

**ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ПОПУЛЯЦИЙ СОСНЫ
ОБЫКНОВЕННОЙ *PINUS SYLVESTRIS* L.**

Изучена генетическая изменчивость сосны обыкновенной *Pinus sylvestris* L. на обширной части ареала с использованием в качестве молекулярных маркеров 14 изоферментных локусов. Показаны высокий уровень генетического разнообразия популяций сосны обыкновенной по всему ареалу и низкая степень внутривидовой дифференциации.

Ключевые слова: сосна обыкновенная, популяция, генетическая изменчивость, изоферменты, локус.

Изучение внутривидового генетического разнообразия и популяционной структуры основных лесобразующих видов крайне важно для обоснования долгосрочных программ неистощительного пользования лесными биологическими ресурсами и воспроизводства их генотипов при выполнении селекционных и лесовосстановительных мероприятий. Наряду с такими явными факторами негативного влияния на экосистемы, как различные виды загрязнения среды или техногенное разрушение мест обитания популяций, важнейшим фактором сокращения биоразнообразия является нерациональная хозяйственная деятельность без учета структуры внутривидовой изменчивости и генетической подразделенности видов. В настоящее время трудно переоценить значение популяционно-генетических исследований для сохранения биологического разнообразия и его воспроизводства при хозяйственном использовании [1]. Одним из эффективных методов познания биологического разнообразия является изучение внутривидовой изменчивости, дифференциации и популяционной структуры видов путем исследования наследственного биохимического разнообразия.

В статье приведены результаты популяционно-генетических исследований сосны обыкновенной *Pinus sylvestris* L. из различных частей обширнейшего ареала: растительный материал для анализов собирали на Южном Урале и в Приуралье, в северо-западной части России, в популяциях Восточной Европы. Всего проанализировали генотипы более 1700 взрослых деревьев из 35 природных популяций. В качестве молекулярно-генетических маркеров использовали 14 изоферментных локусов 6 ферментных систем: аспаратаминотрансферазы, глутаматдегидрогеназы, лейцинаминопептидазы, малат-

дегидрогеназы, формиатдегидрогеназы, супероксиддисмутазы. Лабораторные исследования проводили методом электрофоретического разделения ферментов из экстрактов тканей эндоспермов в вертикальных пластинах полиакриламидного геля с последующим гистохимическим окрашиванием [2, 3]. На основе идентификации аллельного состава по изоферментным электрофоретическим спектрам вычисляли следующие параметры генетической изменчивости видов: частоту встречаемости аллелей, среднее число аллелей на локус (A), долю полиморфных локусов (P), наблюдаемую (H_o) и ожидаемую (H_e) гетерозиготность, коэффициент инбридинга (F), общее (H_T) и среднее внутривидовое генетическое разнообразие (H_S). На основе F -статистик Райта и G -статистик Нея [4, 5, 6, 8] определяли степень внутривидовой генетической подразделенности вида. Для количественной оценки генетической дифференциации популяций вычисляли генетическое расстояние Нея (D) [7].

В популяциях сосны обыкновенной по исследованным 14 изоферментным локусам выявлен 51 аллель, из них 32 аллельных варианта являются редкими или относительно редкими и встречаются со средней частотой менее 5%, в том числе 22 аллеля обнаруживаются с частотой менее 1%. Основные аллели всех локусов были общими за небольшим исключением. При этом в целом частота основных аллелей в популяциях сосны обыкновенной довольно значительно варьировала. Значительная внутривидовая изменчивость сосны обыкновенной установлена по представленности в популяциях редких аллелей, которые по характеру распространения можно подразделить на 2 группы: 1) аллели, представленные лишь в одной отдельной локальности и 2) аллели, встречающиеся в различных частях

ареала. Для сосны обыкновенной более характерным является то, что большинство редких аллелей не являются географически приуроченными и могут встречаться одновременно в различных, удаленных друг от друга на сотни и тысячи километров популяциях.

Средние показатели уровня внутривидового генетического разнообразия сосны обыкновенной в изученной части ареала составили: $A=1,88$; $P=53,34$; $H_e=0,160$; $H_o=0,132$, что вполне соответствует имеющимся сведениям об изменчивости большинства видов хвойных. Межпопуляционные различия уровня генетического разнообразия в целом были незначительными, что также свидетельствует о высокой стабильности и надежности популяционных систем сосны обыкновенной и ее эволюционной перспективности.

В пределах регионов можно выделить ряд популяций, которые имеют несколько повышенный уровень изменчивости по сравнению с остальными, относительно близко расположенными выборками. В частности, более высокий уровень внутривидового разнообразия имеют северные карельские насаждения сосны обыкновенной, популяции из Челябинской области, находящиеся в жестких экологических условиях техногенного загрязнения. Значительно более высокий уровень гетерозиготности установлен в Аркакульской популяции, произрастающей на местности с определенными отклонениями естественных геохимических характеристик. Более высокий уровень изменчивости отмечается в латвийских выборках, отобранных в лучших по комплексу морфологических признаков популяциях. В целом значимых отличий в уровне среднего генетического разнообразия между сосной обыкновенной из разных регионов не установлено. Можно лишь отметить незначительное превышение полиморфности локусов и средней гетерозиготности со-

сны обыкновенной в Восточной Европе, где семена для анализов в основном собирались, с одной стороны, в лучших селекционных насаждениях, с другой – в горных популяциях (табл. 1).

На северо-западе России основные средние параметры генетического разнообразия у группы популяций из северной части региона были выше по сравнению с насаждениями, обитающими южнее. Видимо, в более жестких природно-климатических условиях лучшей выживаемостью обладают более гетерозиготные особи, что приводит к повышению общего генетического разнообразия популяций. Считаем целесообразным выделение на крайнем северо-западе Карелии еще одного лесосеменного подрайона сосны обыкновенной.

При изучении нами генетического разнообразия сосны кедровой стланиковой на Дальнем Востоке также наибольшим уровнем гетерозиготности внутри регионов характеризовались популяции из более экстремальных экологических условий произрастания: на Камчатке – популяция на вершине хребта, на о. Кунашир – популяция, непосредственно примыкающая к центру потухшего вулкана.

Анализ подразделенности генетического разнообразия показал, что сосна обыкновенная обладает высоким уровнем популяционного генетического разнообразия и низкой степенью дивергенции в пределах вида в изученной части ареала: 95,2% всей генетической изменчивости приходилось на внутривидовую и лишь 4,8% на межпопуляционную составляющую. Генетическое расстояние Нея (D) между выборками изменялось значительно – от 0,001 до 0,032 и составило в среднем 0,0095, что обычно характерно для близкорасположенных популяций хвойных. Более высокой степенью генетической дивергенции от остальных, отличались уральс-

Таблица 1. Генетическая изменчивость сосны обыкновенной в среднем по регионам

Регион	Число деревьев	Среднее число аллелей на локус	Доля полиморфных локусов	Гетерозиготность		Коэффициент инбридинга
				наблюдаемая	ожидаемая	
Южный Урал и Приуралье	872	1,89	50,41	0,131	0,157	0,166
Северо-западная часть России	341	1,89	53,56	0,126	0,161	0,217
Восточная Европа	348	1,84	62,86	0,149	0,170	0,124

кие популяции, и также дифференциация между популяциями внутри уральского региона оказалась несколько выше, чем в среднем между ними и карельскими или восточно-европейскими выборками. Среднее генетическое расстояние северо-западных популяций внутри региона было ниже, чем между ними с одной стороны и южно-уральскими выборками с другой, но незначительно выше, чем дифференциация от восточно-европейских популяций.

На дендрограммах, построенных на основании генетического расстояния, наблюдается кластеризация популяций в несколько отдельных групп. При этом, как следствие в целом низкого уровня генетической дифференциации сосны обыкновенной, не выявлено жесткой корреляции распределения выборок на дендрограммах в соответствии с их географическим положением, хотя и прослеживалась тенденция

тяготения друг к другу более близкорасположенных популяций. В изученной части ареала популяции сосны обыкновенной можно подразделить на две большие группы. Первую группу популяций, обладающих в свою очередь сложной системой структурированности в пределах региона, составляют выборки из Южного Урала и Приуралья, вторую – выборки из северо-западной части России и Восточной Европы.

В целом, результаты анализа аллельного разнообразия сосны обыкновенной, особенно характер распределения редких аллелей в пространстве, степень внутривидовой генетической подразделенности позволяют утверждать, что вид имеет общий генофонд на всем протяжении своего огромного ареала. Популяции сосны обыкновенной постоянно обмениваются генетическим материалом, что способствует поддержанию генетической структуры вида в целом.

Список использованной литературы:

1. Алтухов Ю.П. Внутривидовое генетическое разнообразие: мониторинг и принципы сохранения // Генетика. – 1995. Т. 31. № 10. – С. 1333-1357.
2. Гончаренко Г.Г., Падутов В.Е., Потенко В.В. Руководство по исследованию хвойных видов методом электрофоретического анализа изоферментов. – Гомель: БелНИИЛХ, 1989. – 164 с.
3. Корочкин Л. И., Серов О. Л. Пудовкин А. И. И др. Генетика изоферментов. – М.: Наука, 1977. – 275 с.
4. Chakraborty R. A note on Nei's measure of gene diversity in a substructured population // Humangenetik. – 1974. – V. 21. – P. 85-88.
6. Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. – 1973. – V. 70. N 12. – P. 3321-3323.
7. Nei M. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations // Ann. Human Genetics. – 1977. – V. 41. N 2. – P. 225-233.
8. Nei M. Genetic distance between populations // Amer. Natur. – 1972. – V. 106. – P. 283-292.
9. Nei M., Chesser R.K. Estimation of fixation indices and gene diversities // Ann. Hum. Genet. – 1983. – V. 47. – P. 253-259.