

## Цитогенетическая характеристика рода *Dasypyrum*

Научный руководитель – Дивашук Михаил Георгиевич

*Кузнецова Виктория Максимовна*

*Студент (магистр)*

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

*E-mail: vika-kuz367@yandex.ru*

Род *Dasypyrum* состоит из двух диплоидных видов *D. villosum* ( $2n=14$ ) и *D. breviaristatum* ( $2n=28$ ). Оба вида рода *Dasypyrum* используются в качестве доноров хозяйственно-ценных признаков для улучшения пшеницы, так как эти виды обладают устойчивостью к мучнистой росе, полосатой ржавчине, вирусу табачной мозаики, а также отличаются высоким содержанием и качеством белка в семенах [2, 3]. *D. villosum* – распространённый от Средиземного до Каспийского моря однолетний дикорастущий злак с геномной формулой VV. *D. breviaristatum* многолетнее растение, произрастающее в двух изолированных районах: в Атласских горах (северо-запад Африки) и горах Тайгетос (Греция). До сих пор остается дискуссионным вопрос относительно его субгеномного состава. Высказываются гипотезы, что данный вид представляет собой либо автополиплоид (VbVbVbVb), либо аллотетраплоид (VVVbVb).

Флуоресцентная *in situ* гибридизация (FISH), позволяющая физически локализовать последовательности ДНК на хромосомах, является одним из эффективных методов для изучения эволюции геномов, филогенетики, крупногеномных перестроек (транслокаций, инверсий, замещений) и для визуализации чужеродных хромосом в гибридах. Метод FISH был использован в данной работе для изучения субгеномного состава *D. breviaristatum*.

В данной работе были изучены два растения *D. breviaristatum* из одного места произрастания и одно растение *D. villosum*. В качестве цитогенетических маркеров были использованы тандемные повторы П720 и П332 [1], микросателлиты ((CAA) $n$ , (GAA) $n$  и 45S рДНК. Такая комбинация маркеров позволяет идентифицировать каждую хромосому *D. villosum* и *D. breviaristatum*. Распределение сигналов использованных маркеров показало, что растения *D. breviaristatum* из одного места произрастания отличаются друг от друга. Одно из них является гетерозиготным (гомологи нескольких хромосом не несли соответствующих сигналов), а второе гомозиготным (выявлялись соответствующие сигналы у всех гомологов). Полученные результаты подтвердили гипотезу об аллополиплоидной природе *D. breviaristatum*.

### Источники и литература

- 1) Кхуат Тхи Май Лыонг. Анализ организации повторяющихся последовательностей ДНК в геномах дикорастущих сородичей пшеницы. Автореф. дисс. . . к.б.н. Москва. 2016.
- 2) Baum B. R., Edwards T., Johnson D. A. What does the nr5S DNA multigene family tell us about the genomic relationship between *Dasypyrum breviaristatum* and *D. villosum* (Triticeae: Poaceae)? //Molecular genetics and genomics. – 2014. – Т. 289. – №. 4. – С. 553-565.
- 3) Li G. et al. Molecular cytogenetic characterization of *Dasypyrum breviaristatum* chromosomes in wheat background revealing the genomic divergence between *Dasypyrum* species //Molecular Cytogenetics. – 2016. – Т. 9. – №. 1. – С. 6.