

РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК
СИБИРСКОЕ ОТДЕЛЕНИЕ
НАУЧНЫЙ СОВЕТ РАН ПО ПРОБЛЕМАМ ЛЕСА
ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО ЛЕСНОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИИ
ФБУ «РОСЛЕСОЗАЩИТА»
НАУЧНЫЙ СОВЕТ РАН ПО ГЕНЕТИКЕ И СЕЛЕКЦИИ
ВАВИЛОВСКОЕ ОБЩЕСТВО ГЕНЕТИКОВ И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ
INTERNATIONAL UNION OF FOREST RESEARCH ORGANIZATIONS (IUFRO)
ИНСТИТУТ ЛЕСА ИМ. В. Н. СУКАЧЕВА СО РАН
ИНСТИТУТ ОБЩЕЙ ГЕНЕТИКИ ИМ. Н. И. ВАВИЛОВА РАН
УПРАВЛЕНИЕ ПРИРОДНЫХ РЕСУРСОВ И ЭКОЛОГИИ АЛТАЙСКОГО КРАЯ
УПРАВЛЕНИЕ ЛЕСАМИ ПО АЛТАЙСКОМУ КРАЮ
ФИЛИАЛ ФБУ «РОСЛЕСОЗАЩИТА» - «ЦЗЛ АЛТАЙСКОГО КРАЯ»
ФИЛИАЛ ФБУ «РОСЛЕСОЗАЩИТА» - «ЦЗЛ НОВОСИБИРСКОЙ ОБЛАСТИ»
НОВОСИБИРСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
АЛТАЙСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
СИБИРСКИЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
ГЕТТИНГЕНСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ (ГЕРМАНИЯ)
ИНСТИТУТ ВЫЧИСЛИТЕЛЬНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ СО РАН

СОХРАНЕНИЕ ЛЕСНЫХ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ СИБИРИ

4-е Международное совещание (24-29 августа 2015, Барнаул, Россия)

МАТЕРИАЛЫ СОВЕЩАНИЯ

**ПОСВЯЩАЕТСЯ ПАМЯТИ ВЫДАЮЩИХСЯ ЛЕСНЫХ ГЕНЕТИКОВ И
СЕЛЕКЦИОНЕРОВ В.Т. БАКУЛИНА И А.И. ВИДЯКИНА**

Барнаул, 2015

Сохранение лесных генетических ресурсов Сибири

Материалы 4-го международного совещания

24-29 августа 2015, Барнаул, Россия

Учреждение Российской академии наук Институт леса им. В. Н. Сукачева СО РАН. 220 с.

Сборник содержит тезисы докладов, посвященных изучению, сохранению, мониторингу и рациональному использованию лесных генетических ресурсов Сибири, Урала, Дальнего Востока и других территорий России, а также зарубежных государств, представленных на 4-ом международном совещании по сохранению лесных генетических ресурсов Сибири, 24-29 августа 2015 г., Барнаул, Россия.

Редакторы:

В.В. Тараканов
К.В. Крутовский
С.Р. Кузьмин
И.В. Тихонова

Материалы публикуются преимущественно в авторской редакции

Компьютерная вёрстка:

К.Г. Зацепина

Организаторы:

Институт леса им. В. Н. Сукачева СО РАН
Управление лесами Алтайского края
ФГУ «Рослесозащита»

Спонсоры:

Российский фонд фундаментальных исследований (проект № 15-04-20541)
ООО "Алтай-Форест"

ISBN 978-5-906740-08-3

© 2015 Институт леса им. В. И Сукачева СО РАН, Красноярск

**RUSSIAN ACADEMY OF SCIENCES (RAS)
SIBERIAN BRANCH (SB)
SCIENTIFIC COUNCIL OF THE RUSSIAN ACADEMY OF SCIENCES ON FOREST
FEDERAL FORESTRY AGENCY OF RUSSIA
FEDERAL GOVERNMENT AGENCY "ROSLESOZASHCHITA"
SCIENTIFIC COUNCIL OF THE RUSSIAN ACADEMY OF SCIENCE ON GENETICS AND BREEDING
VAVILOV SOCIETY OF GENETISTS AND BREEDERS
INTERNATIONAL UNION OF FOREST RESEARCH ORGANIZATIONS
V. N. SUKACHEV INSTITUTE OF FOREST, SB RAS
VAVILOV INSTITUTE OF GENERAL GENETICS, RAS
DEPARTMENT OF NATURAL RESOURCES AND ECOLOGY OF THE ALTAY TERRITORY
DEPARTMENT OF FORESTRY OF THE ALTAY TERRITORY
CENTRE FOR FOREST PROTECTION OF ALTAY TERRITORY
CENTRE FOR FOREST PROTECTION OF NOVOSIBIRSK TERRITORY
NOVOSIBIRSK STATE AGRICULTURAL UNIVERSITY
ALTAY STATE AGRICULTURAL UNIVERSITY
SIBERIAN FEDERAL UNIVERSITY
GEORG-AUGUST-UNIVERSITY OF GÖTTINGEN
SIBERIAN INSTITUTE OF COMPUTATIONAL TECHNOLOGIES, SB RAS**

CONSERVATION OF FOREST GENETIC RESOURCES IN SIBERIA

4th International Conference (August 24-29, 2015, Barnaul, Russia)

PROCEEDINGS

**DEDICATED TO THE MEMORY OF OUTSTANDING FOREST GENETICISTS AND
BREEDERS, V.T. BAKULIN AND A.I. VIDYAKIN**

Barnaul, 2015

Conservation of Forest Genetics Resources in Siberia

Proceedings of the 4th International Conference

August 24-29, 2015, Barnaul, Russia

V. N. Sukachev Institute of Forest, SB RAS. 220 p.

The proceedings contain the abstracts of the presentations devoted to studying, preservation, monitoring and rational use of forest genetic resources of Siberia, Urals Mountains, the Far East and other territories of Russia, and also the foreign states presented at the 4th International Conference on Conservation of Forest Genetic Resources of Siberia, August, 24-29, 2015, Barnaul, Russia.

Editors:

V.V. Tarakanov

K.V. Krutovsky

S.R. Kuzmin

I.V. Tikhonova

Materials are published mainly as the original author's versions

Desktop publishing:

K.G. Zatsepina

Organized by:

V. N. Sukachev Institute of Forest, Russian Academy of Sciences, Siberian Branch
Federal Government Agency "Roslesozashchita"

Federal Forestry Agency of Altay Territory

Sponsored by:

Russian Foundation for Basic Research (project № 15-04-20541)

OOO "Altay-Forest"

ISBN 978-5-906740-08-3

© 2015 V. N. Sukachev Institute of Forest SB RAS, Krasnoyarsk

**ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ГЕТЕРОГЕННОСТИ ПОПУЛЯЦИЙ
ЛЕСООБРАЗУЮЩИХ ВИДОВ ДРЕВЕСНЫХ РАСТЕНИЙ: МЕТОДИЧЕСКИЕ
ПРИНЦИПЫ ОТБОРА ДЕРЕВЬЕВ И ПОПУЛЯЦИЙ, КОМПЛЕКСНОСТЬ И
ЭТАПНОСТЬ ИССЛЕДОВАНИЙ**

Глотов Н.В.¹, Видякин А.И.², Тараканов В.В.^{3,4}

¹Марийский государственный университет (Йошкар-Ола), Россия, nvglotov@inbox.ru

²Институт биологии Коми научного центра УрО РАН (Киров), Россия

³Западно-Сибирский филиал Института леса СО РАН (Новосибирск), Россия

⁴Новосибирский государственный аграрный университет (Новосибирск), Россия

Для решения различных задач в области сохранения и рационального использования лесных генетических ресурсов первоочередное значение имеет изучение особенностей генофондов и пространственной популяционной структуры видов. В последние десятилетия резко возросло число публикаций, посвященных данной теме на основе анализа результатов оценки изменчивости аллозимных и ДНК маркеров (обзоры Крутовский, 2006; Политов, 2007). Это обусловлено высокой информативностью данных методов в плане характеристики генетической структуры популяций по большому числу локусов по параметрам, которые невозможно получить другими методами, - такими, как полиморфность, гетерозиготность, перечень и частота гаплотипов, интенсивность инбридинга и др. При этом создается впечатление, что эффективность применения новейших молекулярно-генетических методов могла бы быть повышена, если бы современные исследователи более полно использовали опыт и информацию, накопленные при изучении изменчивости и популяционной структуры видов-лесообразователей на предыдущем этапе исследований. Прежде всего, это относится к методам размещения выборок в ареале исследуемого вида, а также к принципам комплексности и этапности исследований, которые подробно рассмотрены в сообщении.

Сделаны выводы о том, что: 1) при решении задачи характеристики генетической гетерогенности популяций в масштабе ареала вида размещение выборок для исследований должно осуществляться с учетом ландшафтно-экологической структуры ареала и естественной истории вида (Глотов, 1975; 1983; Семериков, 1986; Видякин, 2004; 2014; Zhivotovskiy et al., 2014); 2) с учетом того, что каждый метод оценки генетической гетерогенности имеет свои сильные и слабые стороны, для решения поставленных задач необходимо использовать комплекс методов молекулярной генетики, популяционной фенетики, а также биометрической генетики; 3) для снижения себестоимости исследований целесообразно поэтапное применение различных методов, начиная от наиболее простых и относительно недорогих методов популяционной фенетики на первом этапе массового скрининга большого числа выборок со всего ареала, до более дорогих, но максимально информативных методов ДНК-анализа на заключительном этапе, на котором выборочно исследуются «типичные» и «нетипичные» выборки, дается обобщенная характеристика особенностей популяционной структуры вида и уточняется ранг выявленных внутривидовых ареальных совокупностей.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (грант №13-04-00495_a).

ESTIMATION OF GENETIC HETEROGENEITY OF POPULATIONS OF WOOD PLANTS SPECIES: METHODOLOGICAL PRINCIPLES OF SELECTION OF TREES AND POPULATIONS, SEQUENCE OF RESEARCH STAGES

Glotov N.V.¹, Vidyakin A.I.², Tarakanov V.V.^{3,4}

¹ Mari State University, Yoshkar-Ola, Russia; nvglotov@inbox.ru

² Institute of Biology of the Komi SC of UrD of Russian Academy of Sciences, Russia; les@aiv.kirov.ru

³ V.N. Sukachev Institute of Forest (West-Siberian Branch), Siberian Branch of Russian Academy of Science, Novosibirsk, Russia

⁴Novosibirsky State Agricultural University, Novosibirsk, Russia

The studying of features of genofunds and spatial population structures of species has the prime value for the decision of various problems in the field of conservation and rational use of forest genetic resources. In the last decades the number of the publications on this theme on the basis of the analysis of results of an estimation of variability allozyme and DNA markers has sharply increased (reviews Krutovsky, 2006; Politov, 2007). It is caused by high information value of such methods which give characteristic of genetic structure of populations on the big number of locies on parameters which cannot be received other methods - such as polymorphism, heterozygosity, the list and frequency of gaplotypes, intensity of inbreeding and others. As it seems to us, the efficiency of using of the newest molecular-genetic methods could be raised, if modern researchers made use the experience and the information which has been accumulated up at studying of variability and population structure of keystone species at the previous stage of researches. First of all, it concerns to methods of the areal distribution of population samples and also to principles of integrated approach and sequence of researches; it is considered in detail in the message.

Conclusions is drawn : 1) at the decision of a problem of the characteristic of genetic heterogeneity of populations in species areal scale the distribution of population samples for investigations must be fulfilled taking into account the landscape-ecological structure of an area and natural history of the species (Glotov, 1975; 1983; Semerikov, 1986; Vidyakin, 2004; 2014; Zhivotovsky et.al., 2014); 2) considering that each method of an genetic heterogeneity estimation has strong and weak points, for the decision of the tasks it is necessary to use a complex of methods, including molecular genetics, population phenetics, and also biometric genetics; 3) for decrease in the cost price of investigations it is expediently to use step-by-step application of various methods, beginning from the most simple and concerning inexpensive methods population phenetics at the first stage of mass screening of the big number samples from all area, up to more expensive, but as much as possible informative methods of DNA-analysis at the final stage on which "typical" and "atypical" samples are selectively investigated, the generalized characteristic of population structure features of a species is given and the intraspecific hierarchical rank of revealed populations and its complexes is précised.

The work was done with financial support of the Russian Foundation for Basic Research (project №13-04-00495_a).