

ЛИТЕРАТУРА

1. Slotkin K.R, Vaughn M., Borges F., Tanurdžić M., Becker J.D., Feijó J.A, Martienssen R.A. (2009) Epigenetic Reprogramming and Small RNA Silencing of Transposable Elements in Pollen. *Cell*. 136(3): 461–472
2. Oberlin S., et al. (2017) A genome-wide transcriptome and translatome analysis of Arabidopsis transposons identifies a unique and conserved genome expression strategy for Ty1/Copia retroelements. *Genome Res*. 27: 1549–1562.
3. Guffanti G., et al. (2018) Novel Bioinformatics Approach Identifies Transcriptional Profiles of Lineage-Specific Transposable Elements at Distinct Loci in the Human Dorsolateral Prefrontal Cortex // *Molecular Biology and Evolution*. – 2018. – 2435–2453 p.
4. Shadid S., Slotkin K.R. (2020) The current revolution in transposable element biology enabled by long reads. *Current Opinion in Plant Biology*. 54: 49–56
5. Steinbiss S, Willhoeft U, Gremme G, Kurtz S. (2009) Fine-grained annotation and classification of de novo predicted LTR retrotransposons. *Nucleic Acids Research*. 37(21): 7002–7013
6. Ellinghaus D., Kurtz S. & Willhoeft U. (2008) LTRharvest, an efficient and flexible software for de novo detection of LTR retrotransposons. *BMC Bioinformatics*. 9(18)
7. Kim D., Paggi J.M., Park C., Bennet C., Salzberg S.L. (2019) Graph-based genome alignment and genotyping with HISAT2 and HISAT-genotype. *Nat Biotechnol*. 37: 907–915
8. Kovaka, S. et al. (2019) Transcriptome assembly from long-read RNA-seq alignments with StringTie2. *Genome Biol*. 20 (278)
9. Quinlan A.R., et al. (2010) BEDTools: a flexible suite of utilities for comparing genomic features. *Bioinformatics*. 26(6): 841–842
10. Li H., Handsaker B., Wysoker A., Fennell T., Ruan J., Homer N., Marth G., Abecasis G., Durbin R., (2009) The Sequence alignment/map (SAM) format and SAMtools. *Bioinformatics*. 25(16): 2078

УДК 575.18, 634.742

АНАЛИЗ ТАНДЕМНЫХ ПОВТОРОВ И РЕТРОТРАНСПОЗОНОВ SHEPHERDIA ARGENTEA (PURSH) NUTT

К.Д. Боне^{1,2}, О.В. Разумова², И.В. Киров², Г.И. Карлов²

¹ *Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия*

² *ВНИИ сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия*

Шефердия серебристая (*Shepherdia arg.*) – это двудомное растение семейства Elaeagnaceae, близкий родственник облепихи, родиной которой является Северная Америка. Широко используемое растение в традиционной медицине. В ягодах шефердии серебристой содержится высокое количество витамина С, каротина, катехинов. Среди экономически значимых признаков шефердии, можно отметить такие признаки, как способность обогащать почву азотом, благодаря наличию азотфиксирующих бактерий на корнях.

В нашей работе мы провели секвенирование двух растений *Shepherdia* с последующей аннотацией репитома. Тандемные повторы и мобильные элементы, включая как транспозоны ДНК, так и ретротранспозоны, были идентифицированы, классифицированы, а также предсказано их количество в геноме. Сравнительный анализ повтора мужского и дополнительного растения *Shepherdia* с неизвестным полом выявил различия в нескольких повторах. С полученными Illumina сиквенсами двух растений *Shepherdia* провели кластеризацию с помощью программы RepeatExplorer. При этом были обнаружены тандемные повторы и ретротранспозоны. Более глубокий биоинформатический анализ и аннотирование повторов ДНК мужского и неизвестного пола растений шефердий выявили 8 и 7 сателлитных повторов соответственно. Среди ретротранспозонов Ty1/Copia мы обнаружили пятнадцать кластеров, соответствующих подсемействам Ale, двенадцать кластеров, соответствующих подсемействам Angela/Tork, три кластера, соответствующих подсемействам TAR, семь кластеров, соответствующих подсемействам Ivana, и два кластера, соответствующих подсемействам SIRE. Среди ретроспозонов Ty3/Gypsy мы обнаружили одиннадцать подсемейств Athila, три подсемейства Tekay, одно подсемейство Galadriel, четыре подсемейства CRM и шестьдесят подсемейств Reina. Эти данные позволили нам построить филогенетическое дерево на основе Ty1/Copia и Ty3/Gypsy.

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

ЛИТЕРАТУРА:

- Fastqc Version 0.11.8: <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>
- Bolger, A.M., (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.