Комплексное исследование генетических ресурсов флоры юга Западной Сибири

Алтайский государственный университет, Южно-Сибирский Ботанический Сад
Приват Доцент, Др. Николай Фризен Университет Оснабрюк, Германия
(friesen@biologie.uni-osnabrueck.de)

Проект № 2010-1.5-501-003-015 федеральной целевой программы «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009-2013 годы по лоту 2010-1.5-501-003: «Проведение научных исследований коллективами под руководством приглашенных исследователей в области биологии, сельскохозяйственных наук и технологии живых систем»

Задачи исследования:

1.1 Выявление флористического разнообразия сосудистых растений юга Западной Сибири.

1.2 Выявление видоспецифичных молекулярно-генетических маркеров крупнейших таксонов.

1.3 Проведение патентных исследований по темам: «Способ выделения и очистки дезоксирибонуклеиновых кислот», «Способ определения родительских видов для гибридов первого поколения (F1) при спонтанной гибридизации растений», «Тест-системы на основе видоспецифичных ДНК-праймеров».

1.1 Выявление флористического разнообразия сосудистых растений юга Западной Сибири.

Определено, что в составе флоры юга Западной Сибири насчитывается 3135 видов и подвидов сосудистых растений, относящихся к 133 ботаническим семействам.

Табл. 1.1 Состояние основных таксономических групп во флоре юга Западной Сибири

Систематическая группа	Число видов		Число родов		Число семейств	
	абс.	%	абс.	%	абс.	%
Плауновые	15	0,4	6	0,6	4	3,3
Хвощевые	10	0,3	1	0,1	1	0,7
Папоротниковые	64	2,0	22	2,2	15	12,3
Голосеменные	17	0,5	6	0,6	3	2,4
Покрытосеменные	3029	96,8	698	96,5	107	81,3

Hedisarum neglectum в горах Алтая
Фото. Н. Фризен

1.2 Выявление видоспецифичных молекулярно-генетических маркеров крупнейших таксонов

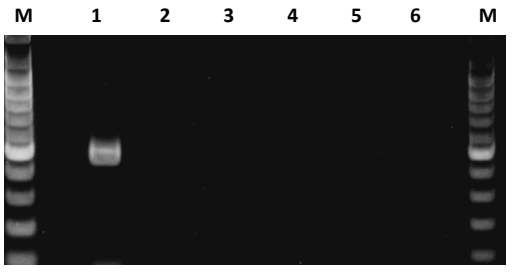
Исследование направлено на изучение современного состояния научных исследований и получение новых данных в области систематики и филогении ведущих семейств Северной Азии: Ranunculaceae, Rosaceae, Poaceae, Fabaceae, а также ряда хозяйственно важных родов из других семейств (*Rhodiola, Allium* и др.).

В качестве видоспецифичных маркеров предложено использование RAPD, DAF, ISSR, секвенирование ITS фрагмента рибосомальной ДНК, а также создание уникальных праймеров на видоспецифичные участки ДНК. Выявлены недостатки и преимущества разных методик.

Для целого ряда видов сконструированы уникальные видоспецифические примеры, позволяющие быстрое и надежное определение видовой принадлежности растительного материала, например в фармакологических сборах и т. п.

Например: На основании нуклеотидных последовательностей internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2 были сконструированы следующие, уникальные для *Rhodiola rosea* L. (Золотой корень, внесенный в официальную фармакопею), видоспецифичные праймеры: FORWARD 5'- CGCCAAGGAATCAAAACCGAA-3'; REVERSE 5'-CGACGGCAGCGACACGCAA-3'

Rhodiola rosea в горах Алтая
Фото. Н. Фризен

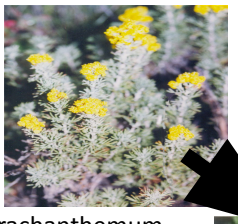


Амплификация геномной ДНК с видоспецифичным для Золотого корня примерами.
1- *Rh. rosea*, 2 – *Rh. coccinea*, 3-*Rh. algida*, 4- *Rh. quadrifida*, 5- *Rh. ishidae*, 6-*Rh. kirilovii*. M- Marker

3. Проведены патентные исследования по темам

3.1. Способ выделения и очистки дезоксирибонуклеиновых кислот с помощью наноалмазов: **Получен Патент 2008143757 и уже внедрен в производство. См. подробности на http://www.diamond-dna.ru**

3.2. Способ определения родительских видов для гибридов первого поколения (F1) при спонтанной гибридизации растений

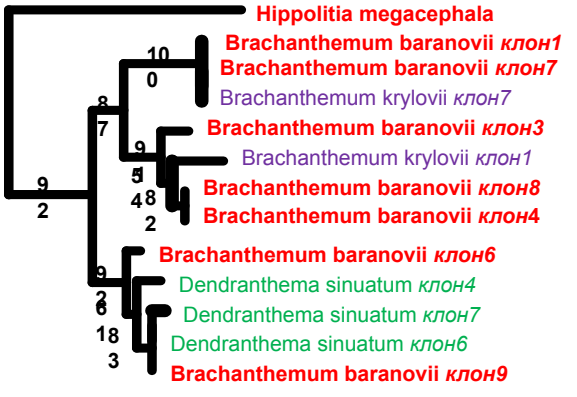


Brachanthemum krylovii

♀

Dendranthema sinuatum

Межродовой гибрид Brachanthemum baranovii



Дендрограмма сравнения клонированных фрагментов ITS показывает, что ITS *B. baranovii* содержат ITS-фрагменты от обоих родителей.

Метод: Проведена расшифровка и сравнительный анализ участков ядерной (ITS) и хлоропластной (trnL-интрон) ДНК изучаемых, а также родственных им, видов. Для установления гибридного происхождения использовался метод клонирования ITS-фрагментов