

Перицентрическая инверсия и нарушение коллинеарности хромосомы 4 у видов *Allium cepa* и *Allium fistulosum***Научный руководитель – Хрусталева Людмила Ивановна****Ермолаев Алексей Сергеевич**

Студент (бакалавр)

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

E-mail: ermol-2012@yandex.ru

Лук репчатый (*Allium cepa* L., $2n = 2x = 16$) и лук-батун (*Allium fistulosum* L., $2n = 2x = 16$) являются одними из наиболее распространенных овощных культур во всем мире. Луки обогащены веществами, содержащими серу, ответственными за их специфический запах и способность вызывать слезотечение [2]. Ферменты аллииназы участвуют в биосинтезе этих веществ. Аллииназы делятся в зависимости от локализации их экспрессии на аллииназы корня (экспрессируются в корнях) и аллииназы луковицы (экспрессируются в луковице и листьях).

Гены аллииназ являются высоко экспрессирующимися [1, 3] Наше знание о синтении и коллинеарности этого мультигенного семейства у видов рода *Allium* скудно. Изучение геномной организации генов аллииназы в видах рода *Allium* является практически значимым для эффективной межвидовой селекции, основанной на интрогрессии ценных генов путем гомологичной рекомбинации [4].

Молекулярно-цитогенетическое картирование генов аллииназ *A. cepa* и *A. fistulosum* выявило, что у данных видов отличаются паттерны локализации этих генов на хромосоме 4: у *A. cepa* сигналы генов аллииназы луковицы, аллииназы корня *All1* и калхонсинтазы *CHS* располагаются на длинном плече хромосомы 4, тогда как у *A. fistulosum* - на коротком. Была выдвинута гипотеза о том, что нарушение коллинеарности могло произойти из-за крупной перицентрической инверсии у предковой формы луков, что могло стать одним из факторов образования репродуктивного барьера между ними. Для проверки гипотезы были отобраны EST-маркеры расположенные на генетической карте хромосомы 4 *A. cepa* [5]. Проведен поиск в базе данных NCBI соответствующих ESTs и их выравнивание с геномными последовательностями известных генов с высокой гомологией. С помощью разработанных праймеров получены геномные ампликоны для сравнительного *in situ* картирования на физических хромосомах *A. cepa* и *A. fistulosum*. В работе обсуждается роль хромосомных инверсий в репродуктивной изоляции и видообразовании.

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

Источники и литература

- 1) Do, G.S., Suzuki, G., Mukai, Y. Genomic organization of a novel root alliinase gene, ALL1, in onion // Gene. 2004, №325. p. 17-24.
- 2) Lancaster, J.E., Collin, H.A. Presence of alliinase in isolated vacuoles and of alkylcysteine sulphoxides in the cytoplasm of bulbs of onion (*Allium cepa*) // Plant Science Letters. 1981, №22(2). p. 169-176.
- 3) Lancaster, J.E., Shaw, M.L., Pither Joyce, M.D., McCallum, J.A., McManus M.T. A Novel Alliinase from Onion Roots. Biochemical Characterization and cDNA Cloning // Plant Physiol. 2000, №122(4). p. 1269-1280.

- 4) Marand, A.P., Zhang, T., Zhu, B., Jiang, J. Towards genome-wide prediction and characterization of enhancers in plants // *Biochimica et Biophysica Acta*. 2017, №1860(1). p. 131-139.
- 5) McCallum, J., Baldwin, S., Shigyo, M., Deng, Y., van Heusden, S., Pither-Joyce, M., Kenel, F. AlliumMap-A comparative genomics resource for cultivated Allium vegetables // *BMC Genomics*. 2012, №13. p. 2-7.