

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ПОПУЛЯЦИЙ ЕЛИ СИБИРСКОЙ В ЗАПАДНОМ ЗАБАЙКАЛЬЕ И МОНГОЛИИ

Кашапова М.М., Кравченко А.Н., Экарт А.К., Ларионова А.Я.,

научный руководитель канд. биол. наук Кравченко А.Н.

Сибирский федеральный университет

Институт леса имени В.Н.Сукачева СО РАН

Популяционный уровень организации живой природы крайне важен с экологической и эволюционной точек зрения. Фундаментальное значение генетических процессов в популяциях животных, растений и человека обусловило большое внимание к изучению популяций в теоретическом и в экспериментальном аспекте.

Древесные растения, и в первую очередь, хвойные стали модельными объектами популяционной и эволюционной генетики в середине 1970-х гг. Получение данных о нативной популяционно-генетической структуре хвойных видов является основой всех мероприятий по консервации биологических ресурсов. Как виды-эдификаторы сложных лесных экосистем, хвойные должны быть первоочередными объектами охраны, поскольку от состояния их популяций зависит благополучие целого комплекса животных и растительных видов. Интенсификация освоения лесных ресурсов в последнее время требует срочного получения знаний о генетических процессах, протекающих в популяциях древесных растений в связи с усиливающимся антропогенным воздействием. На территории Сибири, где еще сохранилась нативная структура лесных популяций, возможно проведение уникальных исследований, необходимых для сохранения в будущем генетического разнообразия евроазиатских древесных растений, организации охраняемых территорий и семенных банков, выработки концепции неистощительного использования лесов.

В связи с этой целью работы явилось определение структуры, уровня генетического разнообразия и степени внутривидовой дифференциации популяций ели сибирской (*Picea obovata* Ledeb.) методом электрофоретического анализа изоферментов. На основе анализа 22 локусов, кодирующих аллозимное разнообразие 12 ферментов (MDH, SKDH, 6-PGD, IDH, PEPCK, GOT, FDH, LAP, PGI, PGM, SOD, GDH) получены данные о генетической изменчивости и дифференциации 5 природных популяций ели сибирской в Западном Забайкалье (Бурятия) и Монголии (табл.1).

Таблица 1 – Географическое положение изученных популяций ели сибирской

Название популяций	Местоположение	координаты	
		с.ш.	в.д.
Северобайкальск	Бурятия, Северобайкальский район	55°28′	109°19′
Красноярково	Бурятия, Иволгинский район	51°51′	107°16′
Кабанск	Бурятия, Кабанский район	51°59′	106°32′
Убукун	Бурятия, Селенгинский район	51°28′	106°43′
Богд-Уул	Монголия, заповедник «Богд-Уул»	47°48′	106°51′

В качестве материала для исследования использовали вегетативные почки, собранные с 30 деревьев в каждой популяции. Разделение экстрактов почек проводили методом горизонтального электрофореза в крахмальном геле.

Для определения уровня генетического разнообразия использовали общепринятые показатели изменчивости: процент полиморфных локусов (P), среднее (N_a) и эффективное (N_e) число аллелей, средняя наблюдаемая (H_o) и ожидаемая (H_e) гетерозиготности. Степень дифференциации популяций определяли с помощью генетических дистанций Неи.

В ходе электрофоретического анализа в исследованных популяциях ели сибирской обнаружено 50 аллельных вариантов ферментов, находящихся под контролем 22 локусов. 70% обнаруженных аллелей являются общими, остальные встречаются лишь в нескольких или какой-либо одной из популяций.

Установлено, что монгольская популяция ели сибирской характеризуется крайне низким для вида уровнем генетического разнообразия ($P=59.09\%$; $N_a=1.73$; $N_e=1.18$; $H_o=0.106$; $H_e=0.109$) и существенно отличается по генетической структуре как от бурятских популяций ели (табл.2), так и от популяций из других частей ареала ($P=63.40\%$; $N_a=1.89$; $N_e=1.25$; $H_o=0.160$; $H_e=0.161$), изученных ранее по идентичному набору локусов.

Таблица 2 – Значения основных показателей генетической изменчивости в популяциях ели сибирской из Бурятии и Монголии

Популяции	P, %	N_a	N_e	Гетерозиготность	
				H_o	H_e
Северобайкальск	63.64	1.82 ± 0.16	1.24 ± 0.07	0.152 ± 0.037	0.156 ± 0.036
Красноярково	59.09	1.82 ± 0.17	1.28 ± 0.07	0.162 ± 0.043	0.171 ± 0.040
Кабанск	63.64	1.82 ± 0.16	1.21 ± 0.06	0.135 ± 0.035	0.138 ± 0.034
Убукун	63.64	1.77 ± 0.15	1.20 ± 0.05	0.148 ± 0.034	0.143 ± 0.030
Богд-Уул	59.09	1.73 ± 0.15	1.18 ± 0.07	0.106 ± 0.032	0.109 ± 0.035
Среднее	61.82 ± 1.11	1.79 ± 0.068	1.22 ± 0.028	0.141 ± 0.016	0.143 ± 0.016

Генетические дистанции D между популяциями из Бурятии и популяцией из Монголии варьируют от 0.009 до 0.013, составляя в среднем 0.012. Популяции из разных районов Бурятии дифференцированы в меньшей степени, D варьирует от 0.004 до 0.009, составляя в среднем 0.007 (табл.3).

Таблица 3 – Генетические расстояния D (Nei,1972) между популяциями ели сибирской

Популяции	Северобайкальск	Красноярково	Кабанск	Убукун
Северобайкальск				
Красноярково	0.009			
Кабанск	0.004	0.008		
Убукун	0.006	0.007	0.006	
Богд-Уул	0.013	0.012	0.009	0.013

Существенные различия в генетической структуре между бурятскими и монгольской популяциями обусловлены, по-видимому, значительной изоляцией монгольской популяции, приведшей к снижению уровня генетического разнообразия в этой популяции и формированию специфической генетической структуры, проявляющейся в утрате или значительному снижению частот ряда аллелей, появлению новых аллелей, в том числе уникальных.