

Национальная академия наук Беларуси
ГНПО «Научно-практический центр НАН Беларуси по биоресурсам»
ГНУ «Институт леса НАН Беларуси»
Министерство лесного хозяйства Республики Беларусь
International Union of Forest Research Organizations (IUFRO)

СОХРАНЕНИЕ ЛЕСНЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ

**МАТЕРИАЛЫ 5-ой МЕЖДУНАРОДНОЙ
КОНФЕРЕНЦИИ-СОВЕЩАНИЯ
(02-07 октября 2017 г., Гомель, Беларусь)**

**ПОСВЯЩАЕТСЯ ПАМЯТИ ВЫДАЮЩИХСЯ УЧЕНЫХ В
ОБЛАСТИ ЛЕСНОЙ ГЕНЕТИКИ, СЕЛЕКЦИИ И
ПОПУЛЯЦИОННОЙ БИОЛОГИИ
З.С. ПОДЖАРОВОЙ, Н.В. ГЛОТОВА, А.И. ИРОШНИКОВА**

Гомель
ООО «Колордрук»
2017

Сохранение лесных генетических ресурсов: Материалы 5-ой Международной конференции-совещания (Гомель, 02-07 октября 2017 г.) / НАН Беларуси, ГНПО НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам, Ин-т леса НАН Беларуси. – Гомель: ООО «Колордрук», 2017. – 262 с.

ISBN 978-985-6768-29-6

Сборник материалов 5-ой международной конференции-совещания «Сохранение лесных генетических ресурсов» содержит работы ученых Беларуси, России, Азербайджана, Болгарии, Бразилии, Германии, Индии, Ирана, Казахстана, Латвии, Молдовы, Польши, России, Румынии, США, Турции, Украины, Швейцарии, посвященных изучению, сохранению, мониторингу и рациональному использованию лесных генетических ресурсов.

Сборник представляет интерес специалистам лесного хозяйства, сотрудникам НИИ лесного профиля, преподавателям, аспирантам, магистрантам и студентам лесных, биологических и экологических специальностей вузов и колледжей.

Редакционная коллегия: Ковалевич А.И., к.с.-х.н., доцент (гл. редактор); Падутов В.Е., д.б.н., чл.-корр. НАН Беларуси (зам. гл. редактора); Баранов О.Ю., к.б.н., доцент; Ивановская С.И., к.б.н.; Каган Д.И., к.б.н.; Кончиц А.П., к.б.н.; Копытков В.В., к.с.-х.н.; Крутовский К.В., проф.; Сидор А.И., к.с.-х.н., доцент.

Материалы публикуются преимущественно в авторской редакции.

Материалы 5-ой Международной конференции-совещания изданы на основании постановления ученого совета Института леса НАН Беларуси от 12 сентября 2017 г., протокол № 16.

National Academy of Sciences of Belarus
Scientific and Practical Center of the NAS of Belarus for Bioresources
Institute of Forest of the NAS of Belarus
Ministry of Forestry of the Republic of Belarus
International Union of Forest Research Organizations (IUFRO)

CONSERVATION OF FOREST GENETIC RESOURCES

**PROCEEDINGS OF THE 5-th INTERNATIONAL
CONFERENCE
(October 02-07, 2017, Homel, Belarus)**

**DEDICATED TO THE MEMORY OF OUTSTANDING SCIENTISTS
IN THE FIELD OF FOREST GENETICS, BREEDING AND
POPULATION BIOLOGY,
Z.S. PODZHAROVA, N.V. GLOTOV, A.I. IROSHNIKOV**

Homel
LLC "Kolordruk"
2017

Conservation of Forest Genetic Resources: Proceedings of the 5th International Conference (October 02-07, 2017, Homel, Belarus) / NAS of Belarus, Scientific and Practical Center of the NAS of Belarus for Bioresources, Institute of Forest of the NAS of Belarus. – Homel: LLC "Kolordruk", 2017. – 262 p.

ISBN 978-985-6768-29-6

The proceedings of the 5th International Conference "Conservation of Forest Genetic Resources" contain the abstracts of scientists from Belarus, Russia, Azerbaijan, Bulgaria, Brazil, Germany, India, Iran, Kazakhstan, Latvia, Moldova, Poland, Russia, Romania, USA, Turkey, Ukraine, Switzerland, devoted to studying, conservation, monitoring and rationale use of forest genetic resources.

The proceedings is intended for specialists of forestry, researchers of forestry research institutions, teachers, post-graduate students, undergraduates and students of forest, biological and ecological specialties of high schools and colleges.

Editorial board: A.I. Kovalevich, Ph.D., Ass. Prof. (Editor-in-Chief); V.E. Padutov, Dr. hab., Member Corr. of the NAS of Belarus (Deputy Editor-in-Chief); O.Yu. Baranov, Ph.D., Ass. Prof.; S.I. Ivanovskaya, Ph.D.; D.I. Kagan, Ph.D.; A.P. Konchits, Ph.D.; V.V. Kopytkov, Ph.D.; K.V. Krutovsky, Prof.; A.I. Sidor, Ph.D., Ass. Prof.

The proceedings are published mainly in the author's edition.

The proceedings of the 5th International Conference are published on the basis of the resolution of the Scientific Council of the Institute of Forest of the NAS of Belarus of September 12, 2017, Protocol No. 16.

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ГЕТЕРОГЕННОСТИ ПОПУЛЯЦИИ: КОМПЛЕКСНОСТЬ И ЭТАПНОСТЬ ИССЛЕДОВАНИЙ.

Памяти Н.В. Глотова, Л.Ф. Семерикова, А.И. Видякина

Тараканов В.В.^{1,2}

¹Западно-Сибирское отделение Института леса им. В.Н. Сукачева – филиал
ФИЦ Красноярского НЦ СО РАН, Новосибирск, Россия

²Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск, Россия
tarh012@mail.ru

В изучении популяционной структуры древесных растений можно выделить несколько исторических периодов, соответствующих маркерам различного уровня реализации генетической информации в системе «ген-белок-признак».

Первый период соответствует анализу изменчивости на уровне фенотипов. Изучение потомств отдельных деревьев и популяций в выровненных экологических условиях выявило существенную генетическую неоднородность древесных растений на внутри- и меж-популяционном уровнях (Clausen, 1958; Ромедер, Шенбах, 1962; Ирошников, 1977; Селекция лесных пород, 1983).

Второй период характеризуется формированием учения о популяции как естественно-исторической структуре (Тимофеев-Ресовский и др., 1973; Глотов, 1976). Развивается принцип анализа изменчивости признаков в соответствии с естественным районированием территории и эколого-географической подразделённостью ареала вида. Такой подход, в сочетании с

разложением изменчивости количественных признаков на эколого-генетические компоненты и анализом частот фенотипов в популяциях, позволил получить количественные данные об иерархической структуре внутривидовой изменчивости и объёме популяций (Глотов, 1983 и др.; Семериков, 1986; Видякин, 2006).

Третий период соответствует анализу внутривидовой изменчивости на уровне первичных генных продуктов – ферментов. Применение аллозимных маркеров позволило характеризовать популяции по таким популяционно-генетическим параметрам, как доля полиморфных локусов, гетерозиготность, уровень межпопуляционной дифференциации и др. (Гончаренко и др., 1989; Политов и др., 1992; Санников, Петрова, 1993).

Четвёртый (современный) период соответствует анализу генетической изменчивости популяций на уровне ДНК. Применение ДНК-маркеров выводит изучение популяций на качественно новый уровень с новыми возможностями: (1) наиболее полно характеризовать особенности генетической структуры популяций; (2) оценивать относительное влияние различных факторов эволюции на генофонд популяций и вида в целом; (3) находить «предковые» популяции; (4) изучать роль экспрессии генов; и др. (Крутовский, 2006; 2014).

В настоящее время наблюдается тенденция к изучению генетической гетерогенности популяций древесных почти исключительно по ДНК-маркерам. Такой односторонний подход обедняет реальную картину популяционно-генетической структуры видов и по ряду причин вряд ли может быть полноценно реализован в масштабе лесов России. Во-первых, генетический потенциал особей реализуется на уровне фенотипов, в связи с чем фенотипическая изменчивость популяций всегда должна быть в фокусе внимания (Левонтин, 1978). Во-вторых, предсказать изменчивость белков и фенотипов, исходя из знаний об изменчивости ДНК, не представляется возможным в силу воздействия на генные продукты факторов среды и закона эмерджентности (Драгавцев, 2017). В-третьих, анализ генетической гетерогенности популяций на уровне белков и ДНК требует значительно больших финансовых затрат, чем на уровне фенотипов.

Из этого следует вывод о необходимости комплексности и этапности исследования популяций, что предвидели Н.В. Глотов (1982; 1983) и его ближайший соратник Л.Ф. Семериков (1986). Рациональность такого подхода доказывается на примере изучения популяционно-генетической структуры сосны обыкновенной (Видякин и др., 2014; 2015; Тараканов, Кальченко, 2015; Зацепина и др., 2016).

EVALUATION OF GENETIC HETEROGENEITY OF POPULATIONS: INTEGRATED APPROACH AND SEQUENCE OF RESEARCH STAGES

In memory of Nikolay V. Glotov, Leonid F. Semerikov and Anatoly I. Vidyakin

Tarakanov V.V.^{1,2}

¹West-Siberian Branch of V.N. Sukachev Institute of Forest, Siberian Branch of Russian Academy of Sciences – Branch of the Federal Research Center "Krasnoyarsk Science Center SB RAS",
Novosibirsk, Russia

²Novosibirsky State Agricultural University, Novosibirsk, Russia
tarh012@mail.ru

In study of woody plants population structure is possible to allocate few historical periods, corresponding to markers of various levels of realization of genetic information in "gene – protein – phenotypic trait" system.

The first period correspond to analysis of variability on phenotypes level. Study of posterities of separate trees and populations in similar ecological conditions revealed significant genetic heterogeneity of wood plants on within- and on between-population levels (Clausen, 1958; Rohmeder, Schönbach, 1962; Iroshnikov, 1977; Breeding of forest plants, 1983).

The second period characterizing by formation of population doctrine as a natural-historical structure (Timofeev-Resovsky et al., 1973; Glotov, 1976). The principle of the traits variability analysis, in relation to natural zoning of territory and ecological-geographical differentiation of the range of species is developing. Such approach, in combination with decomposition of variability of quantitative traits on ecological-genetic components, and analysis of phen frequencies in populations allowed to obtain quantitative data of hierarchical structure of intraspecific variability and framework of populations (Glotov, 1983; and other; Semerikov, 1986; Vidyakin, 2006).

The third period meets the analysis of intraspecific variability on primary gene products level – the enzymes. Using of allozyme markers allowed to characterize populations by thus population-genetic parameters, as a share of polymorphic loci, heterozygosity, differentiation on between-population level, and etc. (Goncharenko et al., 1989; Politov et al., 1992; Sannikov, Petrova, 1993).

The fourth (modern) period matches the analysis of genetic variability of populations on DNA level. Application of DNA-markers deduces the study of populations on qualitatively new level with new opportunities: 1) most fully characterize the specific of genetic structure of populations; 2) evaluate relative influence of various factors of evolution on gene fund of populations and species in general; 3) look for "ancestor" populations; 4) study a role of gene expression; etc. (Krutovsky, 2006; 2014).

There is a tendency to study presently the genetic heterogeneity of the forest plant populations almost exclusively by DNA-markers. Such one-way approach impoverishes a real picture of population-genetic structure of species and for some reasons cannot be fully realized in scale of the Russia' forest. First, the genetic potential of trees is realized on phenotypes level, so, the phenotype variability of populations always should be in a focus (Lewontin, 1978). Secondly, to predict

proteins and phenotypes variability is not possible because of environment and the "emergent effect" on gene products influence (Dragavtsev, 2017). Thirdly, the analysis of genetic heterogeneity of populations on proteins and DNA levels requires much greater financial expenses, than on phenotypes level.

Our main conclusion is necessity of complexity and step-by-step study of populations, what has been Nikolai V. Glotov (1982, 1983) and his nearest colleague Leonid F. Semerikov (1986) anticipated. Rationality of such approach was proved on examples of complex study of genetic structure of *Pinus sylvestris* in Russia (Vidyakin et al., 2014; 2015; Tarakanov, Kal'chenko, 2015; Zatsepina et al., 2016).