

**Государственный Дарвиновский музей
Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН
Кафедра биологической эволюции МГУ**

Материалы конференции

**Современные проблемы
биологической эволюции**

к 100-летию Государственного Дарвиновского музея

17—20 сентября 2007
Москва

состояния генома может стать образование нового варианта онтогенеза, иначе говоря, возникновение нового вида.

Таким образом, под прикрытием хромосомной перестройки может идти процесс видообразования. Если возникнет новая программа онтогенеза, первым шагом на пути к формированию нового вида будет закрепление хромосомной перестройки в гомозиготном состоянии.

Предлагаемый сценарий роли хромосомной перестройки в видообразовании неожиданным образом «примиряет» факты «за» и «против» роли перестроек в видообразовании. В этом сценарии хромосомная перестройка имеет важное, но не первостепенное значение. А известная схема «хромосомная перестройка → видообразование» меняется на более сложную: «мутация онтогена + хромосомная перестройка → видообразование».

Работа поддержана РФФИ, гранты 04-04-48100 и 06-04-48116, программой президиума РАН «Динамика генофондов животных, растений и человека» и комплексной программой президиума РАН «Происхождение и эволюция биосферы».

Морфологическая изменчивость и генетический полиморфизм *Oxytropis chankaensis* (Fabaceae)

Холина А.Б., Холин С.К.

Биолого-почвенный институт ДВО РАН, Владивосток 690022, Россия
e-mail: kholina@ibss.dvo.ru

Остролодочник ханкайский *Oxytropis chankaensis* Jurtz. — травянистый многолетник, узколокальный эндем западного побережья оз. Ханка (Приморье), редкий вид, включенный в готовящуюся Красную книгу Приморского края (Перечень..., 2002). Цитологическими методами установлено, что вид является тетраплоидом с $2n=32$ (Гурзенков, 1969), на основе анализа изоферментов показано автотетраплоидное происхождение вида (Холина и др., 2004). *O. chankaensis* характеризуется узкой экологической приуроченностью к открытым пескам, существует в виде небольших популяций. В малых изолированных популяциях редких видов при колебаниях численности проявляются негативные последствия генетического дрейфа, сопровождающиеся общим падением уровня изменчивости. Принято считать, что виды с узким ареалом и небольшим числом особей обладают низким уровнем генетического полиморфизма (Hamrick, Godt, 1989). Целью настоящей работы является исследование морфологической и генетической изменчивости редкого тетраплоидного вида остролодочника ханкайского.

Изучали растения из 5 популяций (приведены в соответствии с их расположением с севера на юг вдоль западного побережья оз. Ханка): с. Турий

Рог (1), с. Новокачалинск (2), коса Пржевальского (3), о-в Сосновый (4), с. Троицкое (5). Популяции 3 и 4 находятся на территории заповедника «Ханкайский». Для изучения морфологической изменчивости исследовали 69 растений в средневозрастном генеративном состоянии. Использовали 27 признаков вегетативных и генеративных органов. Статистический анализ межпопуляционной изменчивости выполнен методами дисперсионного, канонического и дискриминантного анализа с применением программы Statistica, кластерный анализ — с помощью программы NTSYS. В качестве меры сходства использован нецентрированный коэффициент Пирсона. Генетическую структуру популяций изучали по общепринятым методикам с использованием в качестве маркеров полиморфных ферментных систем.

Наиболее вариабельными по большинству морфологических признаков являются популяции заповедника, что может быть связано с их наибольшей численностью. Минимальная амплитуда изменчивости по большинству признаков отмечена в пунктах с высокой антропогенной нагрузкой (2 и 5). Канонический анализ пяти выборок показал, что в пространстве первых двух канонических переменных (КП) может быть представлено 50,9% межпопуляционной изменчивости. Самый высокий вклад в КП1 вносит изменчивость признаков цветка и соцветия, в КП2 — признаков листа. Каждая выборка в пространстве координат образует отдельную группу и занимает достаточно обособленное положение. По значениям КП1 наблюдается распределение популяций в соответствии с их географическим расположением: в области отрицательных значений находятся выборки северной части ареала, положительных — южной. По значениям КП2 в область положительных значений попадают выборки 1 и 4, растения которых характеризуются более крупными размерами листьев и листочков, а в область отрицательных значений — популяции, испытывающие антропогенное давление (2 и 5). Дискриминантный анализ выявил четкие различия между выборками, суммарная точность классификации составила 89,4%. Наибольшая точность классификации (100%) отмечена для популяций 2 и 5. Кластерный анализ показал, что выборки разделились на два кластера: первый образован выборками 1, 3 и 4, второй — 2 и 5. Группировка выборок близка к их распределению вдоль КП2, т.е. результаты кластерного анализа согласуются с результатами канонического анализа. В целом можно отметить, что установлена выраженная дифференциация популяций по морфологическим признакам. Очевидно обособление популяций, находящихся в зоне усиленного антропогенного воздействия.

Электрофоретический анализ 294 растений был проведен по 16 ферментным системам, предположительно кодируемых 28 локусами, 12 из которых оказались полиморфными. Анализ генотипов по каждому полиаллельному локусу показал, что наибольшее количество различных генотипов представлено в популяции 3, минимальное — в популяции 2, при этом во всех были обнаружены уникальные генотипы. Тест на гетерогенность показал значимые различия между

популяциями ($\chi^2=193,71$; $df=48$; $p<0,01$). Наиболее высокими показателями полиморфизма характеризуются популяции заповедника (3, 4), максимальные значения средней наблюдаемой (0,279) и ожидаемой (0,309) гетерозиготности отмечены в популяции 3. Уровень аллозимного полиморфизма *O. chankaensis* ($P=42,9\%$, $A=2$, $H_{ob}=0,266$) необычайно высок по сравнению с другими эндемичными и редкими видами и даже по сравнению с изученными автотетраплоидными видами, что может быть связано с особенностями биологии, тетрасомным типом наследования и историей формирования автотетраплоидного генома у данного вида (Холина, 2005). Такой существенный резерв генетического разнообразия может иметь решающее значение для предотвращения негативных последствий, связанных с малой численностью изолированных популяций, и предоставляет возможность для адаптации и эволюционных преобразований. Анализ подразделенности популяций на основе F-статистики Райта показал, что 97,5% всей изменчивости находится внутри популяций и только 2,5% приходится на межпопуляционную изменчивость. Поток генов путем распространения пыльцы и семян достаточно велик ($N_{em}=9,75$), чтобы не позволять накапливаться генным различиям. Рассчитанные генетические дистанции (в среднем $D_N=0,009$) находятся в интервале средних значений для конспецифичных популяций растений и свидетельствуют об общности генофонда изученных популяций.

**Гибридные лягушки (*Rana esculenta*), производящие гаметы
обоих родительских видов, — результат независимой клональной
эволюции геномов?**

Шабанов Д.А.

Кафедра зоологии и экологии животных
Харьковского национального университета, Харьков 61077, Украина
e-mail: d_sh@i.ua

Поддержание сложных популяционных систем зеленых лягушек (*Rana esculenta* complex) возможно благодаря мероклональному наследованию, характерному для гибридных особей (традиционно обозначаемых как *Rana esculenta*). Как установлено многочисленными исследованиями (Plüttner, 2005), *Rana esculenta* производят гаметы, содержащие геномы родительских видов (*Rana lessonae* и *Rana ridibunda*), передающиеся клонально, без рекомбинации. Примером сложной популяционной системы зеленых лягушек может быть их метапопуляция в окрестностях биологической станции ХНУ (с. Гайдары Змиевского района Харьковской области; среднее течение Северского Донца). Эта метапопуляция на протяжении ряда лет изучается сотрудниками ЗИН РАН, ЦИН РАН и ХНУ с использованием проточной цитометрии и других методов