

*Н. В. САМОХВАЛОВА*

**ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ  
ПРОИЗРАСТАЮЩИХ В БЕЛАРУСИ ПОПУЛЯЦИЙ *OPHRYS  
INSECTIFERA* L. С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МОЛЕКУЛЯРНЫХ iPBS  
МАРКЕРОВ**

*Центральный ботанический сад НАН Беларуси, Минск, Беларусь  
E-mail: nsamokhvalovachbg@gmail.com*

**Введение.** Распределение генетического разнообразия на популяционном уровне играет важную роль в сохранении видов. Биологическое разнообразие напрямую связано с выживанием видов благодаря их способности адаптироваться к изменениям окружающей среды [1].

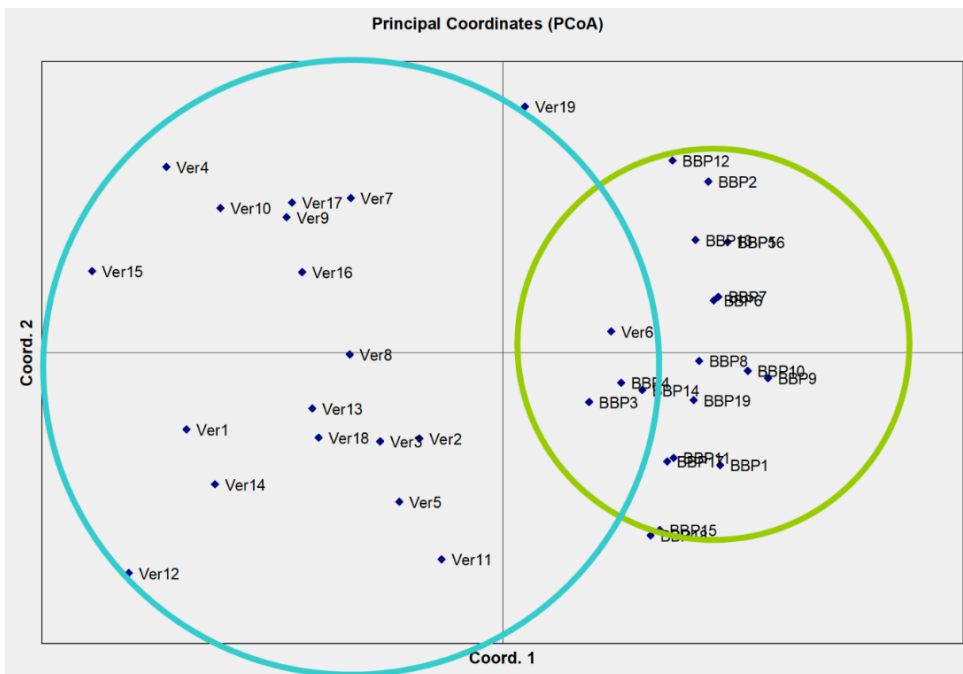
Существующая в Беларуси в отдельных локалитетах за восточной границей ареала офрис насекомоносная (*Ophrys insectifera* L.) – реликтовый европейско-средиземноморский вид, находящийся на грани исчезновения (I категория – CR) и включенный в Приложение II к Конвенции СИТЕС [2]. В Беларуси известно два места его произрастания: в Березинском биосферном заповеднике и в окрестностях д. Веркуды (Ушачский р-н, Витебская обл.). Для выбора стратегии сохранения вида и оценки способности популяций адаптироваться к неблагоприятным факторам окружающей среды должно быть определено генетическое разнообразие внутри и между найденными популяциями.

**Материалы и методы.** В данном исследовании для выделения ДНК использовали высушенные в силикагеле листья *Ophrys insectifera* L. ДНК выделяли СТАВ методом. Исходные образцы использовали для проведения ПЦР с помощью iPBS маркеров [3] и последующего электрофореза. Полученные изображения использовали для построения бинарных матриц и расчета различных параметров популяций.

**Результаты и обсуждение.** Из 30 проанализированных iPBS маркеров были отобраны два (2390 и 2076), которые позволили получить наибольшее число четких и полиморфных ампликонов. При условии равновесия Харди–Вайнберга эффективное число аллелей ( $N_e$ ) имеет значение 1,619 для популяции из д. Веркуды и 1,333 для популяции Березинского биосферного заповедника. Генетическое разнообразие Нея ( $H_e$ ), информационный индекс Шеннона ( $I$ ) и доля полиморфных локусов для популяции из д. Веркуды составили 0,1879; 0,2909; 61,9 % соответственно, для популяции Березинского биосферного заповедника – 0,1101; 0,1653 и 33,33 %. Разнообразие генов в популяциях ( $H_s = 0,1490$ ) меньше общего генетического разнообразия ( $H_t = 0,2012$ ). Почти 26 % от общей генетической изменчивости приходится на межпопуляционную изменчивость ( $G_{st} = 0,2595$ ). Поток генов ( $N_m$ ) для популяций *Ophrys Insectifeta* L. составил 1,4265, что указывает на высокий уровень обмена ге-

нами между популяциями. Но так как поток генов между популяциями маловероятен из-за их географической удаленности, можно предположить, что ранее, в какой-то промежуток времени, поток генов между популяциями существовал. Анализ молекулярной вариации AMOVA показал, что большая часть генетического разнообразия (64 %) является внутривидовым, а 36 % генетической вариации – между оцененными популяциями. Оценки дисперсии были основаны на 999 перестановках. Разница между индивидами в популяциях была статистически значимой ( $p < 0,001$ ). Высокие значения, полученные для оценочных показателей генетической дифференциации ( $F_{ST} = 0,358$ ), указывают на значительный уровень генетической дифференциации среди популяций.

На графике главных координат (ось 1 составляет 29,86 % отклонения, ось 2 – 9,24 %), построенном по результатам IPBS-анализа, образцы сформировали две достаточно четкие группы (см. рисунок). Такое подразделение популяций в целом совпадает с их географическим расположением. Анализ РСoA подтверждает ранее полученные данные о том, что популяция из д. Веркуды более генетически гетерогенна, чем популяция Березинского биосферного заповедника. Среднее генетическое расстояние для популяции Березинского биосферного заповедника составило 4,41, а для популяции из д. Веркуды – 9,15.



Распределение исследованных образцов на первых двух главных координатах (PCoA)

**Выводы.** Основываясь на полученных результатах, можно сделать вывод, что популяция в Березинском биосферном заповеднике имеет более высокий риск исчезновения, чем популяция из д. Веркуды. Наличие более высокого уровня внутривидового разнообразия может указывать на то, что для сохранения вида достаточно небольшого количества популяций, а следовательно, для сохранения вида на территории Республики Беларусь необходимо контролировать состояние (генетическую гетерогенность) двух найденных популяций.

### Литература

1. Genetic diversity and population structure analysis of *Dalbergia Odorifera* Germplasm and development of a core collection using microsatellite markers / F.-M. Liu [et. al.] // *Genes* (Basel). – 2019. – Vol. 10, N 4.
2. Convention on International trade in endangered species of wild fauna and flora [Electronic resource]. – Mode of access: <https://www.cites.org/eng/disc/text.php#IV>.
3. IPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation / R. Kalendar [et al.] // *Theor. Appl. Genet.* – 2010. – Vol. 121, N 8. – P. 1419–1430.

*В. В. СТРЕЛКОВСКИЙ*

### БИОХИМИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ РАСТОРОПШИ ПЯТНИСТОЙ (*SILYBUM MARIANUM L.*) ПРИ ДЕДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ТКАНЕЙ В КУЛЬТУРЕ *IN VITRO*

*Центральный ботанический сад НАН Беларуси, Минск, Беларусь*  
*E-mail: vlad.strelkovskii@gmail.com*

**Введение.** Применение *in vitro* культуры клеток и тканей растений является перспективным направлением для получения биологически активных веществ в биотехнологическом процессе. Известно, что в культуре *in vitro*, а также при дедифференциации растения пребывают в специфических условиях, вызывающих изменения их физиологического и биохимического состояния.

Цель исследования состояла в установлении характера изменений биохимических показателей каллусов расторопши пятнистой при дедифференциации клеток из культуры *in vitro* в каллусную культуру [1].

**Материалы и методы.** Объектами исследований являлась дифференцированная и дедифференцированная *in vitro* культура расторопши пятнистой, полученная в отделе биохимии и биотехнологии растений ГНУ «Центральный ботанический сад НАН Беларуси» [2]. Для определения содержания флавоноидов и ОКК пользовались методикой, приведенной в работе [3].

**Результаты и обсуждение.** Для проведения первичного биохимического анализа использовали стерильные культуры расторопши пятнистой (лист, стебель, корень, семядольный лист). Определено, что содержание флавоноидов в образце «Корень» было наибольшим и составило 0,5749 % (табл. 1). Для образца «Лист» содержание флавоноидов составило 0,5726 %. Для образцов «Стебель»