

Анализ репитомов представителей семейства Cannabaceae**Научный руководитель – Карлов Геннадий Ильич****Бочаркина Юлия Владимировна***Студент (магистр)*

Сколковский институт науки и технологий, Москва, Россия

E-mail: ju_football@mail.ru

Повторяющиеся последовательности ДНК являются основным компонентом генома растений [3]. Эти повторности очень гетерогенны, кроме того, они могут быть уникальны, низко- и высококопийны. Они могут отличаться по длине мотивов, организации в геноме [6]. Множество семейств повторяющейся ДНК еще не известны [3,6]. Также не до конца понятна роль этих участков в геноме.

Известно, что они играют важную роль в стабилизации и поддержании структуры хромосом [4], участвуют в «узнавании» и правильном расхождении хромосом во время митоза и мейоза, теломер-ассоциированные повторы выполняют функцию защиты хромосом [1, 2]. Показано, что видообразование у растений часто связано с быстрыми изменениями фракции повторяющейся ДНК [2].

Поэтому одной из важных задач современной биологии является изучение репитомов с точки зрения эволюции, структурной биоинформатики, цитогенетики.

Семейство *Cannabaceae* содержит по меньшей мере 3 сельскохозяйственно-значимых вида: конопля (*Cannabis sativa* L.) и 2 вида хмеля (*Humulus lupulus* L., *Humulus japonicus* L.). Все растения являются раздельнополыми [7]. В начале нашего исследования мы провели секвенирование геномов мужских и женских растений хмеля обыкновенного и хмеля японского, полученные сиквенсы были проанализированы на наличие повторяющихся последовательностей в программе RepeatExplorer [5]. На выявленные высококопийные кластеры повторяющейся ДНК было подобрано 17 пар праймеров, с которыми провели ПЦР.

В результате были выявлены 4 предварительные категории праймеров: универсальные для семейства *Cannabaceae*; универсальные для рода *Humulus*; видоспецифичные; а также позволяющие идентифицировать пол.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ номер соглашения 20-316-70018\19

Источники и литература

- 1) Feschotte C. Transposable elements and the evolution of regulatory networks //Nature Reviews Genetics. – 2008. – Т. 9. – №. 5. – С. 397-405.
- 2) Lisch D. How important are transposons for plant evolution? //Nature Reviews Genetics. – 2013. – Т. 14. – №. 1. – С. 49-61.
- 3) Maumus F., Quesneville H. Deep investigation of *Arabidopsis thaliana* junk DNA reveals a continuum between repetitive elements and genomic dark matter //PLoS One. – 2014. – Т. 9. – №. 4.
- 4) Neumann P. et al. Plant centromeric retrotransposons: a structural and cytogenetic perspective //Mobile DNA. – 2011. – Т. 2. – №. 1. – С. 4.
- 5) Novák P. et al. RepeatExplorer: a Galaxy-based web server for genome-wide characterization of eukaryotic repetitive elements from next-generation sequence reads //Bioinformatics. – 2013. – Т. 29. – №. 6. – С. 792-793.

- 6) Wicker T. et al. A unified classification system for eukaryotic transposable elements //Nature Reviews Genetics. – 2007. – Т. 8. – №. 12. – С. 973-982.
- 7) Winge O. The nature of sex chromosomes //Proc Sixth Int Congr Genet. – 1932. – Т. 1. – С. 343-355.