

- 6 Bulavin I.V., Ivanova N.N., Miroshnichenko N.N., Saplev N.M., Feskov S.A. Anatomy, ploidy level, and essential oil composition of *Hyssopus officinalis* 'Nikitskiy Beliy' *in vitro* and *ex situ* // Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding. 2023. V. 184. № 4. P. 21–30.
- 7 Martins J.P.R., Rodrigues L.C.D.A., Conde L.T., Gontijo A.B.P.L., Falqueto A.R. Anatomical and physiological changes of *in vitro*-propagated *Vriesea imperialis* (Bromeliaceae) in the function of sucrose and ventilated containers // Plant Biosystems. 2020. V. 154. № 1. P. 87–99.
- 8 Maslova E., Gulya N., Perelugina T., Semykina V., Kalashnikova E. Introduction of *Hyssopus officinalis* L. into *in vitro* culture to optimize the conditions for obtaining callus tissues and microclonal propagation as a promising method of innovative agrobiotechnologies // BIO Web of Conferences. 2021. V. 30. 05006.
- 9 Mishra M.K., Pandey S., Misra P., Niranjana A. *In vitro* propagation, genetic stability and alkaloids analysis of acclimatized plantlets of *Thalictrum foliolosum* // Plant Cell, Tissue and Organ Culture. 2020. V. 142. № 3. P. 441–446.
- 10 Plugatar Y.V., Bulavin I.V., Ivanova N.N., Miroshnichenko N.N., Saplev N.M., Shevchuk O.M., Feskov S.A., Naumenko T.S. Study of the component composition of essential oil, morphology, anatomy and ploidy level of *Hyssopus officinalis* f. *cyaneus* Alef // Horticulturae. 2023. V. 9. № 4. 480.
- 11 Raji M.R., Farajpour M. Genetic fidelity of regenerated plants via shoot regeneration of muskmelon by inter simple sequence repeat and flow cytometry. Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences. 2021. V. 20. № 2. P. 88–93.
- 12 Rohela G.K., Saini P. Molecular techniques for the detection of ploidy level and genetic fidelity of regenerated plantlets // Genome size and genetic homogeneity of regenerated plants: methods and applications / Mujib A. (eds.) – Sharjah: Bentham Science, 2023. P. 294–326.
- 13 Sliwinska E., Thiem B. Genome size stability in six medicinal plant species propagated *in vitro* // Biologia Plantarum. 2007. V. 51. № 3. P. 556–558.
- 14 Zagorcheva T., Rusanov K., Rusanova M., Aneva I., Stancheva I., Atanasov I. Genetic and flower volatile diversity in two natural populations of *Hyssopus officinalis* L. in Bulgaria // Biotechnology & Biotechnological Equipment. 2020. V. 34. № 1. P. 1265–1272.

DOI 10.18699/GPB2024-20

Множественные источники геномов органелл культурного гороха (*Pisum sativum* L. subsp. *sativum* s.l.)

Булгакова В.С., д.б.н., Шацкая Н.В., к.б.н., Костерин О.Э.*, д.б.н., Васильев Г.В., к.б.н.

ФИЦ «Институт цитологии и генетики СО РАН», Новосибирск, Россия

*email: kosterin@bionet.nsc.ru

Ранее мы обнаружили, что образцы дикого гороха, наиболее родственные сорту Сатеор в отношении пластидных и митохондриальных геномов, представляют собой два разных набора образцов, происходящих из разных регионов, а филогенетические паттерны геномов пластид и митохондрий дикого гороха не совпадают. В данной работе мы просеквенировали эти геномы у 91 образца

гороха, в том числе у 29 образцов культурного гороха, в основном представляющего местные генотипы (ландрасы), происходящие из разных регионов традиционного культивирования гороха. Подавляющее большинство пластидных геномов культурного гороха были близкородственны друг другу и образцам дикого гороха из Причерноморья и Прикаспия, однако пластидные геномы двух образцов из Центральной Азии оказались родственны другой линии дикого гороха. В отличие от ситуации у пластидных геномов, на филогенетическом дереве митохондриальных геномов большинство образцов культурного гороха попали в три разных кластера. Мы предполагаем, что область культивирования гороха была первоначально занята выходцами из исходной области доместикации растений на Ближнем Востоке, а в дальнейшем претерпела две волны инвазии культурного гороха, несущего митохондриальные геномы и, в ограниченном количестве – пластидные геномы, интрогрессированные от дикого гороха Балкан и Малой Азии.

Ключевые слова: митохондриальный геном, пластидный геном, культурный горох, дикий горох, филогенетические деревья, доместикация растений, интрогрессия.

Multiple origin of organelle genomes of cultivated peas (*Pisum sativum* L. subsp. *sativum* s.l.)

Bulgakova V.C., Shatskaya N.V., Kosterin O.E., Vasiliev G.V.*

Institute of Cytology and Genetics, SB RAS, Novosibirsk, Russia

**email: kosterin@bionet.nsc.ru*

Earlier we found out that wild peas most related to cultivar Cameor with respect to plastid and mitochondrial genomes are two different sets of accessions, while phylogenetic patterns of the plastid and mitochondrial genomes in wild peas are discordant to each other. In this work we have sequenced these genomes in 91 pea accessions, including 29 ones of the cultivated peas, mostly representing locally cultivated genotypes (landraces) originating from different regions of the area of traditional pea cultivation. Most plastid genomes of cultivated peas appeared tightly closely to each other and those of wild peas from the Ponto-Caspian Region, however, the plastid genomes of two accessions from Central Asia appeared to be related to another wild pea lineage. In contrast to the situation with the plastid genomes, in the phylogenetic tree based on the mitochondrial genomes most cultivated peas occurred in three different clusters. We suppose that the area of pea cultivation was first occupied by peas originating from the Core Area of the Near East Plant domestication, and then underwent two waves of expansion of cultivated peas carrying the mitochondrial genomes, and some plastid genomes, introgressed from wild peas of the Balkans and Asia Minor.

Key words: mitochondrial genome, plastid genome, cultivated peas, wild peas,

Происхождение культурных растений до сих пор является предметом жарких дискуссий. Ранее мы обнаружили, что (1) образцы дикого гороха, наиболее родственные сорту Sameor (ядерный геном которого был расшифрован первым) в отношении пластидных и митохондриальных геномов представляют собой два разных набора образцов, происходящих из разных регионов, ни один из которых не совпадает с предполагаемой исходной областью доместикации растений на Ближнем Востоке, и (2) филогенетические паттерны геномов пластид и митохондрий дикого гороха не совпадают друг с другом. Эти результаты сделали актуальным исследование разнообразия и филогении геномов клеточных органелл у культурного гороха. Мы просеквенировали эти геномы у 91 образца, в том числе у 29 образцов культурного гороха, в основном представляющего местные генотипы (ландрасы), происходящие из разных регионов традиционного культивирования гороха. Подавляющее большинство пластидных геномов культурного гороха были близкородственны друг другу и образцам дикого гороха из Причерноморья и Прикаспия, однако пластидные геномы двух образцов из Центральной Азии оказались родственны другой линии дикого гороха. В отличие от ситуации у пластидных геномов, на филогенетическом дереве митохондриальных геномов большинство образцов культурного гороха попали в три разных кластера. Образцы, более всего родственные нынешним представителям дикого гороха из предполагаемой исходной области доместикации, оказались происходящими с периферии ареала традиционного культивирования гороха – из Северной Африки, Центральной Азии и Гималаев. Представители другого кластера обнаружили в Центральной Азии в широком смысле, а также в Греции. Образцы, наиболее родственные сорту Sameor, были рассеяны по всему ареалу культуры гороха. Судя по всему, митохондриальные геномы более чем пластидные подвержены интрогрессии от дикого гороха к культурному. Мы предполагаем, что область культивирования гороха была первоначально занята выходцами из исходной области доместикации, а в дальнейшем претерпела две волны инвазии культурного гороха, несущего митохондриальные геномы и в ограниченных количествах – пластидные геномы, позаимствованные от дикого гороха Балкан и Малой Азии: первая предположительно из юго-западной Европы и/или Западной Азии, вторая – из Европы.

Финансирование: Исследования проведены в рамках выполнения государственного задания по теме FWNR-2022-0017 «Генетический контроль развития и формирования хозяйственно ценных признаков у сельскохозяйственных растений».