**Спонтанная гибридизация пихт в природных популяциях и в культуре, идентификация образцов, роль гибридизации в эволюции рода *Abies*: данные молекулярно-филогенетического анализа.**

Семерикова С.А., Семериков В.Л.

Институт экологии растений и животных УрО РАН, Россия, s.a.semerikova@ipae.uran.ru

Виды пихт (род *Abies* Mill., Pinaceae) слабо изолированы репродуктивно и относительно легко гибридизируют в природных и искусственных условиях (Hunt, 1993; Kormutak et al., 2004, 2013; Коропачинский, Милютин, 2006; Semerikova et al., 2011, и др.), что означает важную роль межвидовой гибридизации в эволюции данной группы.

В настоящее время различные экзотические виды и гибриды пихт широко интродуцируются в арборетумах, для последующего использования в озеленении и лесовосстановлении. В то же время идентификация конкретных образцов разных видов *Abies* на основе морфологических признаков сильно затруднена благодаря высокой пластичности и способности к формированию гибридных таксонов.

С целью изучения филогении, эволюционной истории и молекулярной систематики пихт нами была проведена филогенетическая реконструкция рода *Abies* (Семерикова, Семериков, 2014a,b). Использовались нуклеотидные последовательности фрагментов хлоропластной ДНК (хпДНК), наследуемой у видов Pinaceae по отцовской линии, и митохондриальной ДНК (мтДНК), наследуемой по материнской линии. Всего у 76 образцов 42 таксонов *Abies* было секвенировано пять фрагментов хпДНК (длиной 5659 пар нуклеотидов, 221 мутаций в пределах рода *Abies*) и три фрагмента мтДНК (4009 п.н., 43 мутации). В ходе исследования было показано наличие современной интрогрессивной гибридизации между некоторыми видами пихт. Кроме того, были выявлены признаки древней гибридизации – интрогрессии и рекомбинации мтДНК между удаленными линиями, что, в совокупности с проведенным анализом AFLP, позволяет предполагать наличие исторического генетического потока между видами *Abies* и гибридное происхождение некоторых из них.

Кроме филогенетической реконструкции, выявленная изменчивость хпДНК и мтДНК может быть использована для практических целей, а именно – для таксономической идентификации конкретных образцов пихт в природе и культуре, а также для выявления спонтанных и искусственных гибридов. Изменчивости изученных цитоплазматических фрагментов оказалась достаточной для разделения образцов большинства видов пихт в соответствие с таксономической принадлежностью. У многих таксонов были обнаружены видоспецифические мутации и их комбинации, позволяющие идентифицировать образцы конкретного таксона. Используя комбинации генетических маркеров с различным типом наследования, мы выявили множество случаев спонтанной гибридизации между экзотическими и местными видами пихт в ботанических садах, арборетумах и питомниках. Список подтверждённых спонтанных гибридов *Abies*: (♂×♀) *A. sibirica* × *A. balsamea*, *A. balsamea* × *A. sibirica*, *A. balsamea* × *A. lasiocarpa*, *A. homolepis* × *A. veitchii*, *A. homolepis* × *A. koreana*, неустановленный вид из числа средиземноморских × *A. holophylla*, *A. sibirica* × *A. semenovii*. Также при выращивании экзотических видов пихт имели место ошибки в таксономической идентификации, в основном при получении материала неприродного происхождения из питомников и ботанических садов. В нескольких случаях истинная видовая принадлежность была установлена.

Наши исследования показали, что при интродукции экзотических видов пихт, создании и выращивании плантаций следует учитывать возможность гибридизации и ошибочных определений, и проводить генетическую идентификацию образцов, особенно из семян неприродного происхождения.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ №14-04-00848A.

Spontaneous hybridization of firs in natural populations and in culture, identification of specimens, role of hybridization in the evolution of the genus *Abies*: data of the molecular phylogenetic analysis.

Semerikova S.A., Semerikov V.L.

Institute of Plant and Animal Ecology, Ural Branch of Russian Academy of Sciences, Russia, s.a.semerikova@ipae.uran.ru

Fir species (genus *Abies* Mill., *Pinaceae*) are weakly reproductively isolated and relatively easily hybridized in natural and artificial conditions (Hunt, 1993; Kormutak et al., 2004, 2013; Koropachinskii, Milyutin, 2006; Semerikova et al., 2011), which reflects an important role of interspecific hybridization in the evolution of this group.

At present, various exotic fir species and hybrids are widely introduced into the arboretums for subsequent use in landscaping and reforestation. At the same time, the taxon identification of particular *Abies* specimens on the basis of morphological traits is very difficult due to the high plasticity and ability to form hybrid taxa.

In order to study the phylogeny, the evolutionary history and molecular systematics of firs, we performed a phylogenetic reconstruction of the genus *Abies* (Semerikova, Semerikov, 2014a, b). Nucleotide sequences of the fragments of chloroplast DNA (cpDNA), inherited paternally in Pinaceae, and mitochondrial DNA (mtDNA), inherited through the maternal line, were used. Altogether five cpDNA fragments (5659 bp in total length, 221 mutations within the genus *Abies*) and three mtDNA fragments (4009 bp, 43 mutations) were sequenced in 76 samples of 42 fir taxa. Presence of modern introgressive hybridization between some taxa was shown. In addition, the signs of ancient hybridization were observed: introgression of mtDNA and recombination between distant lines together with the AFLP data suggest the existence of historical gene flow between species of *Abies* and hybrid origin of some of them.

In addition to phylogenetic reconstruction, the revealed variability in cpDNA and mtDNA can be used for practical purposes, namely for taxonomic identification of specific fir samples in nature and culture, as well as to detect spontaneous and artificial hybrids. Variability of studied cytoplasmic fragments was sufficient to recognize samples of most species. Many taxa have been characterized with species-specific mutations and their combinations, allowing precise discrimination of specimens of a particular taxon. Using a combination of genetic markers with different types of inheritance, we have found many cases of spontaneous hybridization between exotic and native species of fir in the botanical gardens, arboreta and nurseries. The list of confirmed spontaneous fir hybrids includes: (♂ × ♀) *A. sibirica × A. balsamea, A. balsamea × A. sibirica, A. balsamea × A. lasiocarpa, A. homolepis × A. veitchii, A. homolepis × A. koreana*, an unclassified Mediterranean taxa *× A. holophylla, A. sibirica × A. semenovii*. Also, the errors in taxonomic identification were detected when growing exotic species in nurseries and botanical gardens. In several cases, the true species affiliation has been established.

Our study has shown that the introduction of exotic fir species, establishment and management of the plantation should consider the possibility of spontaneous hybridization and misidentification, and perform the genetic identification of samples, especially originated from the seeds of non-natural occurring.

This work was supported by the Russian Foundation for Basic Research, grant no. 14-04-00848A.