

**Внутригеномный полиморфизм внутренних транскрибируемых спейсеров
ITS1 генов 35S рРНК у видов рода *Corydalis* (Fumariaceae)**

Научный руководитель – Носов Николай Николаевич

Сухов Александр Сергеевич

Сотрудник

Ботанический институт им. В.Л. Комарова РАН, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: retu007@mail.ru

Corydalis DC. (Хохлатка) - род растений, объединяющий около 465 видов, немалое число которых произрастает на территории Российской Федерации. Растения этого рода выступают в роли медоносных, кроме того, в их клубнях содержится значительное количество алкалоидов, что придаёт им ценность в фармакологии и традиционной медицине [3].

Для локусов 35S рРНК многих видов в роде *Corydalis* характерна высокая изменчивость района ITS1. Мы полагаем, что это главная причина, из-за которой долгие годы не удавалось получить последовательности маркерного участка-внутреннего транскрибируемого спейсера ITS1 генов 35S рРНК для рода *Corydalis* [1].

Применение методов локус-специфичного секвенирования NGS позволяет не только определить последовательности нуклеотидов в редких, минорных вариантах генов 35S рРНК и в других повторах, недоступные секвенированием по Сэнгеру, но и изучить внутригеномный полиморфизм повторенных генов, получить все разнообразие вариантов маркера в геноме, что позволяет сделать более точные выводы об эволюции этого генома.

Было проведено локус-специфичное секвенирование последовательностей 18S рРНК (фрагмент)-ITS1-5.8S рРНК (фрагмент) ядерного генома нескольких видов растений рода *Corydalis* методом секвенирования нового поколения (NGS) на платформе Illumina MiSeq. В результате для каждого образца был получен набор многокопийных риботипов (Zotu = zero-radius operational taxonomic unit), на основе которого было выполнено качественное (наличие общих риботипов) и количественное исследование (относительная частота индивидуальных Zotu). У значительного числа риботипов была выявлена крупная делеция размером около 28 нуклеотидов. Большинство подобных делецированных риботипов характерно для видов растений, принадлежащих крупной секции *Strictae*. В качестве возможных причин внутригеномного разнообразия риботипов стоит рассматривать: 1. Мутационный процесс, идущий в геномах; 2. Наличие одинаковых риботипов у нескольких видов можно объяснить тем, что эти виды возникли в результате межвидовой гибридизации [2].

Были выявлены характерные участки нуклеотидных последовательностей, которые могут являться генетическими маркерами распознавания для видов *C. tarkiensis* Prokh и *C. capnoides* var. *tibetica* Maxim.

Исследование выполнено в рамках Госзадания 124020100136-0.

Источники и литература

- 1) Сухов А. С., Михайлова М.А., Мачс Э.М. Географическая изоляция и риботипы на примере некоторых эндемиков рода *Corydalis* (Fumariaceae) // Проблемы ботаники Южной Сибири и Монголии. – 2023. – Т. 22. – №. 1. – С. 364-366.
- 2) Belyakov, E. A., Mikhaylova, Y.V., Machs, E.M., Zhurbenko, P. M., Rodionov A. V. Hybridization and diversity of aquatic macrophyte *Sparganium* L. (Typhaceae) as

revealed by high-throughput nrDNA sequencing // Scientific Reports. – 2022. – V. 12. – №. 1. – С. 21610.

- 3) Jiang, L., Li, M., Zhao, F., Chu, S., Zha, L., Xu, T., Zhang, W. Molecular identification and taxonomic implication of herbal species in genus *Corydalis* (Papaveraceae) // Molecules. – 2018. – V. 23(6). – P. 1393.