

## ГЕНОТИПИРОВАНИЕ КВЕЙК-ДРОЖЖЕЙ И ПРОМЫШЛЕННЫХ ШТАММОВ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* МЕТОДОМ МИКРОСАТЕЛЛИТНОГО АНАЛИЗА

И.В. Новикова, А.С. Муравьев, Я.Р. Арустамов, А.А. Торшина

Воронежский государственный университет инженерных технологий, Воронеж, Россия.

**Актуальность.** Квейки – норвежские фермерские дрожжи *Saccharomyces cerevisiae* – представляют значительный интерес для пищевой биотехнологии благодаря уникальным фенотипическим свойствам: термотолерантности, высокой скорости брожения, быстрой флокуляции и низкому образованию фенольных off-флаворов. Однако их точная идентификация затруднена из-за морфологического сходства с другими штаммами пивных дрожжей, что требует применения современных молекулярно-генетических методов.

**Цель работы:** Генотипирование образцов квейк-дрожжей и коллекционных промышленных штаммов пивных дрожжей на основе анализа полиморфизма микросателлитных локусов для их дифференциации и установления генетических взаимоотношений.

**Материалы и методы:** Исследованы 22 образца квейк-дрожжей, выделенные из коммерческой закваски, и 7 коллекционных штаммов промышленных дрожжей (Saf-Ale WB 06, S-04, S-33, Bohemia Lager M84, Saf-Lager W 34/70, RH, 308). Проведена экстракция ДНК с последующей мультиплексной ПЦР-амплификацией 10 микросателлитных локусов (ScAAT1-6, ScC4, ScC5, YPL009c, ScYOR267c). Детекция продуктов амплификации выполнена методом капиллярного электрофореза. Генетические расстояния оценены с помощью кластерного анализа, результаты визуализированы в виде дендрограммы.

### Основные результаты:

1. Все 22 образца квейк-дрожжей показали высокую генетическую однородность, формируя единый кластер. Различия по длинам микросателлитных локусов между отдельными образцами квейков не превышали 6 п.н., что указывает на их монокультурное происхождение, вероятно, от единого штамма в коммерческой закваске.
2. Промышленные коллекционные штаммы продемонстрировали значительную генетическую вариабельность как внутри своей группы, так и по сравнению с квейк-дрожжами.
3. Наибольший полиморфизм, критичный для дифференциации, был выявлен для локусов ScC4 и YPL009c (разница до 100 п.н.), в то время как локус ScAAT2 оказался наименее вариабельным.
4. Кластерный анализ четко разделил все исследуемые образцы на два основных кластера: один объединил все квейк-дрожжи, а второй – все промышленные штаммы. Это наглядно подтверждает значительную генетическую дистанцию между традиционными квейками и классическими пивоваренными дрожжами.

### Выводы и практическая значимость:

1. Примененная панель из 10 микросателлитных маркеров доказала свою эффективность для надежной генетической идентификации и дифференциации штаммов дрожжей, используемых в пивоварении.
2. Установлена четкая генетическая обособленность исследованных квейк-дрожжей от промышленных штаммов, что подтверждает их уникальное эволюционное происхождение и статус отдельной группы.
3. Полученные уникальные генетические профили (микросателлитные отпечатки) могут быть использованы для целей контроля качества, аутентификации дрожжевых культур, защиты авторских прав штаммов и стандартизации производственных процессов в пищевой биотехнологии.

### Литература

1. Preiss R., Tyrawa C., Krogerus K. et al. Traditional Norwegian Kveik are a genetically distinct group of domesticated *Saccharomyces cerevisiae* brewing yeasts // *Frontiers in Microbiology*. 2018. Vol. 9. P. 2137.
2. Schuller D., Cardoso F., Sousa S. et al. Genetic diversity and population structure of *Saccharomyces cerevisiae* strains isolated from different grape varieties and winemaking regions // *PLoS ONE*. 2012. Vol. 7(2). P. e32507.
3. Gallone B., Steensels J., Pahl T. et al. Domestication and divergence of *Saccharomyces cerevisiae* beer yeasts // *Cell*. 2016. Vol. 166. P. 1397–1410.
4. Kawa-Rygielska J., Adamenko K., Pietrzak W. et al. The potential of traditional norwegian KVEIK yeast for brewing novel beer on the example of foreign extra stout // *Biomolecules*. 2021. Vol. 11(12). P. 1778.