

**Анализ конъюгации гомеологичных хромосом между *A. cepa* и *A. fistulosum* в мейозе гибридов F<sub>1</sub> в области субтеломерного повтора с помощью FISH и GISH**

**Научный руководитель – Хрусталева Людмила Ивановна**

***Сыропятова Екатерина Игоревна***

*Студент (бакалавр)*

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,  
Садоводства и ландшафтной архитектуры, Селекции и семеноводства садовых культур,  
Москва, Россия

*E-mail: katerinap1323@yandex.ru*

Интрогрессия хозяйственно-ценных признаков от *A. fistulosum* L. в геном репчатого лука (*A. cepa* L.) является важной задачей селекции. Однако её решение осложняется практически полной стерильностью диплоидных гибридов F<sub>1</sub> и F<sub>2</sub>, а также гибелью проростков BC<sub>1</sub> [1, 4]. Возможными причинами стерильности гибридов может служить ряд цитогенетических различий родительских видов: 1) Различия в паттерне рекомбинации: у *A. cepa* хиазмы локализованы в дистальных регионах, тогда как у *A. fistulosum* они имеют строго проксимальное расположение [3]. 2) Структурные особенности хромосом: наличие крупного субтеломерного повтора на хромосомах *A. fistulosum*, который может выступать физическим барьером для образования хиазм в прилегающих районах. 3) Длина хромосом: хромосомы *A. cepa* почти на 30% крупнее, чем у *A. fistulosum*, что потенциально затрудняет полноценную конъюгацию гомеологов в мейозе.

При стандартном цитологическом анализе (например, окрашивание ацетокармином) точная локализация хиазм в гибридных бивалентах F<sub>1</sub> невозможна. С одной стороны, морфологическое сходство хромосом *A. cepa* и *A. fistulosum* не позволяет различить гомеологов в биваленте и, следовательно, определить, локализацию хиазмы в каждой хромосоме. С другой стороны, на монохромно окрашенных препаратах невозможно достоверно картировать положение хиазм относительно центромерных и субтеломерных районов, что необходимо для анализа межвидовых различий в локализации рекомбинаций.

В данной работе мы применили комбинированный подход с использованием GISH и FISH на препаратах мейоза гибрида F<sub>1</sub>. GISH с геномной ДНК *A. fistulosum* использовался для дифференциации родительских геномов, а FISH с пробой к центромерному (Afi11 [5]) и субтеломерному [2] повторам — для идентификации соответствующих хромосомных доменов.

Объединение протоколов позволило получить высококачественные изображения хромосом для идентификации родительских геномов в бивалентах гибрида и точного анализа локализации хиазм относительно центромеры и субтеломеры. Также анализ препаратов мейотических хромосом гибридов выявил множество аномального поведения гомеологичных хромосом в бивалентах, таких как хромосомные мосты, униваленты, образование хиазм в области субтеломерного повтора.

### **Источники и литература**

- 1) Emsweller S. L., Jones H. A. A gene for control of interstitial localization of chiasmata in *Allium fistulosum* L //Science. – 1935. – Т. 81. – №. 2109. – С. 543-544.
- 2) Irifune, K., Hirai, K., Zheng, J. et al. Nucleotide sequence of a highly repeated DNA sequence and its chromosomal localization in *Allium fistulosum*. Theoret. Appl. Genetics 90, 312–316 (1995).

- 3) Kudryavtseva N. et al. The Control of the Crossover Localization in Allium //International Journal of Molecular Sciences. – 2023. – Т. 24. – №. 8. – С. 7066.
- 4) Maeda S. Über die chemische Natur des Papains //Bulletin of the Chemical Society of Japan. – 1937. – Т. 12. – №. 6. – С. 319-325.
- 5) Nagaki K, Yamamoto M, Yamaji N, Mukai Y, Murata M. Chromosome Dynamics Visualized with an Anti-Centromeric Histone H3 Antibody in Allium. 2012.