохом, о. Lippmann
S36	Чорні	Орнітогенний ґрунт на уламках скелі, о. Irizar,
S48	Червоні	Мох, видібраний на мисі Tuxen
S182	Червоні	Чорний лишайник на вертикальній скелі, о. Galindez
S237	Чорні	Ґрунт глинистий, мис Rassmussen

Таблиця 2. Близькоспоріднені види досліджених дріжджів на основі попарної подібності генів 18S рРНК

№ штаму/ кількість пар нуклеотидів	Види дріжджів, найбільш близькі до досліджених штамів, згідно з пошуком за алгоритмом BLASTN 2.2.28+			
	GenBank accession No. Вид	Подібність (%)	Таксономічне положення	
S10/ 1769	X80706 <i>Nadsoniella nigra</i> var. <i>hesuelica</i>	99,2	Ascomycota, <i>Pezizomycotina,</i> <i>Eurotiomycetes,</i> <i>Chaetothyriomycetida, Chaetothyriales,</i> <i>Herpotrichiellaceae:</i> <i>Exophiala.</i>	
	JN856010 <i>Exophiala alcalophila</i>	98,2		
S36/ 1369	FJ358314 <i>Exophiala xenobiotica</i>	99,4		
	FJ358312 <i>Exophiala nigra</i>	98,7		
S237/ 1374	FJ358314 <i>Exophiala xenobiotica</i>	99,4		
	FJ358312 <i>Exophiala nigra</i>	98,7		
S14/ 1378	KR336846 <i>Rhodosporeidium diobovatum</i>	99,9		Basidiomycota, <i>Pucciniomycotina,</i> <i>Microbotryomycetes,</i> <i>Sporidiobolales,</i> <i>Sporidiobolaceae,</i> <i>Rhodosporeidium</i>
	KJ806312 <i>Rhodosporeidium diobovatum</i>	99,9		
		99,8		
S33/ 1373	KP233783 <i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99,8	Basidiomycota, <i>Pucciniomycotina,</i> <i>Microbotryomycetes,</i> <i>Sporidiobolales,</i> <i>Sporidiobolales,</i> <i>Rhodotorula</i>	
	GQ433375 <i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99,8		
S48/ 1369	KP233783 <i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99,9		
	GQ433375 <i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99,9		
S182/ 1374	KP233783 <i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99,8		
	GQ433375 <i>Rhodotorula mucilaginosa</i>	99,8		

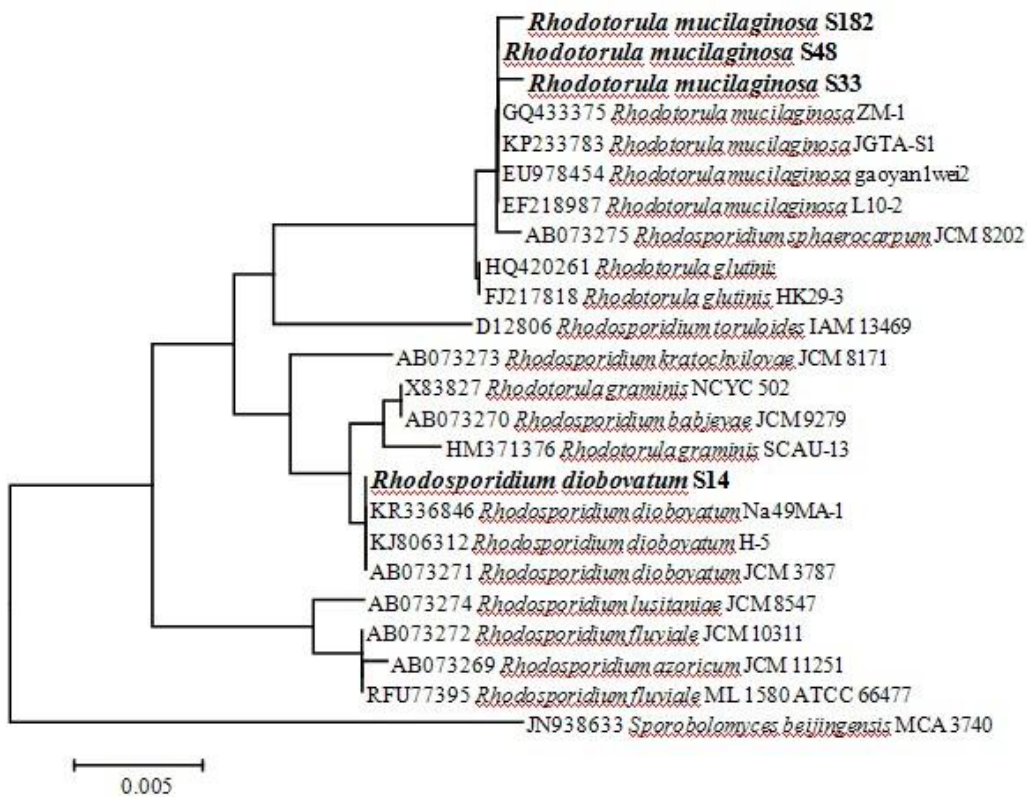


Рис. 1. Філогенетичне положення досліджуваних штамів дріжджів S14, S33, S48 і S182 серед близькоспоріднених представників філуму *Basidiomycota* на основі аналізу нуклеотидних послідовностей генів 18S рРНК. Масштаб відповідає 5 замінам на 1000 п. н.

Як видно з отриманої дендрограми (рис. 1) *Rhodotorula* і *Rhodospidium* – поліфілетичні роди. Таксономічно вид *Rhodotorula mucilaginosa* включений в mitosporic *Sporidiobolales* (табл. 2), куди потрапляють штами S33, S48, S182. До mitosporic *Sporidiobolales* віднесено рід *Sporobolomyces*. До роду *Rhodotorula* цього таксону віднесено значну кількість таких видів: *R. mucilaginosa*, *R. glutinis*, *R. graminis*, *R. araucariae*, *R. colostri*, *R. cycloclastica*, *R. dai-renensis*, *R. evergladensis*, *R. meli*, *R. pacifica*, *R. retinophila*, *R. sinensis*, *R. subericola*, *R. taiwanensis* та *R. terpenoidalis*.

На підставі аналізу нуклеотидних послідовностей гена 18S рРНК досліджених штамів із близькоспорідненими і типовими видами з бази даних GenBank було побудовано філогенетичну дендрограму філогенетичних зв'язків психротолерантних чорних дріжджів (рис. 2).

Як видно з табл. 2 та рис. 2, нуклеотидна послідовність штаму дріжджів S10, ізольованого з чорного лишайника о. Галіндез, за результатами аналізу фрагмента гена 18S рРНК має найбільший відсоток подібності з *Nadsoniella nigra* (99%), що дозволяє віднести штаму S10 до цього виду (рід *Nadsoniella* з часом було перейменовано у *Exophiala*). Штами дріжджів S36 і S237, ізольовані з ґрунту о. Галіндез, показали найбільш високий відсоток подібності з видом

E. xenobiotica (99,4%), але на філогенетичному дереві ці штами кластеризуються з *E. nigra*. Таким чином, штами дріжджів S36 і S237 можуть бути віднесені до *E. nigra*. Обидва підкластери, куди входять або штаму S10, або штами S36 і S237 кластеризуються також з *E. xenobiotica*.

Чорнопігментовані антарктичні дріжджі викликають особливу увагу дослідників, оскільки вони синтезують меланінові пігменти, високо резистентні до УФ радіації, і є мешканцями орнітогенного ґрунту на скелях в Антарктиці [14, 15]. Особливий інтерес для біотехнологій представляють антарктичні чорні дріжджі *Exophiala nigra* з точки зору промислового отримання меланіну. Вперше чорні дріжджі *Nadsoniella nigra* були виявлені академіком Ісаченко Б.Л. 100 років тому в Арктиці [16] і згодом рекласифіковано як *Exophiala nigra* (Issatsch).

Висновки

Таким чином, на основі філогенетичного аналізу антарктичні червоні дріжджі S33, S48, S182 віднесені до *Rhodotorula mucilaginosa*; штаму S14 – *Rhodospidium diobovatum* (філум *Basidiomycota*). Проаналізовані послідовності психротолерантних чорних дріжджів S10, S36 і S237 кластеризуються з послідовністю штаму *Exophiala nigra* (філум *Ascomycota*) і можуть бути віднесені до цього виду.

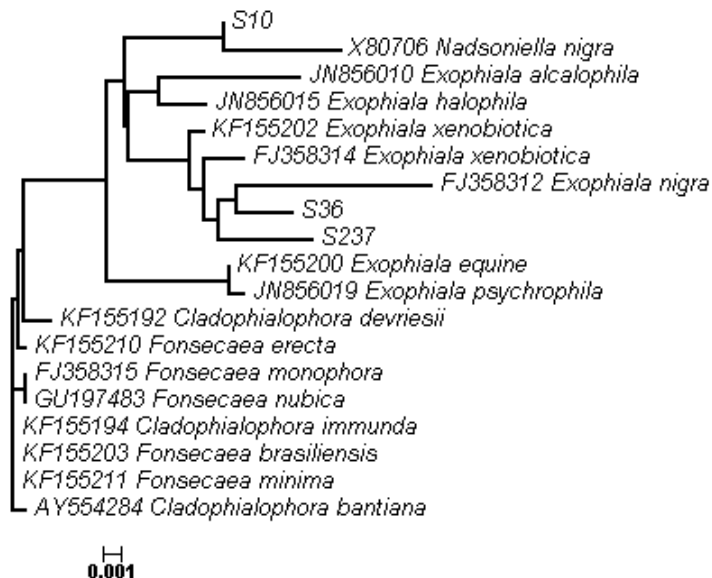


Рис. 2. Філогенетичне положення досліджуваних штамів дріжджів S10, S36 і S237 серед близькоспоріднених представників філуму *Ascomycota* на основі аналізу нуклеотидних послідовностей генів 18S рРНК. Масштаб відповідає 1 заміні на 1000 п. н.

Література

1. Carrasco M., Rozas J.M., Barahona S., Alcaïno J., Cifuentes V., Baeza M. Diversity and extracellular enzymatic activities of yeasts isolated from King George Island, the sub-Antarctic region. *BMC Microbiol.* 2012. Vol. 12. P. 251.
2. Margesin R., Fonteyne P., Schinner F., Sampaio J.P. *Rhodotorula psychrophila* sp. nov., *Rhodotorula psychrophenolica* sp. nov. and *Rhodotorula glacialis* sp. nov., novel psychrophilic basidiomycetous yeast species isolated from alpine environments. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2007. Vol. 57. P. 2179–2184.
3. Vaz A.B.M., Rosa L.H., Vieira M.L.A., Garcia V., Brandão L.R., Teixeira L.C.R., Moliné M., Libkind D., van Broock M., Rosa C.A. The diversity, extracellular enzymatic activities and photoprotective compounds of yeasts isolated in Antarctica. *Braz. J. Microbiol.* 2011. Vol. 42. P. 937–947.
4. Buzzini P., Branda E., Goretti M., Turchetti B. Psychrophilic yeasts from worldwide glacial habitats: diversity, adaptation strategies and biotechnological potential. *FEMS Microbiol. Ecol.* 2012. Vol. 82. P. 217–241.
5. Shivaji S., Prasad G.S. Antarctic yeasts: biodiversity and potential applications. In: Satyanarayana T., Kunze G. (eds) *Yeast Biotechnology: Diversity and Applications*. Springer-Verlag, Berlin. 2009. P. 3–16.
6. Connell L., Redman R., Craig S., Scorzetti G., Iszard M., Rodriguez R. Diversity of soil yeasts isolated from South Victoria Land, Antarctica. *Microbial. Ecology.* 2008. Vol. 56. P. 448–459.
7. Vasileva-Tonkova E., Romanovskaya V., Gladka G., Gouliamova D., Tomova I., Stoilova-Disheva M., Tashyrev O. Ecophysiological properties of cultivable heterotrophic bacteria and yeasts dominating in phytocenoses of Galindez Island, maritime Antarctica. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 2014. Vol. 30. P. 1387–1398.
8. Laich F., Vaca I., Chávez R. *Rhodotorula portillonensis* sp. nov., a basidiomycetous yeast isolated from Antarctic shallow-water marine sediment. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2013. Vol. 63. P. 3884–3891.
9. Norshazliza Ab Ghani, Joanita Sulaiman, Zahidah Ismail, Xin-Yue Chan, Wai-Fong Yin. *Rhodotorula mucilaginoso*, a Quorum Quenching Yeast Exhibiting Lactonase Activity Isolated from a Tropical Shoreline. *Sensors.* 2014. Vol. 14. P. 6463–6473.
10. Романовская В.А., Парфенова В.В., Белькова Н.Л., Суханова Е.В., Гладка Г.В., Таширев А.Б. Аутэкология, таксономия и стратегия выживания в экстремальных условиях антарктических микроорганизмов. *Фундаментальные исследования.* 2014. № 11 (9). С. 1954–1959.
11. Белькова Н.Л., Дзюба Е.В., Суханова Е.В., Ханаева Т.А. Адаптация методов молекулярно-генетического анализа для изучения микроорганизмов, ассоциированных с рыбами. *Биология внутренних вод.* 2008. № 2. С. 91–94.
12. Anderson I.C., Cairney J.W. Diversity and ecology of soil fungal communities: increased understanding through the application of molecular techniques. *Environ. Microbiol.* 2004. Vol. 6 (8). P. 769–779.
13. Белькова Н.Л. Молекулярно-генетические методы анализа микробных сообществ. В кн. Разнообразие микробных сообществ внутренних водоемов России: Учебно-методическое пособие / под ред. Андреевой А.М. Ярославль: Изд-во ООО «Принтхаус», 2009. С. 53–63.
14. Romanovskaya V.A., Tashyrev A.B., Rokitko P.V., Shilin S.O., Chernaya N.A., Tashyreva A.O. Microbial diversity interterrestrial Antarctic biotopes. *Ukrainian Antarctic J.* 2009. Vol. 8. P. 364–369.
15. Таширев А.Б., Романовская В.А., Шилин С.О., Черная Н.А. Скрининг дрожжей-продуцентов меланина в наземных антарктических биотопах. *Мікробіол. журнал.* 2010. Т. 72 (1). С. 3–10.
16. Issatschenko B.L. The study of bacteria of the Arctic Ocean. Petrograd: The printing house Kirschbaum V.O., 1914. P. 297.

References

1. Carrasco M., Rozas J.M., Barahona S., Alcaïno J., Cifuentes V., Baeza M. Diversity and extracellular enzymatic activities of yeasts isolated from King George Island, the sub-Antarctic region. *BMC Microbiol.* 2012. Vol. 12. P. 251.
2. Margesin R., Fonteyne P., Schinner F., Sampaio J.P. *Rhodotorula psychrophila* sp. nov., *Rhodotorula psychrophenolica* sp. nov. and *Rhodotorula glacialis* sp. nov., novel psychrophilic basidiomycetous yeast species isolated from alpine environments. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2007. Vol. 57. P. 2179–2184.
3. Vaz A.B.M., Rosa L.H., Vieira M.L.A., Garcia V., Brandão L.R., Teixeira L.C.R., Moliné M., Libkind D., van Broock M., Rosa C.A. The diversity, extracellular enzymatic activities and photoprotective compounds of yeasts isolated in Antarctica. *Braz. J. Microbiol.* 2011. Vol. 42. P. 937–947.
4. Buzzini P., Branda E., Goretti M., Turchetti B. Psychrophilic yeasts from worldwide glacial habitats: diversity, adaptation strategies and biotechnological potential. *FEMS Microbiol. Ecol.* 2012. Vol. 82. P. 217–241.
5. Shivaji S., Prasad G.S. Antarctic yeasts: biodiversity and potential applications. In: Satyanarayana T., Kunze G. (eds) *Yeast Biotechnology: Diversity and Applications*. Springer-Verlag, Berlin. 2009. P. 3–16.
6. Connell L., Redman R., Craig S., Scorzetti G., Iszard M., Rodriguez R. Diversity of soil yeasts isolated from South Victoria Land, Antarctica. *Microbial. Ecology.* 2008. Vol. 56. P. 448–459.
7. Vasileva-Tonkova E., Romanovskaya V., Gladka G., Gouliamova D., Tomova I., Stoilova-Disheva M., Tashyrev O. Ecophysiological properties of cultivable heterotrophic bacteria and yeasts dominating in phytocenoses of Galindez Island, maritime Antarctica. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 2014. Vol. 30. P. 1387–1398.
8. Laich F., Vaca I., Chávez R. *Rhodotorula portillonensis* sp. nov., a basidiomycetous yeast isolated from Antarctic shallow-water marine sediment. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 2013. Vol. 63. P. 3884–3891.
9. Norshazliza Ab Ghani, Joanita Sulaiman, Zahidah Ismail, Xin-Yue Chan, Wai-Fong Yin. *Rhodotorula mucilaginoso*, a Quorum Quenching Yeast Exhibiting Lactonase Activity Isolated from a Tropical Shoreline. *Sensors.* 2014. Vol. 14. P. 6463–6473.

10. Romanovskaya V.A., Parfenova V.V., Belkova N.L., Sukhanova E.V., Gladka G.V., Tashirev A.B. Autecology, taxonomy, and strategy of surviving in extreme condition for antarctic microorganisms. *Fundamental researches*. 2014. Vol. 11 (9). P. 1954–1959.
11. Belkova N.L., Dzyuba E.V., Sukhanova E.V., Khanaeva T.A. Adaptation of methods of molecular genetic analysis for the study of microorganisms associated with fish. *Biology of Inland Waters*. 2008. Vol. 2. P. 91–94.
12. Anderson I.C., Cairney J.W. Diversity and ecology of soil fungal communities: increased understanding through the application of molecular techniques. *Environ. Microbiol.* 2004. Vol. 6 (8). P. 769–779.
13. Belkova N.L. Molecular genetic methods for the analysis of microbial communities. In the book. Diversity of microbial communities in inland water reservoirs of Russia: Educational-methodical manual / ed. Andreeva A.M. Yaroslavl: pub. LLC «Print House», 2009. P. 53–63.
14. Romanovskaya V.A., Tashyrev A.B., Rokitko P.V., Shilin S.O., Chernaya N.A., Tashyreva A.O. Microbial diversity interterrestrial Antarctic biotopes. *Ukrainian Antarctic J.* 2009. Vol. 8. P. 364–369.
15. Tashyrev A.B., Romanovskaya V.A., Shilin S.O., Chernaya N.A. Screening of a yeast-melanin producers in terrestrial Antarctic biotopes. *Mikrobiol. Zh.* 2010. Vol. 72. P. 3–10.
16. Issatschenko B.L. The study of bacteria of the Arctic Ocean. Petrogra: The printing house Kirschbaum V.O., 1914. P. 297.

GLADKA G.V.¹, ROMANOVSKAYA V.A.¹, BELKOVA N.L.², IUNGIN O.S.¹, TASHYREV A.B.¹

¹ Danylo Zabolotny Institute of Microbiology and Virology of Natl. Acad. Sci. of Ukraine, Ukraine, 03143, Kyiv, Zabolotny str., 154, e-mail: gladkagv@ukr.net

² Limnological Institute, Siberian Division, Russian Academy of Sciences, Russia, 664033, Irkutsk, Ulan-Batorskaya str., 3, e-mail: nlbelkova@gmail.com

TAXONOMICAL POSITION OF PIGMENTED YEAST ISOLATED FROM ANTARCTIC ECOSYSTEMS

Aim. To determine species composition and taxonomic position of extremotolerant Antarctic yeast. **Methods.** The objects of research were yeast from Antarctic soils and phytocenosis, which are stored in the Collection of Extremophilic Microorganisms at the Institute of Microbiology and Virology of the National Academy of Sciences of Ukraine, Kiev. Yeast were grown on malt wort (pH 5.0–5.5, temperature 18–20°C). Isolation of genomic DNA was performed using a commercial kit DNA-sorb; amplification of DNA preparations – use of primers NL1 and NL4; phylogenetic analysis – construction of dendrograms showing the position of the studied strains among closely related and typical species. **Results.** The analysis have shown a high percentage of similarity (98.4–99.9 %) of 18S rRNA genes sequences of yeast Antarctic strains and yeast sequences from the database GenBank. It was found that yeast strains belonged to phylum *Basidiomycota* (genera *Rhodospiridium*, *Rhodotorula*) and *Ascomycota* (genus *Exophiala*). **Conclusions.** As it was shown by phylogenetic analysis, red yeast S33, S48, S182 clustered with *Rhodotorula mucilaginosa*; S14 – with *Rhodospiridium diobovatum* and can be attributed to these species. Extremotolerant black yeast S10, S36 and S237 refer to the species *Exophiala nigra*.

Keywords: Antarctica, extremotolerant yeast, phylogenetic analysis, species composition.