

## Анализ репитома Шефердии Серебристой

Научный руководитель – Карлов Геннадий Ильич

Боне К.Д.<sup>1</sup>, Разумова О.В.<sup>2</sup>

1 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Агрономии и биотехнологии, Генетики и биотехнологии, Москва, Россия, *E-mail: karinabone@mail.ru*; 2 - Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия, *E-mail: razumovao@gmail.com*

Шефердия является двудомным растением семейства *Elaeagnaceae*, это близкий родственник облепихи, родиной которого является Северная Америка. Также как и облепиха, широко применяется в народной медицине, так как является источником полезных элементов - в ягодах шефердии отмечается высокое содержание витамина С, каротина, катехинов. Среди хозяйственно-значимых признаков шефердии можно отметить такие признаки как способность обогащать почву азотом из-за наличия азотфиксирующих бактерий на корнях и устойчивость к засухе.

Является важным объектом в селекции, используя для выведения сортов облепихи с крупными высоковитаминными плодами. Также как и ее близкий родственник облепиха, шефердия начинает плодоносить только к 5 году, что, в совокупности с двудомностью, затрудняет ее селекцию. В связи с этим актуальным представляется изучение генетики данной культуры, для создания основы маркерной селекции.

В своей работе мы провели Illumina секвенирование двух растений шефердии. На первом этапе мы проверили качество полученных сиквенсов с помощью программы Fastqc [1], после чего адаптеры были тримированы с помощью программы Trimmomatic [2], а затем тримированные сиквенсы снова проверены в Fastqc. После этого, с помощью программы Repeat Explorer [3] провели кластерный и тандемный анализ сиквенсов двух растений шефердии серебристой - мужского и неизвестного пола. В обоих растениях мы проанализировали 3 миллиона случайно отобранных ридов. Обнаружены тандемные повторы, ретротранспозоны. Более глубокий биоинформатический анализ и аннотация репитомов ДНК растений шефердии мужского и неизвестного пола выявил: в мужском растении 8 сателлитов, 22 Ltr элементов и 1 rDNA; в растении неизвестного пола 7 сателлитов, 28 Ltr элементов и 1 rDNA.

В программе Blast [4] было произведено выравнивание консенсусов кластеров сателлитов одного растения на другое. В основном покрытие выравнивания составляло больше 80 %, и только в одном случае между C1 67 и C1 125 составило 48%.

На выявленные кластеры подобраны праймеры, планируется физическое картирование обнаруженных повторяющихся последовательностей на хромосомах с использованием флуоресцентной *in situ* гибридизации.

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

### Источники и литература

- 1) Fastqc Version 0.11.8: <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>
- 2) Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina Sequence Data. *Bioinformatics*, btu170.
- 3) 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.

- 4) 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