

УДК 575.18, 634.742

ПОИСК И КОЛОКАЛИЗАЦИЯ САТЕЛЛИТНЫХ ПОВТОРОВ В *SHEPHERDIA ARGENTEA* (PURSH) NUTT**К.Д. Боне^{1,2}, О.В. Разумова¹, И.В. Киров¹, Г.И. Карлов¹**¹ Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия² Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия

Shepherdia argentea (Pursh) Nutt является двудомным растением семейства *Elaeagnaceae*. Ее высокая устойчивость к влажности и нетребовательность к почве привела к широкому распространению этой культуры в Европе, Азии и Северной Америки (1). Высокое содержание в ее ягодах полезных веществ, таких как витамин С, каротин и катехины делает шефердию хорошим помощником в традиционной медицине. На ее корнях обнаружены азотфиксирующие бактерии, что открывает возможность использования шефердии для ремедиации земель. Являясь родственником облепихи, шефердия потенциально может служить донором хозяйственно-ценных признаков для этой, более традиционной для нашей страны культуры, однако слабая изученность этого вида даже у себя на родине, в Америке, затрудняет работу с ней.

Целью нашего исследования было изучение локализации сателлитных повторов *Shepherdia argentea* (Pursh) Nutt на ее хромосомах, так как в настоящее время нет данных по ее геному и кариотипу, не известен механизм детерминации пола, не выявлены половые хромосомы. Хромосомы шефердии мелкие, морфологически не различимы друг от друга.

В своей работе мы просеквенировали ДНК двух растений шефердии, после чего провели кластерный и тандемный анализ полученных сиквенсов (2).

С полученными Illumina сиквенсами двух растений *Shepherdia* провели кластеризацию с помощью программы RepeatExplorer (3). Из обнаруженных тандемных повторов были отобраны кластеры, которые имели высокую вероятность быть сателлитами. Консенсусы сателлитов с вероятностью более 0.4 использовали для подбора праймеров, которые подбирали с помощью программы Primer 3 и Primer-Blast (4). Последующая амплификация на ДНК мужских и женских растений помогла отобрать наиболее эффективные праймеры, демонстрирующие амплификацию характерной для сателлитных повторов «лесенкой». Полученный ПЦР-продукт был использован для изготовления зондов флуоресцентной *in situ* гибридизации (FISH), меченых биотином или дигоксигенином. Метафазные препараты готовились из корневых меристем методом SteamDrop.

Для локализации сателлитных повторов использовался метод с разноцветными зондами (multi-color FISH). В общей сложности локализацию показали 8 сателлитных повторов, которые были локализованы парно на каждом препарате. В основном все кластеры локализовались на субтеломере, но один показал локализацию в прицентромерной области, что требует более подробного изучения. В целом выявленные и локализованные повторяющиеся последовательности позволяют различить некоторые хромосомы шефердии между собой и составить идиограмму. Работа продолжается.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ, соглашение № 20-016-00145 А.

Литература

Sriladda, C., Kratsch, H.A., Larson, S.R., Monaco, T.A., Shen, F., & Kjelgren, R.K. (2016). Interspecific hybrid of xeric *Shepherdia rotundifolia* and riparian *Shepherdia argentea*: Description, and traits suitable for low-water urban landscapes. *HortScience*, 51(7), 822–828.

Fastqc Version 0.11.8: <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>; Bolger, A.M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina Sequence Data. *Bioinformatics*, btu170.

Novak, P., Neumann, P., Pech, J., Steinhaisl, J., Macas, J. (2013) – RepeatExplorer: a Galaxy-based web server for genome-wide characterization of eukaryotic repetitive elements from next generation sequence reads. *Bioinformatics* 29:792–793.

Zhang, J. & Madden, T.L. (1997) "PowerBLAST: A new network BLAST application for interactive or automated sequence analysis and annotation." *Genome Res.* 7:649–656. PubMed.