

Кариогеномика шалфея карабахского *Salvia karabachensis* Pobed.

Ю.В. Кальнюк*, А.Р. Семенов, О.Ю. Юркевич, А.В. Амосова, О.В. Муравенко

Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, Москва, Россия

*julia99kalniuk99@yandex.ru

Цель: Род Шалфей (*Salvia* L.) – крупнейший род семейства Яснотковые (Lamiaceae), включающий в себя около тысячи видов травянистых растений и кустарников. Многие представители этого рода растений характеризуются высоким содержанием биологически активных веществ, таких как терпены и терпеноиды, фенольные кислоты, флавоноиды. Шалфеи широко используются в качестве лекарственных растений, а также в пищевой, парфюмерной, косметической и других отраслях промышленности. Среди наиболее известных видов – шалфей лекарственный (*Salvia officinalis* L.) из подрода *Salvia* и шалфей мускатный (*Salvia sclarea* L.) из подрода *Sclarea*. Эндемик Кавказского региона, лекарственный вид шалфей карабахский (*Salvia karabachensis* Pobed.), входит в одну секцию *Aethiopsis* с *S. sclarea* подрода *Sclarea*. Геном этого вида практически не изучен и данные о хромосомном числе этого вида неоднозначны. Сравнительное изучение геномов шалфеев карабахского и мускатного с использованием современных методов цитогеномного анализа стало целью данного исследования.

Материалы и методы: Семена для исследования *S. karabachensis* получены из коллекции НИИ СХ Крыма. Семена проращивали в чашках Петри на влажной фильтровальной бумаге в течение 3–5 суток при комнатной температуре. Корневую меристему использовали для приготовления давленных хромосомных препаратов. Проростки подращивали в термостате при 15 °C и листья использовали для выделения ДНК. Геномную ДНК выделяли из молодых листьев растений с использованием СТАВ метода. Геномная ДНК была секвенирована с низким числом покрытий на платформе BGISEQ. в соответствии с протоколом NGS. Далее был проведен биоинформатический анализ массивов геномных данных *S. karabachensis* с применением программ RepeatExplorer и TAREAN. Последовательности выявленных сателлитных ДНК (сатДНК) были исследованы на гомологию с сатДНК *S. sclarea*, выявленными ранее, с использованием BLAST. Методом флуоресцентной гибридизации *in situ* (FISH) проведено картирование 5S рДНК, 45S рДНК и ранее выявленных сатДНК *S. sclarea* (SS1, SS8, SS123) на хромосомах шалфея карабахского.

Результаты: Сравнительный анализ репитомов шалфея карабахского и шалфея мускатного показал значительное сходство. У этих видов наиболее распространенными повторяющимися последовательностями ДНК являются ретротранспозоны, процентное содержание в геноме которых составляет 27,82% у шалфея карабахского и 31,33% у шалфея мускатного. При этом у шалфея карабахского преобладают повторы *Ty3-Gypsy* (19,13%), а у шалфея мускатного – *Ty1-Copia* (16,28%). Содержание ДНК-транспозонов у *S. sclarea* невелико (0,45% генома), у *S. karabachensis* это число отличается в несколько раз (1,95%). В результате анализа репитома шалфея карабахского выявлены 5 высокодостоверных сатДНК и 4 низкодостоверных сатДНК. BLAST анализ на гомологию сателлитных ДНК, содержащихся в геномах шалфея карабахского и шалфея мускатного, обнаружил гомологию последовательностей пяти сатДНК шалфея карабахского (SK7, SK9, SK19, SK61, SK101) с тремя сатДНК шалфея мускатного (SS1, SS8, SS123). В кариотипе *S. karabachensis* обнаружено 9 пар хромосом ($2x = 18$), в отличие от ранее опубликованных данных о 10 парах хромосом ($2n = 20$) в кариотипе этого вида. Следует отметить, что в кариотипе у родственного вида шалфея мускатного на две пары хромосом больше ($2n = 22$), чем у изученного образца шалфея карабахского. FISH-картирование рДНК на хромосомах шалфея карабахского показало локализацию 45S рДНК на коротком плече пары спутничных хромосом, а также ко-локализацию 45S рДНК с 5S рДНК на другой паре хромосом. На хромосомах шалфея мускатного выявлено сходное расположение 45S рДНК на коротком плече пары спутничных хромосом, но 5S рДНК была локализована на двух парах хромосом отдельно от 45S рДНК. Сателлитные ДНК повторы *S. sclarea* на хромосомах шалфея карабахского распределялись на хромосомах *S. karabachensis* в дистальных районах почти всех хромосом, аналогично тому, как они распределены на хромосомах *S. sclarea*.

Выводы: Изученный образец *S. karabachensis* является диплоидом с числом хромосом $2n = 18$. Обнаружено как сходство, так и различия в распределении 45S и 5S рДНК на хромосомах *S. karabachensis* и *S. sclarea*, но локализация гомологичных сателлитных ДНК на хромосомах обоих видов аналогична. Полученные данные свидетельствуют о наличии у *S. karabachensis* и *S. sclarea*, по крайней мере, одного общего предкового вида.

Финансирование: Работа поддержана Программой фундаментальных научных исследований в Российской Федерации (2021–2030 годы) (тема 124031500018-1).