

Репитом шалфея мускатного и внутривидовая хромосомная изменчивость по локализации ДНК-повторов

Научный руководитель – Муравенко Ольга Викторовна

Кальнюк Ю.В.¹, Гаецкий Д.А.²

1 - Институт молекулярной биологии им. В.А.Энгельгардта РАН, Москва, Россия, E-mail: julia99kalniuk99@yandex.ru; 2 - Институт молекулярной биологии им. В.А.Энгельгардта РАН, Москва, Россия, E-mail: povar895@gmail.com

Шалфей мускатный (*Salvia sclarea* L.) является ценной эфиромасличной и лекарственной культурой и широко применяется в фармацевтической, пищевой, косметической, парфюмерной и других отраслях промышленности. Высокая потребность в сырье требует создания и внедрения в производство новых сортов с нужными признаками, что невозможно без комплексных исследований их геномов.

Для изучения репитома геномная ДНК *S. sclarea* была выделена и секвенирована в соответствии с протоколом NGS. Изучение репитома на содержание основных семейств повторов проведено на основе биоинформатического анализа массива геномных ридов шалфея мускатного с использованием вычислительных конвейеров RepeatExplorer 2 и TAREAN.

Анализ репитома *S. sclarea* показал, что наиболее распространенными повторяющимися последовательностями ДНК являются ретротранспозоны (мобильные элементы класса I) (31,33%), включая суперсемейства Ty1-Copia (16,28%, преимущественно SIRE) и Ty3-Gypsy (7,47%, преимущественно Athila и Tekay). ДНК-транспозоны (класс II) были обнаружены в значительно меньших количествах (0,45%). Кроме того, репитом *S. sclarea* содержал значительную долю неклассифицированных LTR-ретроэлементов (7,38%), а также рибосомную (2,07%) и сателлитную ДНК (сатДНК) (3,4%). Были идентифицированы три высокодостоверные сатДНК и одна низкодостоверная сатДНК.

С использованием флуоресцентной гибридизации in situ (FISH) с зондами рибосомных генов (45S и 5S рДНК) и выявленных сатДНК проведен сравнительный анализ рисунков локализации этих тандемных повторов на хромосомах в кариотипах 11 сортов шалфея мускатного ($2n=22$). Яркие гибридизационные сигналы 45S рДНК наблюдались на коротких плечах хромосомной пары 2 у всех изученных сортов. Интенсивность сигнала 5S рДНК на коротких плечах хромосом 5 была одинаковой у всех изученных образцов. Тогда как сигналы 5S рДНК на коротких плечах хромосом 11 значительно различались в разных сортах. Изученные сатДНК, в основном, локализовались в прицентромерных и/или терминальных областях всех хромосом в кариотипах большинства сортов *S. sclarea*. Выявлена межсортная вариабельность по локализации сатДНК на хромосомах изученных сортов. Так, в кариотипах Тайган, Мрия, Крымский ранний и Ай-тодор (сорта селекции НИИ СХ Крыма) обнаружен полиморфизм по наличию минорных сигналов гибридизации сатДНК SS8 в теломерных районах хромосом и интенсивности сигналов гибридизации этого повтора в прицентромерных областях.

Таким образом, выявлена внутривидовая вариабельность по хромосомной локализации 5S рДНК, и сатДНК у 11 сортовых образцов российской селекции. Тем не менее, обнаруженный полиморфизм по рисункам распределения этих хромосомных маркеров в кариотипах изученных сортов недостаточно сортоспецифичен.

Работа поддержана Программой фундаментальных научных исследований в Российской Федерации (2021 – 2030 годы) (тема 124031500018-1).