

Изучение локализации тандемных повторов в геноме *Thinopyrum ponticum***Научный руководитель – Дивашук Михаил Георгиевич****Кузнецова Виктория Максимовна**

Студент (бакалавр)

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Агрономии и биотехнологии, Москва, Россия
E-mail: vika-kuz367@yandex.ru

Полиплоидизация занимает важное место в эволюции растений. Удвоение геномов явилось важным эволюционным событием в видообразовании, при этом, как полагают, большинство (если не все) виды растений являются древними палеополиплоидами, то есть в ходе своей эволюции пережившие увеличение пloidности [4]. Среди полиплоидов различают автополиплоиды и аллополиплоиды, то есть совмещающие несколько копий соответственно одного и того же или различных субгеномов. При этом между различными субгеномами могут происходить хромосомные перестройки, что приводит к образованию сегментных полиплоидов. Большой интерес представляет вопрос пределов полиплоидизации и сохранения при этом способности к половому размножению. Представителем сегментных полиплоидов злаков является пырей понтийский *Thinopyrum ponticum* (Podp.) Barkworth & D.R. Dewey ($2n = 10x = 70$, JJJJsJs) [2]. Эволюция пырея понтийского представляет собой особый интерес, так как при высоком уровне пloidности и крупных хромосомах, характерных для злаковых, он сохраняет фертильность и способность размножаться семенами. Кроме того, этот вид легко скрещивается с пшеницей [3] и может быть донором полезных признаков: устойчивость к листовой и стеблевой ржавчине, устойчивость к абиотическим стрессам, таких как засоление и засухе, а также к мозаике (WSWY) и вирус желтой карликовости ячменя (BYDV). Одним из методов, широко применяемых для изучения эволюции геномов, филогенетики, крупногеномных перестроек (транслокаций, инверсий, замещений) у полиплоидов является флуоресцентная *in situ* гибридизация (FISH).

В ходе нашей работы была проведена локализация 12 новых (П720, П631, П170, П509, П332, П317, П431, П525, П496, П497, П699, П572) [1] и 5 ранее известных (pSc200, pSc250, pSc119,2; pTa535 и (CAA)_n) тандемных повторов на хромосомах *Th. ponticum* с помощью FISH. На основании полученных данных составлены кариотипы и идеограммы хромосом *Th. ponticum*. На основании полученных данных нами было продемонстрировано, что *Th. ponticum* имеет лишь один общий геном с *Th. intermedium*, что заставляет пересмотреть геномную формулу пырея понтийского, а также предполагаемые пути его полиплоидизации и эволюции.

Литература

1. Кхуат Тхи Май Льюнг. Анализ организации повторяющихся последовательностей ДНК в геномах дикорастущих сородичей пшеницы. Автореф. дисс. ... к.б.н. Москва. 2016.
2. Brasileiro-Vidal A. C. et al. Chromosome characterization in *Thinopyrum ponticum* (Triticeae, Poaceae) using *in situ* hybridization with different DNA sequences // Genetics and Molecular Biology. 2003. Т. 26. №. 4. С. 505-510.
3. Li D., Zhang X. Y. Physical Localization of the 18S-5.8S-26S rDNA and Sequence Analysis of ITS Regions in *Thinopyrum ponticum* (Poaceae: Triticeae): Implications for Concerted Evolution // Annals of Botany. 2002. Т. 90. №. 4. С. 445-452.
4. Levy A. A., Feldman M. The impact of polyploidy on grass genome evolution // Plant physiology. 2002. Т. 130. №. 4. С. 1587-1593.