

УДК 575.1:634.984

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ПО ИЗОФЕРМЕНТНЫМ ЛОКУСАМ ПЛЮСОВЫХ ДЕРЕВЬЕВ СОСНЫ ОБЫКНОВЕННОЙ УКРАИНСКОЙ И БЕЛОРУССКОЙ СЕЛЕКЦИИ

И.И. КОРШИКОВ¹, В.Е. ПАДУТОВ², С.И. ИВАНОВСКАЯ², А.Е. ДЕМКОВИЧ¹,
 В.И. СТОРОЖЕНКО³, Л.А. КАЛАФАТ¹, Г.А. ПАСТЕРНАК¹, А.Р. БАГДАСАРОВА¹

¹Донецкий ботанический сад НАН Украины
 Украина, 83059, г. Донецк, пр-т Ильича, 110
 e-mail: dbsgenetics@gmail.com

²Институт леса НАН Беларуси 246001,
 Беларусь, 246001, г. Гомель, ул. Пролетарская, 71

³Областное управление лесного и охотничьего хозяйства Донецкой области
 Украина, 83102, г. Донецк, ул. Стадионная, 24-а

Цель. Сравнительный анализ генетического полиморфизма выборки плюсовых деревьев (43) сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.) из насаждений на юго-востоке Украины, случайной выборки деревьев (36) из тех же насаждений и плюсовых деревьев (51) из насаждений в Беларуси. **Методы.** Для определения генотипа растения применен электрофоретический анализ 5 ферментных систем с определением 12 полиморфных локусов. **Результаты.** Плюсовые деревья украинской селекции по уровню генетической изменчивости и дифференциации имели незначительные отличия от случайной выборки деревьев. Наблюдаемая гетерозиготность (H_o) у плюсовых деревьев из насаждений Украины ниже (0,203), чем у плюсовых деревьев из насаждений Беларуси (0,260), а ожидаемая (H_e) – выше (0,324 и 0,260, соответственно). Генетическая дистанция Нея (D_N) между исследованными выборками плюсовых деревьев составила 0,051. **Выводы.** Географическая удаленность южных украинских и белорусских популяций *P. sylvestris* сказывается на особенностях их генофонда и обуславливает отличия в генетическом полиморфизме выборок плюсовых деревьев.

Ключевые слова: *Pinus sylvestris* L., плюсовые деревья, генетическая изменчивость.

Введение. Современные методы селекции лесных древесных растений основываются на индивидуально-групповом методе. Первоначально в природных популяциях и насаждениях отбирают плюсовые деревья, которые не менее чем на 25% должны превосходить остальные растения по показателям высоты и диаметру ствола. Затем из этих растений формируют группы для закладки клоновых лесосеменных плантаций, семенной материал которых уже используют для создания искусственных лесов. Такой подход направлен на сохранение популяционно-генетической изменчивости селективируемого вида в его лесонасаждениях. Однако, как свидетельствует мировая практика селекции хозяйственно ценных видов, при искусственном отборе трудно избежать генетической эрозии, т.е. потери части аллельного разнообразия популяций.

© И.И. КОРШИКОВ, В.Е. ПАДУТОВ, С.И. ИВАНОВСКАЯ, А.Е. ДЕМКОВИЧ, В.И. СТОРОЖЕНКО,
 Л.А. КАЛАФАТ, Г.А. ПАСТЕРНАК, А.Р. БАГДАСАРОВА, 2012

В научной литературе мнения о плюсовой селекции основных лесообразующих древесных пород противоречивы: от признания высокой эффективности и необходимости широкого применения до полного отрицания. Приверженцы плюсовой селекции считают, что её эффективность зависит от интенсивности искусственного отбора, уровня генетической изменчивости в популяции, где проводится отбор, и от наследуемости признаков роста [1]. Хотя давно известно, что признаки, характеризующие интенсивность роста деревьев у хвойных в высоту и по диаметру, имеют невысокие значения коэффициента наследуемости [2].

Для выявления потерь генетического разнообразия при групповой селекции, определения генетических особенностей уникальных и хозяйственно-ценных индивидуумов, паспортизации их, а также семенного материала в лесной селекции используют генетические маркеры. Несмотря на то, что в последние годы для изучения генетического полиморфизма предпочтение отдаётся ДНК-маркерам, изоферменты, обеспечивающие 100%-ную воспроизводимость результатов и позволяющие анализировать гены, отвечающие за конкретные биохимические реакции в клетках, по-прежнему востребованы для оценки генофондов лесных видов древесных растений. Анализ генетической изменчивости плюсовых деревьев необходим для оценки возможности использования этих деревьев при создании объектов единого генетико-селекционного комплекса (постоянной лесосеменной базы) хозяйственно ценных видов.

Цель работы – сравнительный анализ генетических характеристик плюсовых деревьев сосны обыкновенной, отобранных в Украине, случайной выборки деревьев из тех же насаждений, где они были выделены, а также плюсовых деревьев из Беларуси.

Материалы и методы

Для электрофоретического анализа изоферментов использовали вегетативные ткани почек, которые были собраны в период покоя с 43 плюсовых деревьев *P. sylvestris* Ямпольского, Краснолиманского и Маяцкого лесхозов Донецкой области (ПДУ). Плюсовые деревья в этих лесхозах были выделены сотрудниками Украинского НИИ лесного хозяйства и агролесомелиорации имени Г.Н. Высоцкого в насаждениях, возраст которых превышал 70 лет. Кроме того, в этих насаждениях был собран материал и со случайных 35 растений того же возраста (СДУ). Для анализа плюсовых деревьев, отобранных в Беларуси, были использованы клоны 51 дерева с архивно-клоновой плантации Кореневской экспериментальной лесной базы Института леса НАН Беларуси (ПДБ).

Электрофоретическое разделение изоферментов для деревьев, собранных в Украине, проводили в вертикальных пластинах 7,5% полиакриламидного геля, а деревьев из Беларуси – в горизонтальных пластинах 11% крахмального геля. Для определения генотипа деревьев были использованы: алкогольдегидрогеназа (ADH, К.Ф. 1.1.1.1), диафороза (DIA, К.Ф. 1.6.4.3), глутаматоксалоацетаттрансаминаза (GOT, К.Ф. 2.6.1.1), глутаматдегидрогеназа (GDH, К.Ф. 1.4.1.2), лейцинаминопептидаза (LAP, К.Ф. 3.4.11.1), малатдегидрогеназа (MDH, К.Ф. 1.1.1.37), кроме того, дополнительно для анализа украинских плюсовых деревьев – супероксиддисмутаза (SOD, К.Ф. 1.15.1.1), формиатдегидрогеназа (FDH, К.Ф. 1.2.1.2), кислая фосфатаза (ACP, К.Ф. 3.1.3.2). Для унификации аллелей, выявленных в выборках деревьев украинского и белорусского происхождения, был проведен электрофорез 280 белорусских образцов в полиакриламидном геле. Для изучения уровня генетического разнообразия, генетической структуры и дифференциации рассчитывали частоты аллелей и гено-

типов, наблюдаемую (H_O) и ожидаемую (H_E) гетерозиготность, среднее количество аллелей (A) на локус, долю полиморфных локусов по 99% (P_{99}) критерию. Межвыборочную аллельную гетерогенность оценивали по стандартному χ^2 -тесту [3]. Генетическую дифференциацию выборок определяли с помощью коэффициента генетической дистанции Нея (D_N) [4]. Для статистической обработки данных применяли пакет компьютерных программ GenRes [5].

Результаты и обсуждение

У плюсовых деревьев, произрастающих на территории Украины, было исследовано 18 локусов, 14 из которых были полиморфными (табл. 1), у случайных деревьев украинского происхождения и плюсовых деревьев из Беларуси – 12 локусов, из которых 1 был мономорфным у СДУ. У ПДУ по 12 общим с другими выборками локусам описано 27 аллелей, СДУ – 25, ПДБ – 28. Общими для всех трех выборок были 20 аллелей, а в случае растений украинского происхождения – 24 аллеля. Расхождения в аллельной структуре сравниваемых выборок приходились на аллели, частота которых, как правило, не превышала 5%. Доминантные аллели (1.00) по общим 12 локусам во всех вы-

довано 18 локусов, 14 из которых были полиморфными (табл. 1), у случайных деревьев украинского происхождения и плюсовых деревьев из Беларуси – 12 локусов, из которых 1 был мономорфным у СДУ. У ПДУ по 12 общим с другими выборками локусам описано 27 аллелей, СДУ – 25, ПДБ – 28. Общими для всех трех выборок были 20 аллелей, а в случае растений украинского происхождения – 24 аллеля. Расхождения в аллельной структуре сравниваемых выборок приходились на аллели, частота которых, как правило, не превышала 5%. Доминантные аллели (1.00) по общим 12 локусам во всех вы-

Таблица 1. Значения основных показателей генетического полиморфизма плюсовых (в числителе) и случайных (в знаменателе) деревьев *Pinus sylvestris* из Украины

Локус	Количество		Гетерозиготность		Индекс фиксации Райта, (F_{IS})	Значимость отклонений от равновесия Харди – Вайнберга
	генотипов, (Ng)	аллелей, (Na)	наблюдаемая, (H_O)	ожидаемая, (H_E)		
Got-1	2/1	2/1	0,047/0,000	0,045/0,000	-0,024/-	ns/-
Got-2	3/3	2/2	0,279/0,514	0,439/0,467	0,365/-0,101	ns/*
Got-3	3/3	2/2	0,419/0,371	0,402/0,368	-0,040/-0,010	ns/ns
Gdh	3/3	2/2	0,442/0,486	0,496/0,485	0,109/-0,001	ns/ns
Lap-1	2/2	2/2	0,023/0,029	0,023/0,028	-0,012/-0,014	ns/ns
Lap-2	2/2	2/2	0,023/0,057	0,023/0,056	-0,012/-0,029	ns/ns
Dia-1	3/4	2/3	0,279/0,286	0,439/0,450	0,365/0,365	*/ns
Dia-4	3/3	2/2	0,256/0,371	0,412/0,441	0,380/0,158	*/ns
Mdh-2	3/2	2/2	0,023/0,029	0,067/0,028	0,655/-0,014	***/ns
Mdh-3	3/3	2/2	0,419/0,457	0,487/0,490	0,140/0,067	ns/ns
Adh-1	5/3	4/3	0,093/0,114	0,553/0,542	0,832/0,789	***/**
Adh-2	4/3	3/2	0,140/0,143	0,496/0,485	0,719/0,706	***/**
Fdh	3/~	2/~	0,233/~	0,454/~	0,488/~	**/~
Acp	4/~	3/~	0,023/~	0,228/~	0,898/~	***/~
Sod-1	1	1	0,000	0,000	0,000	–
Sod-2	1	1	0,000	0,000	0,000	–
Sod-3	1	1	0,000	0,000	0,000	–
Sod-4	1	1	0,000	0,000	0,000	–
Средняя	2,611/2,250	2/1,083	0,150/0,179	0,254/0,240	0,347/0,174	–
Ошибка средней	0,270/0,250	0,181/0,149	0,038/0,050	0,053/0,059	0,078/0,094	–

Примечания: различия достоверны при * – 0,05, ** – 0,01, *** – 0,001; n.s. – различия не достоверны; ~ исследование не проводилось.

борках встречались с частотой > 0,500. Низким уровнем гетерозиготности у ПДУ характеризуются локусы *Got-1*, *Lap-2*, *Mdh-2*, *Asp*, по которым было найдено 1–2 гетерозиготных дерева. От 5 до 6 гетерозиготных деревьев обнаружено по локусам *Adh-1* и *Adh-2*, по локусам *Dia-1*, *Dia-4*, *Got-2*, *Fdh* – от 10 до 12. Наиболее изменчивыми у ПДУ были локусы *Got-3*, *Mdh-3*, *Gdh*, по которым выявлено 18–19 гетерозиготных деревьев.

Именно эти три локуса имеют перспективу стать маркерными при определении генотипов плюсовых деревьев на ранней стадии их онтогенеза. В целом в общей выборке плюсовых деревьев согласно показателю F_{IS} был обнаружен явный дефицит гетерозиготных генотипов – 34,7 %. Только по локусам *Got-1*, *Got-3*, *Lap-1* и *Lap-2* установлен незначительный избыток гетерозигот, а для остальных восьми (*Dia-1*, *Dia-4*, *Got-2*, *Adh-1*, *Adh-2*, *Fdh*, *Asp*, *Mdh-2*) – существенный недостаток, и фактическое распределение генотипов по этим локусам в выборке ПДУ не соответствует теоретически ожидаемому согласно закону Харди – Вайнберга. Ни по одному из 12 проанализированных полиморфных локусов распределение частот аллелей в выборке ПДУ, согласно критерию χ^2 , не отличалось от выборки СДУ. Это говорит об очень незначительных отличиях генетической структуры между плюсовыми деревьями и деревьями других категорий из одних и тех же насаждений сосны обыкновенной.

В отличие от плюсовых деревьев украинского отбора выборка плюсовых дере-

вьев, выделенных в Беларуси, характеризуется уравновешенностью генетической структуры ($H_O = H_E$), меньшей долей полиморфных локусов и большим уровнем наблюдаемой гетерозиготности (табл. 2). Выборки ПДУ и ПДБ имеют также существенные отличия в аллельной гетерогенности по 8 из 12 аллозимных локусов. Надо отметить, что в целом для насаждений *P. sylvestris* на севере Донецкой области характерен недостаток гетерозигот, который увеличивается в искусственно отбираемой выборке плюсовых деревьев.

Коэффициент генетической дистанции Нея (D_N) между плюсовыми деревьями из Украины и Беларуси (ПДУ и ПДБ) составил 0,051, тогда как между выборками деревьев украинского происхождения (ПДУ и СДУ) только 0,001. В связи с этим можно констатировать, что генетическая структура выборок плюсовых деревьев украинской и белорусской селекции имеет явные отличия. Это указывает на перспективность межгосударственного обмена семенным материалом плюсовых деревьев.

Плюсовая селекция, которая является массовым искусственным отбором на полезные с точки зрения человека качества растений, может сопровождаться как снижением всех показателей генетической изменчивости [6], так и, в некоторых случаях, их повышением [7]. Хотя чаще не обнаруживается никаких выраженных изменений ни в аллельном составе, ни в уровне гетерозиготности [8–10]. Случаи увеличения средней гетерозиготности в выборках плюсовых деревьев по сравнению с природными популяциями объясняют эффек-

Таблица 2. Значения основных показателей генетического полиморфизма по 12 общим локусам исследованных выборок деревьев

Выборки	Доля полиморфных локусов, P_{99}	Среднее число аллелей на локус, A	Средняя гетерозиготность		Индекс фиксации Райта, F_{IS}
			ожидаемая, (H_E)	наблюдаемая, (H_O)	
ПДУ	1,000	2,250	0,324±0,019	0,203±0,016	0,373
СДУ	0,917	2,083	0,320±0,020	0,238±0,019	0,256
ПДБ	0,700	2,300	0,260±0,017	0,260±0,017	0,000

том гетерозиса через сверхдоминирование по некоторым парам аллелей [8, 10]. Перераспределение компонент генного разнообразия в выборках плюсовых деревьев возможно в случае целенаправленной группировки их в зависимости от индивидуальной гетерозиготности. Так, например, при сравнении частот аллелей 8 полиморфных локусов между выборками 500 плюсовых и 1200 случайных деревьев из 26 небольших популяций *Abies alba* в Тюрингии существенных различий выявлено не было. В случае целенаправленного сокращения количества плюсовых деревьев из 500 образцов базовой коллекции до 130 с низким уровнем гетерозиготности в ограниченной выборке прослеживается эффект «бутылочного горлышка» [11]. Подобные генетические изменения имели место при создании лесосеменных плантаций [12, 13].

Отсутствие значимых различий по показателям генетической изменчивости между исследованными нами группами плюсовых и случайных деревьев, казалось бы, говорит об индифферентности к отбору выбранных для анализа молекулярных маркеров и отнесению их к типу «нейтральных». Однако при разделении маркерных генов на группы по их приуроченности к метаболическим системам клетки оказывается, что локусы по-разному реагируют на селекцию растений. При этом селекционно нагруженными нередко оказываются гены, контролирующие основные метаболические системы – глюкозо- и пентозофосфатный циклы [14]. Примером могут служить исследования в Баварском лесном округе в Германии, где по 8 изоферментным локусам провели сравнение генетической структуры, генетического разнообразия и гетерозиготности 45 фенотипически отобранных клонов плюсовых деревьев *Picea abies* с лесосеменных плантаций и 60 случайных деревьев. Если по распределению аллельных частот и

генному разнообразию клоны плюсовых деревьев и случайные деревья из популяции незначительно отличались, то четкие различия прослеживались по среднему уровню гетерозиготности и распределению индивидуальной гетерозиготности между двумя выборками. Наибольшие различия в гетерозиготности наблюдались по трем локусам, контролирующим ферменты пентозофосфатного цикла [15]. У растений *P. abies* лесосеменных плантаций 2-го порядка в Беларуси средняя наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготности оказались выше, чем в естественных популяциях: $H_O = 0,170$, $H_E = 0,161$ и $H_O = 0,140$, $H_E = 0,137$, соответственно [16, 17].

Нередко отсутствие генетических различий у плюсовых деревьев по сравнению со случайными растениями из популяций может быть связано с неэффективным отбором самих плюсовых деревьев. В одной и той же популяции могут встречаться деревья с различным типом роста: ускоренным ростом в молодом возрасте и замедленным до возраста спелости, и наоборот. Плюсовая селекция, которая начала развиваться в середине XX века, сначала базировалась на предположении, что фенотип соответствует генотипу. Позже, на основании того, что фенотип – продукт взаимодействия генотипа и условий среды, стали выделять из плюсовых особую группу элитных деревьев. В настоящее время начал развиваться третий этап плюсовой селекции, связанный с изучением механизмов влияния эпигенетических факторов в реализацию фенотипа [18, 19].

Считается, что чрезмерная гетерозиготность свыше определенного оптимума может негативно сказываться на интенсивности роста растений. Плюсовые деревья с низким и средним уровнем гетерозиготности характеризуются наиболее высокой наследуемостью отдельных признаков и их низкой вариабельностью у семенного по-

томства, что наблюдается и для отдельных высокогетерозиготных деревьев [20]. Геном многих перекрестноопыляемых видов хвойных обладает определенной долей вредных или малоадаптивных аллелей, обеспечивающих высокую гетерозиготность отдельных генов и составляющих генетический груз популяции. Вследствие этого материнские деревья с низкой гетерозиготностью будут продуцировать больше жизнеспособных семян, чем высокогетерозиготные растения [11], если предположить, что они обладают небольшим количеством малоадаптивных аллелей.

Для оценки отличимости, однородности и стабильности сортов сельскохозяйственных растений т. е. в их DUS тестировании (the DUS criteria: distinctness, uniformity and stability) предполагают использовать различные молекулярные маркеры, которые обеспечивают постоянное, экологически нейтральное описание сортов [21]. Так, например, выявленный аллельный состав SSR-локусов предлагают применять для видовой и сортовой идентификации сортов и видов груши [22], мягкой пшеницы, картофеля, томата, льна и свеклы [23]. Генетические маркеры, имеющие кодоминантный характер наследования, очень удобны для анализа результатов контролируемых скрещиваний, поскольку дают возможность отбраковать в потомстве плюсовых деревьев все генотипы, нетипичные для конкретной схемы скрещивания. Определение гомо- или гетерозиготного состояния маркированных генов можно провести уже на стадии зародыша, что значительно ускоряет селекционный процесс. Генетическая паспортизация плюсовых деревьев имеет большое значение не только для интенсификации селекционной работы, но и для улучшения семеноводства конкретного древесного вида, так как позволяет целенаправленно формировать генетическую структуру лесосеменных плантаций.

Преимуществом молекулярных маркеров является возможность их использования в маркер-сопутствующей селекции. Особое значение имеют QTL-аллели. Они очень важны для проблем селекции как кластеры генов, детерминирующие количественные признаки. Однако QTL-аллели сложно взаимодействуют в одном генотипе, проявляя сверхдоминирование, отсутствие доминирования или аддитивные эффекты [24, 25].

Сложный механизм генетического контроля многих фенотипических признаков и неоднородность их наследования не позволяют пока выявить гены, контролирующие интенсивность роста у отдельных видов древесных растений. Кроме того, открытие мобильных генетических элементов (МГЭ) в геноме растений показало его нестабильность. Влияние транспозонов через регуляцию активности отдельных генов в определенные периоды онтогенеза растительного организма могут быть значительными, проявляясь на уровне его фенотипа, включая замену полового на бесполое семенное размножение (апомиксис) [26]. Пластичность и приспособляемость индивидуумов во многом зависит также от их эпигенетической наследственности [18]. Как было установлено, расположение генов в хромосомах и разрывы хромосом имеют не случайный характер. При этом перестройка генов и их местоположение в геноме оцениваются естественным отбором [27]. Возможно, плюсовые деревья наследуют улучшенное расположение генов и их блоков в геноме, однако это не отражается на частоте аллелей и уровне гетерозиготности в их выборках. Вероятно, различия между селекционными категориями деревьев следует искать в характере сцепления генов. Выявление таких различий позволит повысить достоверность оценки ростовых показателей у потомства плюсовых деревьев

на основе методов молекулярно-генетического анализа.

Выводы

На основе проведенного изоферментного анализа 43 плюсовых деревьев *Pinus sylvestris* L. из насаждений на севере Донецкой области и 51 плюсового дерева из Беларуси выявлено, что значение наблюдаемой гетерозиготности (H_O) у плюсовых деревьев из Украины значительно ниже (0,203), чем у плюсовых деревьев из Беларуси (0,260), а ожидаемой гетерозиготности (H_E) – выше (0,324 и 0,260, соответственно). Кроме того, установлено, что выборка плюсовых деревьев из Украины находится в неравновесном состоянии, поскольку по 8 полиморфным локусам из 12 отмечено существенное нарушение фактического распределения генотипов от теоретически ожидаемого согласно закону Харди – Вайнберга ($F_{IS} = 0,373$), в тоже время выборка плюсовых деревьев из Беларуси генетически уравновешена ($H_O = H_E = 0,260$). Выявлено, что плюсовые деревья из Украины по уровню генетической изменчивости имели незначительные отличия от случайной выборки деревьев из тех же насаждений. Анализ генетической дифференциации исследованных выборок показал, что генетическая структура выборки плюсовых деревьев из Украины очень сходна с таковой случайной выборки деревьев из тех же насаждений ($D_N = 0,001$), однако имеет значительные отличия от выборки плюсовых деревьев из Беларуси ($D_N = 0,051$), что указывает на генетическую неоднородность плюсовых деревьев *P. sylvestris* украинско-го и белорусского происхождения.

Работа выполнена в рамках проекта ГФФИ № Ф41. 4/046.

Список литературы

1. *Cornelius J.* The effectiveness of plus-tree selection for yield // *Forest Ecol. and Manag.* – 1994. – Vol. 67, № 1–3. – P. 23–34.
2. *Dorman K.W.* The genetics and breeding of southern pines // *USDA agr. handbooks.* – 1976. – Vol. 471. – 407 p.
3. *Животовский Л.А.* Популяционная биометрия. – М.: Наука, 1991. – 271 с.
4. *Nei M.* Genetic distance between populations // *Amer. Naturalist.* – 1972. – Vol. 106. – P. 283–292.
5. *Демкович А.Е.* Программа «GenRes» для анализа данных популяционно-генетических исследований хвойных // *Промышленная ботаника.* – 2007. – Вып. 7. – С. 33–36.
6. *MacDonald S.E., Thomas B.R., Cherniawsky D.M. et al.* Managing genetic resources of Lodgepole pine in West-Central Alberta: patterns of isozyme variation in natural populations and effects of forest management // *Forest Ecol. and Manag.* – 2001. – Vol. 152, № 1/3. – P. 45–58.
7. *Mitton J.B., Jeffers R.M.* The genetic consequences of mass selection for growth rate in Engelmann spruce // *Silvae Genet.* – 1989. – Vol. 38, № 1. – P. 6–12.
8. *Падутов В.Е.* Генетические ресурсы сосны и ели в Беларуси. – Гомель: ИЛ НАНБ, 2001. – 144 с.
9. *Янбаев Ю.А., Бахтиярова Р.М., Хайретдинов А.Ф.* Генетическая изменчивость популяций и лесных культур сосны обыкновенной на Южном Урале // *Тр. Сибайского ин-та БГУ.* – Сибай, 2001. – С. 105–110.
10. *Cheliak W.M., Murray G., Pitel J.A.* Genetic effects of phenotypic selection in White spruce // *Forest Ecol. and Manag.* – 1988. – Vol. 24, № 2. – P. 139–149.
11. *Hosius B., Bergmann F., Konnert M. et al.* A concept for seed orchards based on isoenzyme gene markers // *Forest Ecol. and Manag.* – 2000. – № 131. – P. 143–152.
12. *El-Kassaby Y.A., Ritland K.* Impact of selection and breeding on the genetic diversity in Douglas-fir. // *Biodivers & Conserv.* – 1996. – 5. – P. 795–813.
13. *Tigerstedt P.M.A., Yao Y.* Traditional tree improvement and the question of genetic diversity // *Perspectives of forest genetics and tree breeding in a changing / Ed. C. Matyabs.* – World IUFRO Worlds Series. – 1997. – Vol. 6. – P. 17–26.
14. *Политов Д.В.* Древесные растения // *Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях / Под ред. Ю.П. Алтухова.* – М.: Наука, 2004. – С. 295–350.
15. *Bergmann F., Ruetz W.* Isozyme genetic variation and heterozygosity in random tree samples and selected orchard clones from the same Norway spruce populations // *Forest Ecol. and Manag.* – 1991. – Vol. 46, № 1–2. – P. 39–42.
16. *Ивановская С.И., Барсукова М.М.* Уровень генетической изменчивости на лесосеменных плантациях ели европейской // *Современное состо-*

- яние, проблемы и перспективы лесовосстановления и лесоразведения на генетико-селекционной основе: Матер. междунар. науч.-практ. конф., 8–10 сентября 2009 г., Гомель. – Гомель: Ин-т леса НАН Беларуси, 2009. – С. 49–53.
17. Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. 3-е изд. – М.: ИКЦ «Академкнига», 2003. – 431 с.
18. Яблонка Е., Лемб М. Эпигеном в эволюции // Вісник Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів. – 2008. – Т. 6, № 2. – С. 337–355.
19. Исаков И.Ю. Рост в высоту гибридов между местными и интродуцированными видами берез // Современное состояние, проблемы и перспективы лесовосстановления и лесоразведения на генетико-селекционной основе: Матер. междунар. науч.-практ. конф., 8–10 сентября 2009 г., Гомель. – Гомель: Ин-т леса НАН Беларуси, 2009. – С. 53–56.
20. Авдеев Э.А., Голиков А.М. Влияние уровня гетерозиготности на репродуктивную и наследственную неравноценность плюсовых деревьев ели европейской // Современное состояние, проблемы и перспективы лесовосстановления и лесоразведения на генетико-селекционной основе: Матер. междунар. науч.-практ. конф., 8–10 сентября 2009 г., Гомель. – Гомель: Ин-т леса НАН Беларуси, 2009. – С. 19–23.
21. Сиволап Ю.М., Кожухова Н.Э. Молекулярные маркеры и тестирование сортов растений на отличимость, однородность и стабильность: состояние проблемы // Вісник Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів. – 2011. – Т. 9, № 1. – С. 147–154.
22. Яковин Н.А., Фесенко И.А., Исачкин А.В., Карлов Г.И. Анализ полиморфизма микросателлитных локусов сортов и видов груши (*Pyrus L.*) // Генетика. – 2011. – Т. 47, № 5. – С. 643–650.
23. Малышев С.В., Урбанович О.Ю., Картель Н.А. Идентификация и паспортизация сортов сельскохозяйственных культур (мягкой пшеницы, картофеля, томата, льна и свеклы) на основе ДНК-маркеров: методические рекомендации / ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», НАН Беларуси. – Минск, 2006. – 27 с.
24. Князев С.П., Никитин С.В. Стандартизирующий отбор и его последствия для генетической структуры популяции (на примере *Sus scrofa L.*) // Генетика. – 2011. – Т. 47, № 1. – С. 103–114.
25. Rotschild M.F., Hu J.-L., Jiang Z. Advances in QTL mapping in pigs // Internat. J. Biol. Sci. 2007. – Vol. 3. №3. – P. 192–197.
26. Геращенко Г.А., Рожнова Н.А. Мобильные генетические элементы в эволюции пола у растений // Генетика. – 2010. – Т. 46, № 11. – С. 1445–1457.
27. Захаров И.А. Случайно ли расположение генов в хромосомах? // Генетика. – 2010. – Т. 46, № 10. – С. 1320–1328.

Представлена И.О. Созиновым
Поступила 04.10.2012

ГЕНЕТИЧНІ ОСОБЛИВОСТІ ЗА ІЗОФЕРМЕНТНИМИ ЛОКУСАМИ ПЛЮСОВИХ ДЕРЕВ СОСНИ ЗВИЧАЙНОЇ УКРАЇНСЬКОЇ І БІЛОРУСЬКОЇ СЕЛЕКЦІЇ

І.І. Коршиков¹, В.Є. Падутов², С.І. Івановська²,
А.Є. Демкович¹, В.І. Стороженко³,
Л.О. Калафат¹, Г.О. Пастернак¹,
А.Р. Багдасарова¹

¹ Донецький ботанічний сад НАН України
Україна, 83059, м. Донецьк, пр-т Ілліча, 110
e-mail: dbsgenetics@gmail.com, donetsk-sad@mail.ru

² Інститут лісу НАН Білорусі
Білорусь, 246001, м. Гомель, вул. Пролетарська, 71

³ Обласне управління лісового та мисливського господарства в Донецькій області
Україна, 83102, м. Донецьк, вул. Стадіонна, 24-а

Мета. Порівняльний аналіз генетичного поліморфізму вибірки плюсових дерев (43) сосни звичайної (*Pinus sylvestris L.*) з насаджень на південному сході України, випадкової вибірки дерев (36) з тих же насаджень і плюсових дерев (51) з насаджень у Білорусі. **Методи.** Для визначення генотипу рослини застосовано електрофоретичний аналіз 5 ферментних систем з визначенням 12 поліморфних локусів. **Результати.** Плюсові дерева української селекції за рівнем генетичної мінливості та диференціації мали незначні відмінності від випадкової вибірки дерев. Наявна гетерозиготність (H_0) у плюсових дерев з насаджень України нижча (0,203), ніж у плюсових дерев з насаджень Білорусі (0,260), а очікувана (H_E) – вища (0,324 і 0,260, відповідно). Генетична дистанція Нея (D_N) між дослідженими вибірками плюсових дерев склала 0,051. **Висновки.** Географічна віддаленість південних українських і білоруських популяцій *P. sylvestris*, позначається на особливостях їхнього генотипу та обумовлює відмінності в генетичному поліморфізмі вибірок плюсових дерев.

Ключові слова: *Pinus sylvestris L.*, плюсові дерева, генетична мінливість.

GENETIC FEATURES BY ISOZYME LOCI
OF SCOTS PINE PLUS TREES SELECTED
IN UKRAINE AND BELARUS

I.I. Korshikov¹, V.Ye. Padutov², S.I. Ivanovskaya², A.Ye. Demkovich¹, V.I. Storozhenko³, L.A. Kalafat¹, G.A. Pasternak¹, A.R. Bagdasarova¹

¹Donetsk Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Ukraine
Ukraine, 83059, Donetsk, 110 Illicha Ave.
e-mail: dbsgnetics@gmail.com

²Forest Institute of the National Academy of Sciences of Belarus

Belarus, 246001, Gomel, 71 Proletarskaya St.

³Donetsk Oblast Forest Management Authority
Ukraine, 83102, Donetsk, 24-a Stadionnaya St.

Aim. To perform comparative analysis of genetic polymorphism in plus trees (43) sampled in Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) plantations in the South-East of Ukraine, a random sample of trees (36) from the same plantations, and

plus trees (51), sampled in the plantations in Belarus. **Methods.** To determine plant genotype, we used electrophoretic analyses of five enzyme systems with the identification of 12 polymorphic loci. **Results.** Plus trees selected in Ukraine had insignificant differences from a random sample of trees in terms of genetic variation and differentiation. The observed heterozygosity (H_O) of plus trees sampled in Ukrainian plantations was lower (0.203) than that of plus trees sampled in Belarus plantations (0.260) and the expected one of Ukrainian plus trees (H_E) was higher (0.324 and 0.260, respectively). **Conclusions.** Geographical isolation of the southern Ukrainian and Belarus populations of *P. sylvestris* has an impact on the features of their gene pools and causes differences in genetic polymorphism of plus trees samples.

Key words: *Pinus sylvestris* L., plus-trees, genetic variation.