

Количественный анализ ДНК методом проточной цитофлуориметрии в ядрах растений на примере рода Чина (*Lathyrus*)

Научный руководитель – Поташникова Дарья Марковна

Поташникова Дарья Марковна

Кандидат наук

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра клеточной биологии и гистологии, Москва, Россия

E-mail: dariapotashnikova@yandex.ru

Несмотря на распространенность, производительность и чувствительность современных проточных цитометров, методы, связанные с количественным флуориметрическим анализом недостаточно широко применяются, так как зачастую требуют оптимизации пробоподготовки и введения дополнительных контролей. Примером количественного цитофлуориметрического анализа является оценка размеров генома при окрашивании ядер флуоресцентными ДНК-интеркаляторами в животных и растительных клетках [1; 2]. В качестве модели в данной работе приведены представители семейства Бобовые (*Fabaceae*) с известными и неизвестными размерами геномов; классические протоколы количественного анализа ДНК в ядрах растений [3] были адаптированы для данной экспериментальной модели. В докладе рассмотрены методические аспекты работы, такие как оценка качества индивидуального окрашивания, оценка воспроизводимости окрашивания в серии экспериментов, использование и оптимизация контролей.

Результаты экспериментальной работы позволили уточнить или впервые установить размеры геномов для четырех видов рода Чина (*Lathyrus pratensis*, *L. roseus*, *L. rotundifolius*, *L. maritimus*), а также впервые установить размер генома для монотипного рода Вавиловия (*Vavilovia formosa*). Была подтверждена вариабельность размера генома у близкородственных видов растений (внутри рода Чина), что, в свою очередь, может значительно влиять на ряд их морфологических и физиологических параметров [4]. При этом, для вида *L. pratensis* была показана постоянная ploидность ядер вне зависимости от региона распространения, - были проанализированы популяции данного вида в РФ и на севере Европы (суммарно в 15 географических локациях). Таким образом, измерение внутриклеточного содержания ДНК методом проточной цитометрии представляет надёжный способ анализа ploидности и размера генома растений.

Работа поддержана грантом РФФИ 18-34-00511 мол_а.

Источники и литература

- 1) He K, Lin K, Wang G, Li F. Genome sizes of nine insect species determined by flow cytometry and k-mer analysis. // Front Physiol. 2016, 7:569
- 2) da Silva RA, Souza G, Lemos LS, Lopes UV, Patrocínio NG, Alves RM, Marcellino LH, Clement D, Micheli F, Gramacho KP. Genome size, cytogenetic data and transferability of EST-SSRs markers in wild and cultivated species of the genus *Theobroma* L. (Byttnerioideae, Malvaceae). // PLoS One. 2017, 10;12(2):e0170799
- 3) Arumuganathan K, Earle ED. Estimation of Nuclear DNA Content of Plants by Flow Cytometry. // Plant Molecular Biology Reporter 1991, 9(3), 229-233
- 4) Bennett M.D. Nuclear DNA content and minimum generation time in herbaceous plants. // Proc. R. Soc. Lond. B. 1972, 181:109