

Хромосомная организация кариотипов *Amaranthus cruentus* L. и *Amaranthus hypochondriacus* L.

А.В. Амосова^{1*}, О.Ю. Юркевич¹, Ю.В. Кальнюк¹, А.Р. Семенов¹, Д.В. Соколова², А.М. Артемьева²,
С.А. Зошук¹, О.В. Муравенко¹

¹ Институт молекулярной биологии им. В.А. Энгельгардта Российской академии наук, Москва, Россия

² Всероссийский институт растениеводства им. Н.И. Вавилова (ВИР), Санкт-Петербург, Россия

* amotar@mail.ru

Цель: *Amaranthus cruentus* L. и *A. hypochondriacus* L. являются хозяйственно ценными культурами широкого применения. Однако кариотипы этих и других видов рода *Amaranthus* изучены недостаточно вследствие небольшого размера их хромосом [1, 2]. Целью данной работы была анализ хромосом *A. cruentus* L. и *A. hypochondriacus* L. с использованием в качестве хромосомных маркеров tandemных ДНК повторов, которые определялись в результате цитогеномного изучения репитомов этих видов амаранта.

Материалы и методы: Впервые нами изучены особенности хромосомной структуры кариотипов трех видовых образцов *A. cruentus* (2n = 34) (Пк-281, Пк-301 и Пк-318) и четырех образцов *A. hypochondriacus* (2n = 32) (Пк-366, Пк-402, Вк-341 и Вк-811) из коллекции ВИР. Для поиска новых хромосомных маркеров, необходимых для идентификации всех пар хромосом в кариотипах, был проведен биоинформатический анализ доступных данных высокопроизводительного секвенирования ДНК изучаемых видов амаранта с применением программ RepeatExplorer, TAREAN и BLAST. На хромосомах образцов обоих видов проведено FISH-картирование меченных флуорохромами олигонуклеотидных зондов, созданных на основе идентифицированных семейств сателлитных ДНК (сатДНК), а также классических молекулярных маркеров: 45S и 5S рДНК.

Результаты: Проведенный биоинформатический анализ данных высокопроизводительного секвенирования ДНК *A. cruentus* и *A. hypochondriacus* позволил нам впервые идентифицировать в репитомах этих видов 3–6 высокодостоверных сатДНК. BLAST анализ выявил высокую гомологию повторов, наиболее представленных в геномах обоих видов амарантов. Анализ рисунков распределения обнаруженных tandemных повторов на хромосомах *A. cruentus* и *A. hypochondriacus* показал, что два повтора *A. cruentus* (AmC4 и AmC9) локализируются кластерно и видоспецифично в кариотипах обоих видов. FISH-картирование комбинации проб 45S рДНК, 5S рДНК, AmC4 и AmC9 на хромосомах изучаемых образцов позволило нам впервые определить пары гомологичных хромосом в кариотипах обоих видов, а также изучить внутри- и межвидовую хромосомную изменчивость по их распределению в кариотипах. Так, было выявлено сходное распределение этих зондов на нескольких хромосомах изученных образцов обоих видов. Вместе с тем, в их кариотипах обнаружены межвидовые различия и внутривидовая вариабельность по локализации кластеров 5S рДНК, AmC4 и AmC9. В частности, у *A. cruentus* выявлено три пары хромосом, несущих в коротком плече кластеры 5S рДНК. В кариотипах образцов *A. hypochondriacus* Пк-366 и Вк-811 кластеры 5S рДНК визуализировались в коротких плечах четырех пар хромосом. Кроме того, у образцов *A. hypochondriacus* Пк-402 и Вк-341 локусы этого маркера обнаружены еще на трех парах хромосом. Выявлены также межвидовые различия по локализации AmC4 и AmC9 на 3-5 парах хромосом.

Выводы: FISH-картирование повторов AmC4 и AmC9 на хромосомах изучаемых образцов *A. cruentus* и *A. hypochondriacus* продемонстрировало их видоспецифичное распределение в кариотипах, что указывает на возможность их использования в качестве новых хромосомных маркеров для сравнительных исследований кариотипов рода *Amaranthus*. Высокая BLAST гомология идентифицированных повторов ДНК, а также сходное распределение кластеров 45S рДНК, 5S рДНК, AmC4 и AmC9 на нескольких парах хромосом у обоих видов амарантов подтверждает их близкое родство и может указывать на наличие общего предкового генома. Полученные результаты предоставляют новые данные о геномных взаимоотношениях внутри рода *Amaranthus* и расширяют знания об организации геномов этих ценных культур, что важно для дальнейших селекционных исследований.

Финансирование: Исследование поддержано Российским научным фондом в рамках проекта № 24-26-00184, <https://rscf.ru/project/24-26-00184/>.

Список литературы

- 1 Bonasora M.G., Poggio L., Greizerstein E.J. *CompCytogen.* 2013;7(1):53-61. doi 10.3897/CompCytogen.v7i1.4276
- 2 Prajitha V., Thoppil J.E. *Cytotechnology.* 2018;70:95-101. doi 10.1007/s10616-017-0100-9