

# Генетическая структура багульников Северной Америки: интеграция популяционно-генетических и филогенетических методов



ЛАБОРАТОРИЯ  
МОЛЕКУЛЯРНОЙ  
ЭКОЛОГИИ РАСТЕНИЙ  
Lab molecular ecology of plant

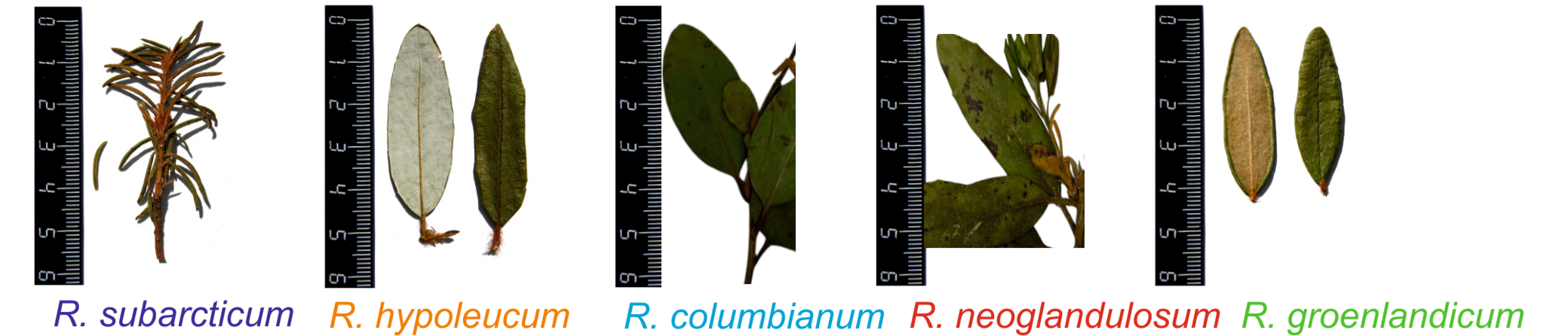


## и филогенетических методов

Юнусова Диана Руслановна

аспирант 3ого года

email: [dianaiunusova@mail.ru](mailto:dianaiunusova@mail.ru)



Научный руководитель:  
к.б.н., с.н.с. Полежаева Мария Алексеевна

Исследование близкородственных видов растений часто сопряжено с методологическими трудностями: неполная сортировка линий (ILS) и поток генов (гибридизация, интрогрессия) могут маскировать истинные филогенетические отношения.

Для багульников (*Rhododendron* subsect. *Ledum*) — группы с неясной таксономией и потенциальной гибридизацией — выбор оптимального аналитического подхода критичен для реконструкции их эволюционной истории.

Ранее на основе изменчивости хлоропластной ДНК была изучена филогения и популяционная структура багульников преимущественно в Евразии (Iunusova et al., 2023; Iunusova et al., 2024).

**Цель** настоящей работы выявить популяционно-генетическую структуру багульников североамериканского континента и оценить уровень дифференциации между видами с использованием маркеров ядерной ДНК.

### Задачи

1. Реконструировать видовое дерево с учётом ILS
2. Оценить направленные потоки генов (миграцию) между видами
3. Сравнить филогенетические отношения с результатами популяционно-генетических методов (PCoA, STRUCTURE, AMOVA)

### Материалы и методы

Исследовано 62 образца, 11 популяций, 4 вида из Северной Америки: *R. groenlandicum* (Oeder) Kron & Judd, *R. columbianum* (Piper) Harmaja, *R. neoglandulosum* Harmaja и *R. subarcticum* Harmaja. Выборки из Евразии *R. subarcticum* (Чукотка) и *R. hypoleucum* Harmaja (Приморье) добавлены для анализа трансконтинентальных связей (Рис. 1).

В качестве маркеров использовали 13 низкокопийных участков ядерной ДНК (EST маркеры и гены фитохромов).

Для анализа данных использованы методы:

1. PCoA (метод главных координат) — визуализация кластеров без априорного задания групп (p-distance по каждому локусу с последующим усреднением, попарное удаление гэпов, кодирование неоднозначных позиций).
2. STRUCTURE — оценка числа предковых кластеров (K) и доли примеси (K = 1–10, 10 повторностей, burn-in = 50 000, MCMC chains = 100 000, выбор K: метод Эванно (ΔK)).
3. AMOVA (молекулярный дисперсионный анализ) — иерархическое разложение изменчивости (выполнено в R с использованием пакета poppr с иерархической формулой ~Species/Population, 1000 permutation-тестов).
4. AIM/BEAST2 — филогенетический анализ для 13 независимых локусов (Модель Isolation-with-Migration, модель нуклеотидных замен - TPM2(121323) выбрана с помощью bModelTest, MCMC 20 млн итераций, burn-in 10%, сходимость проверена в Tracer - ESS > 200).

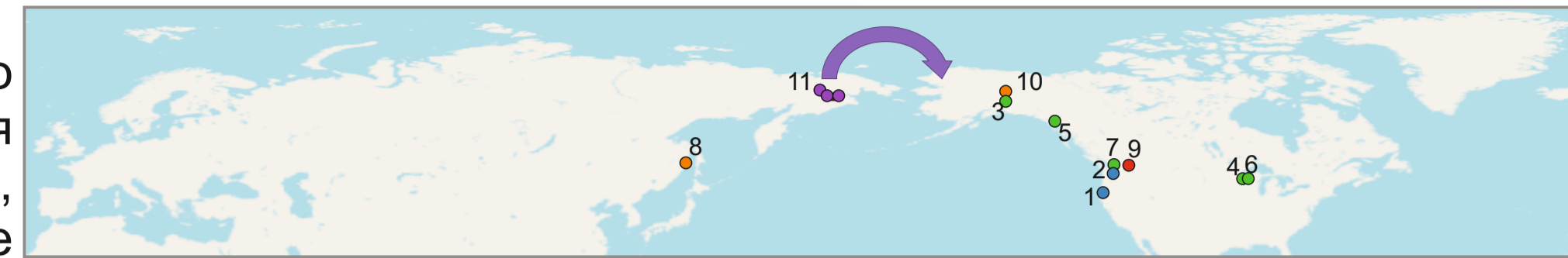


Рис. 1 - Карта 11 выборок багульников, цвет точки отражает видовую принадлежность в соответствии с Рис. 2. Стрелка отмечает генетический поток, обнаруженный в результате AIM-анализа.

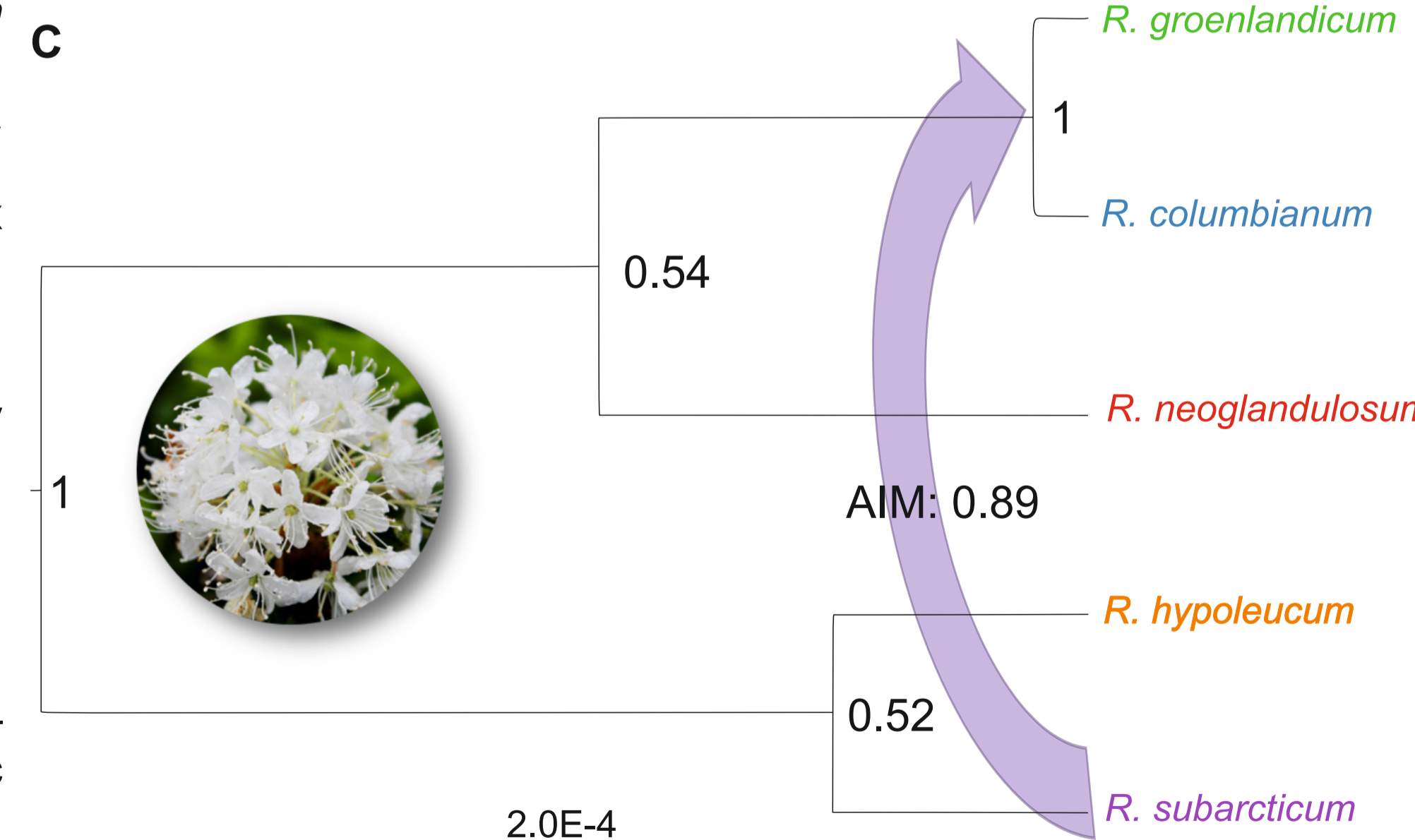
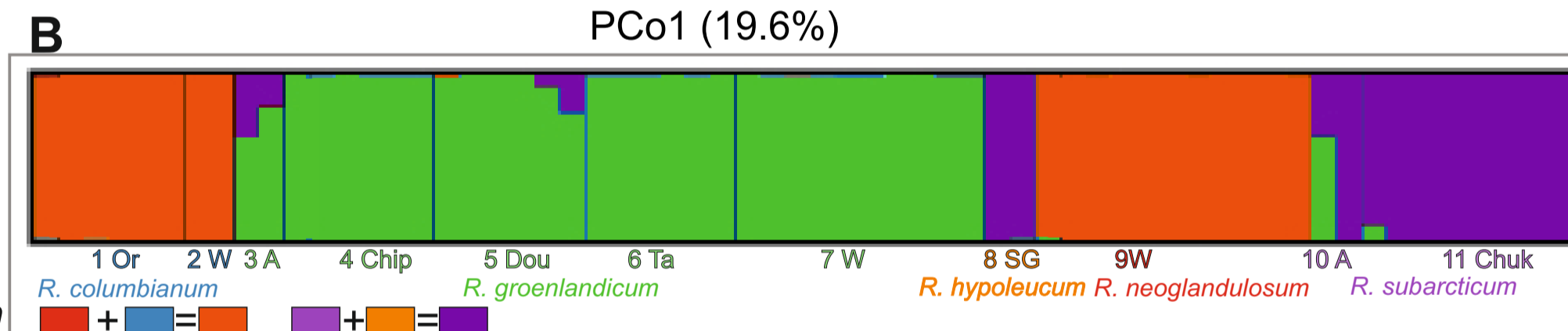
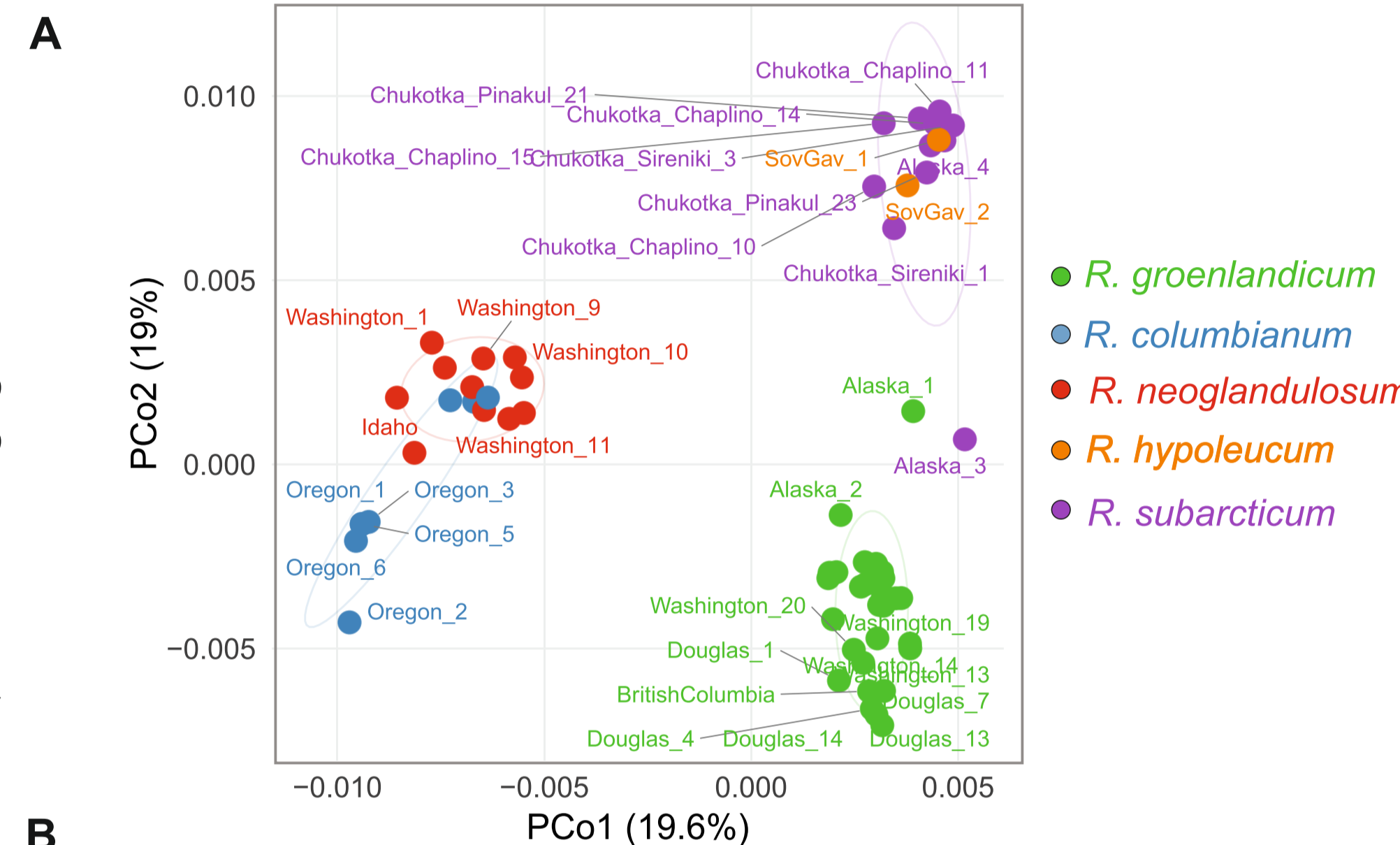


Рис. 2. А - PCoA (p-distance); В - барплет STRUCTURE для K = 3, цвета - предковые кластеры, внизу - схема как соотносятся виды и кластеры, образцы сгруппированы по видам; С - Видовое дерево, реконструированное в AIM. В узлах апостериорные вероятности. Сиреневая стрелка - значимый поток генов из *R. subarcticum* (Чукотка) в предка *R. groenlandicum* и *R. columbianum*.

## Результаты и обсуждение

1. Анализ главных координат (PCoA) показал (Рис. 2А), что первые две оси объясняют 38.6% общей дисперсии (ось 1 — 19.6%, ось 2 — 19.0%). Наблюдается чёткое разделение образцов по видовой принадлежности, при этом азиатские образцы формируют обособленный кластер от американских.

2. Анализ STRUCTURE выявил (Рис. 2В) оптимальное число кластеров K=3 (ΔK = 133.56). Первый кластер представлен видом *R. groenlandicum*. Второй кластер объединяет виды *R. columbianum* и *R. neoglandulosum*. Третий кластер включает *R. subarcticum* и *R. hypoleucum*. Таким образом, генетическая структура не полностью соответствует видовым границам.

3. Иерархический анализ молекулярной дисперсии выявил высокий уровень генетической дифференциации (Fst = 0.812, p < 0.001). При этом большая доля изменчивости приходится на межвидовую составляющую (Fct = 0.436, 44%, p < 0.001), что подтверждает чёткую видовую структуру. Интересно, что дифференциация между популяциями внутри видов (Fsc = 0.488, p < 0.001) оказалась даже выше, чем между видами, что свидетельствует о сильной внутривидовой географической структуре.

4. Топология филогенетического дерева, полученная в результате AIM-анализа (Рис. 2С), показала, что каждый из четырёх североамериканских видов образует отдельную монофилетическую кладу. Американские виды (*R. groenlandicum*, *R. columbianum*, *R. neoglandulosum*) формируют надёжную кладу (posterior = 1.00). Анализ миграции выявил статистически значимый поток генов из азиатского *R. subarcticum* (Чукотка) в *R. groenlandicum* и *R. columbianum* (migration support = 0.89), что с высокой вероятностью отражает историческую миграцию через Берингийский перешеек, который служил коридором для обмена флорой между континентами в Плейстоцене. Применение AIM позволило нам разделить эффекты неполной сортировки линий (ILS) и гибридизации, что принципиально невозможно при использовании методов конкатенации локусов.

### Заключение

В результате мультилокусного анализа ядерной ДНК выявлена более чёткая видовая структура генетической изменчивости у североамериканских багульников по сравнению с евразийскими. Это подтверждает нашу гипотезу об американском происхождении общего предка исследованных видов, высказанную ранее на основании анализа хлоропластной ДНК.

С методологической точки зрения, набора из 13 ядерных локусов достаточно для надёжного различения североамериканских видов багульника, что было подтверждено визуализацией (PCoA). Применённые популяционно-генетические (STRUCTURE, AMOVA) и филогенетические (AIM) методы дополняют друг друга. Их совместное использование необходимо для объективной оценки числа генетических кластеров, иерархии изменчивости и проверки филогенетических гипотез.

### Благодарности

Авторы выражают благодарность за помощь в сборе материала: Марчук Е.А., Петруненко Е.А., Сомовой Е.Г., Мочаловой О.А., Семерикову В.Л., Ялковской Л.Э., Чезезову К., David Anderson, Crystal Shin, David Giblin. Работа выполнена в рамках государственного задания Института экологии растений и животных УрО РАН № 122021000090.

