

**ОРГАНІЗАЦІЯ 5S РИБОСОМНОЇ ДНК *LITCHI CHINENSIS* SONN.**

О. О. ІЩЕНКО, В. В. КОЗУБ, І. І. ПАНЧУК

Кафедра молекулярної генетики та біотехнології  
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича  
Україна, 58012, м. Чернівці вул. Коцюбинського, 2  
e-mail: i.panchuk@chnu.edu.ua

**Мета.** 5S рибосомна ДНК (5S рДНК) являє собою універсальну модель для вивчення еволюції повторюваних послідовностей у еукаріотичних організмів. Беручи до уваги, що ця ділянка геному все ще залишається майже неописаною у видів родини Sapindaceae, ми дослідили молекулярну організацію повторюваної одиниці 5S рДНК у представника цієї родини *Litchi chinensis*. **Методи.** ПЛР-ампліфікація, клонування та розшифрування нуклеотидної послідовності 5S рДНК. **Результати.** Встановлено, що довжина повторюваної ділянки 5S рДНК *L. chinensis* становить 321–323 нп. Рівень внутрішньогеномної подібності повторів 5S рДНК становить 87,1 %. Потенційні зовнішні елементи промотора РНК-полімерази III, які локалізуються у IGS, відрізняються від описаних раніше для представників інших родин покритонасінних рослин. **Висновки.** У геномі *L. chinensis* присутні як мінімум два класи повторів 5S рДНК, які, зокрема, різняться послідовністю частини IGS, що містить зовнішні елементи промотора.

**Ключові слова:** 5S рДНК, молекулярна еволюція, *Litchi chinensis*, Sapindaceae.

**Вступ.** Характерною особливістю геномів покритонасінних рослин є високий відносний вміст повторюваних послідовностей (Kubis et al., 1998; Lee, Kim, 2014). До цієї фракції геному належать і ділянки, які кодують різні класи рРНК (так звана рДНК). На відміну від більшості повторюваних послідовностей, рДНК має добре відому функцію і присутня у геномах всіх еукаріотичних організмів.

5S рДНК відносять до класу тандемно організованих повторюваних послідовностей, що утворюють кластери та локалізовані на одній чи декількох хромосомах (Cloix, Tutois, 2000; Garcia et al., 2020). Кожна повторювана одиниця складається з еволюційно консервативної ділянки, яка кодує 5S рРНК та варіабельного міжгенного спейсера (intergenic spacer — IGS). 5S рДНК являє собою універсальну модель для вивчення еволюції повторюваних послідовностей і її молекулярна організація досліджена для різних родин покритонасінних рослин. Зокрема, 5S рДНК з успіхом застосовується як інструмент у молекулярній таксономії (Fulnecek et al., 2002; Besendorfer et al., 2005; Peng et al., 2008; Zhu et al., 2008; Denk, Grimm, 2010; Baum et al., 2012; Mlinarec et al., 2016). Тим не менш, будова 5S рДНК все ще залишається недослідженою у багатьох таксономічних групах, серед яких і родина Sapindaceae. Вона налічує понад 2000 видів, які об'єднано приблизно в 150 родів (de Jong, 2002; Menzel, 2002; Harris et al., 2017; Pfosser et al. 2017). На сьогодні для цієї родини будову 5S рДНК описано лише у кількох представників роду *Acer* (клен) підродини Hippocastanoideae (Русак та ін. 2016; Іщенко та ін., 2019; Панчук та ін., 2019). Відповідно, ми поставили собі за мету дослідити молекулярну організацію повторюваної одиниці 5S рДНК ліджи (*Litchi chinensis* Sonn., підродина Sapindoideae), плодового дерева, яке поширене на півдні Китаю та у країнах Південно-Східної Азії.

### Матеріали і методи

Матеріалом для дослідження був зразок *L. chinensis*, наданий нам Ботанічним садом Чернівецького національного університету. Виділення ДНК проводили за стандартною методикою (Porebski et al., 1997). Ампліфікацію повторюваної одиниці 5S рДНК здійснювали методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР). Для цього використовували пару універсальних праймерів 5S-14a-Not (5' — CAA TGC GGC CGC GAG AGT AGT ACT AGG ATG CGT GAC—3') і 5S-15-Not (5' — CAT TGC GGC CGC TTA ACT TCG GAG TTC TGA TGG GA—3'), які комплементарні до ділянки, що кодує 5S рРНК у покритонасінних рослин. Застосування цих праймерів дозволило ампліфікувати повний IGS та фланкуючі ділянки кодувальної послідовності. ПЛР проводили з використанням реакційної суміші Master Mix FirePol (Solis Biodyne, Estonia) та ампліфікатора BioRad T100 (BioRad, США) за такою програмою: (1) початкова активація ДНК-полімерази — 95 °С, 13 хв; (2) денатурація ДНК — 95 °С, 15 с; (3) гібридизація праймерів — 60 °С, 30 с; (4) синтез ДНК — 72 °С, 30 с; (5) закінчення ампліфікації — 72 °С, 8 хв; припинення реакції — 4 °С; загальна кількість циклів ампліфікації — 35.

Отримані ПЛР-продукти за допомогою набору для клонування Cloning Jet (Thermo Fisher Scientific, USA) лігували у плазмідний вектор pJet 1.2. В подальшому методом електропорації проводили трансформацію компетентних клітин *Escherichia coli* (штам XL1-blue) продуктами лігування, застосовуючи для цього прилад E. coli Pulser (BioRad, США). Трансформовані бактеріальні клітини культивували на агаризованому середовищі LB із додаванням ампіциліну до кінцевої концентрації 100 мг/л. Відібрані колонії вирощували на рідкому середовищі LB та використовували для виділення плазмідної ДНК (Sambrook et al., 1989).

Наявність вставки у плазмідах перевіряли за допомогою ПЛР із праймерами forward (5' — CGA CTC ACT ATA GGG AGA GCG GC — 3') та reverse

(5' — AAG AAC ATC GAT TTT CCA TGG CAG — 3') для вектора pJet 1.2, сайти гібридизації яких знаходяться в плазмідній ДНК з двох боків від полілінкеру. Рекombінантні плазмідні сиквенували на фірмі Europhins Genomics (Німеччина). Первинну обробку нуклеотидних послідовностей проводили за допомогою комп'ютерних програм Chromas та DNASTAR. Вирівнювання послідовностей здійснювали методом Clustal W (Larkin et al., 2007).

### Результати та обговорення

Електрофоретичний аналіз ампліфікованих послідовностей 5S рДНК показав наявність одного ПЛР-продукту довжиною приблизно 350 нп. ПЛР-продукти такої довжини були отримані раніше і для інших представників родини Sapindaceae (Русак та ін., 2016; Іщенко та ін., 2019; Панчук та ін., 2019;). Наявність одного продукту ПЛР вказує на присутність у геномі *L. chinensis* одного класу повторів 5S рДНК, якщо брати до уваги лише довжину повтору.

В подальшому ПЛР-продукти клонували у плазмідний вектор pJet 1.2. За результатами скринінгу було відібрано 10 рекombінантних клонів, які містили вставки однакової довжини. Два клони, Lichi1 та Lichi3, було просиквененовано.

Комп'ютерний аналіз отриманих нуклеотидних послідовностей вставок досліджених клонів показав, що вони містять IGS 5S рДНК, фланкований фрагментами кодувальної ділянки. При цьому довжина IGS становить 201 та 203 нп для Lichi1 та Lichi3, а вміст GC-пар — 41,79 та 44,33 %, відповідно (табл. 1). Відомо, що довжина кодувальної ділянки 5S рДНК у більшості еукаріот становить 120 нп (Barciszewska et al., 2001; Douet, Tourmente, 2007; Saini, Jawali, 2009; Layat et al., 2012; Simon et al., 2018). Отже, можна підрахувати, що повна довжина повтору 5S рДНК у *L. chinensis* становить 321–323 нп. У використаного для порівняння виду *A. campestre* довжина IGS складає 204 нп., а всього повтору 5S рДНК — 324 нп (Іщенко та ін., 2019).

Таблиця 1. Характеристика IGS 5S рДНК *Litchi chinensis* та *Acer campestre*

Вид	Назва клону	IGS	
		Довжина, нп	Вміст GC-пар, %
<i>Litchi chinensis</i>	Lichi1	201	41,79
	Lichi3	203	44,33
<i>Acer campestre</i>	Accam48.4	204	39,71

Клоновані послідовності IGS 5S рДНК *L. chinensis* порівнювали між собою та з IGS *A. campestre* (рис.), який було раніше досліджено у нашій лабораторії (Іщенко та ін., 2019). Встановлено, що між клонами ліджи рівень подібності IGS становить 87,1%. Порівняно з представниками роду *Acer* (Русак та ін., 2016; Іщенко та ін., 2019; Панчук та ін., 2019) такий рівень внутрішньогеномної подібності слід вважати низьким. Цей результат може вказувати на існування в геномі *L. chinensis* кількох класів рДНК, як це було раніше встановлено для деяких інших покритонасінних рослин (Тинкевич, Волков, 2014; Ishchenko et al., 2018).

Рівень подібності між IGS *L. chinensis* та *A. campestre* становить 49,2–53,8% (табл. 2). Такий низький рівень подібності слід вважати цілком очікуваним, оскільки ці види належать до різних підродин. Для порівняння нагадаємо, що рівень подібності між віддаленими видами роду *Acer* перевищує 80% (Іщенко та ін., 2019).

Аналіз отриманих послідовностей виявив, що в IGS *L. chinensis* наявні дві копії субповторів GTTYCGTTGGG та три копії — ACATGAT (рис.). Наявність субповторів свідчить, що протягом еволюції 5S рДНК *L. chinensis* неодноразово відбувались дуплікації невеликих сегментів IGS. Раніше короткі субповтори було виявлено і в IGS інших видів рослин, таких як: *A. pseudoplatanus*, *A. platanoides* (родина Sapindaceae), *Quercus imbricaria*, *Q. acutissima* та *Q. glauca* (родина Fagaceae) (Русак та ін., 2016; Панчук та ін., 2019; Стратійчук та ін., 2019; Тункевич, Волков, 2019).

Порівняння послідовностей показало, що в IGS клонів *L. chinensis* присутні мотиви, необхідні для роботи РНК-полімерази III, яка забезпечує транскрипцію 5S рДНК. До таких мотивів, зокрема, належить оліго-Т послідовність, яка локалізована безпосередньо після 3'-кінця кодувальної ділянки і, ймовірно, виконує функцію термінатора транскрипції (Douet, Tourmente, 2007).

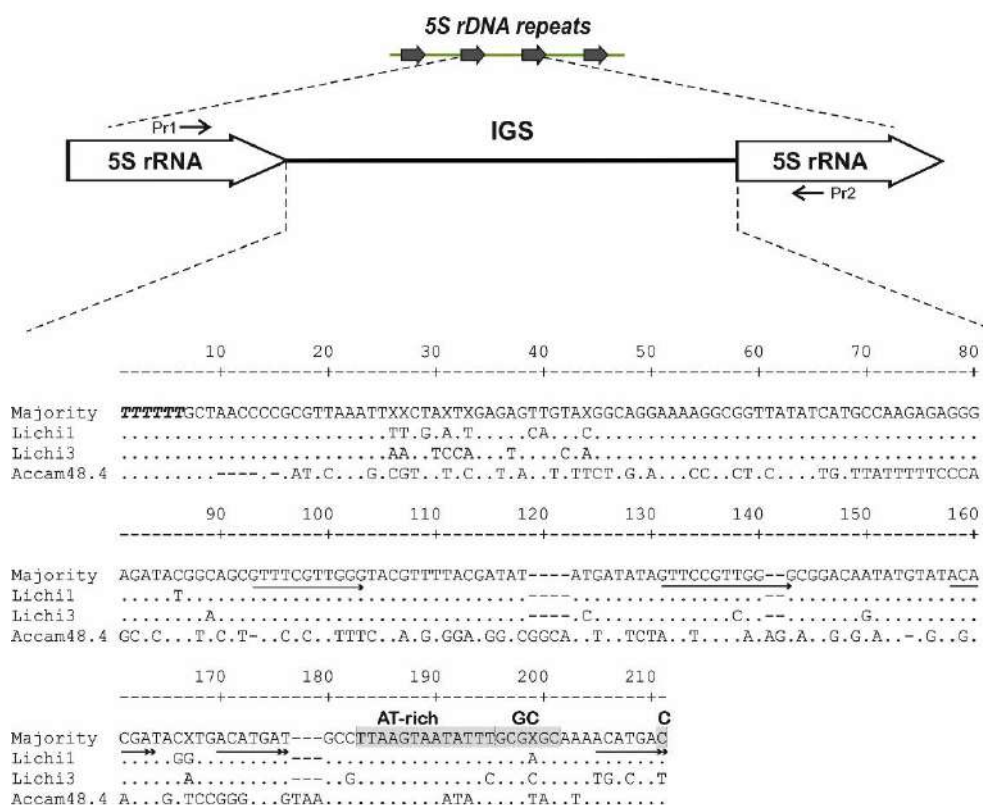


Рис. Структурна організація IGS 5S рДНК *Litchi chinensis* та *Acer campestre*. Pr1 та Pr2 — праймери 5S-14a-Not та 5S-15-Not, відповідно. Жирним курсивом виділено оліго-Т послідовність термінатора. Потенційні елементи зовнішнього промотора позначено рамкою. Стрілками вказано розташування субповторів у IGS.

**Таблиця 2.** Рівень подібності (%) IGS 5S рДНК видів *Litchi chinensis* та *Acer campestre*.

Клон	Lichi1	Lichi3	Accam48.4
Lichi1	100	87,1	53,8
Lichi3		100	49,2
Accam48.4			100

Крім того, відомо, що у IGS знаходяться зовнішні елементи промотора 5S рДНК, які беруть участь в ініціації транскрипції. Це питання було детально вивчено для виду *Arabidopsis thaliana* (родина Brassicaceae), для якого встановлено, що до елементів промотора 5S рДНК належать мотиви ТАТАТА, GC та C, які знаходяться у IGS, відповідно, у позиціях –28, –13 та –1 від 5'-кінця кодувальної ділянки (Layat et al., 2012). За попередніми даними, подібні мотиви присутні також у 5S рДНК видів, які належать до таксономічно віддалених порядків дводольних, як наприклад, Solanales (Шелифіст та ін., 2019; Volkov et al., 2017; de Souza et al., 2020), Rosales (Тинкевич, Волков, 2014), Fabales (Тинкевич та ін., 2015), Fagales (Тункевич, Volkov, 2019), і навіть однодольних, Poales, рослин (Ishchenko et al., 2020). Подібні послідовності були також знайдені у *L. chinensis*, проте вони дещо відрізняються від досліджених раніше видів. Так, аналіз розшифрованої послідовності IGS показав, що у Lichi1 у позиції –1, як і у інших видів покритонасінних рослин, присутній нуклеотид C, проте для Lichi3 він замінений на нуклеотид T, що відбулося в наслідок транзиції. У клоні Lichi1 динуклеотид GC відсутній у позиції –13, але знаходиться у позиціях –12 та –16, тоді як у клоні Lichi3 він присутній тричі, у позиціях –12, –14 та –16. Можна припустити, що один з цих мотивів може слугувати елементом промотора 5S рДНК *L. chinensis*. Також виявилось, що у IGS *L. chinensis* в позиції –28 шестинуклеотидний мотив ТАТАТА відсутній. Натомість в позиції –29 від 5'-кінця кодувальної ділянки розташовується АТ-багатий мотив ТТААГТА-АТАТТ, що, ймовірно, функціонально замінює шестинуклеотидний мотив ТАТАТА, який було знайдено у інших рослин. Майже ідентичний до *L. chinensis* АТ-багатий мотив присутній також в IGS *A. campestre*, *A. platanoides* та *A. Pseudoplatanus* (Русак та ін., 2016; Іщенко та ін., 2019; Панчук та ін., 2019).

Отже, нами встановлено, що у геномі ліджи повтори 5S рДНК відрізняються потенційними зовнішніми елементами промотора. Це можна

пояснити тим, що один з варіантів повторів являє собою функціонально неповноцінний псевдоген, в якому накопичення мутацій відбувається з більшою швидкістю. Такі псевдогени було раніше описано для 5S рДНК інших рослин, наприклад для *Atropa belladonna* (родина Solanaceae) (Volkov et al., 2017). Проте, для того щоб спростувати чи підтвердити цю думку, потрібні подальші дослідження послідовності кодувальних ділянок 5S рДНК, які відповідають кожному із варіантів IGS.

#### Висновки

Довжина повторюваної ділянки 5S рДНК *L. chinensis* становить 321–323 нп. Потенційні зовнішні елементи промотора РНК-полімерази III, які локалізуються у IGS, відрізняються від описаних у літературі для представників інших родин покритонасінних рослин. У геномі *L. chinensis* присутні як мінімум два класи повторів 5S рДНК, які зокрема різняться послідовністю частини IGS, що містить зовнішні елементи промотора.

**Подяка.** Автори висловлюють подяку проф. Р. А. Волкову (Чернівецький національний університет) за участь у обговоренні отриманих результатів.

#### Перелік літератури:

1. Barciszewska M. Z., Szymański M., Erdmann V. A., Barciszewski J. Structure and functions of 5S rRNA. *Acta Biochim. Polon.* 2001. Vol. 48(1). P. 191–198.
2. Baum B. R., Edwards T., Mamuti M., Johnson D. A. Phylogenetic relationships among the polyploid and diploid *Aegilops* species inferred from the nuclear 5S rDNA sequences (Poaceae: Triticeae). *Genome.* 2012. Vol. 55(3). P. 177–193. doi: 10.1139/g2012-006.
3. Besendorfer V., Krajačić-Sokol I., Jelenić S., Puizina J., Mlinarec J., Sviben T., Papeš D. Two classes of 5S rDNA unit arrays of the silver fir, *Abies alba* Mill.: structure, localization and evolution. *Theor. Appl. Genet.* 2005. Vol. 110(4). P. 730–741. doi:10.1007/s00122-004-1899-y.
4. Cloix C., Tutois S. Analysis of 5S rDNA arrays in *Arabidopsis thaliana*: physical mapping and chromosome-specific polymorphisms. *Genom. Res.* 2000. Vol. 10. P. 679–690. doi:10.1101/gr.10.5.679.

5. de Jong P. C. Worldwide maple diversity. In: Wiegrefe S.J., Angus H, Otis D, Gregorey P (eds) Proceedings of the International Maple symposium 02. Gloucestershire: Westonbirt Arboretum and the Royal Agricultural College, 2002. P. 2–11.
6. de Souza T. B., Gaeta M. L., Martins C., Vanzela A. L. L. IGS sequences in *Cestrum* present AT- and GC-rich conserved domains, with strong regulatory potential for 5S rDNA. *Mol. Biol. Reports*. 2020. Vol. 47. P. 55–66. doi: 10.1007/s11033-019-05104-y.
7. Denk T., Grimm G. W. The oaks of western Eurasia: traditional classifications and evidence from two nuclear markers. *Taxon*. 2010. Vol. 59(2). P. 351–366. doi: 10.1002/tax.592002.
8. Douet J., Tourmente S. Transcription of the 5S rRNA heterochromatic genes is epigenetically controlled in *Arabidopsis thaliana* and *Xenopus laevis*. *Heredity*. 2007. Vol. 99(1). P. 5–13. doi:10.1038/sj.hdy.6800964.
9. Fulneček J., Lim K., Leitch A., Kovařík A., Matyášek R. Evolution and structure of 5S rDNA loci in allotetraploid *Nicotiana tabacum* and its putative parental species. *Heredity*. 2002. Vol. 88. P. 19–25. doi: 10.1038/sj.hdy.6800001.
10. Garcia S., Wendel J. F., Borowska-Zuchowska N., Ainouche M., Kuderova A., Kovarik A. The Utility of Graph Clustering of 5S Ribosomal DNA Homoeologs in Plant Allopolyploids, Homoploid Hybrids, and Cryptic Introgressants. *Front. Plant Sci*. 2020. Vol. 11. P. 41. doi: 10.3389/fpls.2020.00041.
11. Harris A. J., Chen Y. S., Olsen R. T., Lutz S., Wen J. On merging *Acer* sections *Rubra* and *Hyptiocarpa*: molecular and morphological evidence. *Phytokeys*. 2017. Vol. 86. P. 9–42. doi: 10.3897/phytokeys.86.13532.
12. Ishchenko O. O., Mel'nyk V. M., Parnikoza I. Y., Budzhak V. V., Panchuk I. I., Kunakh V. A., Volkov R. A. Molecular organization of 5S ribosomal DNA and taxonomic status of *Avenella flexuosa* (L.) Drejer (Poaceae). *Cytol. Genet*. 2020. Vol. 54(6). P. 505–513. doi: 10.3103/S0095452720060055.
13. Ishchenko O. O., Panchuk I. I., Andreev I. O., Kunakh V. A., Volkov R. A. Molecular organization of 5S ribosomal DNA of *Deschampsia antarctica*. *Cytol. Genet*. 2018. Vol. 52(6). P. 416–421. doi: 10.3103/S0095452718060105.
14. Ishchenko O. O., Panchuk I. I., Volkov R. A. Organization of 5S rDNA of field maple (*Acer campestre* L.). *Sci. Herald Chernivtsy University. Biol. (Biol. Systems)*. 2019. Vol. 11(2). P. 40–45. [in Ukrainian] / Іщенко О. О., Панчук І. І., Волков Р. А. Організація 5S рДНК клена польового (*Acer campestre* L.). *Науковий вісник Чернівецького університету. Біологія (Біологічні системи)*. 2019. Т(2). С. 40–45. doi: 10.31861/biosystems2019.01.040.
15. Kubis S. E., Heslop-Harrison. J. S., Desel C., Schmidt T. The genomic organization of non-LTR retrotransposons (LINEs) from three Beta species and five other angiosperms. *Plant Mol. Biol*. 1998. Vol. 36. P. 821–831.
16. Larkin M. A., Blackshields G., Brown N. P., Chen R., McGettigan P. A., McWilliam H., Valentin F., Wallace I. M., Wilm A., Lopez R., Thompson J. D., Gibson T. J., Higgins D. G. Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*. 2007. Vol. 23(21). P. 2947–2948. doi: 10.1093/bioinformatics/btm404.
17. Layat E., Saez-Vasquez J., Tourmente S. Regulation of Pol I-transcribed 45S rDNA and Pol III-transcribed 5S rDNA in *Arabidopsis*. *Plant Cell Physiol*. 2012. Vol. 53(2). P. 267–276. doi:10.1093/pcp/pcr177.
18. Lee S. I., Kim N. S. Transposable elements and genome size variations in plants. *Genomics Inform*. 2014. Vol. 12(3). P. 87. doi: 10.5808/GI.2014.12.3.87.
19. Menzel C. The lychee crop in Asia and the Pacific. Bangkok: FAO, 2002. 108 p.
20. Mlinarec J., Franjevic D., Bockor L., Besendorfer V. Diverse evolutionary pathways shaped 5S rDNA of species of tribe Anemoneae (Ranunculaceae) and reveal phylogenetic signal. *Bot. J. Linn. Soc*. 2016. Vol. 182(1). P. 80–99. doi: 10.1111/boj.12452.
21. Panchuk I. I., Kasijančuk R. M., Volkov R. A. Subrepeats in 5S rDNA as a molecular marker in populations of *Acer platanoides* L. *Factors Experimental Evol. Organisms* 2019. Vol. 25. P. 80–85. [in Ukrainian] / Панчук І. І., Касіяничук Р. М., Волков Р. А. Субповтори у 5S рДНК як молекулярний маркер у популяціях *Acer platanoides* L. *Фактори експериментальної еволюції організмів*. 2019. Т. 25. С. 80–85. doi: 10.7124/FEEO.v25.1143.
22. Peng Y. Y., Wei Y. M., Baum B. R., Zheng Y. L. Molecular diversity of the 5S rRNA gene and genomic relationships in the genus *Avena* (Poaceae: Aveneae). *Genome*. 2008. Vol. 51(2). P. 137–154. doi: 10.1139/G07-111.
23. Pfosser M. F., Guzy-Wróbelska J., Sun B. Y., Stuessy T. F., Sugawara T., Fujii N. The Origin of Species of *Acer* (Sapindaceae) Endemic to Ullung Island, Korea. *Syst. Bot*. 2002 Vol. 27(2). P. 351–367. doi: 1043/0363-6445-27.2.351.
24. Porebski S., Bailey L. G., Baum B. R. Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant Mol. Biol. Rep*. 1997. Vol. 15(1). P. 8–15. doi: 10.1007/BF02772108.
25. Rusak O. O., Petraschuk V. I., Panchuk I. I., Volkov R. A. Molecular organization of 5S rDNA in two ukrainian populations of sycamore (*Acer pseudoplatanus*). *Bull. Vavilov Soc. Genet. Breed. Ukraine*. 2016. Vol. 14(2). P. 216–220. [in Ukrainian] / Русак О. О., Петрашчук В. І., Панчук І. І., Волков Р. А. Молекулярна організація 5S рДНК двох українських популяцій явора (*Acer pseudoplatanus*). *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів*. 2016. Т. 14(2). С. 216–220. doi: 10.7124/visnyk.utgis.14.2.691.

26. Saini A., Jawali N. Molecular evolution of 5S rDNA region in *Vigna* subgenus *Ceratotropis* and its phylogenetic implications. *Plant Syst. Evol.* 2009. Vol. 280. P. 187–206. doi: 10.1007/s00606-009-0178-4.
27. Sambrook J., Fritsch E., Maniatis T. Molecular cloning. New York: Cold Spring Harbor Laboratory, 1989. 1626 p.
28. Shelyfist A. Y., Yakobyshe D. V., Volkov R. A. Molecular structure of 5S rDNA of *Mandragora autumnalis* Bertol. *Bull. Vavilov Soc. Genet. Breed. Ukraine.* 2019. Vol. 17(2). P. 187–195. [in Ukrainian] / Шелифіст А. Є., Якобишен Д. В., Волков Р. А. Молекулярна будова 5S рДНК *Mandragora autumnalis* Bertol. *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів.* 2019. Т. 17(2). С. 187–195. doi: 10.7124/visnyk.utgis.17.2.1220.
29. Simon L., Rabanal F. A., Dubos T., Oliver C., Lauber D., Poulet A., Vogt A., Mandlbauer A., LeGoff S., Sommer A., Duborjal H., Tatout C., Probst A. V. Genetic and epigenetic variation in 5S ribosomal RNA genes reveals genome dynamics in *Arabidopsis thaliana*. *Nucl. Acids Res.* 2018. Vol. 46(6). P. 3019–3033. doi: 10.1093/nar/gky163.
30. Stratiichuk A. S., Derevenko T. O., Tynkevych Y. O. Organization of 5S rDNA repeated unit of *Quercus imbricaria* Michx. *Bull. Vavilov Soc. Genet. Breed. Ukraine.* 2019. Vol. 17(2). P. 179–186. [in Ukrainian] / Стратійчук А. С., Деревенко Т. О., Тинкевич Ю. О. Організація повторюваної ділянки 5S рДНК *Quercus imbricaria* Michx. *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів.* 2019. Т. 17(2). С. 179–186. doi: 10.7124/visnyk.utgis.17.2.1219.
31. Tynkevich Y. O., Nevelska A. O., Chorney I. I., Volkov R. A. Organization and variability of the 5S rDNA intergenic spacer of *Lathyrus venetus*. *Bull. Vavilov Soc. Genet. Breed. Ukraine.* 2015. Vol. 13(1). P. 81–87. [in Ukrainian] / Тинкевич Ю. О., Невельська А. О., Чорней І. І., Волков Р. А. Організація міжгенного спейсера 5S рДНК *Lathyrus venetus*. *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів.* 2015. Т. 13(1). С. 81–87.
32. Tynkevich Y. O., Volkov R. A. 5S ribosomal DNA of distantly related *Quercus* species: molecular organization and taxonomic application. *Cytol. Genet.* 2019. Vol. 53(6). P. 459–466. doi: 10.3103/S0095-452719060100.
33. Tynkevich Y. O., Volkov R. A. Novel structural class of 5S rDNA of *Rosa wichurana* Crep. *Reports of the National Academy of Sciences of Ukraine.* 2014. No 5. P. 143–148. [in Ukrainian] / Тинкевич Ю. О., Волков Р. А. Новий структурний клас 5S рДНК *Rosa wichurana* Crep. *Доповіді Національної академії наук України.* 2014. № 5. С. 143–148.
34. Volkov R. A., Panchuk I. I., Borisjuk N. V., Hosiawa-Baranska M., Maluszynska J., Hemleben V. Evolutional dynamics of 45S and 5S ribosomal DNA in ancient allohexaploid *Atropa belladonna*. *BMC Plant Biol.* 2017. Vol. 17(21). P. 1–15. doi: 10.1186/s12870-017-0978-6.
35. Zhu X. Y., Cai D. T., Ding Y. Molecular and cytological characterization of 5S rDNA in *Oryza* species: genomic organization and phylogenetic implications. *Genome.* 2008. Vol. 51. P. 332–340. doi: 10.1139/G08-016.

Стаття надійшла до редакції 16.11.2020.

Прийнята до друку 3.12.2020

#### ORGANIZATION OF 5S RIBOSOMAL DNA OF LITCHI CHINENSIS SONN.

O. O. Ishchenko, V. V. Kozub, I. I. Panchuk

Yuri Fedkovych National University of Chernivtsi  
Ukraine, 58012 Chernivtsi, Kotsiubynski str. 2  
e-mail: i.panchuk@chnu.edu.ua

**Aim.** 5S ribosomal DNA (5S rDNA) represents a universal model for studying the evolution of repeated sequences in eukaryotic organisms. Taking into account that this region of the genome still remains almost undescribed in species of the family Sapindaceae, we investigated the molecular organization of a repeated unit of 5S rDNA in a member of this family, *Litchi chinensis*. **Methods.** PCR amplification, cloning and sequencing of 5S rDNA. **Results.** It was found that the length of the repeated unit of the 5S rDNA of *L. chinensis* is 321–323 bp. The level of intragenomic similarity of 5S rDNA repeats is 87.1 %. Potential external elements of the RNA polymerase III promoter, which are localized in IGS, differ from those described for members of other families of angiosperms. **Conclusions.** In the genome of *L. chinensis*, at least two classes of 5S rDNA repeats are present, which differ in the sequence of external promoter elements.

**Keywords:** 5S rDNA, molecular evolution, *Litchi chinensis*, Sapindaceae.