

ИДЕНТИФИКАЦИЯ РАСТЕНИЙ СЕМЕЙСТВА *FABACEAE* ПРИ ПОМОЩИ МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНОГО БАРКОДИРОВАНИЯ

Б.Р. Қали, А.С. Ахметоллаева, М.Ю. Сутула, Ш.А. Манабаева

Национальный центр биотехнологии

Республика Казахстан, 010000, г.Астана, Кургальжинское шоссе 13/5

e-mail: manabayeva@biocenter.kz

Семейство *Fabaceae* включает более 550 родов и 13 000 видов, распространенных по различным регионам мира, что делает его одним из крупнейших семейств растений на планете. В Казахстане отмечается присутствие 42 родов и приблизительно 650 видов этого семейства. Благодаря высокому содержанию белка бобовые культуры, такие как бобы, фасоль, соя, горох, а также кормовые растения, включая клевер, люцерну, эспарцет и донник, нашли широкое применение в пищевой и кормовой промышленности. Бобовые также активно используются в промышленности для производства биоразлагаемых материалов, масел, красителей и биодизельного топлива.

ДНК-баркодирование представляет собой полезный метод для идентификации видов с использованием стандартизированных ДНК-маркеров. Этот метод эффективно применяется для инвентаризации растительного видового разнообразия, однако идентификация некоторых видов семейства *Fabaceae* может быть затруднена из-за их морфологической схожести и изменчивости. Таким образом, важными являются усилия по сохранению этого разнообразия для предотвращения его дальнейшего сокращения. Это зависит от точности идентификации видов, которая может быть достигнута как с помощью традиционных таксономических методов, так и молекулярных подходов. Многие исследователи отмечают неэффективность морфологической идентификации, особенно в сложных таксономических группах, таких как *Fabaceae*.

Для оценки генетического разнообразия четырнадцати видов семейства *Fabaceae* были проведены анализы с использованием трех пар праймеров. Растительный материал был собран

в Карагандинской области. Для выделения ДНК использовался метод СТАВ. В работе были использованы два хлоропластных маркера (*matK*, *rbcL*) и один ядерный маркер (*ITS*). Полученные последовательности были проанализированы с использованием программного обеспечения Vector NTI и MEGA11. Последовательности были зарегистрированы в базе данных GenBank NCBI, а ваучерные образцы хранятся в гербарии Национального центра биотехнологии в Астане, Казахстан.

Наше исследование демонстрирует эффективность использования ДНК-баркодирования для идентификации видов в семействе *Fabaceae*. Нуклеотидные последовательности по молекулярно-генетическим маркерам *ITS*, *rbcL* и *matK* были проанализированы методом Maximum Likelihood. Оценены основные показатели генетического разнообразия, включая дивергенцию нуклеотидов, долю консервативных, полиморфных и сегрегирующих участков генома. Все исследованные ДНК-баркоды успешно идентифицировали виды на уровне рода с высокой точностью. Наши результаты подчеркивают значимость выбора молекулярных маркеров с учетом их изменчивости для достижения точности филогенетического анализа. Мы продемонстрировали воспроизводимость результатов секвенирования и показали, что ядерные последовательности *ITS* обеспечивают лучшую поддержку, чем пластидные маркеры *matK* и *rbcL*, для точной идентификации на уровне вида. Для сохранения биологического разнообразия семейства *Fabaceae* в Казахстане необходимы дальнейшие детальные популяционные исследования.