

АННОТИРОВАННЫЙ ОТЧЕТ (*)
о результатах НИР по гранту за 2021-2022 год

Конкурс 2021 года на соискание грантов
для поддержки научно-исследовательской работы
аспирантов и молодых сотрудников ИГУ.

Направление Биология, почвоведение и биотехнология Шифр гранта 091-21-319

1. Наименование НИР по гранту Разработка подходов ДНК-штрихкодирования для видовой идентификации лекарственных растений на примере *Rhaponticum carthamoides*

2. Структурное подразделение (кафедра, лаборатория) Биолого-почвенный факультет ИГУ, кафедра физико-химической биологии, биоинженерии и биоинформатики

3. Исполнитель НИР Швецова Наталия Александровна
(Ф.И.О)

4. Координаты исполнителя НИР Shvecovanatasha1997@gmail.com
(телефон, факс, E-mail)

5. Ожидаемые результаты в соответствии с заявленным планом работы

- будет проведено определение условий амплификации некоторых молекулярно-генетических маркеров (включая *matK*, *trnH-psbA*, *trnL-trnF*) для ДНК-штрихкодирования *Rh. carthamoides*;
- будут определены нуклеотидные последовательности молекулярно-генетических маркеров у *Rh. carthamoides* из различных популяций;
- будут разработаны рекомендации по применению ДНК-штрихкодирования для видовой идентификации *Rh. carthamoides*, в том числе в составе лекарственных сборов и других продуктов.

6. Основные полученные научные результаты

- Были определены оптимальные температурные параметры полимеразной цепной реакции (ПЦР) для амплификации выбранных молекулярных маркеров. Наиболее эффективную амплификации участка гена *trnL* и межгенного спейсера *trnL-trnF* наблюдали при температуре 55 °С в течение 30 с., участка гена *matK* при температуре 54 °С, межгенного спейсера *trnH-psbA* – 55 °С. Размер амплифицированных фрагментов приблизительно составил 940 п.о., 880 п.о. и 450 п.о. соответственно.

- Были определены 9 нуклеотидных последовательностей региона *trnL-trnLF* у популяций *Rh. carthamoides* с р. Сайбат (бассейн р. Хара-Мурин, хр. Хамар-Дабан), р. Тальцинка (бассейн р. Снежная, хр. Хамар-Дабан), р. Нижняя Буйба (Западный Саян). Был проведен филогенетический анализ на основе объединенной последовательности участка гена *trnL* и межгенного спейсера *trnL-trnF* с использованием полученных нами последовательностей для *Rh. carthamoides* и 26 референтных последовательностей других видов *Rhaponticum*, экспортированных из генетической базы данных GenBank. Анализ показал, что все виды *Rhaponticum* образуют общую кладу на филогенетическом дереве. В то же время внутригрупповая структура клады практически отсутствует.
- Были определены 12 нуклеотидных последовательностей гена *matK* у особей *Rh. carthamoides* из популяций с р. Сайбат (бассейн р. Хара-Мурин, хр. Хамар-Дабан), р. Тальцинка (бассейн р. Снежная, хр. Хамар-Дабан), р. Нижняя Буйба (Западный Саян), руч. Безымянного (Западный Саян). Филогенетический анализ на основе оригинальных и 4 референтных последовательностей гена *matK* у видов *Rhaponticum*, экспортированных из GenBank, показал наличие межвидового полиморфизма *Rhaponticum* и гаплотипов, характерных для *Rh. carthamoides*. Выявлены отличия в последовательности гена *matK* у популяций *Rh. carthamoides* с хр. Хамар-Дабан и Западного Саяна.
- Были определены 4 нуклеотидных последовательности межгенного спейсера *trnH-psbA* у популяций *Rh. carthamoides* с р. Сайбат (бассейн р. Хара-Мурин, хр. Хамар-Дабан), р. Тальцинка (бассейн р. Снежная, хр. Хамар-Дабан), р. Нижняя Буйба (Западный Саян), руч. Безымянного (Западный Саян). Проведен филогенетический анализ с использованием 3 референтных последовательностей различных видов *Rhaponticum*, экспортированных из GenBank. Анализ показал наличие межвидового полиморфизма и гаплотипа, характерного для *Rh. carthamoides*. Внутрипопуляционного полиморфизма в последовательности *trnH-psbA* у *Rh. carthamoides* обнаружено не было.
- На основе полученных результатов были сформулированы следующие рекомендации по ДНК-штрихкодированию *Rh. carthamoides*. Наиболее эффективными маркерами для молекулярной идентификации вида являются ген *matK* и межгенный спейсер *trnH-psbA*. Кроме того показано, что *matK* также может быть использован для установления географического происхождения образцов *Rh. carthamoides* (хр. Хамар-Дабан, Западный Саян). Межгенный спейсер *trnL-trnF* не является эффективным маркером для молекулярной идентификации *Rh. carthamoides*, а также для установления филогеографической структуры и родства видов *Rhaponticum*.

7. Предполагаемое использование результатов, в том числе в учебном процессе
Результаты будут использованы в процессе подготовки выпускной квалификационной работы магистра

8. Перечень публикаций(**) по результатам работы (статьи, доклады) с приложением оттисков или рукописей, направленных в печать

Protopopova M.V., Shvetsova N.A., Pavlichenko V.V. 2021. The perspectives for DNA barcoding of *Rhaponticum carthamoides* (Willd.) Iljin using *rbcL* gene sequence // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science 908: 012030 (P. 1-7).

Исполнитель НИР по гранту _____ Швецова Н. А.
(подпись) (Ф.И.О.)

* Аннотированные отчеты будут размещены на сайте ИГУ

** Учитываются только публикации со ссылкой на финансовую поддержку ИГУ