

Katarzyna Rajkowska, Alina Kunicka

Instytut Technologii Fermentacji i Mikrobiologii, Politechnika Łódzka
ul. Wólczańska 171/173, 90-530 Łódź

Wpłynęło we wrześniu 2004 r.

1. Wstęp. 2. Pozyskiwanie drożdży winiarskich. 3. Organizacja genomu jądrowego. 4. Organizacja genomu mitochondrialnego. 5. Zmienność genomu drożdży winiarskich. 6. Mechanizmy ewolucji drożdży. 7. Podsumowanie

Evolution and variability of genome of wine yeasts *Saccharomyces cerevisiae*

Abstract: The maintenance of genetic identity and stability of wine yeasts *Saccharomyces cerevisiae* is problematic. Yeast strains are characterized by large-scale chromosomal length polymorphism and high rates of changes in their karyotypes during meiosis and vegetative growth. This might be due to a number of different processes, including mutation, translocation of Ty and LTR elements, mitotic crossing-over or gene conversion. Also mitochondrial DNA escape events and mosaicism of chromosome ends could be sources of genetic variability. The nature and frequency of these changes suggest that they may play an important role in the establishment and maintenance of the genetic diversity observed in *S. cerevisiae* populations. Industrial yeast genomes are probably subjected to strong selective pressure, in which chromosomal rearrangements and variations in the copy number of specific chromosomes might be selectively advantageous. This review summarizes the current knowledge of wine yeasts' genetic features and of some molecular processes causing yeast biodiversity.

1. Introduction. 2. Origin of wine yeasts. 3. Organization of nuclear genome. 4. Organization of mitochondrial genome. 5. Variability of wine yeasts genome. 6. Mechanisms of yeast evolution. 7. Summary

Słowa kluczowe: *Saccharomyces cerevisiae*, polimorfizm długości chromosomu, rekombinacja mitotyczna, ewolucja, genom jądrowy i mitochondrialny

Key words: *Saccharomyces cerevisiae*, chromosome length polymorphism, mitotic recombination, evolution, nuclear and mitochondrial genome

1. Wstęp

Winiarstwo przemysłowe od wielu lat wykorzystuje czyste kultury szczepów drożdży. Obok odpowiedniej selekcji surowca zastosowanie starannie dobranych ras drożdży winiarskich w produkcji, zapewnia właściwą jakość wina i powtarzalność cech jego kolejnych roczników [58, 59, 81].

Odkrycie organizmu odpowiedzialnego za procesy fermentacji, nieodmiennie związane jest z pytaniem o pochodzenie drożdży winiarskich. Jakkolwiek oczywistym wydaje się naturalna selekcja ras winiarskich, determinowana zarówno specyfiką surowca jak i warunkami procesu, nadal zadziwia różnorodność cech drożdży oraz mechanizmy regulujące utrzymaniem ich stabilności. Drożdże winiarskie uznawane są za stosunkowo stabilne fenotypowo, o genomie wysyconym naturalnymi mutacjami i trudno poddające się manipulacjom genetycznym prowadzonym klasycznymi metodami inżynierii komórkowej.

Intensywny rozwój biotechnologii, szczególnie w obszarze technik klonowania genów, stworzył moż-

liwość ulepszania stosowanych w winiarstwie drożdży i modyfikowania ich cech z ogromną precyzją [60, 63]. Nowoczesne metody inżynierii genetycznej wyrastają z genetyki klasycznej, opartej na zjawiskach rekombinacji, mutacji spontanicznych i selekcji (Rys. 1). Ustalenie map genetycznych oraz zidentyfikowanie struktur DNA pozachromosomalnego umożliwiło manipulowanie materiałem genetycznym na poziomie genu.

Jednak, pomimo znaczącego postępu w dziedzinie genetycznego ulepszania szczepów, naturalne mechanizmy regulujące zmienność genomu drożdży z gatunku *Saccharomyces cerevisiae* czynią wprowadzane zmiany niestabilnymi w następnych pokoleniach [61]. Problematyczne jest również uzyskanie genetycznej identyczności i stabilności szczepów w czystej kulturze. Termin „czysta kultura” oznacza, że populacja została wyprowadzona z pojedynczej komórki, co nie jest jednoznaczne z jej genetyczną jednolitością. Nawet w ściśle kontrolowanych warunkach, po kilkunastu generacjach, szczepy ujawniają powolne, ale wyraźne zmiany [58].