

ПОЛІЩУК Л. В.

Інститут мікробіології і вірусології НАН України,  
Україна, 03143, м. Київ, вул. Заболотного, 154, ORCID: 0000-0002-3159-5022, e-mail:  
LVPolishchuk@ukr.net, (066) 641-97-01

### ВІДМІННІСТЬ ГЕНІВ *STREPTOMYCES GRISEUS* HUT 6037 ТА *S. COELICOLOR* A3(2), ЯКІ КОДУЮТЬ ХІТИНАЗИ GH19

**Мета.** Визначити подібність і відмінність первинної структури генів, що детермінують хітинази з родини GH19 штамів *S. griseus* HUT6037 та *S. coelicolor* A3(2). Дослідити поширеність в геномах стрептоміцетів послідовностей, які подібні хітиназним генам *chiC* та *chiF*. **Методи.** Інформація про нуклеотидні послідовності та анотації досліджуваних хромосом стрептоміцетів (зокрема хітиназних генів *S. coelicolor* A3(2) та *S. griseus* HUT6037) вільно доступна в GenBank. Аналіз нуклеотидних послідовностей стрептоміцетів проводили за допомогою програми BLASTN з сервера NCBI. **Результати.** Встановлено наявність як схожості нуклеотидних послідовностей хітиназних генів *chiC*, *chiF* та *chiG* – значна подібність фрагментів сиквенсів генів, що кодуєть каталітичні центри ензимів, так і відмінність – не виявлено подібності між собою фрагментів сиквенсів генів *chiC* та *chiF*, які детермінують їх домени зв'язування. Послідовності, подібні сиквенсам, що кодуєть домени зв'язування хітиназ *chiC* і *chiF* поширені в геномах різних сукупностей стрептоміцетів. **Висновки.** Послідовності хітиназних генів (зокрема їх фрагментів, які кодуєть домени зв'язування) можливо застосувати у класифікації стрептоміцетів на додаток до тих, що використовуються традиційно.

**Ключові слова:** *Streptomyces*, хітиназні гени, родина GH19 гідролаз, нуклеотидна послідовність, BLASTN аналіз.

Хітин – один з найпоширеніших природних полісахаридів. Він синтезується організмами різочими темпами – по  $10^{10}$ - $10^{11}$  тонн на рік. Однак не спостерігається критичного накопичення хітину завдяки його ефективній деградації. Ензими (хітинази), що його гідролізують виявлені у різноманітних організмів, як у таких, що синтезують хітин (гриби, ракоподібні, комахи), так і у несинтезуючих – бактерій, вірусів, рослини та вищі тварини [1]. Однак вважають, що бактерії є основними споживачами хітину в

природі – встановлено, що у ґрунтах активність гідролізу хітинів корелює з чисельністю в них бактерій [1, 2].

Хітинолітичні ферменти належать до 2 родин глікозил гідролаз (GH18 і GH19) і відрізняються не тільки амінокислотою послідовністю, але й третинною структурою. Оскільки ферменти з різних родин хітинолітичних гідролаз не мають схожості амінокислотних послідовностей, 3D-структур або механізмів дії, вважають що вони еволюціонували незалежно [3]. Встановлено, що штамми стрептоміцетів одночасно можуть містити ензими з обох родин. [4].

Як встановлено, хітинази родини GH19 в актинобактеріях подібні хітиназам рослин IV класу з родини GH19. Як вважають, початково предок сучасних *Streptomyces* отримав гени хітиназ від рослин, а надалі став їх джерелом для інших актинобактерій [5, 6].

Хітиназа C (*chiC*) *Streptomyces griseus* HUT6037, яка описана в 1996 році, є першою з родини GH19 хітиназ зі знайдених в організмі, відмінному від вищих рослин [6, 7]. Вивчена не тільки первинна та третинна структури молекули хітинази *chiC* *S. griseus* HUT6037 (BAA23739.1, 294 а.), її каталітична активність, але й нуклеотидна послідовність та організація *chiC*-гену (посилання AB009289.1, 264 п. н. – 1148 п. н.). Вважається, що саме хітинази родини GH19 мають більшу, ніж хітинази родини GH18, антифунгальну активність [6, 7].

З часом збільшилася кількість виявлених хітиназ родини GH19, знайдених в інших мікроорганізмах. Наприклад, була продемонстрована загальна поширеність хітиназ родини GH19 серед стрептоміцетів (*S. coelicolor* A3(2), *S. lividans* 66, *S. scabies* MAFF4018, *S. plicatus* ATCC 2548 та ряд інших) (28, 40). Хітинази штаму *S. coelicolor* A3(2) (особливо *chiG* та *chiF* з родини GH19) є найбільш ретельно вивченими хітиназами стрептоміцетів.

**Метою нашої роботи** було визначити подібність і відмінність нуклеотидних послідовно-

© ПОЛІЩУК Л. В.

стей генів, що детермінують хітинази з родини GH19 штамів *S. griseus* HUT6037 (*chiC*) та *S. coelicolor* A3(2) (*chiG* та *chiF*). Дослідити поширеність у стрептоміцетів послідовностей, які подібні генам, що кодують хітинази *chiC* та *chiF*.

### Матеріали і методи

У роботі користувалися загально доступними Інтернет базами даних сервера NCBI [http://www.ncbi.nlm.nih.gov]. Вирівнювання послідовностей проводилося із застосуванням пакета програм BLASTN з цього ж сервера [http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi]. Базові налаштування програми BLAST без змін.

Досліджувались послідовності використовували *chi*-гени і їх фрагментів, що детермінують домени гідролаз штамів *S. griseus* HUT6037 та *S. coelicolor* A3(2) (табл. 1).

### Результати та обговорення

У джерелах літератури повідомлено нуклеотидну послідовність хітиназних генів *S. griseus* HUT6037 (*chiC*) та *S. coelicolor* A3(2) (*chiF* і *chiG*), які детермінують гідролази родини GH19 – відповідно *ChiC*, *ChiF* і *ChiG*. Встанов-

лено домену організацію вказаних ферментів та виявлено фрагменти сиквенсів хітиназних генів, які детермінують окремі їх домени (рис. 1). Крім того, показано, що хітинази *ChiC* та *ChiF* мають схожі організації [3-6].

Для аналізу подібності та відмінності структур генів необхідно було визначити подібність первинних структур не тільки *chi*-генів, але і їх окремих доменів (табл. 2).

Показано, що нуклеотидні послідовності *chi*-генів *S. coelicolor* A3(2) мають як значний рівень подібності між собою, так і їх подібність з сиквенсом гену *S. griseus* HUT6037 (табл. 2).

Встановлено, що показники подібності сиквенсів фрагментів генів, що кодують каталітичні домени всіх досліджених генів значно вищі від показників загальних послідовностей генів. Водночас не виявлено подібності між собою фрагментів генів *chiC* та *chiF*, які детермінують їх домени зв'язування. Як відомо, наявність домену зв'язування в будові хітиназ не є обов'язковим для проходження гідролізу хітину. Однак його присутність покращує та оптимізує приєднання субстрату і, таким чином, сприяє його ферментації [7].

Таблиця 1. Хітиназні гени та їх фрагменти, які використовували в роботі.

Хітиназні гени стрептоміцетів	Локації генів та їх фрагментів на послідовності посилання		
	Локуси генів	Локуси доменів зв'язування	Локуси каталітичних доменів
<i>chiC</i> AB009289*	264 п. н. – 1148 п. н.	372 п. н. – 485 п. н.	540 п. н. – 1115 п. н.
<i>chiF</i> (SCO7263) AL645882.2**	8073282 п. н. – 8074172 п. н.	8073393 п. н. – 8073521 п. н.	8073564 п. н. – 8074169 п. н.
<i>chiG</i> (SCO0482) AL645882.2**	502342 п. н. – 503076 п. н.	-----	502468 п. н. – 503073 п. н.

Примітки: \* – номер посилання в GenBank послідовності хітиназного гену *S. griseus* HUT6037, \*\* – посилання послідовності хромосоми *S. coelicolor* A3(2).

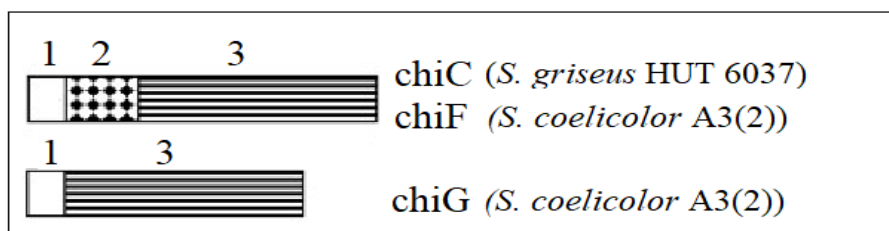


Рис. 1. Організація хітиназних генів стрептоміцетів. Фрагменти послідовності генів: 1 – сигнальна послідовність, 2 – кодує N-кінцевий домен, що зв'язується з хітином (ChtBD3), 3 – кодує C-кінцевий каталітичного домену, що здійснює деградацію хітину.

Таблиця 2. Показники схожості сиквенсів хітиназних генів стрептоміцетів

Хітиназні гени стрептоміцетів (Query Sequence)	Показники подібності нуклеотидних послідовностей		
	<i>chi</i> -генів	Окремих їх доменів	
		зв'язування	каталітичних
<i>chiC</i>	<i>chiF</i> (Subject Sequence)	BC	Qc = 100 %, I = 85,5 %
	Qc = 69 %, I = 85,1 %		
	<i>chiG</i> (Subject Sequence)	Н	Qc = 95 %, I = 84,6 %
<i>chiF</i>	<i>chiC</i> (Subject Sequence)	BC	Qc = 95 %, I = 85,4 %
	Qc = 70 %, I = 85,1 %		
	<i>chiG</i> (Subject Sequence)	Н	Qc = 97 %, I = 87,2 %
<i>chiG</i>	<i>chiC</i> (Subject Sequence)	BC	Qc = 95 %, I = 84,0 %
	Qc = 79 %, I = 84,0 %		
	<i>chiF</i> (Subject Sequence)	Н	Qc = 99 %, I = 86,9 %
Qc = 82 %, I = 87,0 %			

Примітки: BC – відсутня схожість, Н – не можливо визначити, Qc – покриття (Query coverage), I – ідентичність (Identity).

Зі всієї амінокислотної послідовності ферменту каталітичні функції виконуються відносно невеликою ділянкою молекули — активним центром. Активний центр являє собою групу певних амінокислот, які можуть знаходитись у поліпептидному ланцюгу як поруч, так і в різних його частинах [8]. Як повідомлено в анотації хітиназ у базі GenBank, активні центри досліджуваних хітиназ утворюють по 19 амінокислотних залишків (рис. 2). У більшості ферментів активний центр утворюють 10 % - 20 % їх амінокислотної послідовності, в той час, як інші амінокислоти пептиду слугують для утворення необхідної третинної структури [8].

Встановлено ряд відмінностей набору амінокислот, що утворюють активні центри досліджуваних хітиназ (рис. 2). В центрі хітинази *ChiC* присутній валін замість лізину у в інших двох та глутаміну замість валіну; в центрі хітинази *ChiG* ізолейцин присутній в позиції, в якій в інших центрах є валін, а цистеїн на місці глутаміна. За їх фізико-хімічними властивостями зокрема амінокислоти валін і ізолейцин класифікуються як неполярні амінокислоти, а цистеїн та глутамін – як незаряджені полярні. Крім того, експериментально доведено, що вказані відмінності будови активного центру хітинази *ChiC* не мали впливу на каталітичну активність ензиму [6, 7].

Як показано вище, головною відмінністю послідовностей хітиназних генів є структура фрагментів, що детермінують їх домени зв'язування. Було вирішено дослідити поширеність в геномах стрептоміцетів саме цих послі-

довностей як референсних по відношенню хітиназних генів.

BLASTN-аналізом (megablast) бази refseq.genomes (*Streptomyces taxid:1883*) з використанням як референсної послідовності фрагмент *chiC* гену, що детермінує домен зв'язування було виявлено понад 200 послідовностей, які належали 168 стрептоміцетам, з них 135 організми не були визначені до виду. Більшість з класифікованих стрептоміцетів відносились до різних субгруп клади *S. griseus* – штамів *S. griseus*, *S. anulatus*, *S. albobinaceus*, *S. anulatus*, *S. microflavus* та інших. Максимальні показники подібності сиквенсів (Qc = 100 %, I = 100 %) були виявлені саме для 13 штамів виду *S. griseus*. Однак послідовності з меншими показниками подібності виявлені також у штамів видів *S. pluricolorencens*, *S. rudocortorensis*, *S. sindenensis*, *S. europaciscabiei* та інших.

При дослідженнях в аналогічних умовах з використанням в якості референсної послідовності фрагмент *chiF* гену, що детермінує домен зв'язування було виявлено майже 450 послідовностей, що належали 318 стрептоміцетам. З них тільки 125 були визначені до видів. Одна з послідовностей була локалізована на плазміді p1 (штам *S. fungicidicus* TXX3120). У вибірці, крім штамів видів *S. coelicolor* і *S. lividans*, не були представлені інші стрептоміцети з групи *S. albidoflavus*. Максимальні показники ідентичності послідовностей (Qc = 100 %, I = 100 %) мали також штами видів з групи *S. antrocyanicus*. У вибірці були представлені штами з груп *S. auraticus*, *S. rochei*, *S. pseudogriseus*.

каталітичний домен хітинази ChiF	
1	msrrrisavv talalagavp llmpaneasa ascssyhaws adanyntgdi vrytdgkayi
61	aehanpgydp listwywdpy acdggsgtpv gnfvvseaaf nqmfpggrnsf ytysgltaal
121	saypgfantg sdttkkqaaa aflanvsnet gglvviivecn tanyphycdw nqpygcpagq
181	aayygrgpiq lswfnfykaa gdalgidllg npwlvqndaa vawktglwvw ntqsgpgtmt
241	phnamvngag fgqtirsing slacdgnkpa qvqsvtkyq qfaqilgvsp ggnlyc
каталітичний домен хітинази ChiG	
1	mqrklalla atgaaaalct ltmapsavae ksdtrtaaae fvvseaafdq mfpsrnsfyt
61	ysgltaalsa ypgfsntgsd tvkkqaaaaf lanvghetgg lvvveenta nyphycdasq
121	pygcpagndk yygrgpils wfnfykaagd algidllnnp dlvqndsava wktglwvwnt
181	qtgpgtmtph damvngagfg etirsingl acdggnggv qsidnyerf tqllgvepgg
241	nlsc
каталітичний домен хітинази ChiC	
1	myrrvmsllv algaivaali vlpattaqaa tcatawssss vytnggtvsy ngrnytakwv
61	tqnerpgtsd vwadkgacgt ggegpggng fvvseaafnq mfpnrnafyt ykgltdalsa
121	ypafaktgsd evkkraaaaf lanvshetgg lfvvkeinea nyphycdtq sygcpagqaa
181	yygrgpilqls wfnfykaagd alginllanp ylveqdpava wktglwvwns qngpgtmtph
241	naivnnagfg etirsingal cnggnpav qvinkftqf tqilgttgp nlsc

Рис. 2. Амінокислотні послідовності каталітичних доменів хітиназ. Коричневим кольором відмічено амінокислоти, що утворюють активні центри ферментів. Прямокутники вказують на відмінні амінокислоти у активних центрах.

Таким чином, послідовності, подібні сиквенсам доменів зв'язування хітиназ *chiC* і *chiF* широко поширені серед стрептоміцетів, однак у різних видах та кладах.

Проведено дослідження генетичної спорідненості ряду стрептоміцетів з отриманих сукупностей. Показники ідентичності сиквенсів 16S рРНК штаму *S. coelicolor* A3(2) (*rrnA*) та сиквенсів низки стрептоміцетів представлено в таблиці (табл. 3). Крім того, в таблиці 3 наведено показники подібності їх хітиназних генів з молекулярною організацією, аналогічною *chiF* *S. coelicolor* A3(2).

Заведено вважати послідовність первинних структур 16S рРНК генів стрептоміцетів «золотим стандартом» визначення генетичної спорідненості штамів, належності до одного таксону найнижчої ієрархії – клади/групи. Встановили, що послідовності 16S рРНК генів у штамів, що належать до однієї групи мають показники ідентичності понад 98,7 %. Відповідно представленим даним BLASTN-вирівнюванню сиквенсів 16S рРНК генів, штам *S. coelicolor* A3(2) має більшу генетичну спорідненість з видами з *S. anthrocyanicus* клади ніж з переважною більшістю видів з *S. albidoflavus*

клади, до якої його віднесли. Крім того, виявлено ряд штамів з невизначеною видовою належністю, які мають показники подібності 16S рРНК генів понад 98,7 % - наприклад штами *Streptomyces* sp. SID 7813, *Streptomyces* sp. 2114.2 та *Streptomyces* sp. V17-9.

Отримані результати подібності послідовностей 16S рРНК генів стрептоміцетів сиквенсу референсного *rrnA*-гену *S. coelicolor* A3(2), корелюють з рівнем подібності нуклеотидних послідовностей їх хітиназних генів сиквенсу *chiF*-гену (табл. 3). Так, штами стрептоміцетів, у яких показники ідентичності 16S рРНК генів більші від 98,7 % здебільш мали хітиназні гени, показники покриття (Query coverage), яких були понад 99 %. Встановлено, що послідовність каталітичного центру *chiF*-гену *S. coelicolor* A3(2) становить 68 % всього сиквенсу гену. Показники покриття фрагментів хітиназних генів інших приведених штамів були менші як 75 % і локалізовані на S термінально. На рис. 3 схематично представлено розташування вище згаданих фрагментів генів, що подібні референсній послідовності *chiF*-гену з геномів ряду стрептоміцетів (рис. 3).

Таблиця 3. Схожість послідовностей генів низки стрептоміцетів (Subject Sequence) та сиквенсів генів *rnaA* та *chiF* *S. coelicolor* A3(2) (Query Sequence)

Штами стрептоміцетів (Subject Sequence)	Показники подібності послідовностей	
	16S рРНК генів	хітиназних генів
<i>S. coelicolor</i> M1154 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 100 %	Qc = 100 %, I = 100 %
<i>S. coelicolor</i> JCM 4020 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 99,9 %	Qc = 100 %, I = 99,9 %
<i>S. lividans</i> TK23	Qc = 100 %, I = 99,9 %	Qc = 100 %, I = 100 %
<i>S. lividans</i> TK24	Qc = 100 %, I = 99,9 %	Qc = 100 %, I = 99,8 %
<i>S. albidoflavus</i> SM254 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 97,3 %	Qc = 74 %, I = 83,2 %
<i>S. albidoflavus</i> W68 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 97,5 %	Qc = 69 %, I = 84,8 %
<i>S. albidoflavus</i> LGO-A23 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 97,3 %	Qc = 74 %, I = 83,2 %
<i>S. albidoflavus</i> CCOS2040 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 97,3 %	Qc = 74 %, I = 82,9 %
<i>S. albidoflavus</i> J1074 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 97,4 %	--- <sup>4</sup>
<i>S. tendae</i> 139 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 88,9 %	Qc = 100 %, I = 84,8 %
<i>S. sampsonii</i> KJ40 <sup>1</sup>	Qc = 100 %, I = 97,4 %	Qc = 69 %, I = 84,7 %
<i>S. odorifer</i> KAI-180 <sup>1</sup>	Qc = 96 %, I = 97,4 %	Qc = 69 %, I = 84,9 %
<i>S. anthrocyanicus</i> JCM3037 <sup>2</sup>	Qc = 85 %, I = 100 % <sup>5</sup>	Qc = 100 %, I = 99,5 %
<i>S. anthrocyanicus</i> IPS92W <sup>2</sup>	Qc = 100 %, I = 99,8 %	Qc = 100 %, I = 98,7 %
<i>S. violaceosruber</i> S21 <sup>2</sup>	Qc = 100 %, I = 96,6 %	Qc = 70 %, I = 83,7 %
<i>S. violaceosruber</i> NRRL S-12 <sup>2</sup>	Qc = 100 %, I = 99,9 %	Qc = 100 %, I = 99,2 %
<i>S. mediolani</i> NRRL WC-3934 <sup>3</sup>	Qc = 100 %, I = 93,9 %	Qc = 70 %, I = 84,2 %
<i>S. griseus</i> NCTC 13033 <sup>3</sup>	Qc = 100 %, I = 96,6 %	Qc = 70 %, I = 83,7 %
<i>S. rubrogriseum</i> NRRC 15455	Qc = 100 %, I = 98,8 %	Qc = 100 %, I = 98,4 %
<i>Streptomyces</i> sp. SID 7813	Qc = 100 %, I = 100 %	Qc = 100 %, I = 100 %
<i>Streptomyces</i> sp. 2114.2	Qc = 100 %, I = 99,9 %	Qc = 100 %, I = 99,4 %
<i>Streptomyces</i> sp. V17-9	Qc = 100 %, I = 98,82 %	Qc = 100 %, I = 96,4 %
<i>Streptomyces</i> sp. NAO3103	Qc = 100 %, I = 98,8 %	Qc = 100 %, I = 96,5 %
<i>Streptomyces</i> sp. KPB2	Qc = 100 %, I = 98,8 %	Qc = 100 %, I = 96,5 %

Примітки: <sup>1</sup> - представник класу *S. albidoflavus*, <sup>2</sup> - представник класу *S. anthrocyanicus*, <sup>3</sup> - представник класу *S. griseus*, <sup>4</sup> - ген відсутній, <sup>5</sup> - послідовність 16S рРНК гену визначена частково. Qc (Query coverage) - покриття, I (Identity) - ідентичність.

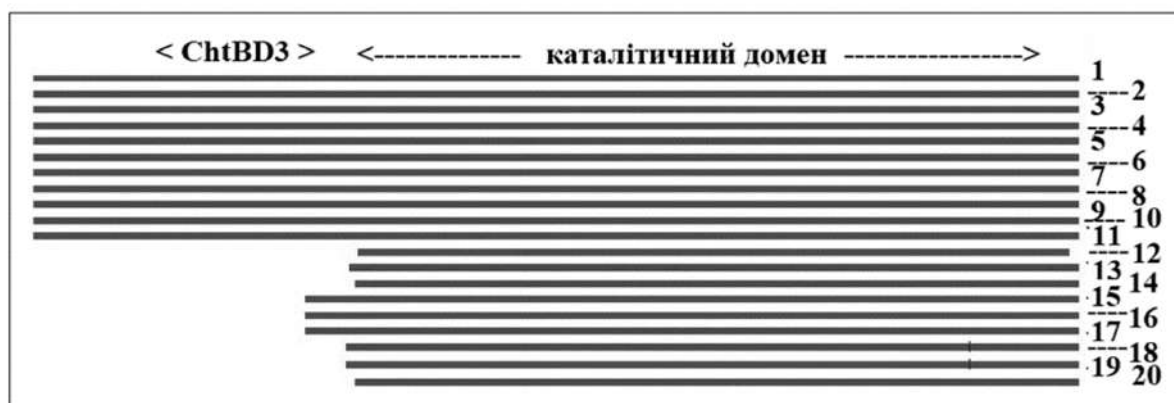


Рис. 3. Локалізація фрагментів послідовностей генів стрептоміцетів, які подібні референсній послідовності *chiF* гену *S. coelicolor* A3(2). Смужки: 1 – *S. coelicolor* A3(2), 2 – *S. coelicolor* M1154, 3 – *S. coelicolor* JCM 4020, 4 – *S. lividans* TK23, 5 – *S. anthrocyanicus* JCM3037, 6 – *S. anthrocyanicus* IPS92W, 7 – *S. tendae* 139, 8 – *Streptomyces* sp. SID 7813, 9 – *Streptomyces* sp. 2114.2, 10 – *Streptomyces* sp. NAO3103, 11 – *Streptomyces* sp. KPB2, 12 – *S. violaceosruber* S21, 13 – *S. mediolani* NRRL WC-3934, 14 – *S. griseus* NCTC 13033, 15 – *S. albidoflavus* SM254, 16 – *S. albidoflavus* LGO-A23, 17 – *S. albidoflavus* CCOS2040, 18 – *S. sampsonii* KJ40, 19 – *S. odorifer* KAI-180, 20 – *S. albidoflavus* W68.

Таким чином, встановлена значна подібність нуклеотидних послідовностей фрагментів хітиназних генів *chiC*, *chiF* та *chiG*, які детермінують каталітичні домени ферментів. Разом з тим не виявлено подібності між собою фрагментів генів *chiC* та *chiF*, що детермінують їх домени зв'язування. Активні центри хітиназ *chiC*, *chiF* та *chiG* утворюються 19 амінокислотними залишками, в організації каталітичних центрів ензимів *chiC* та *chiG* показано заміни 10 % амінокислотних основ.

Послідовності, подібні сиквенсам, що кодують домени зв'язування хітиназ *chiC* і *chiF* поширені серед різних сукупностей стрептоміцетів.

### Висновки

Послідовності хітиназних генів (зокрема їх фрагментів, які кодують домени зв'язування) можливо застосувати у класифікації стрептоміцетів на додаток до тих, що використовуються традиційно.

### References

1. Veliz E. A., Martínez-Hidalgo P., Hirsch A. M. Chitinase-producing bacteria and their role in biocontrol. *AIMS Microbiology*. 2017. Vol. 3 (3). P. 689–705. doi: 10.3934/microbiol.2017.3.689.
2. Kielak A. M., Cretoiu M. S., Semenov A. V., Sorensen S. J., van Elsas J. D. Bacterial chitinolytic communities respond to chitin and pH alteration in soil. *Applied and Environmental Microbiology*. 2013. Vol. 79 (1). P. 263–272. doi: 10.1128/AEM.02546-12.
3. Dahiya N., Tewari R., Hoondal G. S. Biotechnological aspects of chitinolytic enzymes: a review. *Applied Microbiology and Biotechnology*. Vol. 71 (6). P. 773–782. doi: 10.1007/s00253-005-0183-7.
4. Prakash N. A. U., Jayanthi M., Sabarinathan R., Sabarinathan R., Kanguane P., Mathew L., Sekar K. Evolution, homology conservation, and identification of unique sequence signatures in GH19 family chitinases. *Journal of Molecular Evolution*. 2010. Vol. 70 (5). P. 466–478. doi: 10.1007/s00239-010-9345-z.
5. Monson A. M., Bradley S. G., Enquist L.W., Cruces G. J. Genetic homologies among *Streptomyces violaceoruber* strains. *Bacteriology*. 1969. Vol. 99 (3). P. 702–706. doi: 10.1128/jb.99.3.702-706.1969.
6. Watanabe T., Kanai R., Kawase T., Tanabe T., Mitsutomi M., Sakuda S., Miyashita K. Family 19 chitinases of *Streptomyces* species: characterization and distribution. *Microbiology*. 1999. Vol. 145 (12). P. 3353–3363. doi: 10.1099/00221287-145-12-3353.
7. Ohno T., Armand S., Hata T., Nikaidou N., Henrissat B., Mitsutomi M., Watanabe T. A modular family 19 chitinase found in the prokaryotic organism *Streptomyces griseus* HUT 6037 *J Bacteriol*. 1996. 178 (17). P. 5065–5070. doi: 10.1128/jb.178.17.5065-5070.1996.
8. Patel S., Rauf A., Meher B. R. *In silico* analysis of ChtBD3 domain to find its role in bacterial pathogenesis and beyond. *Microb Pathog*. 2017. 110 (9). P. 519–526. doi: 10.1016/j.micpath.2017.07.047.

### POLISHCHUK L. V.

Zabolotny Institute of Microbiology and Virology of the NAS of Ukraine, Ukraine, 03143, Kiev, Zabolotny str., 154

### DIFFERENCES BETWEEN GENES OF *STREPTOMYCES GRISEUS* HUT 6037 AND *S. COELICOLOR* A3(2) THAT ENCODE CHITINASES GH19

**Aim.** The goal is to determine the similarities and differences in the primary structure of genes that determine chitinases from the GH19 family of strains *S. griseus* HUT6037 and *S. coelicolor* A3(2). Investigate the distribution in streptomycetes genomes of sequences that are similar to *chiC* and *chiF* genes. **Methods.** Information on nucleotide sequences and annotations of studied streptomycete chromosomes (including the chitinase genes *S. coelicolor* A3(2) and *S. griseus* HUT6037) is freely available in GenBank. The analysis of streptomycete nucleotide sequences was carried out using the BLASTN program from the NCBI server. **Results.** Significant similarities have been established between gene fragments encoding the catalytic centers of chitinases *chiC*, *chiF* and *chiG*. No similarity has been found between the fragments of the sequences of the *chiC* and *chiF* genes that determine their binding domains. Sequences similar to sequences encoding chitinase binding domains *chiC* and *chiF* have been found to be common in the genomes of various set of streptomycete strains. **Conclusions.** Sequences of chitinase genes (specifically their fragments that encode binding domains) can be used in the classification of streptomycetes in addition to those used traditionally. **Keywords:** *Streptomyces*, a chitinase gene, GH19 family of glycolase, nucleotide sequence, BLASTN analysis.