

ПРИМЕНЕНИЕ МЕТОДА БАРКОДИРОВАНИЯ ДНК ДЛЯ ИДЕНТИФИКАЦИИ И ТАКСОНОМИЧЕСКОГО АНАЛИЗА СЕМЕЙСТВА ЯСНОТКОВЫЕ (LAMIACEAE)

Н.Н. Гұбайдуллин, Н.Б. Жұмабай, Ш.А. Манабаева

Национальный центр биотехнологии
Республика Казахстан, 010000, г. Астана, Кургальжинское шоссе 13/5
e-mail: nurbek.zhumabay10@gmail.com

Семейство Яснотковые, известное своими ароматическими растениями, насчитывает 237 родов и 7756 видов, из которых 1056 используются в медицине, что составляет 13,7%. Лаванда, мята, базилик и тимьян относятся к числу хорошо известных видов, имеющих значение в медицине и кулинарии. Маркеры, основанные на фенотипических признаках, зачастую не позволяют более подробно изучить видовые спецификации растений, тогда как молекулярные методы позволяют более точно идентифицировать и классифицировать растения на уровне ДНК.

Баркодирование ДНК, основанное на стандартизированных последовательностях ДНК, является универсальным методом идентификации видов. В данном исследовании мы применили этот метод для анализа геномной ДНК 14 видов семейства Яснотковых, произрастающих на территории Карагандинской области. Геномная ДНК была экстрагирована из гербарных образцов с помощью стандартного метода. Частичная последовательность пластидного гена большой субъединицы гена рибулозо-бисфосфаткарбоксылазы (*rbcL*) была использована в качестве молекулярного маркера для ДНК идентификации видов Яснотковых. Геномный локус был амплифицирован праймером *rbcL_F* (5'-ATGTCACCAACAACAGAGACTAAAGC-3') *rbcL_R* (5'-GTAAAATCAAGTCCACCRCG-3'). Полимеразная цепная реакция была проведена в объеме 20 микролитров, с 0,5 единиц DreamTaq-ДНК полимеразы и 50-100 нг ДНК. Секвенирование проводилось по методу Сэнгера с использованием набора для секвенирования BigDye™

Terminator. Идентификация проводилась с использованием BLAST, поиск проводился в глобальной базе данных NCBI. Анализ данных был проведен с помощью программного обеспечения MEGA11.

В результате 85,7% образцов было успешно амплифицировано. Средняя длина последовательностей составила 587 п.н., средняя длина выравнивания 573 п.н. Соотношение G:C 23:21%. Консервативные участки занимают 93,3% от общей длины выравнивания, остальные 6,7% приходится на долю вариабельных участков. Было обнаружено 16 однонуклеотидных полиморфизмов. Расчеты эволюционных расстояний проводились по моделям Джукса-Кантора, Кимуры и Тамура-Ней, и в среднем составили 0.0209, 0.021 и 0.021 соответственно. Самая минимальная дистанция наблюдалась между видами *Thymus rasitatus* и *Thymus kirgisorum*, а также между видами *Nepeta heliotropifolia* и *Nepeta nuda*. То есть данные виды абсолютно идентичны друг с другом в рамках полученных нуклеотидных последовательностей. Максимальная дистанция среди видов составила 0,0357.

Все полученные нуклеотидные последовательности были загружены в международную базу данных NCBI. Нуклеотидные последовательности *rbcL* пяти видов семейства *Lamiaceae* (*Thymus rasitatus*, *Lycopus exaltatus*, *Thymus kirgisorum*, *Mentha micrantha* и *Nepeta heliotropifolia*) были загружены в базу данных впервые.