

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

по проекту «**Ковыли (*Stipa*, *Poa*) Центральной Азии: филогения, таксономия, экология, распространение**»,  
поддержанному Российским научным фондом

Соглашение № 19-74-10067

Руководитель: канд. биол. наук Гудкова Полина Дмитриевна

В течение первого этапа выполнения работ по проекту проведена масштабная научно-исследовательская работа в фондах крупнейших Гербариев – LE, LECB (Санкт-Петербург, Россия), M, MSB (Мюнхен, Германия), MW (Москва, Россия), NS (Новосибирск, Россия). В результате критической ревизии гербарных коллекций (более чем 4500 гербарных листов) переопределена таксономическая принадлежность гербарных образцов и уточнены данные по распространению представителей исследуемой группы злаков. Результаты выполненной работы были обобщены с данными, полученными ранее при работе с личными сборами (3406 гербарных листов) и материалами гербарных коллекций – AA, B, BM, BRNU, E, FR, FRU, G, GAT, GFW, GOET, IFP, K, KAS, KFTA, KHOR, KRA, KRAM, KUN, KUZ, MOIS, P, PE, PR, PRC, TAD, TASH, TK, UPS, W, WA, WU, Z (более 6000 гербарных листов). Выявлено, что на территории Центральной Азии произрастает 98 таксонов, включая 72 вида, 4 подвида и 22 разновидности, из которых 23 имеют гибридное происхождение (предположение выдвинуто на основании морфологического изучения). Так же проанализировано распределение числа видов по странам Центральной Азии: Казахстан – 42, Таджикистан – 40, Киргизия – 35, Китай – 38.

В результате выполнения работ по проекту описано 13 новых таксонов, из них: 4 новых для науки вида, 1 подвид, 8 разновидностей. Кроме того, обнаружено 12 новых номенклатурных комбинаций. С учетом проведенной таксономической ревизии составлен новый ключ для определения видов ковылей Центральной Азии. Проанализирована степень эндемичности среди представителей рода *Stipa* на исследуемой территории. Из 98 таксонов (видов и подвидов) *Stipa* в Центральной Азии, 41 – является эндемичным, и их распространение ограничено либо конкретной страной или горным массивом, либо регионом исследования в целом. К субэндемикам отнесено 8 видов: *Stipa himalaica*, *S. kirghisorum*, *S. korshinskyi*, *S. lingua*, *S. roborowskyi*, *S. tianschanica*, *S. trichoides*, *S. turkestanica*. Наибольшее количество эндемичных таксонов *Stipa* отмечается для территорий Южного Казахстана (21 таксон), Таджикистана (20 таксонов), Кыргызстана (14 таксонов) и Узбекистана (7 таксонов). Также в рамках проекта проведен поясно-зональный и экологический анализы ковылей Центральной Азии.

Проведен сравнительный анализ эффективности применения двух методов молекулярно-генетического анализа: (1) с использованием секвенирования по Сэнгеру хлоропластных локусов, заявленных в первоначальном плане исследования;

(2) с использованием маркеров DArT. До настоящего времени метод DArTseq применялся в основном в рамках геномных исследований хозяйственно ценных видов растений, однако за последний год была доказана его эффективность для геномных исследований диких видов. Полученные по проекту результаты применения метода DArTseq, основанного на редукции размера генома при помощи эндонуклеаз рестрикции и последующем секвенировании следующего поколения на платформе HiSeq2500 (Illumina, USA), показали существенное его преимущество перед методом секвенирования по Сэнгеру лимитированного набора локусов. В частности, метод DArTseq способен не только реконструировать филогению рода, но и выявлять таксоны, имеющие гибридное происхождение.

В отчетном году проведено исследование, направленное на выявление происхождения эндемичного таксона *Stipa ×lazkovii*, найденного на южном берегу озера Иссык-Куль (Киргизия). В рамках интегративной таксономии, объединяющей морфологические и молекулярные подходы для подтверждения видовых гипотез, было выдвинуто предположение о гибридной природе *Stipa ×lazkovii*. Для верификации данного предположения были изучены виды *S. krylovii*, *S. bungeana*, *S. ×lazkovii*, *S. breviflora*, *S. capillata* и *S. sareptana*. На макроморфологическом уровне были проанализированы 22 количественных и 3 качественных признака, традиционно применяемых в ключах и таксономических описаниях видов *Stipa*. Факторный анализ смешанных данных (FAMD) выявил 6 заметно дифференцированных групп объектов в соответствии с таксономической классификацией исследуемых таксонов. Признаки, оказывающие наибольшее влияние на изменчивость первых трёх осей, были проанализированы с помощью «Notch plots». Были выявлены пять признаков, имеющие значимые различия между средними и убедительные доказательства различающихся медиан в пределах видов *S. bungeana*, *S. krylovii* и предполагаемого гибрида *Stipa ×lazkovii*. Микроморфологический анализ выявил наличие промежуточных характеристик *Stipa ×lazkovii* между *S. bungeana* и *S. krylovii*. Молекулярно-генетический анализ с использованием метода DArTseq выявил 76 604 *silicoDArT* и 19 133 SNP полиморфных маркеров. Результаты анализа генетической структуры изученных таксонов с использованием (1) метода главных координат (PCoA), (2) *fastSTRUCTURE* и (3) метода невзвешенных парных групп со средним арифметическим (UPGMA) подтвердили наличие шести заметно дифференцированных групп, а также подтвердили, что все образцы *S. ×lazkovii* являются гибридами первого поколения между *S. bungeana* и *S. krylovii*. Результаты исследований доказали возможность гибридизации между генетически отдалёнными видами ковылей и эффективность применения метода DArTseq для геномных исследований злаков. В связи с этим, считаем уместным и вполне оправданным применение метода DArTseq на следующих этапах выполнения работ по генотипированию в рамках проекта.

Так же в отчетном периоде были начаты работы по анализу гибридогенных процессов в комплексе видов *S. capillata*, *S. grandis*, *S. baicalensis*, *S. krylovii*, в рамках которого был применен алгоритм анализа гибридных комплексов разработанный и успешно опробованный на *S. ×lazkovii*. Для решения этой задачи были отобраны

репрезентативные гербарные образцы (всего 556 экземпляров). Из них в молекулярно-генетические исследования были вовлечены 309 образцов. На данном этапе идет обработка полученных результатов и написание статьи.

Кроме того, проведены исследования распространения ковылей и составлены точечные карты для 32 видов, на основании информации по 3864 гербарным листам. По завершению работ по проекту весь массив данных будет размещен в Глобальном информационном фонде по биоразнообразию (GBIF).

Результаты обобщены и опубликованы в журнале *Annals of the Missouri Botanical Garden* (Q1). Еще одна обзорная статья "Morphological and genome-wide evidence for natural hybridisation within the genus *Stipa* (Poaceae)" находится на стадии рецензирования в редакции журнала *Scientific Reports* группы Nature.