

Поиск видоспецифичных тандемных повторов у *Allium cepa*, *Allium fistulosum* и *Allium x wakegi* и изучение их хромосомной организации**Научный руководитель – Хрусталёва Людмила Ивановна****Одинцов Сергей Вячеславович***Студент (магистр)*Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Агрономии и биотехнологии, Генетики и биотехнологии, Москва, Россия*E-mail: sodinc@yandex.ru*

Тандемные повторы являются ценным источником цитогенетических маркеров для идентификации индивидуальных хромосом [2]. FISH с тандемными повторами был успешно использован для идентификации хромосом и изучения их эволюции на ряде культур, в том числе луке репчатом *Allium cepa* [3]. Род *Allium* включает экономически важные культуры, такие как репчатый лук ($2n = 2x = 16$), лук-батун (*Allium fistulosum*, $2n = 2x = 16$), лук-порей (*A. porrum*, $2n = 4x = 32$), и чеснок (*A. sativum*, $2n = 2x = 16$). Все эти виды обладают огромным геномом и крупными хромосомами в митозе, что делает также их хорошими модельными объектами изучения цитологии и цитогенетики растений.

В данной работе при помощи программы RepeatExplorer были найдены и картированы *in situ* тандемные повторы: Сера Multi-locus Tandem (СМТ1) и Сера Pericentromeric Tandem (СРТ1). Они формируют специфичные паттерны на пяти хромосомах из восьми, относящихся к геному *A. cepa*: 2, 4, 6, 7 и 8. Была установлена их локализация на хромосомах, входящих в геном *A. x wakegi* - естественного гибрида между *A. cepa* и *fistulosum*. Обнаружено присутствие повтора СМТ1 на хромосоме 8 *A. fistulosum*. Был проведён сравнительный анализ хромосомной организации обнаруженных нами ранее повторов НАТ58 [4] и САТ36 [1]: выявлено различие между длиннодневным сортом Русский зимний и короткодневной линией AVON1114 *A. fistulosum*: у короткодневной линии отсутствовал полиморфный паттерн НАТ58 на длинном плече 7 хромосомы. Найденные нами хромосом и видоспецифичные повторы могут быть использованы для идентификации индивидуальных хромосом в селекции лука. В работе обсуждается роль семейств повторяющейся ДНК в эволюции хромосом и видообразовании

Исследование выполнено при финансовой поддержке РНФ проекта № 16-16-10031.

Источники и литература

- 1) Киселева, А.В. Создание геномной ВАС библиотеки *Allium fistulosum* L. и ее использование в молекулярно-цитогенетических исследованиях / А.В. Киселева – Дисс. ... канд.биол.наук. Москва, 2013. – 151 с. : ил.
- 2) Albert P.S., Gao Z., Danilova T.V., Birchler J.A. Diversity of chromosomal karyotypes in maize and its relatives // Cytogenet Genome Res. 2010, №129(1–3). p.6–16.
- 3) Do G.S., Seo B.B., Yamamoto M., Suzuki G., Mukai Y. Identification and chromosomal location of tandemly repeated DNA sequences in *Allium cepa* // Genes Genet Syst. 2001, №76. p.53–60.
- 4) Kirov I., Divashuk M., Van Laere K., Soloviev A., Khrustaleva L. An easy “SteamDrop” method for high quality plant chromosome preparation // Mol Cytogenet. 2014, №7(1). p.21.