

Филогенетическое положение *Phlojodicarpus villosus* (Apiaceae) на основе сравнения последовательностей ITS2 и *trnH-psbA*

Введение

Одним из слабо изученных охраняемых видов в Республике Коми является *Phlojodicarpus villosus* (Turcz. ex Fisch. & C.A. Mey.) Turcz. ex Ledeb., вздутоплодник мохнатый. Для этого вида неполны сведения о распространении на территории региона и Урала в целом, отсутствуют сведения об онтогенезе и состоянии популяций на территории Республики Коми (Лавренко и др., 1995; Красная книга, 2009). *P. villosus* не зарегистрирован в глобальных генетических базах данных BOLD Systems (2021) и GenBank (NCBI 2021) и, следовательно, является потенциально новым таксоном для штрих-кодирования ДНК и молекулярной таксономии.

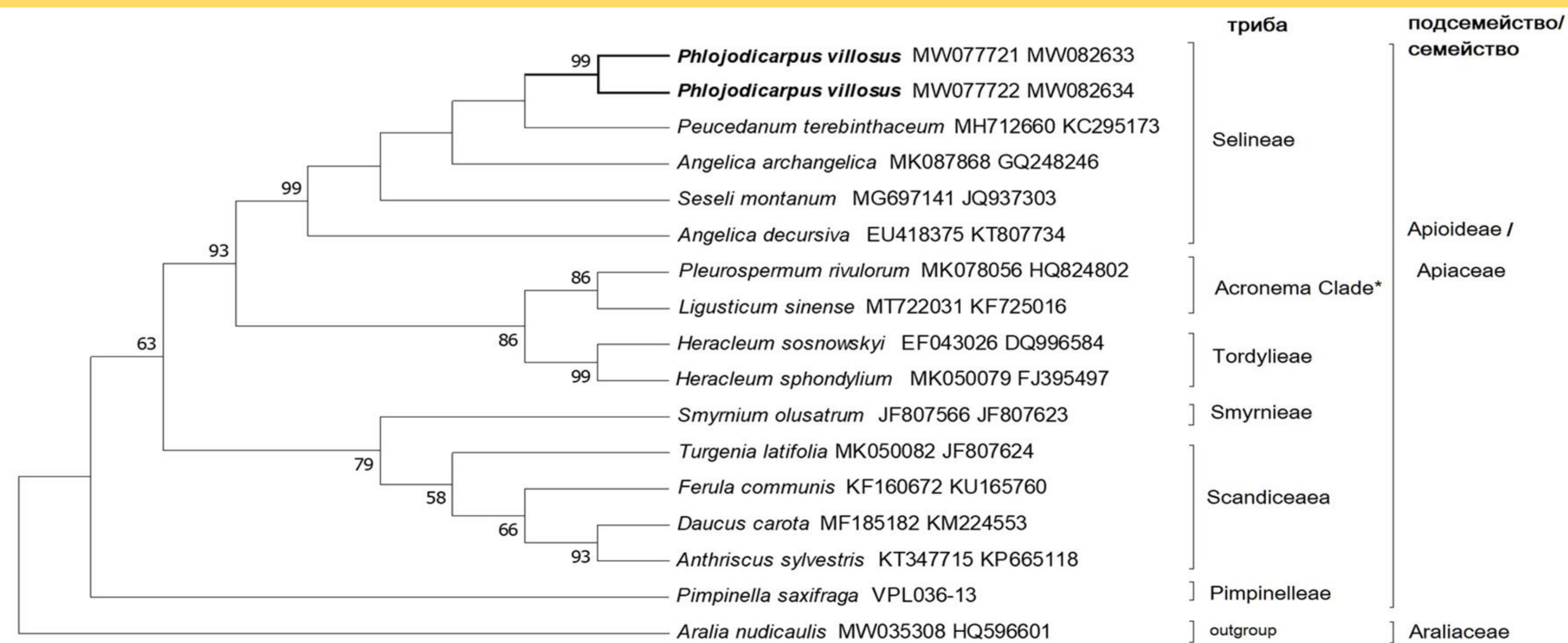
Цель данной работы заключалась в уточнении распространения и эколого-фитоценотической приуроченности *Phlojodicarpus villosus* в Республике Коми, исследовании его онтогенетического развития и структуры ценопопуляций на Северном Урале, а также получение новых сведений о филогенетическом положении этого редкого на Урале таксона.

Материалы и методы

- Для выделения ДНК использовали набор «DNAsy plant mini kit» (Германия). Для амплификации фрагмента ITS2 использовали праймеры ITS5 (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3') и ITS-4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') для амплификации фрагмента *trnH-psbA* использовали праймеры *trnH* и *psbA*.
- Секвенирование выполняли с использованием оборудования Центра коллективного пользования «Молекулярная биология» Института биологии Коми НЦ УрО РАН.
- Выравнивание нуклеотидных последовательностей выполняли с использованием алгоритма ClustalW в программе MegaX (Thompson et al. 1994, Kumar et al. 2018).
- При построении деревьев использованы нуклеотидные последовательности, полученные нами для *P. villosus*, а также данные других авторов для представителей Apiaceae, депонированные из баз данных Genbank (NCBI, 2020) и BOLD Systems (BOLD Systems, 2020). В качестве внешней группы выбран вид *Aralia nudicaulis* L. из сестринского семейства Araliaceae.
- Филогенетические деревья строили с использованием метода максимального правдоподобия (Maximum Likelihood).



Чикурова Ангелина Дмитриевна
Сыктывкарский Государственный
Университет им. Питирима Сорокина



Объединенное филогенетическое дерево (ITS2 + *trnH-psbA*), построенное методом максимального правдоподобия (ML) для 16 образцов семейства Apiaceae и одного образца внешней группы (*Aralia nudicaulis*). Два новых образца *Phlojodicarpus villosus* отмечены жирным шрифтом. Уровень поддержки ML указан вдоль ветвей. Значения ниже 50% не отображаются.

Выводы

- Впервые для *P. villosus* секвенированы последовательности участков внутреннего транскрибируемого спейсера ядерной ДНК ITS2 и участка хлоропластного межгенного спейсера *trnH-psbA*, показана их вариабельность.
- Совместное применение ядерного и хлоропластного маркера позволило определить надежное филогенетическое положение *P. villosus* среди близких таксономических групп в пределах трибы Smyrnieae (подсемейства Apioideae, семейство Apiaceae).
- Новые последовательности для *P. villosus* депонированы в GenBank (MW077721, MW082633 – номера последовательностей для *P. villosus* с Северного Урала, Республика Коми); MW077722, MW082634 – номера последовательностей для *P. villosus* с Колымского нагорья, Магаданская область).