

## Анализ репитома *Cannabis sativa*

Научный руководитель – Разумова Ольга Владимировна

*Прокончук Софья Романовна*

*Студент (бакалавр)*

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,  
Агрономии и биотехнологии, Селекции и семеноводства полевых культур, Москва,  
Россия

*E-mail: psr1653@gmail.com*

Конопля обыкновенная, или *Cannabis sativa* L. однолетнее двудомное травянистое растение из семейства *Cannabaceae*. *Cannabis sativa* является важной стратегической сельскохозяйственной культурой. Анализ репитома данной культуры может служить основой для создания цитогенетических маркеров. Они могут использоваться для идентификации данного вида конопли, а также для определения пола растения.[1] Также предполагается, что высококопийные последовательности непосредственно принимают участие в эволюции половых хромосом, поэтому более подробное изучение данных последовательностей может помочь воссоздать более полную картину эволюции пола у растений.[2]

В ходе исследований на платформе IlluminaMiSeq были просеквенированы геномы женского и мужского растений конопли и определены основные классы повторяющихся последовательностей ДНК. Геном мужского растения был просеквенирован впервые. Данные анализировались с помощью программного обеспечения RepeatExplorer. Выявленные в ходе анализа повторы были проверены на уникальность и специфичность в программе BLAST. Проверялись наиболее высококопийные кластеры репитома. В репитоме мужского растения от общего количества ДНК в геноме сателлитная ДНК составила 5,507%, LTR ретротранспозоны 2,16% и rDNA-ретротранспозоны 0,48%. В геноме женского растения сателлитная ДНК составила 7,479%, LTR мобильные элементы 3,86%, а rDNA 0,19%.

Далее в BLAST для нуклеотидных последовательностей сателлитов подбирались праймеры. Всего было подобрано 10 пар праймеров: 5 пар на сателлитные последовательности женского генома и 5 пар на последовательности мужского генома. ПЦР проводилась при температуре отжига 59°C на 2 сортах конопли: мужском и женском растении сорта Зеница, а также на мужском и женском растении сорта Виктория. ПЦР-продукты проверялись с помощью электрофореза ДНК. После анализа результатов электрофореза было отобрано 5 праймеров. Два праймера на последовательности из мужского генома, 3 из женского генома.

Исследования продолжаются. Необходимо повторно провести ПЦР-анализ с отобранными праймерами. На основе продуктов ПЦР будут приготовлены зонды для проведения флуоресцентной гибридизации *in situ* (FISH). С помощью FISH будет показана локализация сателлитных последовательностей на хромосомах мужского и женского растения, после чего можно будет сделать выводы о специфичности данных последовательностей относительно пола и вида.

Работа выполнена при поддержке РФФИ, соглашение № 20 316 70018

### Источники и литература

- 1) Karlov G. I. et al. Classical and Molecular Cytogenetics of *Cannabis Sativa* L // *Cannabis sativa* L.-Botany and Biotechnology. – Springer, Cham, 2017. – С. 385-394.

- 2) Puterova J. et al. Satellite DNA and transposable elements in seabuckthorn (*Hippophae rhamnoides*), a dioecious plant with small Y and large X chromosomes // *Genome biology and evolution*. – 2017. – Т. 9. – №. 1. – С. 197-212.