

ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ МАРКЕРОВ ДНК-ШТРИХКОДИРОВАНИЯ ФЛОРЫ СОСУДИСТЫХ РАСТЕНИЙ АКМОЛИНСКОЙ ОБЛАСТИ И КАЗАХСТАНСКОГО АЛТАЯ

С.М. Магзумова, А.С. Туржанова

Национальный центр биотехнологии

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

e-mail: turzhanova-ainur@mail.ru

В условиях усиливающихся антропогенных стрессов и глобальных изменений окружающей среды, проблема изучения, сохранения и рационального использования биоразнообразия остается актуальной. Среди важных аспектов для решения проблем сохранения биоразнообразия выделяется определение наименования, видовой и внутривидовой систематики живых организмов, которые являются основополагающими для биологических исследований. Одним из методов изучения биоразнообразия и генетической идентификации является ДНК-штрихкодирование. В последнее время этот метод рассматривается как один из наиболее полезных и объективных «инструментов» идентификации видов на основе разнообразия последовательностей маркерных генов ядерного и хлоропластного геномов.

В данном исследовании мы применили метод ДНК-баркодирование для анализа флоры сосудистых растений Акмолинской области и Казахстана Алтай, используя маркеры *matK*, *rbcL*, *ITS1* и *ITS2*. Значительное количество исследований отмечает высокую эффективность использования в качестве маркеров большие субъединицы RuBisCo (*rbcL*) в сочетании с интронной матуразой (*matK*), а также маркеры ядерного генома – рибосомальные внутренние транскрибируемые спейсеры ITS. Это наиболее подробно охарактеризованные и быстро эволюционирующие гены, разрешающая способность которых достаточно высока при совмест-

ном использовании.

Объектом исследования была ДНК-коллекция следующих семейств растений: *Ranunculaceae*, *Amaryllidaceae*, *Amaranthaceae*, *Betulaceae*, *Poaceae*, *Brassicaceae*, *Asteraceae*, *Asparagaceae*, *Lamiaceae*, *Paeoniaceae*, *Crassulaceae*, *Polygonaceae*, *Caryophyllaceae*, *Fabaceae* и др. Геномную ДНК экстрагировали из живых растений и гербарных образцов с применением модифицированного кислого экстракционного СТАВ с обработкой РНКазой А.

Результаты исследования включают оценку эффективности маркеров для ДНК-штрихкодирования растений по их уровню амплификации и способности различать виды. Ранжирование по этим признакам показывает, что амплификация с праймерами *rbcL* и ITS проходила примерно у 90-95% образцов ДНК, в то время как амплификация *matK* была затруднительна (56–90%). По способности к дифференциации наиболее эффективным оказалось использование ITS маркеров: во всех случаях консенсусные маркерные последовательности видов на 98–100% совпали с последовательностями NCBI. По остальным маркерам показатели идентичности были ниже у *matK* (45–80%) и *rbcL* (17–92%).

Полученные генетические данные были загружены в базу данных GenBank в открытом доступе обеспечивая широкое применение в области экологии, биоразнообразия и генетики.