

**Показатели подразделенности и генного потока в сосновых насаждениях
Белоруссии и приграничных территорий**
Степанова Екатерина Михайловна¹

аспирант

Гомельский государственный университет им. Ф. Скорины, Гомель, Беларусь

E-mail: emstepanova@mail.ru

Одними из главных параметров, характеризующих генетические процессы в популяциях, являются показатели подразделенности (F_{st}) и генного потока ($N_e m$), величины которых зависят от сложного взаимодействия микроэволюционных сил и могут серьезно различаться в изолированных или непрерывных популяциях одного вида. Целью нашей работы было определить уровень подразделенности и величину генного потока в 6 белорусских и 2 приграничных (латвийской и украинской) популяциях сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.) на основе анализа 22 локусов, кодирующих изоферменты.

Для вычисления генного потока был проведен генетический анализ 315 деревьев. Каждое дерево *P. sylvestris* было проанализировано по 22 генам посредством метода электрофореза в крахмальном геле. Показатель $N_e m$ рассчитывался двумя методами: 1) на основании коэффициента подразделенности популяций F_{st} , 2) исходя из частот уникальных аллелей. Определенные величины генного потока ($N_e m(F)$, $N_e m(p)$), подразделенности (F_{st}), а также частот уникальных аллелей ($p(l)$) в белорусском и в объединенном белорусско-латвийско-украинском массивах представлены в таблице.

Таблица. Показатели подразделенности и генного потока у *P. sylvestris* в белорусских и в объединенных белорусско-латвийско-украинских популяциях.

Популяции	F_{st}	$N_e m(F)$	$\overline{p(l)}$	$N_e m(p)$
Белорусские	0.015	16.42	0.0204	7.60
Белорусско-латвийско-украинские	0.016	15.38	0.0153	12.40

Как видно из таблицы, для 6 белорусских популяций коэффициент F_{st} составил 0.015. Для объединенного массива он возрос до 0.016. Полученные данные по F_{st} позволили определить показатель $N_e m(F)$, который для белорусских популяций составил 16.42 (в среднем белорусские популяции обмениваются генетическим материалом с интенсивностью 16 мигрантов за поколение). При добавлении к ним латвийской и украинской популяций величина $N_e m(F)$ незначительно снижается и составляет 15 мигрантов за поколение. Значение $N_e m(p)$, рассчитанное по уникальным аллелям для объединенного массива составило 12.4 мигранта и существенно не отличается от данных, полученных на основе F_{st} . В белорусских популяциях величина $N_e m(p)$, равная 7.6 мигрантам за поколение, оказалась значительно ниже величины $N_e m(F)$. Высокие значения частот некоторых уникальных аллелей, найденных только в белорусских популяциях, определили более высокое среднее значение $p(l)$, используемое для расчета $N_e m(p)$. В этом смысле величины $N_e m$, определенные по коэффициенту F_{st} , представляются более точными.

Полученные результаты по генному потоку соответствуют характеру распределения и взаимосвязи популяций в исследуемой части ареала *P. sylvestris* и подтверждают существование интенсивного обмена генетическим материалом между белорусскими и приграничными насаждениями. Интенсивный генный поток способствует сглаживанию различий в генетической структуре близкорасположенных популяций. Это отражает показатель подразделенности F_{st} , значение которого при подсоединении к белорусским популяциям латвийской и украинской увеличивается лишь незначительно.

Литература

1. Slatkin M. Gene flow in natural populations // Ann. Rev. Ecol. Syst. 1985a. V. 16. P. 393-430.
2. Wright S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regards to systems of mating // Evolution. 1965. V. 19. P. 395-420.
3. Slatkin M. Rare alleles as indicators of gene flow // Evolution. 1985b. V. 39. P. 53-65.

¹Автор выражает признательность профессору, д.б.н. Гончаренко Г.Г., а также лесным генетикам г. Гомеля за помощь в исследованиях