

Гибриды *Salvia nemorosum* и *Salvia nutans* из Воронежской области: данные морфологического и молекулярно-филогенетического анализов

Научный руководитель – Федорова Татьяна Анатольевна

*Лисицына А.Д.*¹, *Завьялов А.Е.*², *Таратушка Е.А.*³

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра геоботаники, Москва, Россия, *E-mail: asya.foxi@yandex.ru*; 2 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия, *E-mail: shurink816@gmail.com*; 3 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра высших растений, Москва, Россия, *E-mail: k1213670@gmail.com*

Гибридизация и интрогрессия часто встречаются в роде *Salvia*, и межвидовые гибридные особи демонстрируют паттерны морфологических признаков, которые могут иметь разное таксономическое значение. Филогения рода также остается достаточно неоднозначной [1] из-за широко распространенной межвидовой гибридизации. Известно, что морфологические признаки цветка и побеговых систем наиболее стабильные и показательные для видов *Salvia*, тогда как изменчивость и диагностическое значение микроморфологических признаков стеблей, листьев и цветков изучены плохо или не изучены совсем. Наша работа посвящена изучению гибрида видов *S.nemorosum* и *S.nutans* на территории Воронежской области.

1) В работе сравнивали морфологию родительских видов и гибридов по ряду качественных и количественных морфологических признаков: типы трихом и их распределение, строение цветка, форма брактеев, форма листьев и их распределение на побеге, строение соцветий. Тип и характер распределения трихом имеют важное значение в выявлении гибридов и чистых видов. Промежуточное значение имеет форма чашечки гибрида и форма нижней губы. Эти признаки могут быть отличными маркерами гибридизации и интрогрессии и полезны для таксономии, систематики и эволюционных исследований европейских шалфеев.

2) Для анализа полученных данных мы использовали метод главных координат по Говеру и многомерный факторный анализ. Показано, что гибрид находится на равном расстоянии от родителей, и облако включающее гибриды растянуто по второй координате в отличие от облаков родительских видов.

3) Для включения в филогенетическое дерево и сравнения с данными полученными ранее для видов этой секции [1] был получен ген рибосомального белка L32 (*gpl32*) и *gpl32-trnL* межгенный спейсер родительских видов и гибрида. Данные молекулярно-филогенетического анализа показывают, что в популяции скорее всего распространен один гаплотип исследованного хлоропластного маркера. В нем есть вариабельные сайты, по числу которых предполагаемый гибрид ближе к *S.nemorosum*. Растения *S. nutans* данной популяции отличаются от растений из других точек ареала по данному маркеру, что может свидетельствовать о гибридогенной природе всех трех таксонов.

Дано морфологическое описание гибридов и его родителей. Часть признаков гибрида совпадает с одним из родителей, некоторые признаки являются промежуточными или уникальными для гибрида. На основании качественных признаков составлен ключ для определения родительских видов и гибрида.

Источники и литература

- 1) Will M., Claßen-Bockhoff R. Time to split *Salvia* s.l. (Lamiaceae)—new insights from Old World *Salvia* phylogeny //Molecular Phylogenetics and Evolution. – 2017. – Т. 109. – С. 33-58.