

Баркодирование ДНК растений на федеральной территории «Сириус»

И.Ю. Журавлев^{1*}, Е.С. Тюрина¹, Е.Н. Маркова¹, Н.А. Добаркина¹, М.Т. Меньков¹, А.Я. Евлаш¹,
Л.Ю. Шипилина^{1, 2}, А.С. Розанов¹

¹ Направление «Биология и биотехнология растений», Научный центр генетики и наук о жизни, Научно-технологический университет «Сириус», федеральная территория «Сириус», Краснодарский край, Россия

² Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

* zhuravlev.iy@talantiuspeh.ru

Цель: Оценка видового состава интродуцированных растений (ежевика *Rubus spp.*, эвкалипт *Eucalyptus spp.*) на федеральной территории «Сириус» с использованием баркодирования ДНК. Полученные данные позволят определить интродуцированные виды, оценить степень их натурализации и возможное влияние на экосистему [1].

Материалы и методы: Образцы листьев изучаемых растений были собраны на различных участках федеральной территории «Сириус» и прилегающих районах. ДНК выделяли стандартным СТАВ-методом с последующей очисткой силикогелевыми колонками. Для баркодирования ДНК использовали ПЦР-амплификацию маркерных регионов ITS и *rbcL* с видоспецифичными праймерами. Ампликоны секвенировали методом AmpliSeq с последующей биоинформатической обработкой [2]. Идентификацию видов проводили путем сравнения полученных последовательностей с референсными данными в базах GenBank и BOLD.

Результаты: Анализ баркодирования позволил подтвердить видовую принадлежность изучаемых растений и выявить особенности их генетического разнообразия. Для ежевики установлена высокая внутривидовая вариабельность, что свидетельствует о присутствии нескольких близкородственных видов. У эвкалипта значительных внутривидовых различий не зафиксировано, что указывает на использование генетически однородного посадочного материала.

Выводы: Применение баркодирования ДНК является эффективным инструментом для мониторинга состава интродуцированных растений, контроля за их натурализацией и оценки экологической безопасности их интродукции, что позволяет принимать обоснованные решения по сохранению или ограничению распространения агрессивно натурализующихся видов [3]. Внедрение методов молекулярной идентификации в программу озеленения федеральной территории «Сириус» повысит эффективность управления зелеными насаждениями и позволит снизить экологические риски.

Финансирование: Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 24-16-20042, <https://rscf.ru/project/24-16-20042/>.

Список литературы

- 1 Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L., deWaard J.R. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc Biol Sci.* 2003;270(1512):313-321. doi 10.1098/rspb.2002.2218
- 2 Cruaud P., Rasplus J.Y., Rodriguez L.J., Cruaud A. High-throughput sequencing of multiple amplicons for barcoding and integrative taxonomy. *Sci Rep.* 2017;7(1):41948. doi 10.1038/srep41948
- 3 Zhuravlev I.Yu., Menkov M.T., Markova E.N., Dobarkina N.A., Evlash A.Ya., Shipilina L.Yu., Rozanov A.S. Current methods for hybrid plant identification: a case study of blackberry. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding.* 2025;186(1):224-241. doi 10.30901/2227-8834-2025-1-224-241