

ИЗУЧЕНИЕ АЛЛОЗИМНОЙ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ПОПУЛЯЦИЙ *CALLUNA VULGARIS* (L.) HULL.

О.Е. Черепанова, И.В. Петрова, С.Н. Санников

ФГБУН Ботанический сад Уральского отделения РАН, г. Екатеринбург, ул. 8 Марта 202а

Botgarden.olga@gmail.com

Объект: *C. vulgaris*

реликтовый вид, широко произрастающий в европейской части России, тогда как на юго-западе Западной Сибири представлен лишь длительно изолированной группой популяций. Продолжительная экогеографическая изоляция, вероятно, привела к микроэволюционной дифференциации маргинальных восточных популяций вереска.



Основная задача: изучение аллозимной структуры пяти популяций *C. vulgaris* по восьми аллельным маркерам.

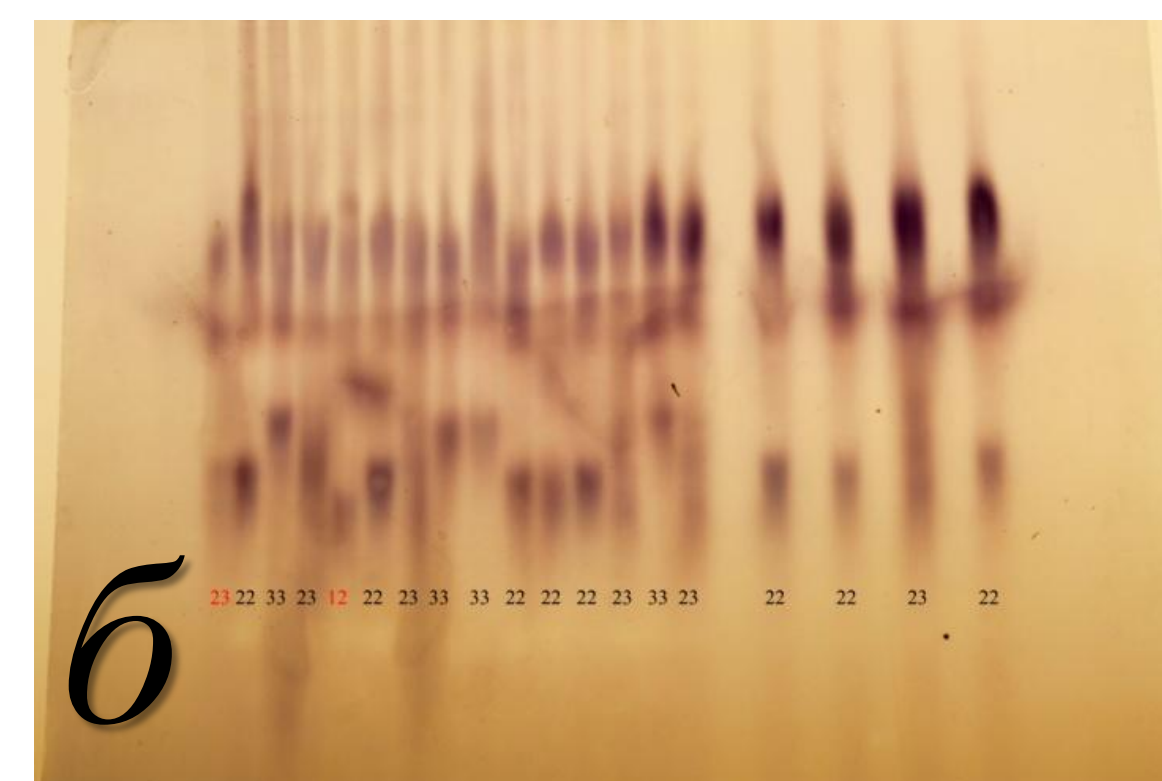
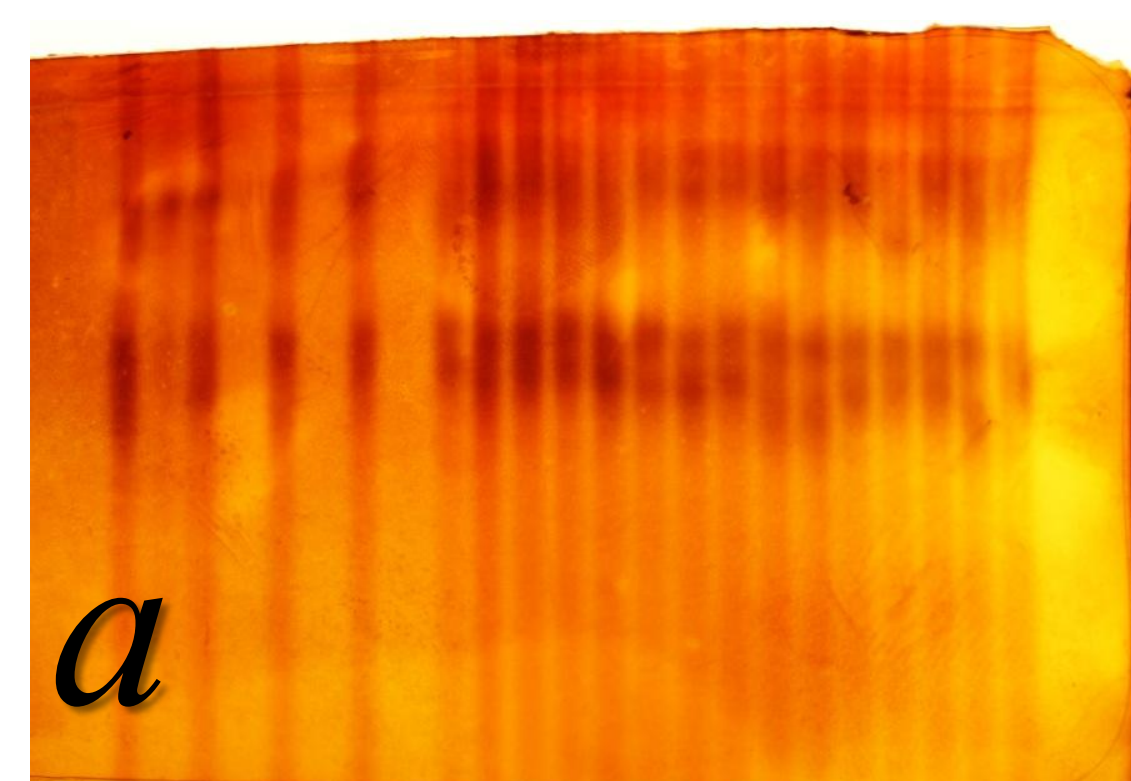


Рис.1 ПААГ – собственные результаты: а - глутамат-оксалаттрансамилаза, б - изоцитратдегидрогеназа

Результаты:

Табл.1 Изученные ферментные системы

Данные, полученные в ходе самостоятельных исследований	
Название ферментной системы	Число локусов
малатдегидрогеназа	1
фосфоглюкомутаза	1
б-фосфоглюконатдегидрогеназа	1
фосфоглюкоизомераза	1
изоцитратдегидрогеназа	2
никотинамиддинуклеотид	1
глутамат-оксалаттрансамилаза	2
алкагольдегидрогеназа	1

Сравнительный анализ изменчивости аллозимной изменчивости *C. vulgaris* проведен между притобольской популяцией (Заводоуспенское) и четырьмя популяциями, расположенными в центральной части ареала (Англия, Соловецкие острова, Сыктывкар, Йошкар-Ола). Все популяции произрастают под пологом древостоев географически замещающих сосняков бруснично-вересково-зеленомошных. Методика сбора материала и последующего анализа подробно описана нами в ранее опубликованных работах Sannykov et al., 2013; 2014.

В результате анализа аллозимной структуры в сравниваемых популяциях *C. vulgaris* выявлены значительные генетические различия между популяцией вереска, произрастающем в Притоболье, где генетическая дистанция Нея (1978) в среднем составила 0.078. Согласно разработанной С.Н. Санниковым и И.В. Петровой шкале генетической подразделенности, данный уровень аллозимной дифференциации популяций соответствует уровню подвида.

Ранее нами уже была показана значительная дифференциация Зауральских популяций по данным анализов хп-ДНК для пяти полиморфным праймерных участков.

Табл.2 Сравнительная таблица двух групп популяций вереска

	Европейские популяции	Западносибирские популяции
A, число аллелей на локус	2,5	1,6
P, уровень полиморфизма в популяциях, %	52,28	55,6
H _e , ожидаемая гетерозиготность	0,148-0,230	0,146-0,210

Генетическая подразделенность между популяциями *C. vulgaris*, произрастающими в центральной части ареала, в два раза ниже (в среднем $DN_{78} = 0.036$) и не превышает ранга географической расы.

Выводы:

Результаты проведенных исследований генетической, морфологической, анатомической структуры популяций *C. vulgaris* подтверждают гипотезу о микроэволюционной дивергенции Притобольских популяций на уровне самостоятельного подвида:

