

**Donatas Naugžemys**

**Genetinės įvairovės tyrimas pelkinės uolaskėlės (*Saxifraga hirculus* L.) populiacijose**

**SANTRAUKA**

RAPD metodu buvo tirta pelkinės uolaskėlės (*Saxifraga hirculus* L.) genetinė įvairovė. Ištirtos penkios populiacijos iš skirtingų Lietuvos rajonų. Šiuo metodu gauti 93 lokusai, iš kurių 71% buvo polimorfiški. Nustatytas ryšys tarp Nei genų įvairovės ir tirtų populiacijų dydžio. Didžiausias DNR polimorfizmas nustatytas Merkinės (86,36%), o mažiausias – Juodlės populiacijoje (71,21%). UPGMA ir PCO metodai išryškino tirtų populiacijų genetinį savitumą. AMOVA parodė gana aukštą diferenciacijos lygį tarp tirtų *S. hirculus* populiacijų, kuris buvo lygus 27%. Genetinis atstumas tarp populiacijų svyravo nuo 0,168 iki 0,258. Merkinės ir Juodlės populiacijose buvo identifikuota keletas populiacijoms specifinių lokusų.

Koreliacijos tarp tirtų populiacijų genetinių ir geografinių atstumų neaptikta. Kadangi visi tirti 76 augalai buvo genetiškai skirtingi, galima manyti, kad *S. hirculus* populiacijos atsinaujina iš sėklų sudygusiais augalais.