

Генетическая структура популяций Рябчика шахматного *Fritillaria meleagris* в Средней России

С.С. Исаев, В.А. Скобеева*, Т.В. Сизова, Д.А. Одинцова, М.И. Антипин, А.А. Криницына

Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

* skobei-khanum@yandex.ru

Рябчик шахматный *Fritillaria meleagris* является широко распространенным в Евразии видом, часто выращивается как декоративная культура. Многие популяции рябчика шахматного, встречающиеся в естественных местообитаниях, могут быть следствием как непреднамеренной интродукции культурных форм, так и остатками ранее существовавшей большой популяции, пострадавшей от последнего оледенения, так и результатом распространения популяций, сохранившихся в ледниковое время в рефугиумах. В связи с этим возникает вопрос относительно популяций на северной границе ареала, являются ли они «беглецами из культуры» или остаточными популяциями, сохранившимися с ледникового периода.

Межгенные спейсеры в генах рибосомных РНК (*ITS1* и *ITS2*) широко используются для видовой идентификации растений, поскольку обладают достаточной вариабельностью (Zhao et al., 2018).

Цель: Оценить генетическое разнообразие популяций рябчика шахматного, встречающегося в Средней России, как культурных форм, так и произрастающих в естественных условиях.

Материалы и методы: Для изучения структуры межгенного спейсера генов рРНК *ITS2* были собраны образцы растений из 12 популяций дикорастущего рябчика шахматного (собрали в дикой природе) и из 11 групп растений, имеющих антропогенное происхождение (Ботанические сады или высаженные на личных участках). Анализируемые популяции дикорастущего рябчика произрастали вдоль северной границы ареала вида, в Московской и Владимирской областях. Из каждой популяции (группы) были исследованы по два растения. Выделение ДНК проводилось по методу СТАВ, амплификация межгенного спейсера *ITS2* проводилась по следующему протоколу: 1 – 95 °C 10 минут, 2 – 30 циклов – 95 °C – 10 секунд, 55 °C – 30 секунд, 72 °C – 40 секунд, 3 – 72 °C – 5 минут. Анализ продуктов амплификации проводили при помощи электрофореза в ТАЕ-1,7% агарозном геле. Секвенирование по Сэнгеру продуктов амплификации после очистки проводили в компании Евроген (Россия).

Результаты: Анализ полиморфизмов на участке *ITS2* показал разделение этих популяций на две группы. Первая группа объединяла все дикорастущие популяции, вторая – все, полученные в результате высадки коммерческого материала. Причем выявленные варианты однонуклеотидных замен у представителей этих двух групп не перекрывались. В первой группе у представителей 9 дикорастущих популяций, произрастающих во Владимирской (Чармус), Московской (Фосфоритный, Пожого) и Тульской областях были выявлены две мононуклеотидных замены: А/Т153 и С/Т168, тогда как у трех (две популяции из Московской области, Протвино и Ступино, и одна из Тульской) – только одна – С/Т168.

Во второй группе были выявлены другие варианты однонуклеотидных замен. У растений, которые культивируются в ботаническом саду МГУ им. М.В. Ломоносова, были обнаружены различные варианты. На участке луковичных и в Аптекарском огороде (группа растений культивируется более 25 лет) у некоторых представителей *ITS2* оказался идентичен варианту, представленному в базе данных NCBI (AY616730.1). Кроме того, растения из БС МГУ, произрастающие на разных участках, имеют полиморфизм С/Т100 или С/Г100. Вариант С/Т100 также был выявлен у растений, высаженных в поселке Новоспасское (Московская обл.). У растений из самоподдерживающейся группы растений, высаженных из приобретенного растительного материала в 2009 году в другом районе поселка Новоспасское, было выявлено наличие другого полиморфизма – Т/С80. В дополнении к ним в *ITS2* у некоторых образцов были выявлены индивидуальные полиморфизмы Г/А21, С/Т127, С/Т165, С/Т170, Г/С197, С/Т206, С/Т216, которые случайно встречались у различных растений (один полиморфизм – одно растение) всей изученной выборки. Полученные результаты показывают, что растения из дикорастущих популяций отличаются от тех, которые культивируются и поставляются через розничные сети, что свидетельствует о природном происхождении дикорастущих популяций. Наличие полиморфных вариантов в последовательностях *ITS2* были показаны и для других видов рода *Fritillaria* (Day et al., 2014). Такая картина может возникать в случае гибридного происхождения растений, полиплоидизации или неполном прохождении концертной эволюции. Для проанализированных растений выявить вторую родительскую форму при имеющихся данных в базе данных NCBI не удалось.

Финансирование: Исследование выполнено в рамках государственного задания МГУ им. М.В. Ломоносова.