

<https://doi.org/10.15407/frg2025.01.056>

УДК 004.2:577.1:577.11:579.873.71

БІОІНФОРМАТИВНЕ ДОСЛІДЖЕННЯ КОМПЛЕКСІВ ГЛІКОЗИД-ГІДРОЛАЗ СТРЕПТОМІЦЕТІВ З КЛАД *STREPTOMYCES ALBIDOFLOVUS* ТА *STREPTOMYCES GRISSEUS*

Л.В. ПОЛІЩУК

Інститут мікробіології і вірусології ім. Д.К. Заболотного Національної
академії наук України

03143 Київ, вул. Академіка Заболотного, 154

e-mail: LVPolishchuk@ukr.net

Метою роботи було встановити можливість використання складу комплексу глікозид-гідролаз для визначення генетичної спорідненості стрептоміцетів. Об'єктом дослідження була інформація про комплекси глікозид-гідролаз стрептоміцетів, яка наявна в доступних інтернет-базах даних (KEGG, NCBI та CAZy). В базі даних CAZy представлено інформацію про активні ферменти щодо вуглеводів 603 стрептоміцетів. Інформацію про комплекси глікозид-гідролаз стрептоміцетів досліджували методом ручного аналізу. Комп'ютеризований аналіз первинних структур ДНК стрептоміцетів проводили з використанням програм BLAST. Представлено результати аналізу комплексів глікозидаз стрептоміцетів з *Streptomyces albidoflavus* (12 штамів) та *Streptomyces griseus* (11 штамів) груп. Виявлено закономірності складу комплексів глікозидаз у штамів однієї кладі. Генетична спорідненість стрептоміцетів доведена визначенням показників ідентичності їх 16S рРНК за BLASTN-аналізом. Встановлено кореляції складу комплексів глікозид-гідролаз у стрептоміцетів з певної кладі та їх генетичної спорідненості. Базуючись на наших результатах, штам *S. coelicolor* A3(2), *S. violaceoruber* S21 та *S. graminofaciens* A-8890 не належать до тих клад, до яких їх відносять на даний момент. Підтверджено запропоновану раніше іншими авторами необхідність віднести штам *S. coelicolor* A3(2) до кладі *S. violaceoruber*. За нашими результатами, штам *S. violaceoruber* S21 є членом *S. griseus* групи. Таким чином, встановлено перспективність вивчення комплексів глікозид-гідролаз стрептоміцетів для визначення їх генетичної спорідненості на додаток до традиційних фенотипних і генотипних критеріїв.

Ключові слова: *Streptomyces*, родина GH, 16S рРНК, показники подібності, генетична спорідненість.

Ферменти — це складні білкові речовини, які забезпечують життєдіяльність клітин усіх живих організмів (в тому числі й мікроорганізмів). Кожна клітина містить комплекс ферментів, характерний для даного виду або типу мікроорганізмів. Функціонування різних за складом ферментативних комплексів є базисом у визначенні різних аспектів життєдіяльності організму — морфологічних, біохімічних і

Цитування: Поліщук Л.В. Біоінформативне дослідження комплексів глікозид-гідролаз стрептоміцетів з клад *Streptomyces albidoflavus* та *Streptomyces griseus*. *Фізіологія рослин і генетика*. 2025. 57, № 1. С. 56–63.
<https://doi.org/10.15407/frg2025.01.056>

культуральних [1]. Особливості в засвоєнні мікроорганізмом певної низки субстратів використовуються для його класифікації як один з критеріїв (фізіологічний критерій) [2–3]. Тому всебічне вивчення ферментів мікроорганізмів, з одного боку, важливе для розуміння процесів життєдіяльності мікроорганізмів, а з іншого — необхідне для точної їх класифікації [4–8].

З розвитком молекулярної біології та комп'ютерних технологій, значну увагу приділяють дослідженню амінокислотних послідовностей ферментів [1, 9]. Наприклад, вивчаються еволюційні зміни у молекулах, особливо у ДНК та білках, щоб відстежити еволюційні зв'язки між видами. Як відомо, в клітині функціонує постійний комплекс ферментів, характерний для даного виду мікроорганізмів — конститутивні ферменти. На відміну від них, адаптивні, або індуковані, ферменти з'являються в клітині тільки за наявності в середовищі певного субстрату. Крім того, може бути, що певна частина ферментів не активна чи не синтезується внаслідок мутацій. Тому комп'ютеризовані дослідження геномів мікроорганізмів уможливають точніше дослідження ферментативних комплексів мікроорганізмів [1].

Останнім часом приділяється багато уваги вивченню будови, функцій, шляхів біосинтезу та деградації полісахаридів (гліканів), а також їх ролі у біологічних системах. Це пов'язано з тим, що глікани є одними з поширених та важливих біополімерів у природі [9]. Вони виконують важливі функції в клітині: енергетичну, запасну, структурну, рецепторну, захисну.

На даний час структури і каталітичні властивості багатьох глікан-активних ферментів досить добре вивчені. Наприклад, в базі даних CAZy (Carbohydrate Active enZymes Database) наявні відомості про гени, які кодують ензими 189 родин глікозид-гідролаз (GH) у складі майже 33 тисяч геномів представників домену Bacteria [<https://www.cazy.org/>]. Також подано інформацію про склад комплексів глікозид-гідролаз кожного окремого організму, зокрема про наявність ферментів з тих чи інших родин GH, кількість ензимів з кожної родини в його клітинах. Як приклад на рис. 1 наведено комплекси глікозидаз 2 стрептоміцетів. Головною функцією глікозид-гідролаз (глікозидаз) є позаклітинна деструкція складних молекул поживних речовин до простіших форм, які легко абсорбуються клітинами [9].

Метою наших досліджень було довести можливість використання аналізу складу комплексів глікозид-гідролаз штамів стрептоміцетів для визначення генетичної спорідненості мікроорганізмів.

Методика

Об'єктом дослідження були амінокислотні й нуклеотидні послідовності представників роду *Streptomyces*, які наведено в базах даних NCBI (The National Center for Biotechnology Information) [www.ncbi.nlm.nih.gov], KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) [www.genome.jp.kegg] та CAZy (Carbohydrate Active enZymes Database) [<https://www.cazy.org/>].

А	Родини GH	1	2	3	4	5	6	9	10	11	12	13	15	16	18	19	20	23	25	27
	кількість ензимів з родини	5	8	9	3	5	3	2	2	2	2	18	5	4	11	2	4	1	3	1
	Родини GH	29	30	31	33	35	36	38	42	43	46	48	50	51	55	62	63	64	65	74
	кількість ензимів з родини	1	1	2	2	2	2	1	2	6	2	1	1	2	2	1	1	3	2	1
	Родини GH	75	76	77	78	87	92	93	95	101	109	114	117	141	146	154	158	176	178	184
	кількість ензимів з родини	1	1	1	2	2	3	1	2	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	3
Б	Родини GH	1	2	3	4	5	6	13	15	16	18	19	20	23	25	31	32	33	39	43
	кількість ензимів з родини	4	2	6	2	1	3	11	2	1	4	3	2	1	3	1	2	1	2	1
	Родини GH	46	55	63	64	65	77	81	84	87	114	158	171	176	178	183	184			
	кількість ензимів з родини	2	1	1	1	2	1	1	2	2	1	1	1	1	1	2	3			

Рис. 1. Склад комплексів глікозид-гідролаз в клітинах стрептоміцетів: А — штамп *Streptomyces coelicolor* A3(2); Б — штамп *S. albidoflavus* ATCC 23899 (база даних CAZy)

Комп'ютеризований аналіз первинних структур нуклеїнових кислот проводили з використанням програм BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) на сервері NCBI [www.ncbi.nlm.nih.gov/blast]. В якості запитів використовували послідовності 16S рРНК штамів *S. coelicolor* A3(2) (ScOr03), *S. albidoflavus* DSM 40455^T (Z76676), *S. violaceoruber* NBRS 12826^T (NR_112292), *S. griseus* NBRC 12875^T (NR_112314) (база даних GenBank, NCBI).

Результати та обговорення

В базі даних CAZy представлено інформацію про комплекси глікозид-гідролаз 603 стрептоміцетів з 88 видів роду *Streptomyces*. Видова належність 262 стрептоміцетів не визначена. Зокрема в базі даних наявна інформація про стрептоміцети з *S. albidoflavus* групи (12 штамів), *S. violaceusniger* групи (16 штамів), *S. griseus* групи (11 штамів), *S. auraticus* групи (12 штамів) та багатьох не віднесених до клад.

Як відомо, в клітині може синтезуватися певний комплекс ферментів (як конститутивних, так і індукцйбельних), характерний для даного виду мікроорганізмів. В подальшому в статті під виразом «склад комплексу глікозид-гідролаз» буде матися на увазі «кількість родин глікозид-гідролаз у стрептоміцета та визначена кількість ферментів з родин GH2 й GH16», відповідно до інформації, яка представлена в базі даних CAZy.

Під час досліджень аналізували інформацію про склад комплексів глікозид-гідролаз стрептоміцетів з *S. albidoflavus* та *S. griseus* клад. Досліджували як сумарну кількість родин гідролаз у штамів, так і співвідношення кількостей ферментів з 2 родин (GH2 та GH16). Особливий інтерес становили дослідження глікозидаз з групи *S. albidoflavus*, оскільки штамп *S. coelicolor* A3(2) відносять до цієї класи. Як відомо, цей штамп відомий своєю унікальною для стрептоміцетів здатністю гідролізувати агарозу [10, 11].

Порівняння складу комплексів глікозид-гідролаз 12 штамів з *S. albidoflavus* групи показало, що штамп *S. coelicolor* A3(2) має відмінності (табл. 1). Для підтвердження генетичної спорідненості штамів класи проведено попарне вирівнювання нуклеотидних послідовностей 16S

pPHK генів 12 штамів вибірки з 2 запитами (сиквенсами 16S pPHK генів штамів *S. coelicolor* A3(2) та *S. albidoflavus* DSM 40455^T).

Попри те, що штам *S. coelicolor* A3(2) традиційно відносять до *S. albidoflavus* клади, в джерелах літератури є повідомлення про його більшу спорідненість зі стрептоміцетами виду *Streptomyces violaceoruber*, ніж з типовими штамми виду *Streptomyces coelicolor* [10, 11].

Проведено порівняння інформації з бази даних CAZy про склад комплексу глікозид-гідролаз 2 штамів з *S. violaceoruber* групи та склад комплексу ферментів штаму *S. coelicolor* A3(2). Також проведено попарне вирівнювання нуклеотидних послідовностей 16S pPHK генів 3 штамів з 2 запитами (сиквенсами 16S pPHK генів штамів *S. coelicolor* A3(2) та *S. violaceoruber* NBRS 12826^T) для визначення генетичної спорідненості штамів (табл. 2).

Виявлено відмінності як у складі комплексу гідролаз штамів виду *S. violaceoruber*, так і показників подібності структур їх 16S pPHK до запитів. Крім того, досліджувані параметри штаму *S. violaceoruber*

ТАБЛИЦЯ 1. Кореляція складу комплексу глікозидаз штамів з групи *Streptomyces albidoflavus* та їх генетична спорідненість

Штами з групи <i>S. albidoflavus</i> (subject sequences)	Загальна кількість родин GH	Кількість глікозид- гідролаз в клітині штаму		Показники подібності запитам сиквенсів 16S pPHK генів штамів (query sequences)	
		Родина GH2	Родина GH16	Запит A3(2)	Запит DSM 40455 ^T
<i>S. albidoflavus</i> ATCC 23899	33	2	1	Qc = 100 % I = 97,66 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> NBC_01616	34	2	1	Qc = 100 % I = 97,66 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> CCQS2040	32	2	1	Qc = 100 % I = 97,66 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> J1074/R2	32	2	1	Qc = 100 % I = 97,66 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> MGMM6	34	2	1	Qc = 100 % I = 97,66 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> S20	35	2	1	Qc = 100 % I = 97,65 %	Qc = 100 % I = 99,66 %
<i>S. albidoflavus</i> JGO-A16	34	2	1	Qc = 100 % I = 97,66 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> LGO-A23	34	2	1	Qc = 100 % I = 97,66 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> ML27	34	2	1	Qc = 100 % I = 97,65 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> RKJM-0023	37	2	1	Qc = 100 % I = 97,66 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S. albidoflavus</i> UYF156	32	2	1	Qc = 100 % I = 97,65 %	Qc = 100 % I = 99,93 %
<i>S.coelicolor</i> A3(2)	53	8	4	Qc = 100 % I = 100,00 %	Qc = 100 % I = 97,75 %

Примітка. Запит A3(2) — послідовність 16S pPHK гена *S.coelicolor* A3(2), запит DSM 40455^T — послідовність 16S pPHK гена типового штаму *S. albidoflavus* DSM 40455^T; Qc (Query coverage) — покриття, I (Identity) — ідентичність.

ТАБЛИЦЯ 2. Кореляція складу комплексу глікозидаз штамів з *Streptomyces violaceoruber* групи та їх генетична спорідненість

Штами з групи <i>S. violaceoruber</i> (subject sequences)	Загальна кількість родин GH	Кількість глікозид- гідролаз в клітині штаму		Показники подібності запитам сиквенсів 16S рРНК генів штамів (query sequences)	
		Родина GH2	Родина GH16	Запит A3(2)	Запит NBRS 12826 ^T
<i>S. violaceoruber</i> CGMCC 4.1801	59	7	2	Qc = 100 % I = 99,93 %	Qc = 100 % I = 100,00 %
<i>S. violaceoruber</i> S21	32	1	2	Qc = 100 % I = 96,73 %	Qc = 100 % I = 96,66 %
<i>S. coelicolor</i> A3(2)	53	8	4	Qc = 100 % I = 100,00 %	Qc = 100 % I = 100,00 %

Примітка. Запит A3(2) — послідовність 16S рРНК гена *S. coelicolor* A3(2), запит NBRS 12826^T — послідовність 16S рРНК гена типового штаму *S. violaceoruber* NBRS 12826^T; Qc (Query coverage) — покриття, I (Identity) — ідентичність.

CGMCC 4.1801 виявилися подібними відповідним параметрам штаму *S. coelicolor* A3(2) (див. табл. 2).

Здійснено визначення генетичної спорідненості штамів *S. violaceoruber* CGMCC, *S. violaceoruber* S21, *S. coelicolor* A3(2) та низки штамів різних видів з *S. violaceoruber* групи (див. табл. 2). Штами *S. violaceoruber* DSM 40049, *S. violaceoruber* NBRC 12826 і *S. rubrogriseus* NBRC 15455 є типовими штамами для видів *S. violaceoruber* класу. Проведено попарне вирівнювання послідовностей 16S рРНК генів вказаних штамів та доведена генетична спорідненість штаму *S. coelicolor* A3(2) та штамів з *S. violaceoruber* групи (крім *S. violaceoruber* S21) (рис. 2).

Однією з найчисленніших та найвивченіших груп стрептоміцетів є *S. griseus* класу [12]. В базі даних CAZy представлено інформацію про 11 штамів даної групи. Показана подібність складу комплексу глікозидаз більшості з цих стрептоміцетів (за винятком штаму

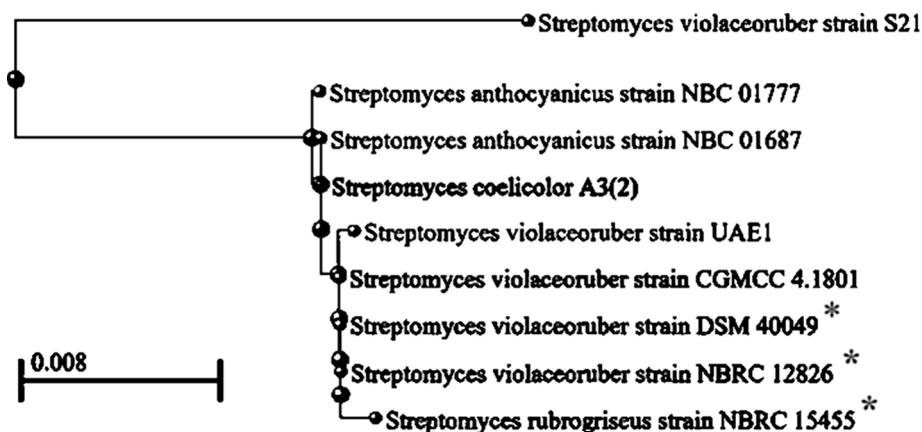


Рис. 2. Філогенетичне дерево спорідненості штамів, побудоване на базі подібності послідовностей 16S рРНК штамів: *типовий штам виду (запит при побудові дерева *Streptomyces violaceoruber* NBRC 12826)

ТАБЛИЦЯ 3. Кореляція складу комплексу глікозидаз штамів з *Streptomyces griseus* групи та їх генетична спорідненість

Штами з групи <i>S. griseus</i> (subject sequences)	Загальна кількість родин GH	Кількість глікозид- гідролаз в клітині штаму		Показники подібності запиту (сиквенс 16S рРНК штаму <i>S. griseus</i> NBRC 12875 ^T)
		Родина GH2	Родина GH16	
<i>S. griseus</i> NBRC 13350	38	2	4	Qc = 100 %; I = 100,00 %
<i>S. globisporus</i> C-1027	40	2	4	Qc = 100 %; I = 99,79 %
<i>S. globisporus</i> TFH56	41	3	3	Qc = 100 %; I = 99,86 %
<i>S. anulatus</i> K-31	44	2	3	Qc = 100 %; I = 99,93 %
<i>S. anulatus</i> NBC_01421	41	2	3	Qc = 100 %; I = 99,93 %
<i>S. anulatus</i> VUW1	43	2	2	Qc = 100 %; I = 99,93 %
<i>S. microflavus</i> DSM 40593	41	2	4	Qc = 100 %; I = 99,86 %
<i>S. graminofaciens</i> A-8890	63	9	1	Qc = 100 %; I = 97,33 %
<i>Streptomyces</i> sp. M54	34	1	2	Qc = 100 %; I = 99,75 %
<i>S. cyaneofuscatus</i> 89-2-2	37	2	4	Qc = 100 %; I = 99,93 %
<i>S. cyaneofuscatus</i> NEB106138	38	2	4	Qc = 100 %; I = 99,93 %

S. graminofaciens A-8890), показників подібності сиквенсів їх 16S рРНК до запиту — сиквенсу 16S рРНК штаму *S. griseus* NBRC 12875^T (табл. 3).

Цікавим було визначити вірогідну генетичну спорідненість штаму *S. violaceoruber* S21 [13, 14]. Склад комплексу гідролаз штаму *S. violaceoruber* S21 подібний до родинних складів комплексів глікозид-гідролаз штамів з *S. griseus* групи. Проведено порівняльний BLASTN-аналіз сиквенсу штаму *S. violaceoruber* S21 з послідовностями 16S рРНК типових штамів *S. violaceoruber* NBRS 12826^T та

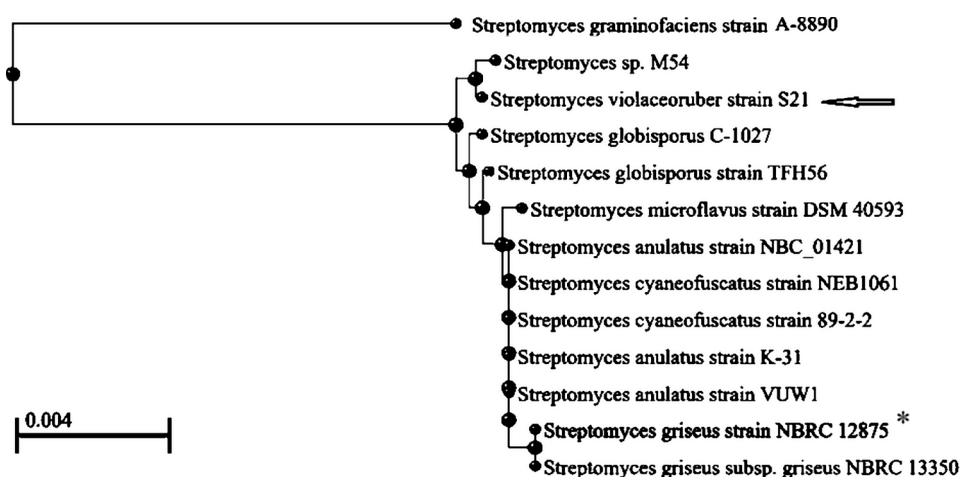


Рис. 3. Філогенетичне дерево спорідненості штамів, побудоване на базі подібності послідовностей 16S рРНК штамів: *типовий штам виду *Streptomyces griseus* (запит при побудові дерева *S. griseus* NBRS 12875^T)

S. griseus NBRC 12875^T. Виявлено значну подібність структури 16S рРНК штаму *S. violaceoruber* S21 із сиквенсом 16S рРНК штаму *S. griseus* NBRC 12875^T (Qc = 100 % I = 99,66 %) (рис. 3).

Базуючись на отриманих результатах, можна припустити, що штам *S. violaceoruber* S21 належить до *S. griseus* групи, однак потрібно провести додатковий аналіз інших фенотипних ознак.

Таким чином, встановлено існування кореляції складу комплексу глікозид-гідролаз у стрептоміцетів і генетичної спорідненості штамів стрептоміцетів. Така кореляція свідчить про перспективність вивчення комплексів глікозид-гідролаз стрептоміцетів для визначення їх генетичної спорідненості.

Склад комплексів глікозид-гідролаз стрептоміцетів можна використовувати для визначення генетичної спорідненості стрептоміцетів на додаток до традиційних фенотипних і генотипних критеріїв.

REFERENCES

1. Copeland, R. (2004). Enzymes. 2nd ed. Wiley. <https://www.perlego.com/book/2759634/enzymes-a-practical-introduction-to-structure-mechanism-and-data-analysis-pdf>
2. Wayne, L.G. (1988). International Committee on Systematic Bacteriology: announcement of the report of the ad hoc Committee on Reconciliation of Approaches to Bacterial Systematics. Zentralbl. Bakteriол., Mikrobiol., Hyg. Ser. A (Med. Microbiol., Infect. Dis., Virol., Parasitol.), 268, No. 4, pp. 433-434. [https://doi.org/10.1016/s0176-6724\(88\)80120-2](https://doi.org/10.1016/s0176-6724(88)80120-2)
3. Stackebrandt, E., Frederiksen, W., Garrity, G.M., Grimont, P.A.D., Kämpfer, P., Maiden, M.C.J., Nesme, X., Rosselló-Mora, R., Swings, J., Trüper, H.G., Vauterin, L., Ward, A.C. & Whitman, W.B. (2002). Report of the ad hoc committee for the re-evaluation of the species definition in bacteriology. Int. J. Syst. Evol. Microbiol., 52, No. 3, pp. 1043-1047. <https://doi.org/10.1099/00207713-52-3-1043>
4. Gao, B. & Gupta, R.S. (2012). Phylogenetic framework and molecular signatures for the main clades of the phylum actinobacteria. Microbiol. Mol. Biol. Rev., 76, pp. 66-112. <https://doi.org/10.1128/MMBR.05011-11>
5. Atalan, E., Manfio, G.P., Ward, A.C., Kroppenstedt, R.M. & Goodfellow, M. (2000). Biosystematic studies on novel streptomycetes from soil. Antonie van Leeuwenhoek, 77, pp. 337-353. <https://doi.org/10.1023/A:1002682728517>
6. Wu, L. & Ma, J. (2019). The Global Catalogue of Microorganisms (GCM) 10K type strain sequencing project: providing services to taxonomists for standard genome sequencing and annotation. Int. J. Syst. Evol. Microbiol., 69, No. 4, pp. 895-898. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003276>
7. Kumar, P., Khushboo, Rajput D. & Dubey, K.K. (2023). Insights into the mechanism of mycelium transformation of Streptomyces toxytricini into pellet. FEMS Microbes, 4, xtad017. <https://doi.org/10.1093/femsmc/xtad017>
8. Zacchetti, B., Willemse, J., Recter, B., van Dissel, D., van Wezel, G. P., Wösten, H.A. & Claessen, D. (2016). Aggregation of germlings is a major contributing factor towards mycelial heterogeneity of Streptomyces. Sci. Rep., 6, e27045. <https://doi.org/10.1038/srep27045>
9. Varki, A., Cummings, R.D., Esko, J.D., Stanley, P., Hart, G.W., Aebi, M., Darvill, A.G., Kinoshita, T., Packer, N.H., Prestegard, J.H., Schnaar, R.L. & Seeberger, P.H. (2015). Essentials of Glycobiology (3rd ed.). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
10. Hoskisson, Paul A. & van Wezel, G.P. (2019). Streptomyces coelicolor. Trends in Microbiol., 27, No. 5, pp. 468-469. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2018.12.008>
11. Hatano, K., Tamura, T. & Nishii, T. (1994). Taxonomic status of Streptomyces coelicolor A3(2) and Streptomyces lividans 66. Actinomycetologica, 8, pp. 47-50. https://doi.org/10.3209/saj.8_47
12. Rong, X. & Huang, Y. (2012). Taxonomic evaluation of the Streptomyces hygrosopicus clade using multilocus sequence analysis and DNA-DNA hybridization, validating

- the MLSA scheme for systematics of the whole genus. Syst. Appl. Microbiol., 35, No. 1, pp. 7-18. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2011.10.004>
13. Monson, A.M., Bradley, S.G., Enquist, L.W. & Cruces, G.J. (1969). Genetic homologies among *Streptomyces violaceoruber* strains. Bacteriology. 99, No. 3, pp. 702-706. <https://doi.org/10.1128/jb.99.3.702-706.1969>
 14. Rong, X. & Huang, Y. (2010). Taxonomic evaluation of the *Streptomyces griseus* clade using multilocus sequence analysis and DNA-DNA hybridization, with proposal to combine 29 species and three subspecies as 11 genomic species. Int. J. Syst. Evol. Microbiol., 60, No. 3, pp. 696-703. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.012419-0>

Received 24.02.2025

BIOINFORMATICS STUDY OF GLYCOSIDE HYDROLASE COMPLEXES OF STREPTOMYCETES FROM *STREPTOMYCES ALBIDOFILAVUS* AND *STREPTOMYCES GRISEUS* CLADES

L.V. Polishchuk

D.K. Zabolotny Institute of Microbiology and Virology, National Academy of Sciences of Ukraine
154 Akademika Zabolotnogo St., Kyiv, 03143, Ukraine
e-mail: LVPolishchuk@ukr.net

The aim of the work was to establish the possibility to use the composition of the glycoside hydrolase complex to determine the genetic affinity of streptomycetes. The object of the study was information about the streptomycetes complexes of glycoside hydrolases, which is presented in the available Internet databases (KEGG, NCBI and CAZy). The CAZy database provides information about enzymes of 603 streptomycetes that are active relative to carbohydrates. The study of information on streptomycetes complexes of glycoside hydrolases was carried out by manual analysis. Computed analysis of primary structures of streptomycetes DNA was performed using BLAST. The study presents the results of the analysis of glycosidase complexes of *Streptomyces albidofilavus* (12 strains) and *Streptomyces griseus* (11 strains) groups. The existence of the patterns of composition of glycosidase complexes in the strains of one layer is established. The genetic affinity of streptomycetes has been proven by determining the identity indices of their 16S rRNA-genes using BLAST analysis. The existence of correlation of the composition of glycoside hydrolase complexes in streptomycetes from a certain laying, and their genetic affinity were established. Based on our results, the strains of *S. coelicolor* A3(2), *S. violaceoruber* S21 and *S. graminofaciens* A-8890 are not members of those groups to which they are classified at the moment. The need to attribute the strain of *S. coelicolor* A3 (2) to *S. violaceoruber* group previously proposed by other authors. According to our results, the *S. violaceoruber* S21 strain is a member of the *S. griseus* group. Thus, the studying of the glycoside hydrolase complexes of streptomycetes to determine their genetic affinity in addition to traditional phenotypic and genotypic criteria is promising.

Key words: *Streptomyces*, GH family, 16S rRNA, similarity indices, genetic relatedness.

ORCID

Л.В. ПОЛІЩУК — L.V. Polishchuk <https://orcid.org/0000-0002-3159-5022>