

ОРЕШКОВА Н. В.^{1,2}, СЕДЕЛЬНИКОВА Т. С.^{1,✉}, ЕФРЕМОВ С. П.¹, ПИМЕНОВ А. В.¹

¹ Институт леса им. В. Н. Сукачева СО РАН, ФИЦ КНЦ СО РАН,

Россия, 660036, г. Красноярск, Академгородок, 50/28, e-mail: tss@ksc.krasn.ru

² Сибирский федеральный университет,

Россия, 660041, г. Красноярск, пр. Свободный, 79, e-mail: oreshkova@ksc.krasn.ru

✉ tss@ksc.krasn.ru, (007) 391-249-44-47

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ ГОРНО-ТАЕЖНЫХ ПОПУЛЯЦИЙ СОСНЫ СИБИРСКОЙ КЕДРОВОЙ В КУЗНЕЦКОМ АЛАТАУ

Цель. Изучение полиморфизма ДНК 7 ценопопуляций сосны сибирской кедровой (*Pinus sibirica*), произрастающей в Кузнецком Алатау.

Методы. В качестве генетических маркеров использовали ядерные микросателлитные локусы, разработанные для *P. sibirica*.

Результаты. По 11 ядерным микросателлитным локусам выявлено 44 аллельных варианта, существенно отличающихся у изученных ценопопуляций *P. sibirica* по составу и частотам встречаемости. Самый высокий уровень аллельного разнообразия имеют локусы *Ps_80612*, *Ps_1502048*, в которых выявлено 8 и 7 аллелей соответственно. Расчет основных параметров генетического разнообразия показал в целом сравнительно невысокий уровень полиморфизма исследованных выборок ($N_A = 3,078$; $N_E = 1,877$; $H_E = 0,445$; $H_O = 0,401$). Оценка степени генетических различий между популяциями с помощью генетического расстояния (D_N) Нея показала, что, несмотря на невысокую генетическую дифференциацию (D_N варьирует от 0,019 до 0,061), различия между ними прослеживаются достаточно четко. **Выводы.** Различия в уровне генетического полиморфизма *P. sibirica* определяются наличием между ценопопуляциями орографических и фитоценологических барьеров, а также высокой степенью экологической и антропогенной экстремальности отдельных местопроизрастаний.

Ключевые слова: *Pinus sibirica*, Кузнецкий Алатау, микросателлиты, генетическое разнообразие, гетерозиготность.

Важными инструментами для получения информации о генетических процессах в популяциях древесных, в частности хвойных растений, являются молекулярно-генетические маркеры. Сосна сибирская кедровая, или кедр сибирский (*Pinus sibirica* Du Tour), является одним из основных лесообразующих видов бореальной

зоны северного полушария. Ранее исследования генетического полиморфизма в популяциях *P. sibirica* осуществлялись с использованием ДНК-маркеров, разработанных для близкородственного вида – сосны кедровой европейской (*Pinus cembra* L.) [1; 2]. В представленной работе приводятся качественно новые данные по оценке генетической изменчивости популяций *P. sibirica*, основанные на исследовании полиморфизма ДНК с использованием специфичных маркеров ядерного генома (SSR-маркеры), разработанных в лаборатории лесной геномики Сибирского федерального университета именно для данного вида [3]. Целью работы является определение уровня генетического разнообразия, структуры и степени внутривидовой дифференциации ценопопуляций *P. sibirica*, произрастающих в экологически различающихся условиях характерного для горно-таежных кедровников региона – Кузнецкого Алатау.

Материалы и методы

Объектами исследования послужили 7 ценопопуляций (объем выборки в каждой из них составил 30 деревьев) *P. sibirica*, расположенных в северо-восточной части Кузнецкого Алатау: К-1 (54°37'с. ш., 88°35'в. д., 1350 м н. у. м., северо-восточный склон горы Булка, кедровое мшисто-травяно-кустарниковое редколесье); К-2 (54°36'с. ш., 88°36'в. д., 1290 м н. у. м., юго-западный склон горы Булка, кедровник зеленомошно-гипново-черничный); К-3 (54°40'с. ш., 88°38'в. д., 1370 м н. у. м., юго-западный склон горы Арарат, кедровое куртинное лишайниково-травяно-кустарниковое редколесье); К-4 (54°40'с. ш., 88°38'в. д., 1370 м н. у. м., юго-западный склон горы Арарат, кедровое куртинное лишайниково-травяно-кустарниковое редколесье, ювенильные особи); К-5 (54°41'с. ш., 88°49'в. д., 780 м н. у. м., южный склон на левобережье реки Сарала, кедровник зеленомошно-низкотравный с караганой);

© ОРЕШКОВА Н. В., СЕДЕЛЬНИКОВА Т. С., ЕФРЕМОВ С. П., ПИМЕНОВ А. В.

К-6 (54°46' с. ш., 88°53' в. д., 650 м н. у. м., горная гряда, протянувшаяся вдоль левого берега реки Сарала, кедровник травяно-зеленомошный); К-7 (54°20' с. ш., 89°16' в. д., 830 м н. у. м., южные склоны горной гряды, примыкающей к пос. Коммунар, кедровник кустарниково-разнотравный). Панорамный вид одного из объектов исследования приведен на рис. 1.

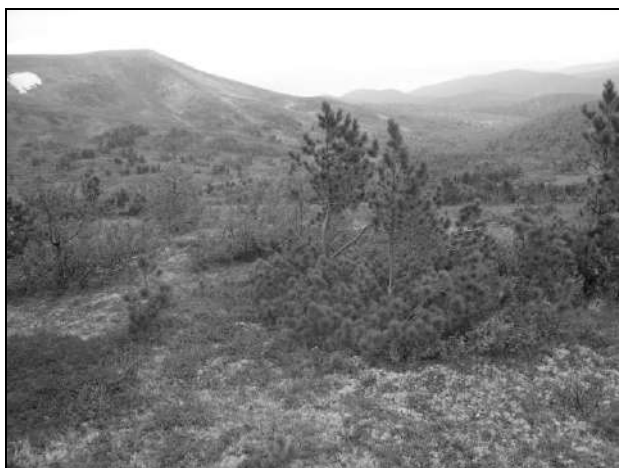


Рис. 1. Ценопопуляция К-3 на юго-западном склоне горы Арарат (куртины *P. sibirica* в лишайниково-травяно-кустарниковом редколесье).

Были отобраны 11 пар праймеров, демонстрирующих наиболее стабильно интерпретируемые спектры. Биологическим материалом послужили 210 образцов хвои *P. sibirica*. Препараты тотальной ДНК были выделены модифицированным методом с применением цетилтриметиламмонийбромида (СТАВ) из образцов тканей высушенной хвои [4]. Для проведения ПЦР использовали готовые реакционные смеси для амплификации ДНК «GeneRakPCRCore» производства ООО «Лаборатория Изоген», содержащие ингибированную для «горячего старта» Таq-ДНК-полимеразу, дизоксинуклеозидтрифосфаты и хлорид магния. Продукты амплификации разделяли путем электрофореза в 6 % полиакриламидном геле с использованием трис-EDTA-боратного электродного буфера в камерах для вертикального фореза. Окраску геля проводили в растворе бромистого этидия с последующей визуализацией в ультрафиолетовом свете. В качестве маркера стандартных длин использовали ДНК плазмиды pBR322 *E. coli*, обработанную рестриктазой *HpaII*. Расчеты основных показателей генетического разнообразия проводили с помощью программы GenAlEx 6.41 [5]. Кластеризацию по

методу невзвешенных парногрупповых средних (UPGMA) и по методу ближайшего связывания (Neighbor Joining, или NJ-метод) с оценкой бутстреп-поддержки узлов ветвления проводили в модулях Neighbor и Consense пакета программ PHILYP [6] и в программе STATISTICA [7].

Результаты и обсуждение

В процессе исследования 11 ядерных микросателлитных локусов в семи выборках из ценопопуляций *P. sibirica* Кузнецкого Алатау было выявлено 44 аллельных варианта. Установлено, что идентифицированные микросателлитные локусы существенно отличаются у изученных ценопопуляций по составу и частотам встречаемости выявленных аллелей. Наибольшее количество аллелей выявлено у выборки К-5 – 39 (из них 12 – редких, частота встречаемости которых менее 5 %). Наименьшее число аллельных вариантов у выборки К-6 – 31 (из них 6 являются редкими). Все 11 локусов были полиморфными, за исключением одного варианта – локус *Ps_1179752* в ценопопуляции К-6 оказался мономорфным. При помощи программы MICRO-CHECKER [8] были выявлены скрытые *null*-аллели в локусах *Ps_80612* (в выборках К-3 и К-5), *Ps_39709* (в выборках К-1, К-2 и К-3), *Ps_718958* (в выборках К-2 и К-5). Частоты скрытых *null*-аллелей были рассчитаны, исходя из предположения о том, что популяции находятся в равновесном состоянии, согласно правилу Харди-Вайндберга [9]. Самый высокий уровень аллельного разнообразия в исследованных выборках кедров сибирского имеют локусы *Ps_80612*, *Ps_1502048*, в которых выявлено 8 и 7 аллелей соответственно.

Для выявления уровня генетического разнообразия в каждой из семи выборок кедров сибирского были рассчитаны основные показатели генетической изменчивости на основании аллельных частот 11 локусов (табл. 1).

Расчет основных параметров генетической изменчивости показал, что включенные в исследование выборки *P. sibirica* различны по уровню генетического разнообразия (табл. 1). В целом значения основных показателей генетического полиморфизма свидетельствуют о сравнительно невысоком уровне разнообразия. Максимально высокий уровень генетической изменчивости установлен для ценопопуляционных выборок К-3 и К-5, представленных деревьями, отличающимися высоким морфологическим разнообразием.

Таблица 1. Основные показатели генетической изменчивости *P. sibirica*, рассчитанные по результатам ядерного микросателлитного анализа

Код ценопопуляционной выборки	N_A	N_E	H_o	H_E	F
К – 1	2,909	1,951	0,421	0,411	-0,053
К – 2	3,000	1,910	0,473	0,420	-0,086
К – 3	3,364	2,105	0,479	0,432	-0,098
К – 4	3,000	1,797	0,436	0,397	-0,067
К – 5	3,545	1,987	0,494	0,431	-0,119
К – 6	2,818	1,753	0,415	0,370	-0,062
К – 7	2,909	1,640	0,397	0,349	-0,104
В среднем для всех исследованных ценопопуляций	3,078±0,134	1,877±0,077	0,445±0,029	0,401±0,023	-0,084±0,026

Примечания: N_A – среднее число аллелей на локус; N_E – эффективное число аллелей на локус; H_o – наблюдаемая гетерозиготность; H_E – ожидаемая гетерозиготность; F – индекс фиксации; ± – стандартная ошибка.

В этих выборках отмечен избыток гетерозиготных генотипов. Для насаждения К-5 характерен также самый высокий коэффициент инбридинга, что, по-видимому, объясняется его территориальной и репродуктивной изоляцией от близлежащих кедровых массивов. Наиболее низкие значения генетической изменчивости выявлены для ценопопуляций К-6 и К-7, произрастающих в сходных экологических условиях низкогорного пояса Кузнецкого Алатау и расположенных, соответственно, вблизи автомобильной трассы на расстоянии около 10 км от пос. Орджоникидзевское и в окрестностях пос. Коммунар. Данные ценопопуляции *P. sibirica* подвержены значимому антропогенному воздействию, связанному с периодической вырубкой хозяйственно-ценных особей и высокой рекреационной нагрузкой. Выборка вблизи пос. Коммунар (К-7) характеризуется не только самым низким показателем гетерозиготности, но и высоким значением коэффициента инбридинга. При сравнении разновозрастных выборок (К-3 и К-4) из одной ценопопуляции *P. sibirica*, произрастающей в суровых высокогорных условиях, определяемых как горно-тундровые, выявлено, что у ювенильных деревьев (К-4), представляющих собой семенное потомство, все показатели генетической изменчивости снижены относительно взрослых материнских особей (К-3) (табл. 1).

С помощью F-статистик Райта [10] была предпринята попытка определить структуру и степень генетической подразделенности включенных в исследование ценопопуляций *P. sibirica*.

Для каждого из 11 полиморфных локусов были рассчитаны коэффициенты инбридинга особи относительно популяции (F_{IS}), инбридинга особи относительно вида (F_{IT}) и инбридинга популяции относительно вида в целом (F_{ST}). Анализ популяционной структуры *P. sibirica* (табл. 2) показал, что в изученных выборках наблюдается 10%-ный дефицит гомозиготных генотипов относительно популяции ($F_{IS} = -0,100$) и почти 5%-ный ($F_{IT} = -0,046$) относительно вида.

Полокусные значения показывают, что наиболее значимый дефицит гомозигот наблюдается в локусах $Ps_{1375177}$ и Ps_{30675} . Коэффициент инбридинга популяции относительно вида в целом (F_{ST}), отражающий степень подразделенности популяций, варьирует от 0,011 (Ps_{25643}) до 0,142 (Ps_{718958}), составляя в среднем 0,049. Это свидетельствует о том, что только около 5 % выявленной генетической изменчивости у изученных выборок кедра сибирского распределяется между популяциями. Внутри популяций сосредоточено около 95 % всего генетического разнообразия. Наибольший вклад в дифференциацию изученных популяций вносят локусы Ps_{718958} и $Ps_{1179752}$ (табл. 2). Необходимо отметить, что установленное нами значение показателя F_{ST} отражает главным образом различия между выборками кедра сибирского с восточного сектора Кузнецкого Алатау (бассейн р. Чулым) и одиночной выборки К-2 с западного сектора Кузнецкого Алатау (бассейн р. Томь). При включении в расчеты только выборок с восточного сектора

значение F_{ST} уменьшается и составляет 0,039. Анализ гетерогенности аллельных частот с помощью критерия χ^2 показал, что у трех (P_s_{39709} , P_s_{31489} , $P_s_{1179752}$) из одиннадцати полиморфных локусов наблюдаемые различия статистически недостоверны. У остальных локусов и по совокупности всех полиморфных локусов межпопуляционные различия по частотам аллелей высоко достоверны (табл. 2).

Количественная оценка степени генетических различий между популяциями с помощью генетического расстояния (D_N) Нея показала, что, несмотря на невысокую генетическую дифференциацию (D_N варьирует от 0,019 до 0,061), различия между популяциями прослеживаются достаточно четко (табл. 3). Наиболее близкими по генетической структуре оказались выборки К-6 и К-7, расположенные в низкогорной части восточного сектора Кузнецкого Алатау. Максимальные различия в генетической

структуре выявлены между единственной выборкой с западного сектора Кузнецкого Алатау – К-2 и всеми другими.

Для выявления более точной картины генетических взаимоотношений между исследованными ценопопуляциями кедрового сибирского посредством невзвешенного парно-группового метода кластерного анализа (UPGMA) была построена дендрограмма, позволяющая наглядно проиллюстрировать установленный уровень межпопуляционной дифференциации (рис. 2). Кластерный анализ данных четко с высокой степенью достоверности отделил выборку К-2, относящуюся к западному сектору Кузнецкого Алатау, от других выборок восточного сектора. Выборки восточного сектора объединились в единый кластер, внутри которого наблюдаются низкие показатели индекса будстрепе от 9 % до 42 %.

Таблица 2. Значения показателей F -статистик Райта

Локус	N_A	χ^2	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
$P_s_{1502048}$	7	125,567(21)***	0,001	0,038	0,037
P_s_{80612}	8	211,423(28)***	0,063	0,106	0,046
P_s_{39709}	4	4,851(6)ns	-0,034	0,014	0,046
P_s_{25463}	3	15,985(3)**	0,049	0,059	0,011
P_s_{31489}	2	0,013(1)ns	-0,040	-0,008	0,031
$P_s_{1179752}$	4	2,738(6)ns	-0,180	-0,076	0,089
$P_s_{1375177}$	3	91,612(3)***	-0,456	-0,421	0,024
P_s_{718958}	3	18,882(3)***	-0,050	0,099	0,142
P_s_{30675}	2	11,989(1)***	-0,297	-0,239	0,045
P_s_{25981}	3	13,269(3)**	-0,043	-0,022	0,020
P_s_{364418}	5	92,259(10)***	-0,111	-0,059	0,047
Среднее			-0,100±0,047	-0,046±0,047	0,049±0,011

Примечания: N_A – среднее число аллелей на локус; χ^2 – тест на гетерогенность аллельных частот (уровень значимости ns = not significant, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$); F_{IS} – коэффициент инбридинга особи относительно популяции; F_{IT} – коэффициент инбридинга особи относительно вида; F_{ST} – коэффициент межпопуляционной дифференциации; ± – стандартная ошибка.

Таблица 3. Генетические расстояния D_N между изученными выборками *P. sibirica*

К – 1	К – 2	К – 3	К – 4	К – 5	К – 6	К – 7	
***							К – 1
0,048	***						К – 2
0,027	0,052	***					К – 3
0,038	0,061	0,030	***				К – 4
0,038	0,050	0,026	0,041	***			К – 5
0,034	0,049	0,022	0,027	0,028	***		К – 6
0,033	0,055	0,030	0,025	0,024	0,019	***	К – 7

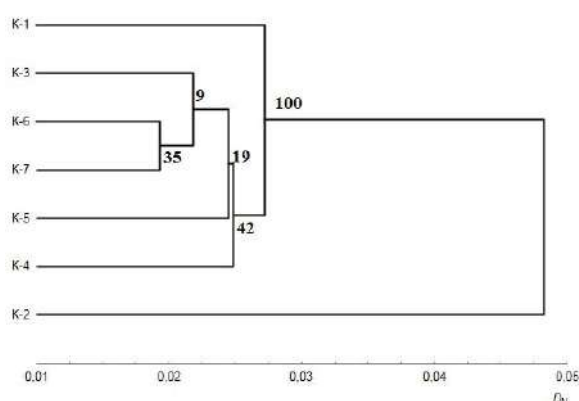


Рис. 2. UPGMA-дендрограмма 7 выборок *P. sibirica*, построенная на основании генетических расстояний М. Нея (D_N).

Оценка различий между ценопопуляционными выборками *P. sibirica*, согласно значению коэффициента инбридинга популяции относительно вида в целом, свидетельствует о значительном обособлении (индекс будстрепы 100 %) одной из них (К-2) с западного сектора Кузнецкого Алатау относительно всех остальных, приуроченных к его восточному сектору (рис. 2). Насаждение К-2 дистанцировано от остальных изученных выборок водораздельным перевалом Кузнецкого Алатау на границе Республики Хакасия (восточный сектор) и Кемеровской области (западный сектор), занимаемым горнотундровыми сообществами в сочетании с каменистыми осыпями и снежниками, выполняющими роль зоо- и гидрохорных барьеров для *P. sibirica*. В пользу данного предположения свидетельствует и визуализированная на UPGMA-дендрограмме (рис. 2) позиция выборки К-1, уровень дифференциации которой от остальных ценопопуляций восточного сектора Кузнецкого Алатау максимален (индекс будстрепы 42 %). При этом территориально она наиболее приближена к Томь-Чулымскому водоразделу и, соответственно, к ценопопуляции К-2. Несмотря на генетические различия, деревья в ценопопуляциях К-1 и К-2 представлены близкими по морфологии формами кроны, характерными для видов хвойных в высокогорьях на верхней границе распространения.

пуляциях К-1 и К-2 представлены близкими по морфологии формами кроны, характерными для видов хвойных в высокогорьях на верхней границе распространения.

Выводы

Диагностированные различия в уровне генетического полиморфизма *P. sibirica* определяются, в основном, такими факторами: 1) наличием между ценопопуляциями орографических и фитоценологических барьеров, обуславливающих направления векторов распространения семян вдоль водотоков бассейнов рек, формирующих р. Чулым в восточном секторе Кузнецкого Алатау и р. Томь – в западном; 2) значительным уровнем биоклиматической и экологической экстремальности местопроизрастаний данного вида в соответствии с высотой над уровнем моря; 3) антропогенной нагрузкой, включающей периодические рубки и рекреационное воздействие на расположенные вблизи населенных пунктов ценопопуляции.

Исследование проведено в рамках базового проекта ФИЦ КНЦ СО РАН № 0356-2021-0009 «Функционально-динамическая индикация биоразнообразия лесов Сибири».

References

1. Mudrik E.A., Belokon M.M., Belokon Yu.S., Zhulina E.V., Politov D.V. Genetic variability and the proportion of cross-pollination of *Pinus cembra* L. in the Ukrainian Carpathians and the Austrian Alps by allozyme and microsatellite loci. *Lesnoj vestnik*. 2012. Vol. 84 (1). P. 112–117. [in Russian]
2. Oreshkova N.V., Sedel'nikova T.S., Pimenov A.V., Efremov S.P. Analysis of genetic structure and differentiation of the bog and dry land populations of *Pinus sibirica* Du Tour based on nuclear microsatellite loci. *Russian Journal of Genetics*. 2014. Vol. 50 (9). P. 934–941. doi: 10.1134/S1022795414090105.
3. Belokon M.M., Politov D.V., Mudrik E.A., Polyakova T.A., Shatokhina A.V., Belokon Yu.S., Oreshkova N.V., Putintseva Yu.A., Sharov V.V., Kuzmin D.A., Krutovsky K.V. Development of microsatellite genetic markers in Siberian stone pine (*Pinus sibirica* Du Tour) based on the de novo whole genome sequencing. *Russian Journal of Genetics*. 2016. Vol. 52 (12). P. 1263–1271. doi: 10.1134/S1022795416120036.

4. Devey M.E., Bell J.C., Smith D.N., Neale D.B., Moran G.F. A genetic linkage map for *Pinus radiata* based on RFLP, RAPD, and microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*. 1996. Vol. 92 (6). P. 673–679.
5. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx V6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 2006. Vol. 6 (1). P. 288–295. doi: 10.1093/bioinformatics/bts460.
6. Felsenstein J. PHYLIP – Phylogeny Inference Package (Ver. 3.2). *Cladistics*. 1989. Vol. 5. P. 164–166.
7. StatSoft Inc., STATISTICA Data Analysis Software System, Version 8.0, www.statsoft.com. 2007.
8. Van Oosterhout C., Hutchinson W.F., Wills D.P.M., Shipley P. Micro-Checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*. 2004. No. 4. P. 535–538. doi: 10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x.
9. Chakraborty R. Apparent heterozygote deficiencies observed in DNA typing data and their implications in forensic applications. *Annals of human genetics*. 1992. Vol. 56 (1). P. 45–57.
10. Guries R.P., Ledig F.T. Genetic diversity and population structure in pitch pine (*Pinus rigida* Mill.). *Evolution*. 1982. Vol. 36 (2). P. 387–402.

ORESHKOVA N.V.^{1,2}, SEDELNIKOVA T.S.¹, EFREMOV S.P.¹, PIMENOV A.V.¹

¹ Sukachev Institute of Forest SB RAS, FRC KSC SB RAS,

Russia, 660036, Krasnoyarsk, Akademgorodok, 50/28, e-mail: tss@ksc.krasn.ru

² Siberian Federal University,

Russia, 660041, Krasnoyarsk, Svobodny ave., 79, e-mail: oreshkova@ksc.krasn.ru

GENETIC POLYMORPHISM OF MOUNTAIN-TAIGA POPULATIONS OF SIBERIAN STONE PINE IN KUSNETSKY ALATAU

Aim. Study of DNA polymorphism of 7 coenopopulations of Siberian stone pine (*Pinus sibirica*) growing in the Kuznetsk Alatau. **Methods.** Nuclear microsatellite loci developed for *P. sibirica* were used as genetic markers. **Results.** 44 allelic variants were identified from 11 nuclear microsatellite loci, which significantly differ in the composition and frequency of occurrence of the studied *P. sibirica* coenopopulations. The highest level of allelic diversity is found in loci Ps_80612 and Ps_1502048, where 8 and 7 alleles were identified, respectively. The calculation of the main parameters of genetic diversity showed a relatively low level of polymorphism in the studied samples ($N_A = 3.078$; $N_E = 1.877$; $H_E = 0.445$; $H_O = 0.401$). The assessment of the degree of genetic differences between populations using the Nei genetic distance (D_N) showed that, despite the low genetic differentiation (D_N varies from 0.019 to 0.061), the differences between them can be traced quite clearly. **Conclusions.** Differences in the level of genetic polymorphism of *P. sibirica* is defined by the presence of orographic and phytocoenotic barriers between coenopopulations, as well as a high degree of ecological and anthropogenic extremity of individual growth sites.

Keywords: *Pinus sibirica*, Kuznetsk Alatau, microsatellites, genetic diversity, heterozygosity.

ОРЕШКОВА Н. В.^{1,2}, СЕДЕЛЬНИКОВА Т. С.¹, ЄФРЕМОВ С. П.¹, ПІМЕНОВ А. В.¹

¹ Інститут лісу ім. В. Н. Сукачова СО РАН, ФІЦ КНЦ СО РАН,

Росія, 660036, м. Красноярськ, Академмістечко, 50/28, e-mail: tss@ksc.krasn.ru

² Сибірський федеральний університет,

Росія, 660041, м. Красноярськ, пр. Свободний, 79, e-mail: oreshkova@ksc.krasn.ru

ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ГІРНИЧО-ТАЙГОВИХ ПОПУЛЯЦІЙ СОСНИ СИБІРСЬКОЇ КЕДРОВОЇ В КУЗНЕЦЬКОМУ АЛАТАУ

Мета. Вивчення поліморфізму ДНК 7 ценопопуляцій сосни сибірської кедрової (*Pinus sibirica*), що ростуть в Кузнецькому Алатау. **Методи.** Як генетичні маркери використовували ядерні мікросателітні локуси, розроблені для *P. sibirica*. **Результати.** По 11 ядерних мікросателітних локусах виявлено 44 алельних варіанти, що істотно відрізняються у вивчених ценопопуляцій *P. sibirica* за складом і частотами трапляння. Найвищий рівень алельного різноманіття мають локуси Ps_80612, Ps_1502048, у яких виявлено 8 і 7 алелей відповідно. Розрахунок основних параметрів генетичного різноманіття показав загалом порівняно невисокий рівень поліморфізму досліджених вибірок ($N_A = 3,078$; $N_E = 1,877$; $H_E = 0,445$; $H_O = 0,401$). Оцінка ступеня генетичних відмінностей між популяціями за допомогою генетичної відстані (D_N) не показала, що, незважаючи на невисоку генетичну диференціацію (D_N варіює від 0,019 до 0,061), відмінності між ними простежуються досить чітко. **Висновки.** Відмінності в рівні генетичного поліморфізму *P. sibirica* визначаються наявністю між ценопопуляціями орографічних і фітоценоотичних бар'єрів, а також високим ступенем екологічної та антропогенної екстремальності окремих місцепростань.

Ключові слова: *Pinus sibirica*, Кузнецький Алатау, мікросателіти, генетична різноманітність, гетерозиготність.