

## ИНТЕГРАЦИЯ ГЕНОМНЫХ И ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДАННЫХ ПО ТАНДЕМНЫМ ДНК *SALVIA OFFICINALIS*

**Муравенко Ольга Викторовна, Кальнюк Юлия Витальевна, Саматадзе Татьяна  
Егоровна, Зошук Святослав Анатольевич, Юркевич Ольга Юрьевна,  
Амосова Александра Владимировна**

*Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук,  
Россия, Москва,  
[olgmur1@yandex.ru](mailto:olgmur1@yandex.ru)*

Род *Salvia* L. (*Lamiaceae*), включает более 900 видов, многие из которых являются медоносами. Некоторые виды используются как пищевые, лекарственные или декоративные растения. К хозяйственно-ценным видам многоцелевого использования относится и шалфей лекарственный *Salvia officinalis* L. ( $2n = 2x = 14$ ) (подрод *Salvia* Benth, секция *Eusphace* Benth.). Этот вид имеет ареал произрастания в Средиземноморье, Южной и Юго-Восточной Европе, на Кавказе и на Ближнем Востоке.

Растение шалфея лекарственного содержит эфирное масло, флавоноиды, фенольные кислоты, алкалоиды, фитонциды и другие активные соединения. Обладает антимуtagenным, противоопухолевым, бактерицидным, противовирусным, желчегонным действием. Это красивое эфиромасличное растение широко используют как пряность и с декоративными целями. *S. officinalis* широко возделывается с целью получения сырья для фармацевтической, парфюмерной и пищевой промышленности. Несмотря на достаточно активные исследования генома и генетического разнообразия *S. officinalis* с использованием генетических маркеров и современных NGS-подходов, хромосомная организация генома и репитом этого вида, остаются недостаточно изученными.

В данном исследовании впервые проведен анализ репитома *S. officinalis* с использованием обработки RepeatExplorer/TAREAN полученных NGS данных. В результате установлено, что в геноме этого вида преобладают мобильные элементы I класса (ретротранспозоны) и неклассифицированные ДНК-повторы. Существенно меньше обнаружено мобильных элементов II класса (транспозоны), LTR-элементов, рибосомной ДНК (рДНК) и сателлитной ДНК (сатДНК). В репитоме *S. officinalis* были идентифицированы 8 высокодостоверных сатДНК и 4 сатДНК с низкой достоверностью. По данным BLAST, последовательности некоторых tandemных повторов ДНК демонстрировали сходство с последовательностями ДНК из геномов других видов. С целью интеграции полученных данных по tandemным ДНК-повторам с хромосомной организацией генома впервые проведено FISH-картирование 45S рДНК, 5S рДНК и каждой из сатДНК на хромосомах *S. officinalis*. Выявлено, что 45S рДНК локализована на спутничных хромосомах 2 и 3 (ко-локализована с 5S рДНК и одной из сатДНК). Кроме того, минорные сайты 45S рДНК локализованы рядом со вторым сайтом 5S рДНК на коротком плече пары хромосом 7 и на некоторых В-хромосомах. Семь сатДНК показали уникальную совместную кластерную локализацию на длинном плече 4 пары хромосом и на некоторых В-хромосомах в кариотипе. Одна сатДНК локализована кластерно в коротком плече 5 пары хромосом. Две сат ДНК были расположены в прицентромерных районах и одна сатДНК локализовалась дисперсно на всех хромосомах.

В результате по молекулярным маркерам с учетом морфологии хромосом были идентифицированы все 7 гомологичных пар и обнаружено три разных типа В-хромосом в кариотипе *S. officinalis*.

Работа поддержана грантом РФФИ проект № 22-26-00-222.

**Ключевые слова:** *Salvia officinalis*, репитом, рДНК, сателлитная ДНК, FISH, хромосомы

---

## INTEGRATION OF REPEATOMIC AND CYTOGENETIC DATA ON *SALVIA OFFICINALIS* TANDEM DNA

**Muravenko Olga Victorovna, Kalnyuk Julia Vitalevna., Samatadze Tatiana Egorovna, Zoshchuk Svyatoslav Anatrolevich, Yurkevich Olga Yurevna, Amosova Alexandra Vladimirovna.**

*Engelhardt Institute of Molecular Biology, Russian Academy of Sciences, Russia, Moscow;*  
[olgmur1@yandex.ru](mailto:olgmur1@yandex.ru)

The genus *Salvia* L. (Lamiaceae) includes more than 900 species, many of which are honey plants. Some species are used as food, medicinal or ornamental plants. *Salvia officinalis* L. ( $2n = 2x = 14$ ) (subgenus *Salvia* Benth., section *Eusphace* Benth.) also belongs to economically valuable types of multi-purpose use. This species has a habitat in the Mediterranean, southern and southeastern Europe, the Caucasus and the Middle East.

The sage plant contains essential oil, flavonoids, phenolic acids, alkaloids, phytoncides and other active compounds. It has antimutagenic, antitumor, bactericidal, antiviral, choleric action. This beautiful essential oil plant is widely used as a spice and for decorative purposes. *S. officinalis* is widely cultivated for raw materials for the pharmaceutical, perfume and food industries. Despite of active studies of the genome and genetic diversity of *S. officinalis* using genetic markers and modern NGS approaches, the chromosomal organization of the genome and the repeatome of this species remain insufficiently studied.

In this study, the analysis of *S. officinalis* repeatome was performed for the first time using the RepeatExplorer/TAREAN processing of the obtained NGS data. As a result, it was found that class I transposable elements (retrotransposons) and unclassified DNA repeats predominate in the genome of this species. Significantly fewer mobile class II elements (transposons), LTR elements, ribosomal DNA (rDNA) and satellite DNA (satDNA) were found. In the repeatome of *S. officinalis*, 8 highly significant satDNAs and 4 satDNAs with low significance were identified. According to BLAST, the sequences of some tandem DNAs showed similarity with DNA sequences from the genomes of other species.

In order to integrate the obtained data on tandem DNAs with the chromosomal organization of the genome, FISH mapping of 45S rDNA, 5S rDNA, and each of the satDNA on the chromosomes of *S. officinalis* was carried out for the first time. It was revealed that 45S rDNA is localized on satellite chromosomes 2 and 3 (co-localized with 5S rDNA and one of satDNA). In addition, minor 45S rDNA sites are located near the second 5S rDNA site on the short arm of chromosome pair 7 and on some B chromosomes. Seven satDNAs showed unique co-clustering on the long arm of chromosome 4 and on some B chromosomes in the karyotype. One satDNA is clustered in the short arm of chromosome 5. Two satDNA were located in the centromeric regions and one satDNA was localized dispersed on all chromosomes. As a result, all 7 homologous pairs were identified by molecular markers, taking into account the morphology of chromosomes, and three different types of B chromosomes were found in the karyotype of *S. officinalis*.

This research was funded by the Russian Science Foundation (project No. 22-26-00222).

**Keywords:** *Salvia officinalis*, repeatome, rDNA, satellite DNA, FISH, chromosome