

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ *ALLIUM ATROSANGUINEUM* SHRENK, ПРОИЗРАСТАЮЩЕГО В УСЛОВИЯХ ВЫСОКОГОРИЙ ТЯНЬ-ШАНЯ НА ОСНОВАНИИ ISSR МАРКЕРОВ И СТРУКТУРЫ ЛИСТА

Креницына А. А.¹, Чурикова О. А.¹, Антипин М. И.², Омельченко Д. О.³,
Сперанская А. С.⁴

¹ ФГБОУ высшего образования «Московский государственный университет имени М. В. Ломоносова»

² НОЦ "Ботанический сад Петра I" биологического факультета МГУ

³ Институт проблем передачи информации имени А. А. Харкевича РАН

⁴ НИИ «Институт системной биологии и медицины Роспотребнадзора»
ankrina@gmail.com

Род Лук (*Allium L.*) - один из крупнейших среди однодольных, по современным оценкам в его состав входит более 850 видов. Представители этого рода распространены преимущественно в Северном полушарии и освоили самые разнообразные ниши от тундр до умеренных и субтропических лесов, от переувлажненных альпийских лугов до степей и пустынь. В зависимости от условий произрастания у растений формируются определенные структурные изменения, в том числе и в анатомической структуре листовых пластинок, которые позволяют адаптироваться им к тем или иным внешним условиям. Морфолого-анатомические признаки не всегда могут отражать генетическое разнообразие представителей различных популяций. Для различных видов рода *Allium* использовали различные молекулярные маркеры, позволяющие оценить гетерогенность геномов, например, RAPD и ISSR. Лук черно-красный *Allium atrosanguineum* Schrenk - один из широко распространенных видов луков в районах Киргизии, Казахстана, Таджикистана и Синьцзяна, обитающий в условиях высокогорья (2400–5400 м. над ур. моря) во влажных местах – лугах, берегах рек и ручьев, высокогорных болотах. Условия высокогорий характеризуются резкими сменами погодных условий, повышенным уровнем ультрафиолетовой радиации, что не может не оказывать влияние как на анатомо-морфологические, так и на генетические особенности растений. Однако данных по морфолого-анатомическому строению *A. atrosanguineum*, а также по генетической структуре популяций из высокогорных районов Тянь-Шаня в известной нам литературе, к сожалению, не встретилось.

На основании анализа данных анатомической структуры листовых пластинок растений *A. atrosanguineum* из трех популяций, отличающихся габитусом и условиями произрастания: разные берега (левый (1 группа) и правый (2 группа)) реки, протекающей в ущелье, на высоте 2735 м, а также верхняя часть сухого ущелья (3 группа), отходящего от правого берега реки, на высоте 3060 м) было показано наличие различий: растения, произрастающие на левом берегу реки (группа 1) имели наибольшее число проводящих пучков и минимальную толщину кутикулы и клеточных стенок клеток эпидермиса. Растения с правого берега реки (группа 2) наоборот имели минимальное количество проводящих пучков и наибольшую толщину кутикулы, и толщину внутренней и внешней клеточных стенок клеток эпидермиса. Скорее всего, это связано с различной степенью доступности почвенной влаги для растений из изученных мест обитания.

При анализе генетической однородности популяций с использованием ISSR маркеров из 6 протестированных были отобраны 4, давшие наилучший результат. При проведении анализа методом главных координат было показано, что образцы дифференцировались по местам сбора – отдельно сформировалась и несколько обособилась группа образцов, собранных на левом берегу реки (популяция 1). Образцы из 2 (правый берег) и 3 популяций (ущелье) сформировали две группы, частично перекрывающиеся между собой. На основании кластерного анализа также было показано разделение образцов на три группы, две из которых (часть растений, собранных с правого берега (2 популяция) и растения из сухого ущелья (3 популяция)) формировали общую группу. Вероятно, исходно это была одна популяция, которая со временем начала делиться на две обособленные.

Работа выполнена в рамках ГЗ МГУ имени М.В.Ломоносова №121032500082-2 и 121031600194-4.

ESTIMATES OF GENETIC DIVERSITY IN *ALLIUM ATROSANGUINEUM* SCHRENK HIGH ALTITUDE POPULATIONS OF TIAN SHAN BASED ON ISSR MARKERS AND LEAF ANATOMICAL CHARACTERS

Krinitcina A. A.¹, Churikova O. A.¹, Antipin M. I.², Omelchenko D. O.³, Speranskaia A. S.⁴

¹ *Lomonosov Moscow State University*

² *Scientific and Educational centre "Peter the Great botanical garden"*

³ *Institute for Information Transmission Problems*

⁴ *Scientific Research Institute for Systems Biology and Medicine, Federal Service on Consumers' Rights Protection and Human Well-Being Surveillance*
ankrina@gmail.com

Genus *Allium* is among the largest monocot genera, comprising more than 850 species according to modern views. Species of this genus mostly inhabit the Northern Hemisphere and evolved to fit a great variety of niches from Arctic tundra to temperate and subtropical forests, from wet alpine and riparian meadows to arid steppes and deserts. Abiotic and biotic factors, specific to certain habitats, have large impact on morphology and anatomy of plant vegetative organs, leading to structural changes, some of which are just modification variability but others become genetically fixed as the evolution goes. Yet morphology and anatomy data do not always reflect adequately the levels of genetic diversity within natural populations. To estimate the heterogeneity of genomes in several *Allium* species various molecular markers were suggested earlier, among them RAPDs and ISSRs.

Allium atrosanguineum Schrenk is an *Allium* species widely distributed in Central Asia (Kyrgyzstan, Kazakhstan, Tajikistan and Xinjiang), mostly inhabiting wet and riparian habitats (meadows, bogs, river banks, creek beds) at high altitudes (2400- 5400m). High altitude habitats are known to experience harsh climatic factors like contrasting temperatures, fast weather changes and high levels of UV light, which certainly have an impact on morphology, anatomy and genetics of plants adapted to these habitats. Yet we did not success in finding data on morphology and anatomy of *A.atrosanguineum* or data on genetic structure of *Allium* populations of high altitude regions of Tian Shan.

We have analyzed leaf anatomy data for *A.atrosanguineum* specimens sampled from 3 populations differing in habitat type (left (1) and right (2) river banks at 2735m, and an upper part of a temporarily dry creek bed (3) upstream the right river bank at 3060 m) and plant habit, and demonstrated considerable differences between the populations: plants from population 1 (left bank) had the largest number of leaf vascular bundles and thinnest inner and outer walls of epidermal cells while plants in population 2 (right bank) had the smallest number of leaf vascular bundles and the thickest cuticle and inner and outer walls of epidermal cells. We assume that the differences are most likely due to different amounts of soil moisture available to plants of studied habitats.

To perform an analysis of genetic heterogeneity of populations in this study we tested 6 ISSR markers of which we selected 4 as the most informative. Principal coordinates analysis has shown that samples were grouped according to their collection locations – samples from population 1 (left bank) grouped together and somewhat separate. Samples from populations 2 and 3 (right bank and creek bed upstream the right bank) formed two groups that overlapped to some extent. Results of cluster analysis also showed that samples form three groups, two of which (certain samples from right bank together with samples from dry creek upstream) together form a single supergroup. We suppose that this group was a continuous population once that eventually started to divide into two separate ones.

This work was carried out in accordance to Government order for the Lomonosov Moscow State University (project No.121032500082-2 and 121031600194-4).