

вавшийся в результате торфоразработок, его глубина около 1,5 м. Болото Мордовское – водоем, глубиной более 3 м.

Отбор проб проводился по стандартным гидробиологическим методикам, с учетом вертикальной неоднородности (шаг – 1 м). Кроме изучения водорослей, развивающихся в пелагической части водоема, рассматривали фитопланктон, формирующийся в сообществах высших водных растений, активно развивающихся на мелководьях «окон».

В результате проведенных исследований установлено, что наибольшее число видовых и внутривидовых таксонов водорослей зарегистрировано в мелких болотах Самарской области, наименьшее – в болоте Пермского края. Отмечается и разница в таксономическом составе альгофлоры водоемов различных климатических зон: с одной стороны – первое место по числу видов, разновидностей и форм во всех болотах занимали зеленые (протококковые); в болотах Самарской области значительную роль в формировании таксономического разнообразия играли эвгленовые водоросли, в водоемах более северных широт – диатомовые и синезеленые. Несмотря на близкое географическое расположение в каждом водоеме формировались специфические условия, отражающиеся на таксономической структуре планктонных водорослей: в болоте Моховом более выражена роль динофлагеллят, по сравнению с Долгим. В состав фитопланктона болота Узилово, по сравнению с Моховым, Журавлиным и Мордовским, бóльший вклад вносят эвгленовые водоросли. Практически во всех «окнах» зарегистрированы рафидофитовые водоросли, вызывающее «цветение» воды водоемов северных широт. Среди болот в Самарской области наименьшее видовое богатство водорослей отмечено в самом глубоком водоеме – Мордовском.

Водоросли, развивающиеся в сообществах высших водных растений, расположенных на мелководных участках «окон» отличаются значительно более высоким видовым богатством во всех водоемах.

В водоемах, расположенных в Самарской области, зарегистрированы значительно более высокие показатели численности и биомассы фитопланктона. В биотопах, формируемых высшими водными растениями, отмечается более активное развитие водорослей, чем в пелагической части.

МУЛЬТИЛОКУСНОЕ ДНК-МАРКИРОВАНИЕ (RAPD И ISSR) КАК ОСНОВА КОМПЛЕКСНОЙ ОЦЕНКИ ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ РЕДКИХ ВИДОВ РАСТЕНИЙ

А.Б. Власова¹, А.Н. Юхимук¹, М.С. Тухфатуллина², М.А. Джус², Б.П. Власов²

MULTILOCUS DNA-FINGERPRINTING (RAPD AND ISSR) AS A BASIS FOR INTEGRATED ASSESSMENT OF THE POPULATION-GENETIC RESOURCES OF RARE PLANT SPECIES

N.B. Vlasava, A.N. Yukhimuk, M.S. Tuhfatullina, M.A. Dzhus, B.P. Vlasov

¹ГНУ «Центральный ботанический сад НАН Беларуси», г. Минск, Беларусь

²Белорусский государственный университет, г. Минск, Беларусь,

N.vlasava@cbg.org.by, 2982080@mail.ru

Объектами исследования являются аборигенные популяции редких и охраняемых видов водных растений в Республике Беларусь: сальвинии плавающей (*Salvinia natans* L.) и водяного ореха (*Trapa natans* L.). Цель работы: разработка комплексного подхода оценки генетических ресурсов современных популяций исследуемых реликтовых видов растений на основе популяционно-генетических и морфологических параметров, выявление их

роли в формировании устойчивости популяций с учетом экологических факторов среды обитания.

Проведена оценка экологических показателей мест произрастания видов. Предпринят RAPD- и ISSR-ПЦР анализ растений из трех локалитетов сальвинии плавающей (р. Припять – «Мозырь»; р. Днепр – «Рогачев», «Речица») и трех групп популяций водяного ореха (оз. Тиосто, Ромашково, Озерок; Синьша, Пролобно; р. Днепр «Гадиловичи») в Беларуси. Проведенный морфометрический анализ особей популяций *T. natans* L. позволил зафиксировать варибельность 17 признаков (Statistica 6.0, tpsDig, V. 2.16), рассчитать значения евклидовых дистанций между особями на внутри- и межпопуляционном уровнях. Проведена оптимизация экспериментальных методик RAPD- и ISSR-генотипирования *S. natans* L. и *T. natans* L. на всех этапах анализа (изоляция геномной ДНК из листьев растений, подбор информативных праймеров, оптимизация условий проведения RAPD- и ISSR-ПЦР, и др.) с целью получения воспроизводимых достоверных результатов по генетическому фингерпринтингу этих видов. На данном этапе популяционно-генетический анализ сальвинии плавающей проведен с использованием 3 RAPD и 2 ISSR праймеров; водяного ореха – с 3 RAPD и 1 ISSR праймеров. В результате ДНК-маркирования *S. natans* L. и *T. natans* L. выявлены RAPD- (70 и 91, соответственно) и ISSR-локусы (79 и 30, соответственно). На основе аллельных частот анализируемых локусов рассчитаны генетические дистанции между особями в отдельных популяциях и межпопуляционные дистанции, построены дендрограммы генетического сходства особей внутри/между популяциями, определены популяционно-генетические показатели: эффективное число аллелей (n_e); процент полиморфных локусов (P_p); ожидаемая гетерозиготность (H_B); информационный индекс Шэннона (I), показатели F- и G-статистик (в т.ч. генное разнообразие), N_m – поток генов и др. (2100 Expert, PopGen V.1.32, Treecon, GenePop).

Оценка эколого-фитоценологических, гидрохимических и др. параметров среды обитания, данные морфологического анализа и генетического фингерпринтинга объединяются для сведения в общей базе данных изученных популяций *S. natans* L. и *T. natans* L. с целью дальнейшего определения популяционно-генетического потенциала, уточнения таксономического статуса *T. natans* L., геногеографии *S. natans* L., разработки регламента мониторинга и мероприятий по охране видов. Предполагается дальнейшее пополнение базы данных результатами генотипирования особей из других мест обитания с использованием большего числа праймеров.