

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

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, из которых 17 таксонов из семейства в флоре юга Западной

| 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 |
| Покрывосеменные | 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 видоспецифичные 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'-CGCCAAGGAATCAAAAACCGAA-3'; REVERSE 5'-CGACGGCAGCGACACGCAA-3'



Rhodiola rosea в горах Алтая

Фото. Н. Фризен

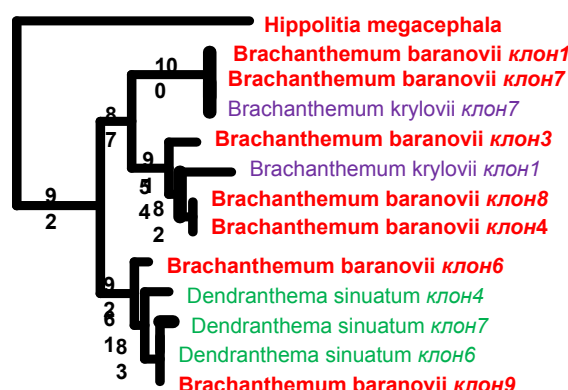


Амплификация геномной ДНК с видоспецифичным для Золотого корня примерами.
1- *Rh. rosea*, 2 - *Rh. coccinea*, 3-*Rh. algida*, 4- *Rh. quadrifida*, 5- *Rh. ishidae*, 6-*Rh. kirilovii*. M- Marker

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



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

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