УДК 575.222.582.594.6(470)

Таксономическая ревизия видов рода *Liparis* (Orchidaceae), распространенных в Приморском крае и Сахалинской области, по результатам анализа морфологических и молекулярных данных

Taxonomic revision of species of the genus *Liparis* (Orchidaceae) distributed in Primorsky Krai and the Sakhalin region based on the analysis of morphological and molecular data

Терентьева Е. И.¹, Дегтярева Г. В.¹, Ефимов С. В.¹, Самигуллин Т. Х.², Варлыгина Т. И.¹

Terentieva E. I.¹, Degtjareva G. V.¹, Efimov S. V.¹, Samigullin T. H.², Varlygina T. I.¹

¹ Ботанический сад Московского государственного университета им. М.В. Ломоносова, г.Москва, Россия. E-mail: el.terenteva@mail.ru; degavi@mail.ru; efimov-msu@yandex.ru; tat-varlygina@yandex.ru

² НИИ Физико-Химической биологии имени А.Н. Белозерского МГУ, г. Москва, Россия. E-mail: tagrai@mail.ru

¹ Botanical Garden, Moscow State University, Moscow, Russia ² Belozersky Institute of Physico-Chemical Biology, Moscow State University, Moscow, Russia

Реферам. На территории Приморского края и Сахалинской области было проведено обследование популяций видов рода *Liparis* и первичное определение растений. Так как виды рода *Liparis* (*L. japonica*, *L. krameri*, *L. kumokiri*, *L. makinoana* и *L. sachalinensis*) морфологически трудно различимы, то для определения видовой принадлежности представителей природных популяций были взяты фрагменты растений для молекулярно-филогенетических исследований. В качестве молекулярных маркеров были выбраны внутренние транскрибируемые спейсеры ITS участка 18S-26S ярДНК и маркеры хлоропластного генома trnL-trnF и *ycf*1. Анализ морфологических признаков и молекулярных данных позволил нам провести видовую идентификацию представителей природных популяций рода *Liparis*. В данной работе получены предварительные результаты по микроструктуре поверхности семян отдельных видов *Liparis*.

Summary. The species of the genus Liparis were sampled on the territory Primorsky Krai and the Sakhalin region. In nature, initial definition of plants was conducted. Morphological characters are insufficient for the species delimitation of the genus Liparis (L. japonica, L. krameri, L. kumokiri and L. makinoana), so for to assess species identity of representatives of natural populations fragments of plants for molecular phylogenetic studies were taken. The internal transcribed spacers ITS of a region of 18S-26S nuclear ribosomal DNA and the markers of the chloroplast genome trnL-trnF and ycf1 were selected as a molecular markers for molecular analysis. Analysis of morphological characters and molecular data allowed us to conduct species identification of representatives of natural populations of the genus Liparis. In this paper preliminary results on the microstructure of the seed surface of individual Liparis species are obtained.

Ввеление

Род *Liparis* Rich. из трибы *Malaxideae* Lindl. насчитывает около 250–300 видов, распространенных преимущественно в тропических областях Старого Света. На территории России произрастает 6 видов рода *Liparis* (*L. japonica* (Miq.) Maxim., *L. krameri* Franch. et Savat., *L. kumokiri* F. Maek., *L. makinoana* Schlechter, *L. loeselii* (L.) L.C. Rich. и *L. sachalinensis* Nakai), которые встречаются на юге Дальнего Востока, причем *L. sachalinensis* является эндемиком острова Сахалин (Вахрамеева и др., 2014), *L. loeselii* распространен в европейской части и в Сибири. Наблюдения в природе, изучение гербарных сборов и литературных данных (Шибнева, 2004; Ефимов, 2010) показывают значительную внутривидовую вариабельность морфологических признаков. Это затрудняет, а порою делает невозможным определение видовой принадлежности отдельных видов рода *Liparis* (*L. japonica*, *L. kumokiri*, *L. sachalinensis* и *L. makinoana*). Кроме того, ареалы этих видов перекрываются, что также вносит путаницу в их опреде-

ление. Поэтому, по-прежнему, остается актуальным поиск новых диагностических признаков для надежного разграничения видов рода *Liparis*. Цель нашего исследования — уточнение видового состава *Liparis* на территории Дальнего Востока (Приморского край и Сахалинская область) с использованием молекулярных и морфологических методов.

Материалы и методы

Проведено молекулярно-филогенетическое исследование 6 видов Liparis (L. japonica, L. kumokiri, L. sachalinensis, L. krameri, L. makinoana и L. loeselii), а также с помощью сканирующего электронного микроскопа была проведена видовая диагностика семян пяти образцов Liparis. Материалом для исследования послужили гербарные образцы, хранящиеся в гербариях (МW, МНА, LE, МАG), и образцы, собранные в ходе экспедиций в 2015–2016 гг. по территории Дальнего Востока (Приморский край и Сахалинская область). В качестве молекулярных маркеров были выбраны внутренние транскрибируемые спейсеры ITS участка 18S-26S ярДНК и маркеры хлоропластного генома trnL-trnF и ycf1. Молекулярно-филогенетические деревья были построены по комбинированным данным ITS – trnL-trnF и trnL-trnF – ycf1 двумя методами: — байесовским методом в программе Mr. Bayes 3.1 (Ronquist, Huelsenbeck, 2003) и методом максимальной экономии в программе PAUP* 4.0b8 (Swofford, 2003). Полученные топологии деревьев не идентичны, но конгруэнтны в основных узлах. Название видов рода Liparis в молекулярно-филогенетических деревьях соответствует первичному визуальному определению, сделанному в природе по морфологическим признакам. Микроструктуру поверхности семян изучали с помощью сканирующего электронного микроскопа JSM-6380LA (JEOL, Япония) (СЭМ).

Результаты и обсуждения

В построенных нами филогенетических деревьях по комбинированным данным ITS – trnL-trnF и trnL-trnF-ycf1 анализируемые образцы из разных популяций видов рода Liparis формируют 4 хорошо поддержанные клады, что согласуется с результатами (Варлыгина и др., 2017). В статье мы приводим молекулярно-филогенетические деревья, построенные байесовским методом по комбинированным данным ITS – trnL-trnF и trnL-trnF – ycf1 (рис. 1). Клада 1объединяет 46 образцов (рис. 1a) и 42 образца (рис. 16), собранных в разных точках на территории Приморского края и Сахалинской области – это самая большая клада, которая включает в себя высоко поддержанную субкладу А из 19 образцов (рис. 1а) и 15 образцов (рис. 1б), собранных в разных точках в Хасанском и Уссурийском районах Приморского края. Все образцы субклады А имеют идентичные нуклеотидные последовательности по ITS, trnL-trnF и ycf1. При сравнении нуклеотидных последовательностей по трем маркерам образцов Liparis субклады A с остальными образцами клады1 были выявлены синапоморфные замены для ITS и trnL-trnF, а для ycf1 синапоморфные замены отсутствуют. Полученные данные позволяют нам предположить, что образцы из субклады А представлены одним видом. Это может быть L. japonica (MW), выбранный нами в качестве реперного вида. Данный образец собран в Уссурийском районе и по морфологическим признакам соответствует описанию вида L. japonica (Miq.) Maxim. или Liparis koreana (Nakai) Nakai (данные Генбанка). Полученный результат требует дальнейшего комплексного анализа, так как в настоящее время существует проблема с идентификацией L. japonica. Российские образцы L. japonica (Miq.) Maxim. по морфологическим и молекулярным данным отличаются от образцов этого вида, собранных в Японии (L. japonica (Miq.) Maxim. var. makinoana (Schlechter) М. Hiroe. В нашей работе L. japonica (Япония) входит в одну кладу с L. makinoana (рис. 1a), что согласуется с морфологическими признаками и литературными данными (Tsutsumi et al., 2008). Образцы растений клады 1, не вошедшие в субкладу A, имеют идентичные нуклеотидные последовательности по ITS, trnL-trnF и ycflс реперными образцами L. kumokiri из гербариев LE и MW с характерными для L. kumokiri морфологическими признаками и образцами L. kumokiri из Генбанка. Таким образом, мы можем предположить, что образцы клады 1 относятся к L. kumokiri. Полученные нами данные по трем маркерам (ITS, trnLtrnF и ycf1) не подтвердили самостоятельный статус L. sachalinensis. Все проанализированные образцы из гербариев LE, МНА и MW не сформировали отдельного кластера, а вошли в кладу 1 с образцами L. kumokiri. Это дает основание усомниться в самостоятельности данного вида. Образцы L. krameri, L. loeselii и L. makinoana, собранные в Хасанском и в Шкотовском районах Приморья по результа-

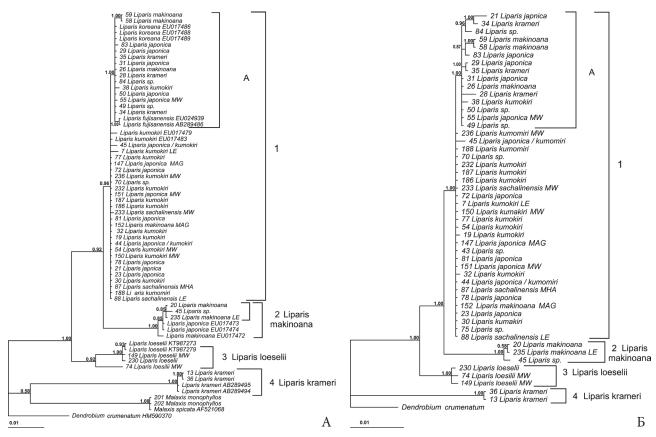


Рис. 1. Консенсусные деревья, полученные по результатам анализа последовательностей участков а) ITS и trnL-trnF; б) trnL-trnF и ycf1 для 61 образца видов Liparis с помощью байесовского метода в программе Mr. Bayes 3.1 на основании 5500000 деревьев. Числа около узлов представляют значения апостериорной вероятности. Узлы с поддержкой менее 0,50 не показаны.

там анализа нуклеотидных последовательностей по трем маркерам формируют отдельные хорошо поддержанные клады (рис.1), что согласуется с морфологическими и молекулярными данными (Варлыгина и др., 2017).

У пяти образцов из разных видов рода *Liparis* из гербариев MW и MAG была проведена диагностика семян при помощи СЭМ. По мнению отдельных авторов (Barthlott, 1976; Vij et al., 1992) особенности строения семенной оболочки у орхидей являются важным морфологическим признаком для характеристики таксонов. Плоды четырех образцов (*L. makinoana*, *L. kumokiri*, *L. japonica* (MAG) и *L. japonica* (MW 0047469) по форме, размеру и по особенностям клеточных стенок оказались однотипными. Это хорошо согласуется с результатами молекулярно-филогенетического анализа. Все четыре образца вошли в кладу 1, которую формируют образцы *L. kumokiri*. Семена *L. loeselii* по форме и размеру отличаются от других проанализированных образцов семян *Liparis*. Данные по микроструктуре поверхности семян *L. loeselii* хорошо согласуются с результатами молекулярно-филогенетического анализа. Полученные предварительные результаты по микроструктуре поверхности семян отдельных видов *Liparis* показывают необходимость продолжения дальнейшего исследования по диагностике семян видов *Liparis*.

Благодарности. Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РНФ № 14-50-00029: сбор материала на территории Приморского края и Сахалинской области, анализ материала морфологическими и молекулярными методами.

Работа выполнена на оборудовании ЦКП Московского государственного университета имени М. В. Ломоносова при финансовой поддержке Министерства образования и науки Р Φ , в межкафедральной лаборатории электронной микроскопии биологического факультета МГУ.

ЛИТЕРАТУРА

Вахрамеева М. Г., Варлыгина Т. И., Тамаренко И. В. // Орхидные России (биология, экология и охрана). – М.: Товарищество научных изданий КМК, 2014. - 437 с.

Варлыгина Е. И., Дегтярева Г. В., Ефимов С. В., Терентьева Е. И. Популяционные исследования орхидных в заповеднике «Кедровая падь» // Биота и среда заповедников Дальнего Востока, 2017. — Т. 1, № 10. — С. 67–83.

Ефимов П. Г. Род *Liparis* (Orchidaceae) на территории России // Бот. журн., 2010. – Т. 95, № 10. – С. 1458–1480. **Шибнева И. В.** *Liparis kumokiri* (Orchidaceae) на Дальнем Востоке России // Бот. журн., 2004. – Т. 89, № 10. – С. 1633–1636.

Barthlott W. Epidermal and seed surface characters of plant: systematic applicability and some evolutionary aspects // Nordic J. Bot., 1981. – Vol. 1. – No3. – P.345–355.

Ronquist F. R., Huelsenbeck J. P. MrBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models // Bioinformatics, 2003. – No. 19. – P. 1572–1574.

Swofford D. L. PAUP*: version 4.0. - Sunderland, Massachusetts: Inc. Publishers, Sinauer Associates, 2003.

Tsutsumi C. Yukawa T. Taxonomic status of *Liparis japonica* and *L. makinoana* (Orchidaceae); preliminary report // Bull. Natl. Mus. Nat. Sci. Ser., 2008. – Vol. 34, No. 2. – P. 89–94.

Vij S. P., Kaur P., Kaur S., Kaushal P. S. The orchid seeds: taxonomic, evolutionary and functional aspects // J. Orchid Soc., India, 1992. – Vol. 6. – P. 91–107.