

ВИКОРИСТАННЯ ДІЛЯНКИ *rpl32-trnL* ХЛОРОПЛАСТНОГО ГЕНОМУ У МОЛЕКУЛЯРНІЙ ТАКСОНОМІЇ ВИДІВ РОДУ *HERACLEUM*

Н.М. РОШКА, Т.О. ДЕРЕВЕНКО, І.І. ЧОРНЕЙ

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,
вул. Коцюбинського, 2, м. Чернівці, 58012
e-mail: n.roshka@chnu.edu.ua

Інвазія чужорідних видів рослин протягом останніх десятиріч набула статусу однієї із найбільших загроз для біорізноманіття. Інвазійні рослини здатні не тільки витіснити місцеві види, а й трансформувати екосистеми, що призводить до більш глобальних негативних наслідків. Додатковою небезпекою є гібридизація інвазійних видів з близькоспорідними аборигенними рослинами, яка може сприяти появі більш агресивних інвазійних форм. Територія України також активно колонізується чужорідними рослинами, серед яких особливу увагу привертає група гігантських борщівників (*Heracleum*, *Ariaceae*). Крім впливу на екосистеми ці рослини є небезпечними для людей, адже здатні викликати фотохімічні опіки при контакті зі шкірою. Для одного з видів цієї групи, а саме *H. mantegazzianum* Sommier & Levier, була показана можливість гібридизації із аборигенним європейським видом *H. sphondylium* L. Проте, як обидва батьківських види, так і потенційні гібридні форми з території України залишаються недослідженими з використанням молекулярно-генетичних методів. В цій роботі ми вперше ампліфікували та секвенували спейсерну ділянку хлоропластного геному між генами *rpl32* та *trnL* для зразків *H. mantegazzianum* і *H. sphondylium*. Отримані послідовності було порівняно між собою та із доступними в базі даних GenBank послідовностями *rpl32-trnL* для інших видів роду *Heracleum*. Філогенетичний аналіз показав, що використання ділянки *rpl32-trnL* дозволяє розділити всі види роду на дві основні групи, до одної з яких належать *H. mantegazzianum* та *H. sphondylium*. Таким чином, ділянка *rpl32-trnL* може бути успішно використана для молекулярної ідентифікації українських представників роду *Heracleum*, а також для визначення напрямку гібридизації для потенційних гібридних форм між інвазійним видом *H. mantegazzianum* та аборигенним представником української флори *H. sphondylium*.

Ключові слова: біоінформатичний аналіз, генетичний поліморфізм, молекулярні маркери, молекулярна геноміка, міжгенний спейсер *rpl32-trnL*, міжвидова гібридизація, *Heracleum*, *Ariaceae*.

Вступ. Інвазійні види становлять серйозну загрозу біорізноманіттю та стабільності екосистем по всьому світу (Jahodova et al., 2007; Weidenhamer & Callaway, 2010; Gioria et al., 2023; Eviner et al., 2012; Bartz & Kowarik, 2019; Le Roux & Wiczorek, 2009). Зокрема, найбільшу увагу привертають ті види, яким вдалось за короткий термін успішно колонізувати великі території. В країнах Європи прикладом такого небезпечного інвазійного виду може бути представник роду *Heracleum* (*Ariaceae*) – *Heracleum mantegazzianum* Sommier & Levier, або ж борщівник гігантський (Grul'ova et al., 2024).

Борщівник гігантський був завезеною з його природного ареалу на заході Кавказу і спочатку поширився Європою в якості декоративної рослини (Anibaba et al., 2022). Основна його небезпека пов'язана із дією токсичного соку, який здатен викликати хімічні опіки за дії сонячного світла, провокуючи фітодерматити (Bhowmik & Chandran, 2015). Поряд із цим, серйозною загрозою також є його надзвичайна інвазійна

здатність, яка призводить до збіднення різноманіття місцевої флори. Територією України також поширені декілька аборигенних видів роду *Heracleum* (Gubar & Koniakin, 2021; Goncharenko et al., 2024). Відповідно, можна очікувати виникнення гібридів між місцевими видами та інтродукованим *H. mantegazzianum*, що може підсилювати інвазійний потенціал цього виду (Bhowmik & Chandran, 2015).

Міжвидова гібридизація в межах роду *Heracleum* вважається нетиповою, проте в Європі були неодноразово зареєстровані гібридні форми між *H. mantegazzianum* та *H. sphondylium* L., ареали яких частково перекриваються між собою (Weimarck et al., 1979; Tutin & Davis, 1980; Ochsmann, 1996). За морфологічними ознаками такі рослини являють собою проміжні форми порівняно із батьківськими видами, однак їх фертильність надзвичайно низька (Weimarck et al., 1979; Stewart & Grace, 1984; Bhowmik & Chandran, 2015). Вважається, що це пов'язане з відмінностями в каріотипах цих видів, що

призводить до хромосомних аберацій під час мейозу у гібридів (Bhowmik & Chandran, 2015).

Отже, не можна виключити можливість міжвидової гібридизації між інвазійними та аборигенними представниками роду *Heracleum*, проте це питання все ще залишається недостатньо дослідженим. Застосування молекулярних маркерів дозволяє здійснювати достовірну ідентифікацію (баркодинг) міжвидових гібридів рослин та їх батьківських видів. У цій статті нами було проаналізовано можливість використання маркерної ділянки *rpl32-trnL* хлоропластного геному для проведення молекулярно-генетичного баркодингу розповсюджених в Україні борщівників, оскільки раніше цей маркер використовувався лише для характеристики нетипових для України представників роду *Heracleum* (Yu et al., 2011; Eidi et al., 2021).

Матеріали та методи. Матеріалом для дослідження були гербаризовані зразки українських представників роду *Heracleum*, отримані з Державного природознавчого музею НАН України та Ботанічного саду Чернівецького національного університету імені Юрія Федьковича: *H. mantegazzianum* (м. Чернівці) та *H. sphondylium* (Чернівецька область, Путильський р-н). Загальна ДНК рослин була виділена згідно стандартного протоколу; в якості детергенту використовували цетавлон (Porebski et al., 1997; Panchuk and Volkov, 2007). Отримані препарати ДНК перевіряли методом гелелектрофорезу в 1,5%-му агарозному гелі. Для ампліфікації досліджуваної ділянки методом полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) застосовували праймери *trnL*(UAG) (5'-CTG CTT CCT AAG AGC AGC GT-3') та *rpl32-F* (5'-CAG TTC CAA AAA AAC GTA CT TC-3'), комплементарні до фланкуючих спейсер ділянок генів *trnL* та *rpl32*. Місця гібридизації праймерів було обрано так, щоб досягти ампліфікації повного спейсера. Отримані ПЛР-продукти аналізували в 2%-му агарозному гелі. Після очистки продукти сиквенували на фірмі LGS Genomics (Німеччина). Первинну обробку розшифрованих нуклеотидних послідовностей проводили за допомогою комп'ютерних програм Chromas та DNASTAR. Вирівнювання послідовностей здійснювали методом Clustal W (Thompson et al., 1992).

Результати та їх обговорення. Ампліфікація ділянки *rpl32-trnL* для двох українських видів *Heracleum* (*H. mantegazzianum* та *H. sphondylium*) призводила

до утворення ПЛР-фрагментів розміром близько 1100 нп, що відповідало очікуваним довжинам, раніше описаним в літературі для представників цього роду (Yu et al., 2011). Аналіз розшифрованих послідовностей показав, що нами було дійсно успішно ампліфіковано та сиквенувано спейсерну ділянку між генами *trnL* та *rpl32*. Для проведення порівняльного аналізу ми також здійснили пошук гомологічних послідовностей у БД GenBank. На загал, було ідентифіковано 18 послідовностей спейсерної ділянки *rpl32-trnL* для різних представників роду *Heracleum*. Загальна характеристика всіх використаних для аналізу послідовностей *rpl32-trnL* наведена в таблиці 1.

Вирівнювання послідовностей *rpl32-trnL* для представників роду *Heracleum* показало високу схожість цієї ділянки навіть у географічно віддалених видів: найменший відсоток подібності склав 94,6%. Тим не менш, у ділянці *rpl32-trnL* виявлено певні специфічні відмінності/особливості, які можуть бути використані для баркодингу та оцінки філогенетичних відносин між видами *Heracleum* (рис. 1). Зокрема, аналіз вирівнювання послідовностей *rpl32-trnL* показав присутність інделів (інсерцій/делецій) та ділянок SNP (single nucleotide polymorphism), спільних для різних груп борщівників (рис. 1). Зокрема, найбільший за розміром індел був виявлений для китайського борщівника *H. henryi* (HeHen_GB) – 241 нп. Для українських видів *Heracleum* розміри найбільших знайдених інделів варіювали в межах 25–30 нп.

Раніше індели у ділянці *rpl32-trnL* були описані й для представників інших таксономічних груп. Так, у видів роду *Hibiscus* знайдено індели розміром 70 нп, а для родів *Magnolia*, *Minuartia* та *Prunus* розміри інделів варіювали від 50 до 56 нп (Shaw et al., 2007). Отже, наші дані підтримують точку зору, що однією з особливостей спейсерної ділянки *rpl32-trnL* є присутність в її межах інделів (Roman et al., 2019).

На основі отриманого вирівнювання ділянки *rpl32-trnL* була побудована неукорінена філодендрограма методом ML (Maximum Likelihood) (рис. 2), на якій чітко розмежовано дві основні клади з високою статистичною підтримкою.

В межах кожної з цих клад можна виокремити по дві субклади, які об'єднують найбільш споріднені види.

Характеристика ділянки *rpl32-trnL* видів *Heracleum*Characteristics of the *rpl32-trnL* region of *Heracleum* species

Назва виду	Назва послідовності	Регістраційний номер	Довжина, нп	Вміст GC пар, %
<i>Heracleum sphondylium</i>	HeSph1	-	886	27,4
<i>H. mantegazzianum</i>	HeMan3	-	887	26,8
<i>H. maximum</i>	HeMax_GB	KJ157817.1	870	26,8
<i>H. souliei</i>	HeSou_GB	FJ986098.1	891	26,8
<i>H. wolongense</i>	HeWol_GB	FJ986102.1	933	26,0
<i>H. yungningense</i>	HeYun_GB	FJ986104.1	885	26,8
<i>H. hemsleyanum</i>	HeHem_GB	FJ986091.1	891	26,7
<i>H. millefolium</i>	HeMil_GB	FJ986095.1	891	27,2
<i>H. fargesii</i>	HeFar_GB	FJ986090.1	891	26,7
<i>H. tiliifolium</i>	HeTil_GB	FJ986099.1	891	27,2
<i>H. vicinum</i>	HeVic_GB	FJ986100.1	879	27
<i>H. wenchuanense</i>	HeWen_GB	FJ986101.1	901	26,7
<i>H. moellendorffii</i>	HeMoe_GB	FJ986097.1	941	26,3
<i>H. obtusifolium</i>	HeObt_GB	FJ986086.1	904	26,7
<i>H. candicans</i>	HeCan_GB	FJ986087.1	909	26,8
<i>H. henryi</i>	HeHen_GB	FJ986092.1	707	26,7
<i>H. kingdonii</i>	HeKin_GB	FJ986093.1	901	26,2
<i>H. franchetii</i>	HeFra_GB	FJ986089.1	901	26,2



Рис. 1. Вирівнювання спейсерної ділянки *rpl32-trnL* для представників роду *Heracleum*

Fig. 1. Alignment of the *rpl32-trnL* spacer region for representatives of the genus *Heracleum*

Інвазійний вид *H. mantegazzianum* увійшов в одну субкладу з китайськими видами *Heracleum*, в той час як аборигенний для України *H. sphondylium* утворює дещо відокремлену гілку в межах іншої субклади.

Отже, ці два види не можна вважати близькоспорідненими. Нагадаємо, що гібриди між *H. mantegazzianum* та *H. sphondylium* є низькофертильними (Stewart & Grace, 1984;

Bhowmik & Chandran, 2015). Складається враження, що наявна генетичної дистанції достатня для виникнення бар'єрів репродуктивної ізоляції. Можна припустити, що фертильні гомоплоїдні гібриди могли би утворюватися за меншої генетичної дистанції між батьківськими формами, наприклад, при схрещенні між та китайськими видами роду *Heracleum*, які формують спільну субкладу.

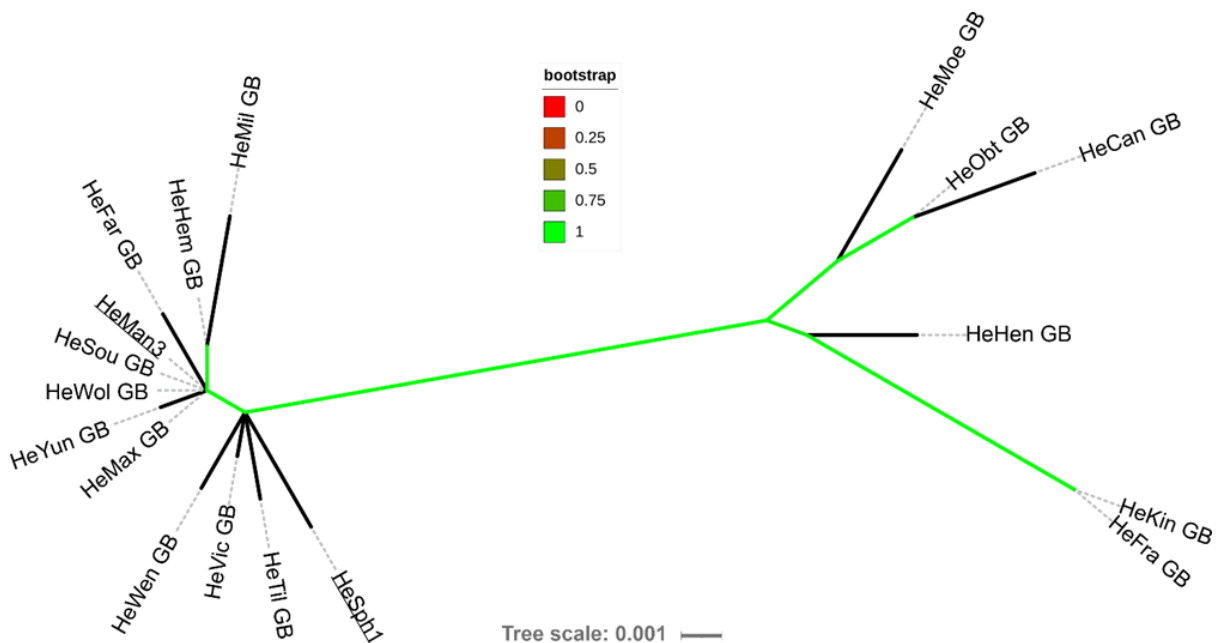


Рис. 2. Невкорінена ML-філодендрограма отримана при порівнянні послідовностей *rpl32-trnL* для представників роду *Heracleum*. Українські види підкреслено.

Fig. 2. Unrooted ML-phylogenogram obtained by comparing *rpl32-trnL* sequences for representatives of the genus *Heracleum*. Ukrainian species are underlined.

Некодувальні послідовності геному хлоропластів являють собою важливе джерело даних для молекулярно-генетичних, популяційних, таксономічних та філогеографічних досліджень рослин (Chac & Thinh, 2023; Morris & Shaw, 2018; Vijayan & Tsou, 2010; Palmer, 2019; Tynkevich et al., 2022a; Tynkevich et al., 2022b). Зокрема, завдяки своїй зручності та інформативності, широкого застосування у філогенетиці рослин набув ДНК-баркодинг за допомогою некодувальної послідовності *psbA-trnH* (Yao et al., 2009; Ya-Na et al., 2020; Tynkevich et al., 2022c, Tynkevich et al., 2022d). Міжгенний спейсер *rpl32-trnL* відносно нещодавно почав використовуватись у філогенетичних дослідженнях рослин, проте вже зміг зарекомендувати себе в якості ефективного молекулярного маркера (Shaw et al., 2007).

На загал, отримані нами результати підтверджують інформативність ділянки *rpl32-trnL* для аналізу генетичного різноманіття та баркодингу борщівників. Проте, для кращого розуміння філогенетичних взаємозв'язків між видами роду *Heracleum* та оцінки їх гібридизаційного потенціалу необхідно проводити дослідження із залученням значно

більшої кількості українських та європейських представників цього роду.

Висновки. Для двох українських видів роду *Heracleum* – *H. mantegazzianum* та *H. sphondylium* – було ампліфіковано та сиквеновано ділянку *rpl32-trnL*. Порівняльний аналіз з залученням депонованих в БД GenBank послідовностей *rpl32-trnL* для інших представників цього роду дозволив виявити специфічні заміни нуклеотидів та індели, які можуть бути використані для баркодингу. Ділянка *rpl32-trnL* є інформативним молекулярним маркером для проведення молекулярно-філогенетичних досліджень борщівників.

Конфлікт інтересів: Автори заявляють, що дослідження проводилося за відсутності будь-яких комерційних або фінансових відносин, які можна було б витлумачити як потенційний конфлікт інтересів.

Подяки: Автори висловлюють щирі подяки професору Роману Анатолійовичу Волкову (Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича) за участь в обговоренні отриманих результатів.

Список літератури / References:

- Anibaba, Q. A., Dyderski, M. K., & Jagodziński, A. M. (2022). Predicted range shifts of invasive giant hogweed (*Heracleum mantegazzianum*) in Europe. *Science of the Total Environment*, 825, 154053. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.154053>
- Bartz, R., & Kowarik, I. (2019). Assessing the environmental impacts of invasive alien plants: a review of assessment approaches. *NeoBiota*, 43, 69-99.
- Bhowmik, P. C., & Chandran, R. S. (2015). Biology, ecology, distribution and current status of *Heracleum mantegazzianum* Sommier & Levier. *J. Crop and Weed*, 11, 1-17.
- Chac, L. D., & Thinh, B. B. (2023). Species identification through DNA barcoding and its applications: A review. *Biology Bulletin*, 50(6), 1143-1156. <https://doi.org/10.1134/S106235902360229X>
- Eidi, M., Ebadi, M. T., Falahati Anbaran, M., & Shojaeiyan, A. (2021). Phylogenetic relationships in the *Heracleum* sp. species complex from Iran by using nuclear ribosomal DNA (ITS) and *rpl32-trnL*. *Cellular and Molecular Research (Iranian Journal of Biology)*, 34(3), 372-383.
- Eviner, V. T., Garbach, K., Baty, J. H., & Hoskinson, S. A. (2012). Measuring the effects of invasive plants on ecosystem services: challenges and prospects. *Invasive Plant Science and Management*, 5(1), 125-136. <https://doi.org/10.1614/IPSM-D-11-00095.1>
- Gioria, M., Hulme, P. E., Richardson, D. M., & Pyšek, P. (2023). Why are invasive plants successful? *Annual Review of Plant Biology*, 74(1), 635-670. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-070522-071021>
- Goncharenko, I., Koniakin, S., & Leshcheniuk, O. (2024). Giant hogweeds (and) in Ukraine: distribution, ecological and coenotical features. *Folia Oecologica*, 51(1), 93-107. <https://doi.org/10.2478/foecol-2024-0010>
- Gruľová, D., Baranová, B., Eliašová, A., Brun, C., Fejér, J., Kron, I., ... & Sedlák, V. (2024). Does the invasive *Heracleum mantegazzianum* influence other species by allelopathy? *Plants*, 13(10), 1333. <https://doi.org/10.3390/plants13101333>
- Gubar, L., & Koniakin, S. (2021). Populations of and (Apiaceae) in Kyiv (Ukraine). *Folia Oecologica*, 48(2), 215-228. <https://doi.org/10.2478/foecol-2021-0022>
- Jahodová, Š., Trybush, S., Pyšek, P., Wade, M., & Karp, A. (2007). Invasive species of *Heracleum* in Europe: an insight into genetic relationships and invasion history. *Diversity and Distributions*, 13(1), 99-114. <https://doi.org/10.1111/j.1366-9516.2006.00305.x>
- Le Roux, J., & Wicczorek, A. M. (2009). Molecular systematics and population genetics of biological invasions: towards a better understanding of invasive species management. *Annals of Applied Biology*, 154(1), 1-17. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2008.00280.x>

13. Morris, A. B., & Shaw, J. (2018). Markers in time and space: a review of the last decade of plant phylogeographic approaches. *Molecular Ecology*, 27(10), 2317-2333. <https://doi.org/10.1111/mec.14695>
14. Ochsmann, J. (1996). *Heracleum mantegazzianum* Sommier & Levier (Apiaceae) in Deutschland Untersuchungen zur Biologie, Verbreitung, Morphologie und Taxonomie. *Feddes Repertorium*, 107(7), 557-595. <https://doi.org/10.1002/fedr.19961070701>
15. Palmer, J. D. (2019). Chloroplast DNA and phylogenetic relationships. *DNA systematics*, 63-80.
16. Panchuk, I. I., & Volkov, R. A. (2007). *A practical course in molecular genetics*. [Praktykum z molekuliarnoi henetyky] Chernivtsi: Ruta. 120 p. [In Ukrainian]
17. Porebski, S., Bailey, L. G., & Baum, B. R. (1997). Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant molecular biology reporter*, 15, 8-15. <https://doi.org/10.1007/BF02772108>
18. Roman, M. G., Gangitano, D., & Houston, R. (2019). Characterization of new chloroplast markers to determine biogeographical origin and crop type of *Cannabis sativa*. *International journal of legal medicine*, 133(6), 1721-1732. <https://doi.org/10.1007/s00414-019-02142-w>
19. Shaw, J., Lickey, E. B., Schilling, E. E., & Small, R. L. (2007). Comparison of whole chloroplast genome sequences to choose noncoding regions for phylogenetic studies in angiosperms: the tortoise and the hare III. *American journal of botany*, 94(3), 275-288. doi.org/10.3732/ajb.94.3.275
20. Stewart, F., & Grace, J. (1984). An experimental study of hybridization between *Heracleum mantegazzianum* Somm. & Levier and *H. sphondylium* L. subsp. *sphondylium* (Umbelliferae). *Watsonia*, 15, 73-83.
21. Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic acids research*, 22(22), 4673-4680. <https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673>
22. Tutin, T.G., & Davis, A. (1980). *Umbellifers of the British isles*. London, UK: Botanical Society of the British Isles.
23. Tynkevich, Y. O., Biliay, D. V., & Volkov, R. A. (2022). Utility of the trnH-psbA region for DNA barcoding of *Aconitum anthora* L. and related taxa. [Vykorystannia dilianky *psbA-trnH* dlia DNK-barkodynhu *Aconitum anthora* L. ta sporidnenykh taksoniv] *Faktori eksperimental'noi evolucii organizmiv*, 31, 134-41. [In Ukrainian]
24. Tynkevich, Y. O., Derevenko, T. O., & Chorney, I. I. (2022). Phylogenetic relationships of Ukrainian accessions of *Lathyrus venetus* (Mill.) Wohlf. and *L. vernus* (L.) Bernh. based on the analysis of the *psbA-trnH* region of the chloroplast genome. [Filohenetychna sporidnenist ukrainskykh zrazkiv Chyny riaboi (*Lathyrus venetus* (Mill.) Wohlf.) ta Chyny vesnianoi (*L. vernus* (L.) Bernh.) za danymy analizu dilianky khloroplastnoho henomu *psbA-trnH*] *Scientific Herald of Chernivtsi University. Biology (Biological Systems)*, 14(1), 135-140. [In Ukrainian]
25. Tynkevich, Y. O., Moysiienko, I. I., & Volkov, R. A. (2022). The use of the intergenic spacer region *psbA-trnH* of the chloroplast genome for the analysis of the taxonomic position and genetic polymorphism of the Ukrainian populations of *Tulipa quercetorum* Klokov et Zoz. [Vykorystannia mizhhennoi speisernoi dilianky *psbA-trnH* khloroplastnoho henomu dlia analizu taksonomichnoho polozhennia ta henetychnoho polimorfizmu ukrainskykh populiatsii Tiulpanu dibrovnoho (*Tulipa quercetorum* Klokov et Zoz)]. *Visnik ukrains' kogo tovaristva genetikiv i selekcioneriv*, 20, 1-2. [In Ukrainian]
26. Tynkevich, Y. O., Valin, M. O., & Volkov, R. A. (2022). Organization and polymorphism of the chloroplast genome region *psbA-trnH* in representatives of the *Goniolimon* Boiss. [Orhanizatsiia ta polimorfizm dilianky khloroplastnoho henomu *psbA-trnH* u predstavnykiv rodu *Goniolimon* Boiss.] *Scientific Herald of Chernivtsi University. Biology (Biological Systems)*, 14(2), 137-142. [In Ukrainian]
27. Vijayan, K., & Tsou, C. H. (2010). DNA barcoding in plants: taxonomy in a new perspective. *Current science*, 1530-1541.
28. Weidenhamer, J. D., & Callaway, R. M. (2010). Direct and indirect effects of invasive plants on soil chemistry and ecosystem function. *Journal of chemical ecology*, 36, 59-69. <https://doi.org/10.1007/s10886-009-9735-0>
29. Weimarck, G., Stewart, F., & Grace, J. (1979). Morphometric and chromatographic variation and male meiosis in the hybrid *Heracleum mantegazzianum* x *H. sphondylium* (Apiaceae) and its parents. *Hereditas*, 91(1), 117-127. <https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1979.tb01651.x>
30. Ya-Na, L. V., Chun-Yong, Y. A. N. G., Lin-Chun, S. H. I., Zhang, Z. L., An-Shun, X. U., Zhang, L. X., ... & Hai-Tao, L. I. (2020). Identification of medicinal plants within the Apocynaceae family using ITS2 and *psbA-trnH* barcodes. *Chinese journal of natural medicines*, 18(8), 594-605. [https://doi.org/10.1016/S1875-5364\(20\)30071-6](https://doi.org/10.1016/S1875-5364(20)30071-6)
31. Yao, H., Song, J. Y., Ma, X. Y., Liu, C., Li, Y., Xu, H. X., ... & Chen, S. L. (2009). Identification of *Dendrobium* species by a candidate DNA barcode sequence: the chloroplast *psbA-trnH* intergenic region. *Planta medica*, 75(06), 667-669. <https://doi.org/10.1055/s-0029-1185385>
32. Yu, Y., Downie, S. R., He, X., Deng, X., & Yan, L. (2011). Phylogeny and biogeography of Chinese *Heracleum* (Apiaceae tribe Tordylieae) with comments on their fruit morphology. *Plant Systematics and Evolution*, 296, 179-203. <https://doi.org/10.1007/s00606-011-0486-3>

USE OF THE *rpl32-trnL* REGION OF THE CHLOROPLAST GENOME IN THE MOLECULAR TAXONOMY OF HERACLEUM SPECIES

N.M. Roshka, T.O. Derevenko, I.I. Chorney

Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University,
Ukraine, 58012, Chernivtsi, Kotsiubynsky 2 Str.
e-mail: n.roshka@chnu.edu.ua

*In recent decades, the invasion of alien plant species has acquired the status of one of the greatest threats to biodiversity. Invasive plants can not only displace native species but also transform ecosystems, which leads to more global negative consequences. An additional danger is the hybridization of invasive species with closely related native plants, which can contribute to the emergence of more aggressive invasive forms. The territory of Ukraine is also actively colonized by alien plants, among which the group of giant borschts (Heracleum, Apiaceae) attracts special attention. In addition to the impact on ecosystems, these plants are dangerous for people, because they can cause photochemical burns when in contact with the skin. For one of the species of this group, namely *H. mantegazzianum* Sommier & Levier, the possibility of hybridization with the aboriginal European species *H. sphondylium* L. However, both parental species and potential hybrid forms from the territory of Ukraine remain unexplored using molecular genetic methods. In this work, for the first time, we amplified and sequenced the spacer region of the chloroplast genome between the *rpl32* and *trnL* genes for samples of *H. mantegazzianum* and *H. sphondylium*. The obtained sequences were compared with each other and with *rpl32-trnL* sequences available in the GenBank database for other species of the genus *Heracleum*. Phylogenetic analysis showed that the use of the *rpl32-trnL* region allows dividing all species of the genus into two main groups, one of which includes *H. mantegazzianum* and *H. sphondylium*. Thus, the *rpl32-trnL* site can be successfully used for molecular identification of Ukrainian representatives of the genus *Heracleum*, as well as for determining the direction of hybridization for potential hybrid forms between the invasive species *H. mantegazzianum* and the native representative of the Ukrainian flora *H. sphondylium*.*

Key words: bioinformatic analysis, genetic polymorphism, molecular markers, molecular genomics, rpl32-trnL intergenic spacer, interspecific hybridization, Heracleum, Apiaceae.

Отримано редколегією 25.05.2024 р.

ORCID ID

Надія Рошка: <https://orcid.org/0000-0002-6005-3732>

Ілля Чорней: <https://orcid.org/0000-0002-1382-9112>