

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ РАСТЕНИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РЕТРОТРАНСПОЗОНОВ

О.Н. Хапилина, А.С. Туржанова, С.М.Магзумова, Р.Н. Календарь

Национальный центр биотехнологии

Республика Казахстан, 000010, г. Астана, Кургальжинское шоссе 13/5

e-mail: hapilina@biocenter.kz

Изучение и сохранение биологического разнообразия является одной из важнейших проблем современного мира. Сокращение или исчезновение видового и генетического разнообразия представляет угрозу для воспроизводства природных экосистем, приводит к нарушению их стабильности и сохранности. Редкие и эндемичные виды растений обладают меньшим генетическим потенциалом, более подвержены угрозе исчезновения при изменении условий окружающей среды и воздействии антропогенного фактора. В этой связи необходим постоянный мониторинг генетического потенциала редких и исчезающих видов растений. В эти мероприятия входит анализ внутрипопуляционного полиморфизма, генетической дифференциации популяций, с комплексным изучением их морфолого-биологических особенностей. Применение существующих на сегодняшний день молекулярно-генетических методов исследований очень важно при выборе стратегии сохранения редких и исчезающих видов растений, так как данные методы позволяют выявить генетическое разнообразие в популяциях и предпринять меры для снижения генетического дрейфа и сохранения редких генотипов.

Для исследования генетического разнообразия растений используются различные типы молекулярно-генетических маркеров, в том числе и ретротранспозоны, мобильные элементы, составляющие большую часть генома у всех эукариот. Метод Inter Primer Binding Sequence (iPBS), разработанный Kalendar et al. позволяет без знаний последовательностей геномов использовать высококонсервативный домен PBS,

характерный для всех LTR-ретротранспозонов, для связывания с праймерами. Нуклеотидные последовательности PBS-участков универсальны для всех ретротранспозонов и относятся к высокоповторяющимся повторам, характерным для всех высших эукариот. Поэтому данный метод является универсальной и эффективной маркерной системой для исследования генетического разнообразия между и внутри различных популяций, а также видов и разновидностей.

Исследования, проведенные на различных видах растений, таких как *Allium* sp., *Rhodiola* sp., *Tulipa* sp., *Paeonia* sp.. показали, что данный тип маркеров может быть успешно применен для исследования генетического полиморфизма популяций, а также для выявления соматональной изменчивости всех эукариотических организмов. В результате исследований были выявлены популяции с низким уровнем разнообразия, имеющие дефицит эффективных аллелей, что указывает на необходимость разработки стратегии их сохранения. Также были выявлены корреляции между PBS-полиморфизмом и адаптивным потенциалом растений, что подтверждает непосредственное участие мобильных элементов в адаптации растений к экологическим стрессам.

Таким образом, анализ биоразнообразия с использованием в качестве маркеров ретротранспозонов позволяет повысить понимание структуры и генетических взаимоотношений популяций дикорастущих растений для последующей разработки стратегии их сохранения.