



doi: 10.15407/ukrbotj73.03.255

М.Ф. БОЙКО, В.М. ОВСІЄНКО, С.В. СКРЕБОВСЬКА

Херсонський державний університет
вул. Університетська, 27, м. Херсон, 73000, Україна
bomifed@ksu.ks.ua

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНІ ДОСЛІДЖЕННЯ МОХУ *AULACOMNIUM ARENOPALUDOSUM*

Boiko M.F., Ovsienko V.M., Skrebovska S.V. **Molecular genetic studies of the moss *Aulacomnium arenopaludosum***. Ukr. Bot. J., 2016, 73(3): 255–261.

Kherson State University
27, Universytetska Str., Kherson, 73000, Ukraine

Abstract. The ITS2 secondary structure of the moss *Aulacomnium arenopaludosum* Boiko (defined by sequential gathering of helices H1–H4) was studied. The anatomical, morphological structure and molecular genetic structure of *A. arenopaludosum* was compared with those of other members of the genus *Aulacomnium* (*A. androgynum*, *A. palustre*, *A. palustre* subsp. *imbricatum*). *Aulacomnium arenopaludosum* as a separate species due to complex of anatomical, morphological, ecological and biological characteristics has many differences from the compared taxa of *Aulacomnium*. Molecular genetic data obtained as a result of reconstruction of ITS2 secondary structure of different species of *Aulacomnium* confirm that *Aulacomnium arenopaludosum* is a separate species. It differs from *A. palustre* in the presence of 2 semi-compensatory changes and 4 indels in "stems" and loops; from *A. palustre* subsp. *imbricatum* – in the presence of one semi-compensatory change and of 5 nucleotide changes in the "stems" and loops; from *A. androgynum* – in the presence of 3 compensatory changes, 4 semi-compensatory changes and 6 indels in "stems" and loops.

Key words: *Aulacomnium arenopaludosum*, moss, secondary structure ITS2, helices H1–H4.

Вступ

На піщаних масивах у пониззях річок Дніпра і Південного Бугу (степова зона України) у невеличких болітцях з *Betula borysthena* Клоков було виявлено дернинки мохів роду *Aulacomnium*. Їхні особини за анатомо-морфологічними та еколого-біологічними особливостями значно відрізняються від звичайного болотного виду *Aulacomnium palustre* (Hedw.) Schwaegr. та габітуально схожі з особинами *Aulacomnium androgynum* (Hedw.) Schwaegr. Це дало підставу описати новий для науки вид *Aulacomnium arenopaludosum* Boiko (Boiko 2009, 2010).

Дослідження показали, що *A. arenopaludosum* за комплексом ознак має багато відмінностей від порівнюваних таксонів роду *Aulacomnium*. Від *Aulacomnium palustre* відрізняється завжди наявними псевдоподіями з розташованими лише на верхівці виводковими тільцями, стеблом до 0,5–1,5(2) см заввишки, вкритим лише знизу ризоїдною повстю та ін. Від *Aulacomnium androgynum* відрізня-

© М.Ф. БОЙКО, В.М. ОВСІЄНКО, С.В. СКРЕБОВСЬКА, 2016

ється листкоподібними виводковими тільцями (у *A. androgynum* виводкові тільця веретеноподібні), збіжними листками, з цілими або у верхній частині нерівномірно виямчастими краями та ін. Від *Aulacomnium palustre* subsp. *imbricatum* вид відрізняється щільними дернинками, завжди наявними у значній кількості псевдоподіями, стеблом із густою ризоїдною повстю лише у нижній частині, до 3–5 листків знизу, прозорими клітинами нижніх кутів основи листка, без зірчастого просвіту та ін. (табл. 1).

Особливості будови вторинної структури ITS2 слугують для дослідження філогенетичних відносин серед різних груп мохоподібних. Встановлено, що гіпнові мохи, як і більшість бокоплідних мохів, є поліфілетичною групою таксонів. Їх необхідно класифікувати із залученням матеріалів молекулярно-генетичних досліджень, оскільки серед цієї групи мохів очікуються значні таксономічні зміни (Merget, Woplff, 2010; Olsson et al., 2012; MOSS..., 2012).

Табл. 1. Порівняльна таблиця анатомо-морфологічних та еколого-біологічних ознак видів роду *Aulacomnium*
 Table 1. Comparison of anatomical and morphological, ecological and biological characteristics of the species of *Aulacomnium*

<i>Aulacomnium arenopaludosum</i>	<i>Aulacomnium palustre</i> subsp. <i>imbricatum</i>	<i>Aulacomnium palustre</i>	<i>Aulacomnium androgynum</i>
дернинки дрібні, щільні, жовто-зелені	дернинки рихлі, легко розпадаються, рідше доволі щільні	дернинки губчаті, рихлі або доволі щільні, зелені або жовто-зелені	дернинки щільні, від темно- до жовто-зелених
псевдоподії присутні завжди; виводкові тільця листкоподібні, зібрані на верхівці численних безлистих псевдоподій у вигляді шапочки	псевдоподії дуже рідко	псевдоподії часто; виводкові тільця листкоподібні; крім зібраних на верхівці псевдоподій у вигляді шапочки, виводкові тільця є також на ніжках псевдоподій	псевдоподії присутні майже завжди; виводкові тільця веретеноподібні, зібрані на верхівці псевдоподій у кулеподібну верхівку
стебло до 0,5–1,5 см. заввишки	стебло сережчатє, 3–4 см заввишки	стебло 3–7 (до 10–12) см заввишки	стебло до 1–5 см заввишки
стебло з густою ризоїдною повстю лише в нижній частині (до 3–5 листка знизу)	стебло слабо або більш-менш рихло облісне, повстисте до верхівки	стебло з густою ризоїдною повстю майже до верхівки	стебло при основі з густою іржаво-бурою повстю
листки жолобчасті, цілокраї, збіжні (до 7 клітин), відгорнуті лише у середній частині – 2/3 довжини, у верхній третині листки плоскі, з загостреною верхівкою	листки злегка увігнуті черепитчасті, збіжні, вузько видовжено-ланцетні, на верхівці заокруглені, тупі або тупуваті	листки жолобчасті, видовжено-ланцетні, по краю майже до верхівки відгорнуті, поступово більш-менш загострені або тупуваті	листки яйцеподібно-ланцетні до ланцетних, незбіжні, вгорі дрібнозубчасті, рідше в середній частині неправильнопилчасті
край верхівки листка нерівномірно виямчастий, визублений або цілий	край листка цілий, рідко невиразно гордчатий	край листка вгорі зубчастий	край листка вгорі грубопилчастий, рідше дрібнозубчастий
більшість клітин не коленхіматичні, але у старих листках проявляється незначна коленхіматичність	клітини коленхіматично потовщені, особливо у верхній половині листка	клітини вгорі листка дуже коленхіматично потовщені	клітини листка потовщені, коленхіматичні
клітини нижніх кутів основи листка, прозорі, зрідка у старих листках дещо брудножовтуваті, часто забарвлена лише одна клітина	клітини при основі листка двошарові, здуті, гладенькі, жовтувато-коричнюваті	клітини при основі листка дво-тришарові, здуті, тонкостінні, гладенькі, у старих листках коричневі	клітини при основі листка часом тонкостінні, жовто-зелені
стерильний вид, спорогони невідомі	спорогони зрідка	коробочка горбата, суха – глибоко борозенчаста, з 8–12 смугами	коробочка трохи горбата, суха – поздовжньо борозенчаста, з 6–8 смугами
у вологих місцях на розкладених рештках деревини, гілок трав'янистих рослин	на сухуватих місцях у заболочених місцезростаннях, на осипах; високо в горах	на болотах, заболочених луках, в лісах, по берегах різних водойм, рідше на мокрих скелях	на вологому піщаному ґрунті, на гнилій деревині, на безвапнистих скелях з шаром гумусу

Молекулярно-генетичні дослідження широко впроваджуються у бріології для розв'язання питань систематики, філогенії, бріофлорогенезу та ін. (Buck, 2000, Tsubota et al., 2002, Vanderpoorten et al., 2002, Cox, Hedderson, 2003, Cox et al., 2004, Huttunen, Ignatov, 2004, Yatsentyuk et al., 2004, Roo et al., 2007, Vilnet et al., 2011, Yang et al.,

2014). Знання геномів окремих видів допомагає підтвердити правильність їхніх описів, зроблених на основі анатомо-морфологічних особливостей і надає матеріали для порівняльної геноміки, яка є потужним інструментом для розв'язання складних проблем філогенії несудинних рослин – мохоподібних.

Результати досліджень ДНК-послідовностей, ядерної (ITS), хлоропластної (TRNL-F) ДНК і нових мікросателітних ділянок (ISSR) використовуються і для виділення певних таксонів серед видів-комплексів. Так, на підставі молекулярно-генетичних даних, з урахуванням морфологічних і репродуктивних особливостей представників *Aulacomnium palustre*-комплексу (*A. palustre* subsp. *palustre* та *A. palustre* subsp. *imbricatum*) підвиду *A. palustre* subsp. *imbricatum* запропоновано надати видовий статус – *Aulacomnium imbricatum* (Bruch & Schimp.) Wilkie & La Farge (Wilkie, Farge, 2010).

Для підтвердження видової самостійності *Aulacomnium arenopaludosum*, описаного як новий вид на основі анатомо-морфологічних та еколого-біологічних ознак, ми провели молекулярно-генетичні дослідження.

Матеріали та методи досліджень

Матеріалом слугували зразки *Aulacomnium arenopaludosum* відібрані на рештках рослин на краю невеличкого болота з *Betula borysthena* південніше с. Галицинове Жовтневого району Миколаївської області та послідовності ITS1-5.8S rRNA-ITS2, відібрані з Генбанку (табл. 2).

Для молекулярно-генетичного аналізу тотальну геному ДНК із зразків виділяли СТАБ-методом (Doyle, Doyle, 1990) за модифікованою методикою, запропонованою для гербарних зразків (Tagyeyev et al., 2011). Ампліфікацію здійснювали в термоциклері «Терцик». Умови ампліфікації: початкова денатурація ДНК при 94 °C – 3 хв. Далі проводили 33 цикли у такому режимі: 94 °C – 30 сек, 56 °C – 30 сек, 72 °C – 45 сек; завершальна елонгація: 72 °C – 5 хв. (Duplij et al., 2011). Амплікони послідовності ITS1-5.8S-ITS2 кластеру ядерних рибосомальних генів отримували за допомогою пари універсальних праймерів ITS1 та ITS4 (White et al., 1990). Продукти ампліфікації секвенували з використанням ідентичних праймерів на комерційній основі (www.macrogen.com., Нідерланди). Редагування здійснювали вручну, шляхом візуальної інспекції хроматограм за допомогою програми BioEdit (www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html). Отримана послідовність гена ITS1-5.8S-ITS2, та 28S, загальною довжиною 534 п.н., депонована у базі даних Genbank (http: www.ncbi.nlm.nih.gov/). Код доступу в NCBI – KT934102 (табл. 2).

Матрицю даних для порівняння формували з послідовностей ITS2 отриманих нами сіквенсів і з ISSN 0372-4123. Укр. ботан. журн., 2016, 73(3)

Таблиця 2. Використані для аналізу послідовності ITS2 видів роду *Aulacomnium*

Table 2. ITS2 sequences used for the analysis of the species of *Aulacomnium*

Назва таксону за NCBI	Код доступу в NCBI
<i>Aulacomnium arenopaludosum</i>	KT934102
<i>A. palustre</i> subsp. <i>imbricatum</i>	FJ823761
<i>A. palustre</i>	FJ628025
<i>A. palustre</i>	FJ628026
<i>A. palustre</i>	FJ628024
<i>A. palustre</i>	FJ628023
<i>A. palustre</i>	FJ628022
<i>A. androgynum</i>	FM161077

Aulacomnium palustre та *Aulacomnium androgynum*, депонованих в NCBI (табл. 2).

Анотація послідовності ITS2 була проведена шляхом моделювання засобами mFOLD (Zuker, 2003) вторинної структури термінальної ділянки 5.8S та комплементарної до неї стартової ділянки LSU (19 п.н.) згідно до моделі 5.8S, запропонованої для динофітових водоростей (Gottschling, Plotner, 2004).

Моделі вторинної структури ITS2 будували прямим складанням транскриптів з використанням mFOLD (Zuker, 2003). Вторинну структуру ITS2 визначали шляхом послідовної збірки спіралей H1-H4. Отримані моделі вторинних структур ITS2 візуалізували за допомогою Pseudoviewer 3.0 (Byun, Han, 2009).

Результати досліджень та їх обговорення

За першою спіраллю *Aulacomnium arenopaludosum* ідентичний до *A. palustre* subsp. *imbricatum* і відрізняється від *A. palustre* subsp. *palustre* наявністю інделів, а від *A. androgynum* наявністю однієї компенсаторної та двох напівкомпенсаторних змін (рисунки 1, 2).

За вторинною структурою другої спіралі *A. arenopaludosum* різниться від інших, як мінімум, однією напівкомпенсаторною зміною. Також зафіксовані нуклеотидні зміни та інделі

За третьою спіраллю *A. arenopaludosum* добре відрізняється від *A. androgynum* компенсаторною зміною. Вторинна структура четвертої спіралі майже ідентична в усіх видів, відрізняється тільки наявністю інделів.

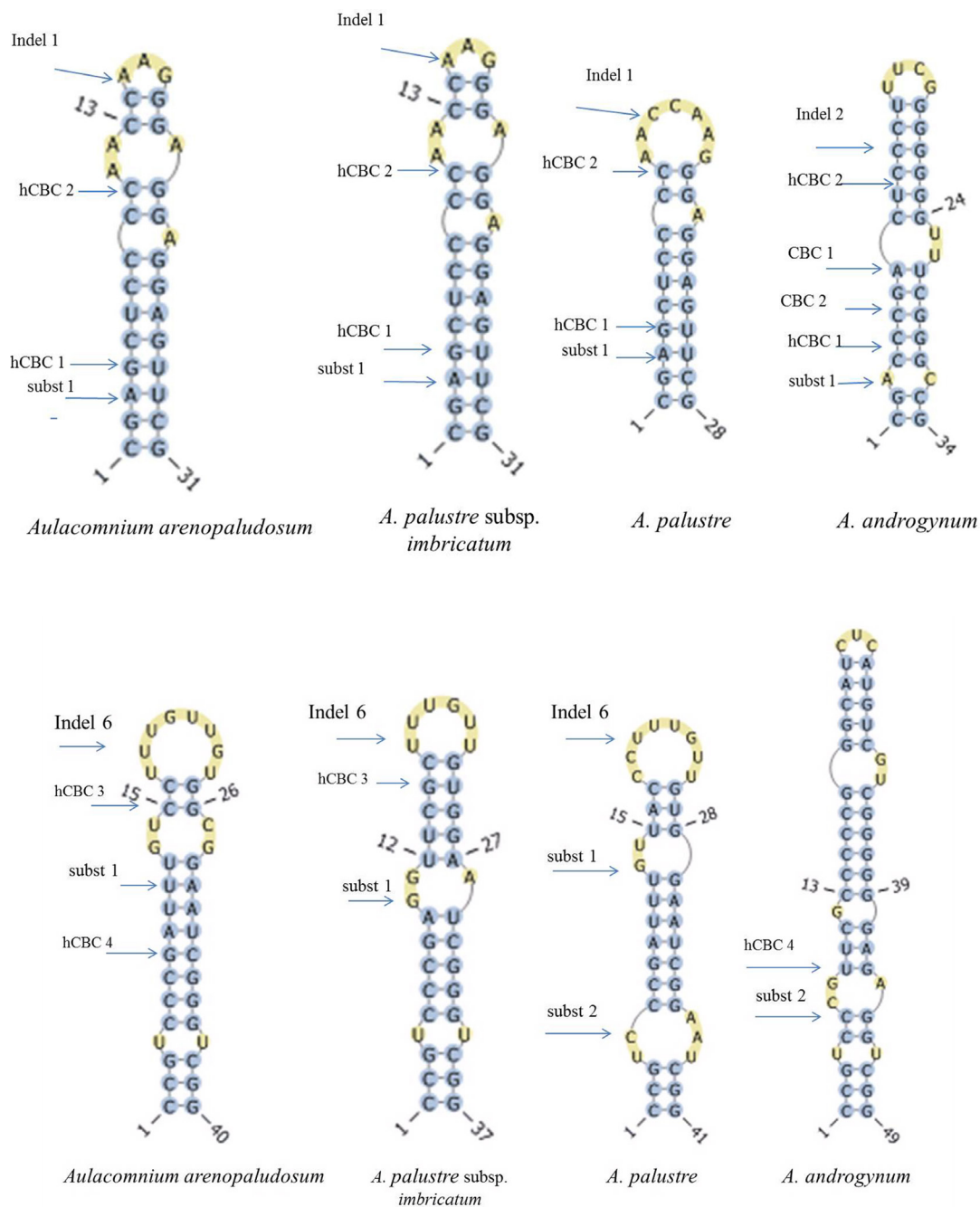


Рис. 1. Вторинна структура першої (верхній ряд) та другої (нижній ряд) спіралей ITS2 *Aulacomnium arenopaludosum* та інших близьких видів роду *Aulacomnium* із позначенням типів відмінностей дослідженого таксона від інших таксонів (CBC – компенсаторні зміни, hCBC – напівкомпенсаторні зміни, subst – нуклеотидні зміни)

Fig. 1. Secondary structure of the first (top row) and the second (bottom row) helices of ITS2 of *Aulacomnium arenopaludosum* and other close species of *Aulacomnium* with indicated types of differences of the studied taxon from other taxa (CBC – compensatory changes, hCBC – semi-compensatory changes, subst – nucleotide changes)

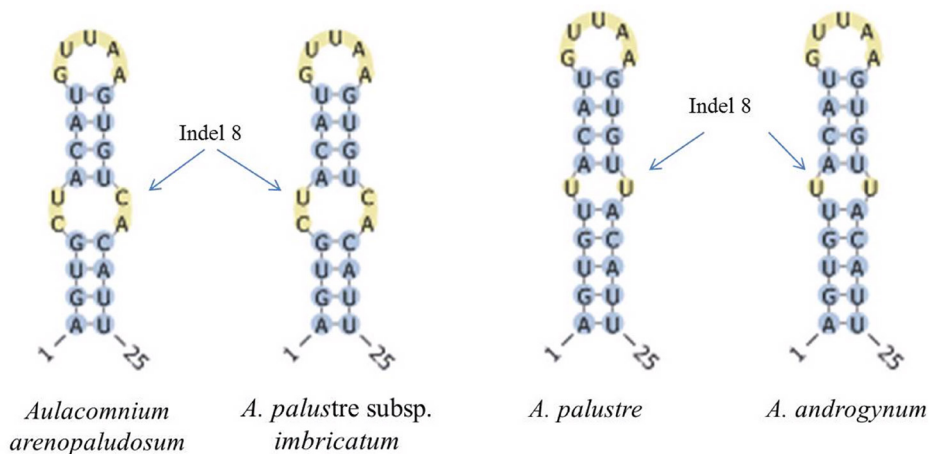
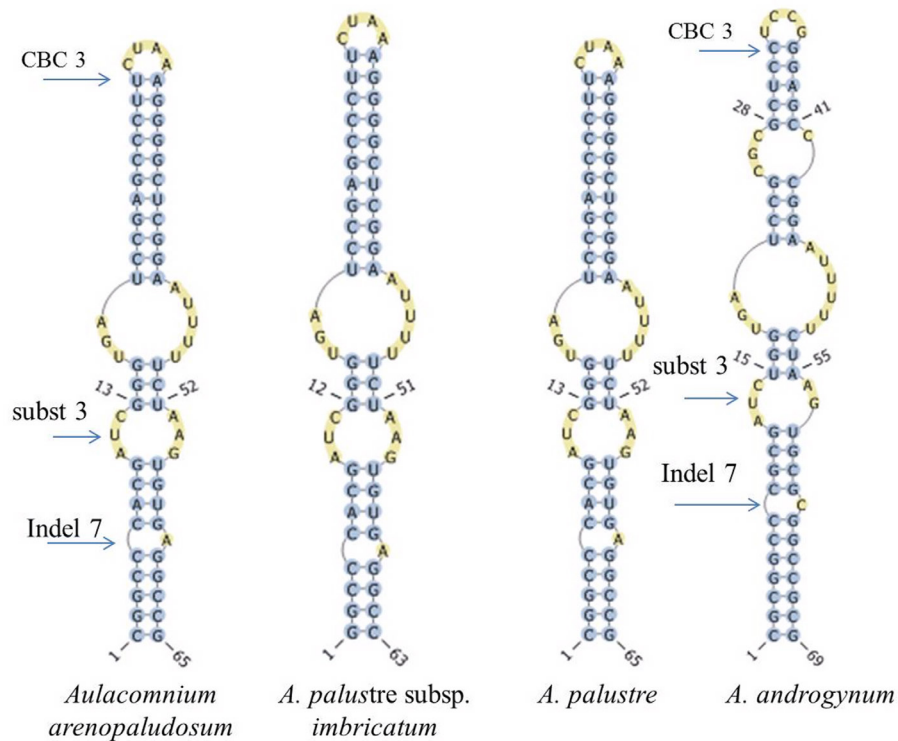


Рис. 2. Вторинна структура третьої (верхній ряд) та четвертої (нижній ряд) спіралей ITS2 *Aulacomnium arenopaludosum* та інших близьких видів роду *Aulacomnium* із позначенням типів відмінностей дослідженого таксона від інших таксонів (CBC – компенсаторні зміни, hCBC – напівкомпенсаторні зміни, subst – нуклеотидні зміни)

Fig. 2. Secondary structure of the third (top row) and the fourth (bottom row) helices of ITS2 of *Aulacomnium arenopaludosum* and other close species of *Aulacomnium* with indicated types of differences of the studied taxon from other taxa (CBC – compensatory changes, hCBC – semi-compensatory changes, subst – nucleotide changes)

Таблиця 3. Кількість відмінностей вторинної структури ITS2 *Aulacomnium arenopaludosum* від інших операційних таксономічних одиниць представників роду *Aulacomnium*

Table 3. Number of differences of ITS2 secondary structure of *Aulacomnium arenopaludosum* from other operational taxonomic units of the genus *Aulacomnium*

Таксони	Кількість відмінностей			Усіх відмінностей
	компенсаторні зміни	напівкомпенсаторні зміни	зміни та інделі у «стеблах» і петлях	
<i>Aulacomnium palustre</i> subsp. <i>imbricatum</i>	0	1	5	6
<i>Aulacomnium palustre</i>	0	2	4	6
<i>Aulacomnium androgynum</i>	3	4	6	13

Порівняння *A. arenopaludosum* за типами та кількістю відмінностей вторинної структури ITS2 від інших операційних таксономічних одиниць дослідної вибірки показало, що *A. arenopaludosum* відрізняється від *A. androgynum* трьома компенсаторними змінами, що свідчить про належність цього виду до іншої СВС-клади, а також наявністю чотирьох напівкомпенсаторних змін і шести інделів, змін в «стеблах» та петлях.

Здійснені порівняння *A. arenopaludosum* за типами та кількістю відмінностей вторинної структури ITS2 від інших операційних таксономічних одиниць дослідної вибірки показали, що цей вид відрізняється від *A. palustre* наявністю в «стеблах» і петлях двох напівкомпенсаторних змін і 4 інделів, а від *A. palustre* subsp. *imbricatum* – однією напівкомпенсаторною зміною і п'ятьма нуклеотидними змінами у «стеблах» і петлях (табл. 3).

Висновки

Отже, молекулярно-генетичні дані, отримані за результатами реконструкції вторинної будови ITS2 (визначено шляхом послідовної збірки спіралей H1-H4) різних видів роду *Aulacomnium*, підтверджують видову самостійність *Aulacomnium arenopaludosum*. Від *A. palustre* він відрізняється наявністю в «стеблах» і петлях двох напівкомпенсаторних змін і чотирьох інделів, від *A. palustre* subsp. *imbricatum* – однією напівкомпенсаторною зміною і п'ятьма нуклеотидними змінами у «стеблах» і петлях, а від *A. androgynum* – наявністю трьох компенсаторних, чотирьох напівкомпенсаторних змін і шести інделів, змін в «стеблах» та петлях.

Подяки

Автори висловлюють подяку канд. біол. наук, старшому науковому співробітнику Інституту ботаніки ім. М.Г. Холодного НАН України В.М. Вірченку за допомогу в наданні для досліджень гербарного матеріалу *Aulacomnium palustre* subsp. *imbricatum*.

СПИСОК ЛІТЕРАТУРИ

- Boiko M., *Mohopodibni stepovoi zony Ukrainy*, 2009, Cherson: Ailaut, 263 pp. [Бойко М.Ф. Мохоподібні степової зони України. – Херсон: Айлант, 2009. – 263 с.]
- Boiko M., *Chornomorski Bot. J.*, 2010, **6**(1): 95–101. [Бойко М.Ф. *Aulacomnium arenopaludosum* Boiko sp. nov. (*Bryopsida*, *Aulacomniaceae*) – новий вид мохів зі степової зони України // Чорноморськ. бот. журн. – 2010. – **6**(1). – С. 95–101].
- Buck, W. R., Goffinet B., Shaw A.J. Novel relationships in pleurocarpous mosses as revealed by cpDNA sequences, *Bryologist*, 2000, **103**: 774–789.
- Byun Y., Han K. PseudoViewer 3: generating planar drawings of large-scale RNA structures with pseudoknots, *Bioinformatics*, 2009, **25**: 1435–1437.
- Cox C.J., Hedderson T.A.J. Phylogenetic relationships within the moss family Bryaceae based on chloroplast DNA evidence. *J. Bryol.*, 2003, **25**(1): 31–40.
- Cox C.J., Goffinet B., Shaw A. J., Boles S.B. Phylogenetic relationships among the mosses based on heterogeneous Bayesian analysis of multiple genes from multiple genomic compartments, *Syst. Bot.*, 2004, **29**: 234–250. doi:10.1600/036364404774195458
- Doyle J.J., Doyle J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue, *Focus*, 1990, **12**: 13–15.
- Duplij V.P., Matveeva N.A., Shakhovskiy A.M., Kishchenko E.M., Kurbatova L.E. *Ukr. antark. J.*, 2011/2012, **10–11**: 263–271. [Дуплій В.П., Матвеева Н.А., Шаховський А.М., Кищенко Е.М., Курбатова Л.Е. Секвенирование последовательностей rbcL и ITS2 антарктических растений для определения возможности использования в ДНК-штрихкодировании // *Укр. антарк. журн.* – 2011/2012. – №10–11. – С. 263–271].
- Gottschling M., Plötner J. Secondary structure models of the nuclear internal transcribed spacer regions and 5.8S rRNA in *Calcioidinelloideae* (*Peridiniaceae*) and other dinoflagellates, *Nucleic Acids Res.*, 2004, **32**(1): 307–315.
- Huttunen S., Ignatov M.S. Phylogenetic analyses of *Brachytheciaceae* (*Bryophyta*) based on morphology, and sequence level data, *Cladistics*, 2004, **20**: 151–183.
- Merget B., Wolf M. A molecular phylogeny of *Hypnales* (*Bryophyta*) inferred from ITS2 sequence-structure data, *BMC Research Notes*, 2010, **3**(1): 320–328. available at: <http://www.biomedcentral.com/1756-0500/3/320>.

- MOSS 2012 and the 3rd Internacional Symposium on Molecular Systematics of Bryophytes. available at: <https://www.regionline.com/.../AbstractandProgram0611.pdf>
- Olsson S., Buchbender V., Enroth J., Hedenas L., Huttunen S., Quandt D. Phylogenetic analyses reveal high levels of polyphyly among pleurocarpous lineages as well as novel clades. *Bryologist*, 2009, **112**(3): 447–466.
- Roo de R.T., Hedderston T.A., Soderstrom L. Molecular insights into the phylogeny of the leafy liverwort family *Lophoziaceae* Cavers, *Taxon*, 2007, **56**: 301–314.
- Taryeyev A.S., Girin A.I., Karpenko N.I., Tischenko O.V., Kostikov I.Yu. *Chornomorski Bot. J.*, 2011., **7**(4): 309–317. [Тарєєв А.С., Гірін А.І., Карпенко Н.І., Тищенко О.В., Костіков І.Ю. Модифікована методика виділення ДНК з гербарних зразків // *Чорноморськ. ботан. журн.* – 2011. – **7**(4) – С. 309–317].
- Tsubota H., Arikawa T., Akiyama H., Luna E. De, Gonzales D., Higuchi M., Deguchi H. Molecular phylogeny of hypnobryalean mosses as inferred from the large scale dataset of chloroplast rbcL., with special reference on the Hypnaceae and possibly related families, *Hikobia*, 2002, **13**: 645–665.
- Vanderpoorten A., Hedenas L., Cox C.J., Shaw A.J. Circumscription, classification, and taxonomy of the *Amblystegiaceae* (*Bryopsida*) inferred from nuclear and chloroplast DNA sequence data and morphology, *Taxon*, 2002, **51**: 115–122.
- Vilnet A. A., Konstantinova N. A., Troitsky A. V. Taxonomical rearrangements of *Solenostomataceae* (*Marchantiophyta*) with description of a new family *Endogemmataceae* based on trnL-F cpDNA analysis, *Folia Cryptogamica Estonica*, 2011, **48**: 125–133.
- White T.J., Bruns T., Lee S., Taylor J. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: *PCR protocols: a guide to methods and applications*. San Diego: Academic Press, 1990, pp. 315–322.
- Wilkie D., Farge C.L. *Aulacomnium palustre*: an evaluation of arctic populations using morphology, reproductive biology and molecular sequence data. In: *Moss 2012 and the 3rd Inter. Sympos. on Molecular Systematics of Bryophytes. Abstracts and Program*, OS18: 72. available at: <https://www.regionline.cim/.../AbstractandProgram0611.pdf>.
- Yatsentyuk S.P., Konstantinova N.A., Ignatov M.S., Hyyönönen J., Troitsky A.V. On phylogeny of *Lophoziaceae* and related families (*Hepaticae*, *Jungermanniales*) based on trnL-trnF intron-spacer sequences of chloroplast DNA. In: *Molecular Systematics of Bryophytes. Monographs in Systematic Botany*. Eds B. Goffinet, V. Hollowell, R. Magill., St. Louis: Missouri Bot. Gard. Press, 2004, **98**: 150–167.
- Zuker M. Mfold web server for nucleic acid folding and hybridization prediction, *Nucleic Acids Res.*, 2003, **31**(13): 3406–3415.

Рекомендує до друку
С.Я. Кондратюк

Надійшла 26.10.2015

Бойко М.Ф., Овсієнко В.М., Скребовська С.В.
Молекулярно-генетичні дослідження моху *Aulacomnium arenopaludosum*. – Укр. ботан. журн. – 2016. – **73** (3): 255–261.

Херсонський державний університет
вул. Університетська, 27, м. Херсон, 73000, Україна

Досліджено вторинну структуру ITS2 моху *Aulacomnium arenopaludosum* Воїко (визначено шляхом послідовної збірки спіралей H1–H4). Зроблено порівняння анатомо-морфологічної та молекулярно-генетичної будови *A. arenopaludosum* з іншими представниками роду *Aulacomnium* (*A. androgynum*, *A. palustre*, *A. palustre* subsp. *imbricatum*). *Aulacomnium arenopaludosum* як самостійний вид за комплексом анатомо-морфологічних та еколого-біологічних ознак має багато відмінностей від порівнюваних представників роду. Молекулярно-генетичні дані, отримані за результатами реконструкції вторинної будови ITS2 різних представників роду *Aulacomnium*, підтверджують видову самостійність *Aulacomnium arenopaludosum*. Від *A. palustre* він відрізняється наявністю в «стеблах» та петлях двох напівкомпенсаторних змін та чотирьох інделів, від *A. palustre* subsp. *imbricatum* – наявністю однієї напівкомпенсаторної зміни та наявністю п'яти нуклеотидних змін у «стеблах» і петлях, а від *A. androgynum* – наявністю трьох компенсаторних змін, чотирьох напівкомпенсаторних змінами та шести інделів, змін у «стеблах» і петлях.

Ключові слова: *Aulacomnium arenopaludosum*, мох, вторинна структура ITS2, спіралі H1–H4.

Бойко М.Ф., Овсієнко В.М., Скребовская С.В.
Молекулярно-генетические исследования мха *Aulacomnium arenopaludosum*. – Укр. ботан. журн. – 2016. – **73** (3): 255–261.

Херсонский государственный университет
ул. Университетская, 27, г. Херсон, 73000, Украина

Исследована вторичная структура ITS2 мха *Aulacomnium arenopaludosum* Воїко (определена путем последовательной сборки спиралей H1–H4). Проведено сравнение анатомо-морфологического и молекулярно-генетического строения *A. arenopaludosum* с другими представителями рода *Aulacomnium* (*A. androgynum*, *A. palustre*, *A. palustre* subsp. *imbricatum*). *Aulacomnium arenopaludosum* как самостоятельный вид по комплексу анатомо-морфологических и эколого-биологических признаков имеет много отличий от сравниваемых представителей рода. Молекулярно-генетические данные, полученные по результатам реконструкции вторичного строения ITS2 разных представителей рода *Aulacomnium*, подтверждают видовую самостоятельность *Aulacomnium arenopaludosum*. От *A. palustre* он отличается наличием в «стеблях» и петлях двух полукомпенсаторных изменений и четырех инделей, от *A. palustre* subsp. *imbricatum* – наличием одного полукомпенсаторного изменения и наличием пяти нуклеотидных изменений в «стеблях» и петлях, а от *A. androgynum* – наличием трех компенсаторных изменений, четырех полукомпенсаторных изменений и шести инделей, изменений в «стеблях» и петлях.

Ключевые слова: *Aulacomnium arenopaludosum*, мох, вторичная структура ITS2, спирали H1–H4.