

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ВИДОВОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ ЕЖЕВИКИ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ БАРКОДИРОВАНИЯ НА ТЕРРИТОРИИ ЧЕРНОМОРСКОГО ПОБЕРЕЖЬЯ

Меньков М. Т. , Журавлев И. Ю. , Добаркина Н. А. , Евлаш А. Я. , Маркова Е. Н. ,
Шипилина Л. Ю. , Розанов А. С.

Научно-технологический университет "Сириус"
kuu77753@gmail.com

Современная биология сталкивается с проблемой точной идентификации видов растений, особенно в сложных родах, как *Rubus*. На территории России род *Rubus* включает в себя семь подродов: *subgen. Idaeobatus*, *subgen. Rubus*, *subgen. Cylactis*, *subgen. Chamaerubus*, *subgen. Hummulibatus*, *subgen. Petrobatus*, *subgen. × Idaeorubus*. В нашем исследовании интерес вызывает подрод *Rubus*, так как морфологические различия видов часто недостаточны для их разграничения из-за их частой гибридизации.

Территория между реками Мзымта и Псоу имеет различные геоморфологические условия, и, как следствие, большое разнообразие экологических ниш. Ежевики, которые здесь обитают, обладают широким набором фенотипических характеристик, что затрудняет их видовую идентификацию. С целью определения таксонов гибридного происхождения необходимо провести не только морфологические исследования, но и молекулярные, что позволит точно идентифицировать ежевику в пределах ФТ Сириус.

Наиболее точным и достоверным методом определения видовой принадлежности является использование ДНК-маркеров. Наиболее широкое применение получили следующие маркеры: последовательность ядерного спейсера (*ITS1*, *ITS2*) и последовательности хлоропластных генов (*matK*, *rbcL*).

Многочисленные исследования показывают, что *ITS*-маркеры (*Internal Transcribed Spacer*) являются одними из наиболее эффективных для идентификации видов растений. Работы Сархановой и коллег (2017) продемонстрировали высокую вариабельность *ITS*-регионов для разграничения близкородственных видов. Исследования Груанда (2017) по использованию *AmpliSeq* для анализа ампликонов показали, что этот метод обеспечивает высокую точность выявления видов.

Цель исследования — выявить видовое разнообразие и гибриды ежевики на территории Черноморского побережья в районе, ограниченном реками Псоу и Мзымта.

Образцы растений рода *Rubus*, собранные в течение полевого сезона 2024 года, послужили источником данных. ДНК экстрагировалась из свежих листьев и гербарных образцов, с последующей амплификацией *ITS*-региона и хлоропластных регионов с помощью ПЦР. Полученные ампликоны будут секвенированы методом *AmpliSeq*. Использование ДНК-баркодирования с применением *ITS*-маркеров, хлоропластных маркеров и метода *AmpliSeq* позволит уточнить видовой состав рода *Rubus* на территории Черноморского побережья.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-16-20042.

Ключевые слова: ежевика, баркодирование, секвенирование, молекулярный маркер, определение видов.

DETERMINATION OF THE SPECIES OF BLACKBERRY USING BARCODE ON THE TERRITORY OF THE BLACK SEA COAST

Menkov M. T. , Zhuravlev I. Y. , Dobarkina N. A. , Evlash A. Y. , Markova E. N. ,
Shipilina L. Y. , Rozanov A. S.

Sirius University of Science and Technology
kuu77753@gmail.com

Modern biology faces the problem of precise identification of plant species, especially in complex genera such as *Rubus*. In Russia, the genus *Rubus* includes seven subgenera: *subgen. Idaeobatus*, *subgen. Rubus*, *subgen. Cylactis*, *subgen. Chamaerubus*, *subgen. Hummulibatus*, *subgen. Petrobatus*, *subgen. × Idaeorubus*. In our study, the subgenus *Rubus* is of interest, since the morphological differences of species are often insufficient for their differentiation due to their frequent hybridization.

The territory between the Mzymta and Psou rivers has various geomorphological conditions, and as a consequence, a wide variety of ecological niches. Blackberries that live here have a wide range of phenotypic characteristics, which complicates their species identification. In order to determine taxa of hybrid origin, it is necessary to conduct not only morphological studies, but also molecular ones, which will allow for precise identification of blackberries within the Sirius FT. The most accurate and reliable method for determining species identity is the use of DNA markers. The following markers are most widely used: nuclear spacer sequence (*ITS1*, *ITS2*) and chloroplast gene sequences (*matK*, *rbcL*).

Numerous studies show that *ITS* markers (*Internal Transcribed Spacer*) are among the most effective for identifying plant species. The work of Sarkhanova and colleagues (2017) demonstrated high variability of *ITS* regions for distinguishing closely related species. Research by Gruand (2017) on the use of *AmpliSeq* for amplicon analysis showed that this method provides high accuracy in identifying species.

The purpose of the study was to identify the species diversity and hybrids of blackberries on the Black Sea coast in the area bounded by the Psou and Mzymta rivers.

Samples of *Rubus* plants collected during the 2024 field season served as a source of data. DNA was extracted from fresh leaves and herbarium samples, followed by amplification of the *ITS* region and chloroplast regions using PCR. The resulting amplicons will be sequenced using the *AmpliSeq* method.

The use of DNA barcoding using *ITS* markers, chloroplast markers and the *AmpliSeq* method will help clarify the species composition of the *Rubus* genus on the Black Sea coast.

The study was supported by the grant of the Russian Science Foundation No. 24-16-20042.

Keywords: blackberry, barcoding, sequencing, molecular marker, species determination.