

Исследование повторяющихся последовательностей генома образцов конопли посевной (*Cannabis sativa* L.)

Бочаркина Ю.В.^{1, 2*}, Разумова О.В.¹, Карлов Г.И.¹

¹ Лаборатория прикладной геномики и частной селекции сельскохозяйственных растений, Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Россия

² Сколковский Институт Науки и Технологий, Россия

*julia.bocharkina@skoltech.ru

Ключевые слова: репитом, конопля посевная, NGS

Мотивация и цель: Размеры растительного генома велики, а повторяющиеся последовательности – один из основных его компонентов. Они разнородны, могут различаться по уровню копийности, функции их не до конца изучены. Однако известно, что ДНК-повторности играют важную роль в стабилизации и организации структур генома, также они вовлечены в процесс деления клеток и участвуют в регуляции экспрессии некоторых генов [1]. Поэтому изучение репитомов различных представителей живого мира является важной биоинформатической задачей.

Методы: ДНК растений *Cannabis sativa* L. была выделена из листьев в соответствии с протоколом [2]. Секвенирование проведено с помощью аппарата Illumina MiSeq, библиотеки подготовлены согласно коммерческим инструкциям. Биоинформатический анализ репитомов проводился на локальном сервере с 28 ядерными процессорами и 128 ГБ ОЗУ, работающим под управлением операционной системы Linux с использованием RepeatExplorer [3]. Кластеры, содержащие не менее 0,01% всех кластерных чтений, были охарактеризованы с помощью RepeatMasker [4] с использованием базы данных Repbase [5].

Результаты: В данной работе мы провели анализ репитомов женского и мужского растения *Cannabis sativa* L. Более половины ридов оказались в топ-кластерах. Большую часть репитома составили мобильные элементы 1-го класса, 24% поделили между собой повторы из органелл и сателлитные, остальная часть – мобильные элементы 2-го класса, рибосомальная ДНК и группа неклассифицированных повторов.

Благодарности: Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ номер соглашения 20-316-70018\19.

Список литературы

1. Fedoroff N.V. Transposable elements, epigenetics, and genome evolution. *Science*. 2012;338(6108):758-767.
2. Doyle J.J. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*. 1990;12:13-15.
3. Novák P. et al. RepeatExplorer: a Galaxy-based web server for genome-wide characterization of eukaryotic repetitive elements from next-generation sequence reads. *Bioinformatics*. 2013;29(6):792-793.
4. Smit A.F.A., Hubley R., Green P. RepeatMasker Open-4.0. 2013–2015. 2015.
5. Jurka J. et al. Repbase Update, a database of eukaryotic repetitive elements. *Cytogenetic Genome Research*. 2005;110(1-4):462-467.