

АНАЛИЗ САТЕЛЛИТНОЙ ДНК В ГЕНОМЕ *CALENDULA L.*

Саматадзе Татьяна Егоровна¹, Юркевич Ольга Юрьевна¹, Хазиева Фирдаус Мухаметовна², Амосова Александра Владимировна¹, Муравенко Ольга Викторовна¹

¹*Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва, ул. Вавилова, 32*

²*Всероссийский научно-исследовательский институт лекарственных и ароматических растений, Москва, ул. Грина 7*
tsamatadze@gmail.com

Календула, или ноготки (*Calendula L.*) – род травянистых растений сем. Астровые (*Asteraceae*), в диком виде встречается в средиземноморских странах Европы, Африки и Азии, распространяясь на Ближний Восток к Ирану. Культивируют календулу во многих странах Европы, в том числе в России, Украине, Беларуси, а также в США и Средней Азии. Несколько видов календулы имеют коммерческую ценность, среди них календула лекарственная (*Calendula officinal L.*) – однолетнее растение с желтыми или золотисто-оранжевыми цветами. Этот вид широко используется в фармацевтической и пищевой промышленности, а также в косметологии.

Количество, морфология и мейотическое поведение хромосом, а также содержание ядерной ДНК, использовались для описания многих таксонов календулы и определения их филогенетических взаимоотношений, что имеет большое значение для решения задач по систематике и таксономии внутри этого рода. Однако, до настоящего времени, не проводился сиквенс и не был проанализирован репитом календулы.

Впервые изучен репитом *C. officinalis* ($2n = 4x = 32$) на основе широкомасштабного секвенирования генома по технологии BGI (Китай). Повторяющиеся последовательности искали среди 500 тыс. парных ридов на платформе Galaxy с использованием программ RepeatExplorer2 и TAREAN (<https://repeatexplorer-elixir.cerit-sc.cz/galaxy/>) с предустановленными настройками. Биоинформатический анализ репитома *C. officinalis* установил, что большая часть повторяющихся последовательностей ДНК относится к мобильным элементам класса 1 (21 %), около 0,81 % – к мобильным элементам класса 2, количество рибосомной ДНК составляет 3,2 %, а сателлитных ДНК – 3,92 %. При анализе репитома *C. officinalis* выявлено несколько новых тандемных повторов, которые были использованы в качестве цитогенетических маркеров для характеристики кариотипов трех сортов *C. officinalis* отечественной селекции лекарственного направления: Райский сад, Кальта и Рыжик. FISH-анализ сортов *C. officinalis* с зондами 45S и 5S рДНК и выбранными сателлитными повторами позволил выявить межсортовые особенности кариотипов календулы и показал преимущественно периферическую локализацию найденных тандемных повторов. Результаты данной работы позволяют значительно расширить пул маркеров, вовлеченных в геномную и маркер-ориентированную селекцию.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-26-00221.

ANALYSIS OF SATELLITE DNA IN THE GENOME OF *CALENDULA* L.

**T. E. Samatadze¹, O.Y. Yurkevich¹, F. M. Khazieva², A. V. Amosova¹,
O. V. Muravenko¹**

¹*V. A. Engelhardt Institute of Molecular Biology of the Russian Academy of Sciences, 32
Vavilova Str., Moscow*

²*All-Russian Research Institute of Medicinal and Aromatic Plants, Moscow, 7 Grina str.
tsamatadze@gmail.com*

Calendula, or marigolds (*Calendula* L.) is a genus of herbaceous plants of the family. Asteraceae, found in the wild in the Mediterranean countries of Europe, Africa and Asia, spreading to the Middle East to Iran. Calendula is cultivated in many European countries, including Russia, Ukraine, Belarus, as well as in the USA and Central Asia. Several types of calendula have commercial value, among them calendula officinalis (*Calendula officinalis* L.) is an annual plant with yellow or golden-orange flowers. This type is widely used in the pharmaceutical and food industries, as well as in cosmetology.

The number, morphology and meiotic behavior of chromosomes, as well as the content of nuclear DNA, were used to describe many taxa of calendula and determine their phylogenetic relationships, which is of great importance for solving problems of taxonomy and taxonomy within this genus. However, to date, no sequencing has been carried out and has not been analyzed by the calendula repeat.

It was first studied by the *C. officinalis* repite ($2n = 4x = 32$) on the basis of large-scale genome sequencing using BGI technology (China). Repetitive sequences were searched among 500 thousand paired reads on the Galaxy platform using the programs RepeatExplorer2 and TAREAN (<https://repeatexplorer-elixir.cerit-sc.cz/galaxy/>) with preset settings. Bioinformatic analysis of repitome *C. officinalis* found that most of the repeating DNA sequences belong to mobile elements of class 1 (21 %), about 0.81 % belong to mobile elements of class 2, the amount of ribosomal DNA is 3.2 %, and satellite DNA is 3.92 %. The analysis of the *C. officinalis* repitome revealed several new tandem repeats, which were used as cytogenetic markers to characterize the karyotypes of three varieties of *C. officinalis* of domestic drug selection: «Rajskij sad», «Kalta» and «Ryzhik». FISH-analysis varieties of *C. officinalis* with 45S and 5S rDNA probes and selected satellite repeats revealed intersort features of calendula karyotypes and showed predominantly pericentromeric localization of the tandem repeats found. The results of this work make it possible to significantly expand the pool of markers involved in genomic and marker-oriented selection.

The research was carried out at the expense of the grant of the Russian Science Foundation No. 22-26-00221.