

**ISSR анализ образцов ДНК облепихи разного эколого-географического происхождения.**

**Научный руководитель – Карлов Геннадий Ильич**

*Боне К.Д.<sup>1</sup>, Разумова О.В.<sup>2</sup>, Бочаркина Ю.В.<sup>3</sup>*

1 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Агрономии и биотехнологии, Генетики и биотехнологии, Москва, Россия, *E-mail: karinabone@mail.ru*; 2 - Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии, Москва, Россия, *E-mail: razumovao@gmail.com*; 3 - Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева, Агрономии и биотехнологии, Генетики и биотехнологии, Москва, Россия, *E-mail: ju\_football@mail.ru*

Для оптимизации сохранения и использование генетических ресурсов растений важную роль играет информация по их генетическому разнообразию. Использование таких методов анализа полиморфизма как фенотипическое описание не дает точную характеристику присутствующих функциональных генов. Молекулярные методы позволяют не только исследовать происхождение, пути доместикиции и эволюции (филогенетическое дерево), но и выявить полиморфизм на генетическом уровне, в том числе на уровне отдельных сортов и популяций.

Для нашего исследования были использованы образцы ДНК облепихи (*Hippophae rhamnoides* L.) различного эколого-географического происхождения, в том числе 244 образца взятые из природных популяций (Россия, Австрия, Польша, Румыния, Германия, Бельгия, Нидерланды), 23 образца из гербариев и ботанических садов (ГБС имени Н.В. Цицина РАН, ботанический сад МГУ, Ботанического институт им. В. Л. Комарова).

По литературным данным были выбраны ISSR, с использованием которых была проверена собранная коллекция. Из 37 проанализированных ISSR-маркеров, 8 показали потенциал для анализа полиморфизма *H. rhamnoides*.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ соглашение № 17-76-10060