

**ОЦЕНКА ВНУТРИ- И МЕЖВИДОВОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО
ПОЛИМОРФИЗМА РАЗЛИЧНЫХ ТАКСОНОВ ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ С
ПОМОЩЬЮ ISSR-АНАЛИЗА**

Грушецкая З. Е.^{1,2}, Никитинская Т. В.¹, Кубрак С. В.¹, Дзюбан О.
В.², Кухарева Л. В.³, Поликсенова В. Д.², Титок В. В.³, Лемеш В. А.¹,
Парфенов В. И.², Хотылева Л. В.¹

¹ ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск
grushetskaya@gmail.com

² Белорусский государственный университет, Минск

³ ГНУ «Центральный ботанический сад НАН Беларуси», Минск

Генетическое разнообразие популяции определяет её способность адаптироваться к непосредственному окружению в процессе естественного отбора. При низких показателях внутривидового полиморфизма снижается количество возможных комбинаций генов, способствующих адаптации к окружающей среде, что уменьшает вероятность того, что в этой популяции возникнут новые приспособленные генотипы. Уровень генетического полиморфизма как природных популяций, так и культурных растений наиболее эффективно определяется с помощью ДНК-маркеров. Применение нейтральных молекулярных маркеров ISSR, сравнительно равномерно распределенных по растительному геному, позволяет одновременно определять изменчивость по группе не связанных между собой локусов, что особенно ценно для сохранения и использования генетических ресурсов. В связи с тем, что существует много противоречивых данных об отличии различных типов ДНК-маркеров и возможности их применения для анализа таксонов различного уровня [1], целью данного исследования является анализ информативности ISSR-маркеров при исследовании внутри- и межвидового генетического полиморфизма дикорастущих и культурных растений – купальницы европейской *Trollius europaeus* L., шалфея мускатного *Salvia sclarea* L., вереска обыкновенного *Calluna vulgaris* L. многоножки обыкновенной *Polypodium vulgare* L. и льна обыкновенного культурного *Linum usitatissimum* L.

Материалом для исследования послужили 17 образцов 4 дикорастущих видов (*C. vulgaris* L., *S. sclarea* L., *P. vulgare* L., *T. europaeus* L.) и 18 сортов, относящихся к различным подвидам *L. usitatissimum* L. Каждый образец представляет собой выборку из 10-15 индивидуальных растений популяции (сорта). Образцы *C. vulgaris*, *S. sclarea*, и *T. europaeus* находятся в коллекции Центрального ботанического сада НАН Беларуси, сорта *L. usitatissimum* – Института генетики и цитологии НАН Беларуси, образцы *P. vulgare* собраны авторами в различных эколого-

географических местообитаниях. Анализ сравнительной информативности ISSR-маркеров свидетельствует о совершенно различном характере представленности микросателлитных повторов у представителей различных таксонов высших растений. Так, тринуклеотидный повтор ATG, высокополиморфный для исследованных видов дикорастущих растений, был совершенно неинформативен для подвидов *L. usitatissimum*, однако ди- и тетрануклеотидные повторы в геноме льна представлены широко и полиморфны на 73,3-100%. С другой стороны, у вида шалфея мускатного (*S. sclarea*), представителя семейства Яснотковые, динуклеотидные повторы AC слабо представлены в геноме, и совершенно неполиморфны, и наибольшей информативностью обладают тринуклеотидные повторы (27,2-54,5%). Следует отметить, что геном *P. vulgare* – многоножки обыкновенной, относящейся к высшим споровым растениям (отд. *Polypodiophyta*), также был высокополиморфен по данным ISSR-маркерам, хотя общее количество ПЦП-продуктов, полученных в результате амплификации, было сравнительно невелико – 3-9 в зависимости от праймера. По ряду микросателлитных маркеров, высокоинформативных для прочих представленных видов (ISSR-04, ISSR-08, ISSR-09а, ISSR-24), амплификация с ДНК *P. vulgare* отсутствовала, что может косвенно свидетельствовать об отсутствии, или низкой представленности соответствующих микросателлитных мотивов в геноме данного таксона. Показано, что уровень внутривидовой неоднородности, значения генетических дистанций между популяциями в значительной степени определяются типом микросателлитных повторов и их представленностью в геномах исследуемых видов, поэтому обязательным требованием при изучении генетического полиморфизма различных таксонов является скрининг информативности ISSR-маркеров. Кластерный анализ генетических дистанций между видами, полученных на основании оценки полиморфизма по ISSR-маркерам, согласуется с современными представлениями о филогенетических взаимоотношениях между изученными видами.

1. van de Wouw M., van Hintum T., Kik C., van Treuren R., Visser B. Genetic diversity trends in twentieth century crop cultivars: a meta-analysis// Theor Appl Genet 2010 V. 120. № 6. P. 1241-1252.

2. Bremer, B., Bremer, K., Chase, et al. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants // APG III. Botanical Journal of the Linnean Society. 2009. V.161. P. 105-121