

- 3 Шакирзянова М.С., Шагаев Н.А. Результаты селекции гороха посевного в Ульяновском НИИСХ // Зернобобовые и крупяные культуры. 2023. № 2 (46). С. 10–18.
- 4 Шурхаева К.Д., Фадеева А.Н. Абросимова Т.Н., Кириллова Е.С., Сайфутдинова Д.Д. Новый сорт гороха Нарат с ценными свойствами по качеству белка // Зернобобовые и крупяные культуры. 2023. № 4 (48). С. 156–161.
- 5 Фадеева А.Н., Шурхаева К.Д. Адаптивные свойства сортов гороха посевного селекции Татарского НИИСХ // Зернобобовые и крупяные культуры. 2021. № 4 (40). С. 5–14.

DOI 10.18699/GPB2024-108

Анализ репитома вида *H. flavescens* рода *Hedysarum* и поиск перспективных хромосомных маркеров

Юркевич О. Ю. *, к.б.н., с.н.с.; Саматадзе Т. Е., к.б.н., с.н.с.; Семенов А.Р., ст. лаб.; Зошчук С.А., к.б.н., н.с.; Амосова А.В., к.б.н., в.н.с.; Муравенко О.В., д.б.н., гл.н.с.

ФГБУН Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта РАН, Москва, Россия

*email: olikys@gmail.com

На основе NGS данных геномной ДНК проведен биоинформатический анализ репитома вида *Hedysarum flavescens* Rgl. et Schmalh. сек. *Hedysarum* рода *Hedysarum* с помощью программы RepeatExplorer2/TAREAN. Изучена структура выявленных сателлитных ДНК и проведено их FISH-картирование на метафазных хромосомах *H. flavescens*. Определены кластерно локализованные тандемные повторы, которые можно использовать как хромосомные маркеры.

Ключевые слова: *Hedysarum* L., репитом, тандемные повторы, FISH анализ, хромосомный полиморфизм.

Repeatome analysis of the *Hedysarum flavescens* genome and search for promising chromosomal markers

Yurkevich O.Yu. *, Samatadze T.E., Semenov A.R., Zoshchuk S.A., Amosova A.V., Muravenko O.V.

Engelhardt Institute of Molecular Biology, RAS, Moscow, Russian Federation.

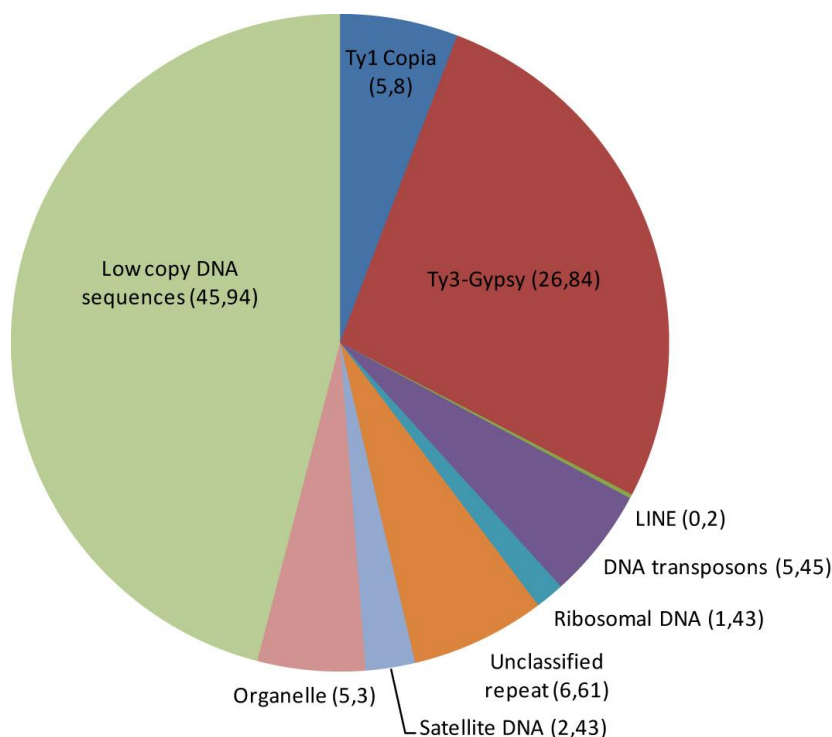
*email: olikys@gmail.com

In the present study, the repeatome of *H. flavescens* was studied using high-throughput sequencing technologies, and a subsequent bioinformatic analysis of the identified repeat elements was carried out using the RepeatExplorer2 and Tandem Repeat Analyzer (TAREAN) software. Several satellite DNAs, which can be used as chromosomal markers, were revealed. FISH-based chromosome localization of these marker tandem repeats was demonstrated in the karyotype of *H. flavescens*.

Key words: next-generation sequencing (NGS), *Hedysarum* L., repeatome, tandem DNAs, FISH analysis, chromosome variability.

Фитохимия и фармакология видов рода *Hedysarum* продолжает привлекать повышенное внимание во всем мире среди тех, кто участвует в исследованиях и разработке новых препаратов. Из ценных лекарственных видов копеечника секции *Hedysarum* (*Gamotion*) (*H. alpinum* L., *H. flavescens* Rgl. et Schmalh., *H. neglectum* Ledeb, *H. theinum* Krasnob.) производятся биологически активные добавки, которые обладают иммуномодулирующими свойствами и используются в лечении и профилактике вирусных, онкологических и многих других заболеваний [1–3]. Исследования геномов растений служит важным дополнением к обеспечению ценными данными, касающимися геномных ресурсов различных видов.

Для изучения репитома и выявления новых молекулярных маркеров хромосом впервые проведено секвенирование генома *H. flavescens* по технологии BGI на основе NGS. Нами был проведён комплексный биоинформатический анализ репитома *H. flavescens* с помощью программы RepeatExplorer2/TAREAN [4]. В среднем, большую часть повторяющейся ДНК составляют мобильные элементы, 38 % относятся к мобильным элементам класса 1, а около 5,45 % – к мобильным элементам класса 2. LTR ретротранспозоны являются наиболее распространенными мобильными элементами класса 1, из них суперсемейства Ty3-gypsy 26,84% (в основном Athila, Tekay) и Ty1-copia 5,8 % (в основном SIRE) (см. рисунок). Сателлитные повторы составляют небольшую долю от генома *H. flavescens* – 2,43 %.



Типы высокоповторяющихся последовательностей ДНК в геноме *H. flavescens*.
Пропорция каждого типа или семейства повторов показана в скобках

С помощью программы для поиска tandemных повторов TAREAN, было идентифицировано несколько перспективных предполагаемых сателлитных повторов, которые могут быть использованы как потенциальные цитогенетические маркеры для *Hedysarum*. BLAST анализ некоторых сателлитных повторов показал 73–100 % гомологии с последовательностями из родственных геномов *Medicago truncatula* и *Trifolium fragiferum* сем. Бобовых. Для изучения структуры кариотипа видов сек. *Hedysarum* в качестве проб использовали 11 сателлитных повторов. Из них повторы с наименьшей долей в геноме давали очень слабые сигналы FISH в прицентромерных областях хромосом *H. flavescens* или сигнал гибридизации отсутствовал. По данным FISH, четыре наиболее распространенных tandemных повтора показали прицентромерное распределение на хромосомах *H. flavescens* (2n=14), что позволило уточнить морфологию хромосом в кариотипе. Два коротких tandemных повтора у изученного вида локализовались только на одной паре спутничных хромосом. Tandемный повтор HF 21 имел достаточно высокую пропорцию в геноме у *H. flavescens*, сигналы гибридизации HF 21 были выявлены в прицентромерных и субтеломерных районах длинного плеча нескольких хромосом. Таким образом, в результате наших исследований выявлены перспективные хромосомные маркеры, которые можно использовать для характеристики кариотипов видов сек. *Hedysarum*, а также для оценки внутри- и межвидового разнообразия.

Финансирование: Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФ № 23-26-00037.

Список литературы

- 1 Зиннер Н.С., Кукушкина Т.А., Высочина Г.И., Свиридова Т.П. Биологически активные вещества *Hedysarum alpinum* L. и *H. theinum* Krasnob. (*Fabaceae*), интродуцируемых в Томскую область // Вестник Томского государственного университета. Биология. 2010. Т. 12, № 4. С. 116–122.
- 2 Неретина О.В., Громова А.С., Луцкий И.В., Семенов А.А. Компонентный состав видов рода *Hedysarum* (*Fabaceae*) // Растительные ресурсы. 2004. Т. 40, вып. 4. С. 111–137.
- 3 Фёдорова Ю.С., Сухих А.С., Кузнецов П.В. Ключевые биологически активные вещества фитопрепаратов на основе растений рода Копеечник // Сорбционные и хроматографические процессы. 2011. Т. 11, вып. 5. С. 708–713.
- 4 Novak P., Neumann P., Pech J., Steinhaisl J., Macas, J. RepeatExplorer: a galaxybased web server for genome-wide characterization of eukaryotic repetitive elements from next-generation sequence reads // Bioinformatics. 2013. V. 29, P. 792–793.