

Сведения о выполненных работах
в период с 01.07.2019 г. по 30.06.2020 г.

по проекту «**Биосистематика и эволюция модельных таксонов
семейства Ranunculaceae**»,
поддержанному Российским научным фондом

Соглашение № 19-74-10082

Руководитель: канд. биол. наук Эрст Андрей Сергеевич

В ходе таксономической обработки представителей семейства Ranunculaceae для флоры Гималаев, проведена типификация названий всех таксонов рода *Aquilegia*, известных из этого региона, в том числе видов, которые были описаны John Royle и другими выдающимися исследователями флоры Пан-Гималаев. Для типификации исследовался гербарный материал и/или цифровые изображения гербарных образцов, хранящихся в крупнейших коллекционных фондах – BM, CAL, E, K, LIV, KND, LE и P (акронимы гербариев приводятся в соответствии Thiers 2020 +). Кроме того, коллективом авторов, проведены дополнительные полевые работы в Гималаях для оценки вариации морфологических признаков. Лектотипы и эпителипы обозначены в соответствии с соответствующими статьями Международного кодекса номенклатуры для водорослей, грибов и растений (Turland et al., 2018). Соответствующая информация, указанная в протологах (“Protologue citation”), приведена здесь для всех названий. Все образцы приведены в полном объеме; большинству из них присвоены номера штрих-кодов, следующие за кодами гербариев. По результатам работ опубликована статья в журнале *Phytotaxa* (Erst et al., 2020c), вторая статья подготовлена для подачи в этот же журнал в 2020 году.

Результаты выполненной работы по таксономической ревизии рода *Aquilegia* для территории Пан-Гималаев указывают на то, что в некоторых горных районах Азии еще могут быть обнаружены новые эндемичные виды. Разнообразие видов *Aquilegia* в Индии, Пакистане и Непале выше, чем считалось ранее, и Гималайский регион можно считать продолжением центральноазиатского центра разнообразия рода. В результате нами были описаны и проиллюстрированы новый для науки вид *Aquilegia bashahrica* и новый гибрид *Aquilegia* × *emodi* из Северо-Западных Гималаев. Кроме того, *A. lactiflora* впервые приводится для территории Индии и Пакистана, *A. roskii* найдена в Непале, а *A. kareliniana* исключена из флоры Индии. Помимо описания новых таксонов, в статье приведен идентификационный ключ к видам аквилегии из Северо-Западных Гималаев и обсуждены диагностические признаки, включая те, которые не были ранее использованы для диагностики таксонов. Результаты ревизии представлены в журнале *Phytotaxa* (Erst et al., 2020a).

Ревизия рода *Eranthis* в Сибири в рамках предварительного исследования показала, что название вида *E. sibirica* до сих пор еще не было типизировано. С целью закрепления использования названия в том смысле, в каком оно применялось ранее и используется сейчас, была проведена лектотипификация. В ходе работ исследованы

гербарные коллекции, хранящиеся в BM, G, LE, LECB, LINN и MW (гербарные коды по Thiers 2019). Результаты представлены в журнале *Phytotaxa* (Erst et al., 2020b).

Кроме традиционного метода секвенирования по Сэнгеру в рамках выполнения проекта был применен подход, основанный на методе NGS (Next Generation Sequencing). Метод RADseq (Restriction site Associated DNA Sequencing) был использован для изучения видов *Halerpestes*. Двойное дайджест-секвенирование ДНК, связанное с сайтом рестрикции (ddRADseq), использовалось для получения филогеномных данных на основе 23 образцов *Halerpestes* (свежий и высушенный гербарный материал). *Delphinium* был выбран в качестве внешней группы для понимания филогенетических отношений в пределах *Halerpestes* в качестве наиболее близкородственного. Метод позволил получить высококачественные филогеномные данные, содержащие миллионы пар оснований для каждого образца. Библиотеки данных получились высокого качества на основе метрик FastQC. Данные были обработаны в пакете *ipyrad*, а филогенетический анализ выполнен в сервисе *raxml* и в пакете BEAST. Как ML, так и Байесовский подход позволили успешно реконструировать филогенетические отношения в пределах *Halerpestes* и между внешними группами, и эти отношения, как правило, характеризуются высокими поддержками. Род *Halerpestes* дивергирует на основные хорошо подержанные клады: (I – виды из Тибетских плато, II–II-1 – виды из Северной Азии и II-2 – виды из Северной и Южной Америки), положение каждой из которых в значительной степени определяется географией. Для проверки и подтверждения рабочих теорий требуются дополнительные исследования в областях филогеографии и сравнительной морфологии.

Анализы набора данных методами максимального правдоподобия (ML) и байесовского подхода (BI) позволили выявить монофилию *Eranthis*, занимающего сестринское положение к *Actaea*. Древо *Eranthis* имеет две основные клады (I – виды с белым цветком и II – виды с желтым цветком) и четыре хорошо поддержанных подклады (I-1 – виды из Восточного Тибетского плато; I-2 – виды из Северной Азии; II-1 – виды из Западного Тибетского плато; II-2 – виды из Средиземноморья), положение каждой из которых в значительной степени определяется географией. В пределах подклады I-2 таксоны Монгольского плато объединялись и расположились среди таксонов Северо-Восточной Азии. Результаты комплексного анализа молекулярной датировки и реконструкции предковых ареалов указывают на то, что представители *Eranthis* возникли в Восточной Азии, а затем рассредоточились с востока (Восточная Азия) на запад (Западное Тибетское плато и районы Средиземноморья) между 56 и 41 млн. л. н.

Исследованы цитогенетические параметры европейских и центральноазиатского видов рода *Eranthis*. Определены числа хромосом в соматических клетках, уровень пloidности, а также ряд стандартных кариоморфологических параметров для данных видов: длина хромосом каждой пары, плечевой индекс, центромерный индекс, тотальная длина гаплоидного набора хромосом, относительная длина каждой хромосомы в наборе, средняя длина хромосом в наборе, показатели асимметрии хромосом, используемые в современной

цитогенетике растений: коэффициент вариации длины хромосом (CVCL), коэффициент вариации центромерного индекса (CVCI), средняя центромерная асимметрия (MCA), установлено содержание ДНК в ядре методом проточной цитометрии. Показаны различия на уровне наборов хромосом. Отличия обусловлены составом неравноплечих хромосом разных морфологических типов, их размером и центромерными индексами, тотальной длиной гаплоидного набора хромосом и содержанием ядерной ДНК, показателями межхромосомной (CVCL) и внутрихромосомной (MCA, CVCI) асимметрии. В дальнейшем, сравнение этих параметров у представителей разных популяций одного вида и между видами позволит предположить уровень внутривидового полиморфизма и эволюционных преобразований хромосом.

Определено содержание ДНК в ядре для 7 видов аквилегий: *Aquilegia ecalcarata*, *A. flavescens*, *A. hebeica*, *A. laramiensis*, *A. semicalcarata*, *A. sibirica*, *A. yabeana*. Значения варьировали от $2C = 0,78 \pm 0,02$ пг – у *Aquilegia hebeica*, до $2C = 0,92 \pm 0,03$ пг – для *Aquilegia flavescens*. Поскольку все изученные образцы имели одинаковое число хромосом $2n = 14$, на основании полученных данных можно предположить, что эволюция в пределах данного рода сопряжена с изменением количества повторяющихся последовательностей в геноме.