

Секция «Современные методы и технологии географических исследований»

**История формирования ареала семейства каликантовые (Calycanthaceae):
молекулярно-генетический и морфологический анализ**

Научный руководитель – Бобров Алексей Владимирович

Башкина Ксения Игоревна

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Географический факультет, Кафедра биогеографии, Москва, Россия

E-mail: kseniy1997@mail.ru

Изучая филогенетические (эволюционные) связи между таксонами можно решить многие задачи исторической биогеографии: выявить гипотетическое место их происхождения и реконструировать историю расселения [3]. В последние десятилетия в филогенетике доминирует молекулярно-генетический метод, позволяющий выяснять эволюционные связи, анализируя генетический материал. Но не стоит забывать о классическом морфологическом методе, с помощью которого можно восстановить родственные связи, изучая качественные и количественные признаки живых организмов. Оба метода имеют свои плюсы и минусы. Молекулярно-генетический метод позволяет анализировать большее количество признаков, полученных в результате секвенирования отдельных генов, а также не дает упустить из внимания не отражающиеся в фенотипе изменения в геноме [1]. Морфологический метод позволяет выявлять признаки, непосредственно попадающие под действие естественного отбора. Очевидно, что добиться наиболее достоверных результатов можно лишь комбинируя оба эти метода.

Семейство Calycanthaceae, являющееся объектом настоящего исследования, включает 10 видов вечнозеленых и листопадных деревьев и кустарников, объединенных в 3 рода. Ареал семейства охватывает Восточную Азию, Северную Америку и Северо-Восточную Австралию [4].

Истории расселения Calycanthaceae была смоделирована на основе анализа филогенетических связей внутри семейства, реконструированных с помощью анализа генов хлоропластной ДНК (trnC, petN, psbM, trnD) и 45 морфологических признаков. Данные были получены из открытой базы GenBank [5], литературных источников и личных наблюдений и обработаны в программах Jalview и Winclada.

Семейство возникло, вероятно, на территории Гондваны: самый архаичный вид - *Idiospermum australiense* (Diels) S.T. Blake - эндемик Австралии, а на юге Бразилии найдены меловые фоссилии, морфологически с ним сходные [2]. Роды *Chimonanthus* Lindl. и *Calycanthus* L. возникли в Восточной Азии, вероятно, после проникновения туда их общего предка из Австралии. Предки рода *Calycanthus* продвигались на север по восточной окраине Евразии. Через Берингийскую сушу они проникли в Северную Америку и стали продвигаться на юг, а затем и на восток до краин материка. Одновременно с этим происходила дифференциация рода *Chimonanthus* в Восточной Азии.

Источники и литература

- 1) Bromham L. An Introduction to Molecular Evolution and Phylogenetics. 2nd Ed. Oxford: Oxford University Press, 2016.
- 2) Mohr B. A., Eklund H. Araripia florifera, a magnoliid angiosperm from the Lower Cretaceous Crato Formation (Brazil) // Rev. Palaeobot. Palynol. 2013. Vol. 126. P. 279-292.

- 3) Morrone J. J. Evolutionary Biogeography: An Integrative Approach with Case Studies. NY: Columbia University Press, 2008.
- 4) Zhou S., Renner S., Wen J. Molecular phylogeny and intra- and intercontinental biogeography of Calycanthaceae // Mol. Phylog. Evol. 2006. Vol. 29. P. 1-15.
- 5) GenBank: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank> (Общедоступная база данных последовательностей ДНК и РНК).

Иллюстрации

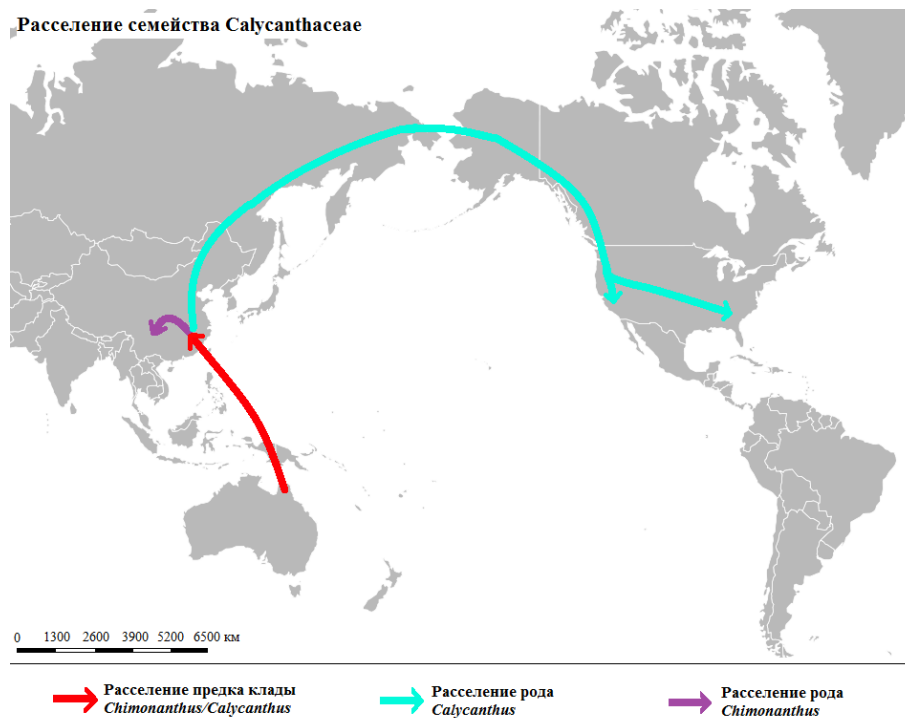


Рис. 1. Схема расселения семейства Calycanthaceae