

ВОСЬМАЯ ХРОМОСОМА, КАК ВОЗМОЖНОЕ МЕСТО ЛОКАЛИЗАЦИИ ГЕНОВ ПАРТЕНОГЕНЕЗА У КУКУРУЗЫ

Апанасова Н. В. , Юдакова О. И.

*Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования
«Саратовский национальный исследовательский государственный университет имени Н.Г.
Чернышевского»
apanasova.natasha@mail.ru*

Гаплоидные растения используются для ускоренного создания чистых линий и высокопродуктивных гибридов. Низкая частота спонтанной гаплоидии (0,01-0,001%) заставляет исследователей искать различные способы ее искусственного повышения. Зачастую это сложно сделать из-за недостатка знаний о генетической детерминации партеногенеза – основного механизма образования гаплоидов. Уникальные партеногенетические линии кукурузы с наследственной предрасположенностью к матроклинной гаплоидии были созданы на кафедре генетики Саратовского государственного университета имени Н.Г. Чернышевского. У растений этих линий яйцеклетки способны развиваться в зародыш без оплодотворения. В результате средняя частота гаплоидов в потомстве составляет 10-15%. Количество гаплоидов возрастает при искусственной задержке опыления до 7 суток. Изучение данных линий может способствовать пониманию генетической детерминации партеногенеза у растений.

Для определения локализации генетических факторов, отвечающих за наследуемый партеногенез, был проведен анализ 15 линий АТТМ. Они были выведены от скрещивания материнской линии Тестер Мангельсдорфа (ТМ), каждая хромосома которой маркирована рецессивным геном, и отцовской линии АТ 1 (Апомиктичная Тырнова 1) с наследственной предрасположенностью к матроклинной гаплоидии. Линии серии АТТМ различаются комбинациями хромосом, унаследованных от их родительских форм. Гаплоидные растения регулярно встречались у 14 из 15 изученных линий. У одной линии появления гаплоидов в потомстве не зарегистрировано.

Линии с повышенной частотой гаплоидии характеризовались разными комбинациями маркерных признаков, унаследованных от линии ТМ. В то же время их объединяло отсутствие маркерных ген *a1* (*anthocyaninless*) и *j1* (*japonica*), локализованных в 3 и 8 хромосомах. Следовательно, все эти линии унаследовали 3 и 8 немаркированные хромосомы от линии АТ 1, а с ними, как можно было бы предположить, и наследственную предрасположенность к партеногенезу. Однако несклонная к партеногенезу линия АТТМ (*bm₂*, *lg₁*, *y₁*, *j₁*) имеет немаркированную третью хромосому от линии АТ 1 и восьмую хромосому с геном *j₁* от линии ТМ, что заставляет исключить третью хромосому из списка кандидатов, ответственных за детерминацию партеногенеза.

Таким образом, полученные результаты дают основания полагать, что у кукурузы восьмая хромосома является наиболее вероятным местом локализации гена или генов, отвечающих за партеногенез.

THE EIGHTH CHROMOSOME AS A POSSIBLE LOCATION OF PARTHENOGENESIS GENES IN MAIZE

Apanasova N. V. , Yudakova O. I.

Saratov State University
apanasova.natasha@mail.ru

Haploid plants are used for accelerated creation of pure lines and highly productive hybrids. Low frequency spontaneous haploidy (0.01-0.001%) forces researchers to look for various ways to artificially increase it. This is often difficult to do due to lack of knowledge about the genetic determination of parthenogenesis, which is the main mechanism for the formation of haploids. Unique parthenogenetic lines of corn with inherited matroclinal haploidy were created at the Department of Genetics of Saratov State University. The egg cells of these plants are able to develop into an embryo without fertilization. As a result, the average frequency of haploids in the offspring is 10-15%. The number of haploids increases with an artificial delay of pollination up to 7 days. Studying these lines can contribute to understanding the genetic determination of parthenogenesis in plants.

Analysis of 15 lines of the ATTM series was carried out to determine the localization of genetic factors responsible for inherited parthenogenesis. These lines were derived from crossing the maternal line Tester Mangelsdorff (TM), ea chromosome of which is marked with a recessive genes, and the paternal line AT 1 (Apomictic Tyrnova 1) with a hereditary predisposition to matroclinal haploidy. The lines of the ATTM series differ in combinations of chromosomes inherited from their parental forms. Haploid plants were regularly found in 14 of the 15 studied lines. The occurrence of haploids in the offspring was not recorded only in one line.

Lines with an increased frequency of haploidy are characterized by different combinations of marker traits inherited from the TM line. At the same time, they are united by the absence of marker geny *a1* (*anthocyaninless*) and *j1* (*japonica*) *j1*, localized in the 3rd and 8th chromosomes. Therefore, all these lines inherited the 3rd and 8th unmarked chromosomes from the AT 1 line. It could be assumed that they inherited the ability to parthenogenesis with these chromosomes. However, the ATTM (bm₂, lg₁, y₁, j₁) line, that is unable to produce haploids, also has an unmarked 3rd chromosome from the AT 1 line, but an 8th chromosome with the *j1* gene from the TM line. This forces us to exclude the 3rd chromosome from the list of candidates responsible for the determination of parthenogenesis. Thus, the obtained results give grounds to believe that the eighth chromosome is the most likely location of the gene or genes responsible for parthenogenesis in maize.