

**РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК**  
**Программа фундаментальных исследований**

**ДИНАМИКА ГЕНОФОНДОВ РАСТЕНИЙ,  
ЖИВОТНЫХ И ЧЕЛОВЕКА**



**Отчетная конференция**

**Москва 2005**

## ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ ЦЕННЫХ, РЕДКИХ И МОДЕЛЬНЫХ ВИДОВ РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ РОССИЙСКОГО ДАЛЬНЕГО ВОСТОКА

Биолого-почвенный институт ДВО РАН, Владивосток

А.П. Крюков, Ю.Н. Журавлёв, Г.Д. Реунова, К.В. Коробицына, Л.В. Фрисман, М.М. Козыренко,  
Е.В. Артюкова, Т.И. Музарок, И.В. Куликова, А.Б. Холина, О.Г. Корень, И.Н. Шереметьева,  
О.В. Наконечная, И.Л. Кац, Е.А. Лёвина, И.Ю. Адрианова

В Институте проводятся исследования в области популяционной генетики, филогении и филогеографии, генетических основ биоразнообразия растений и животных Российского Дальнего Востока (РДВ). Данные тезисы представляют несколько примеров таких работ с использованием методов молекулярных маркеров ДНК и секвенирования участков ДНК, аллозимного и кариологического анализов.

Методами RAPD и AFLP исследована генетическая вариабельность пяти субпопуляций женьшеня настоящего *Panax ginseng* из различных районов Приморья. По данным RAPD-анализа доля полиморфных локусов ( $P_{95}$ ) варьировала от 4.3 до 12.9%, число аллелей на локус ( $A$ ) – 1.08-1.15, эффективное число аллелей ( $A_e$ ) – 1.05-1.13, ожидаемая гетерозиготность ( $H_{exp}$ ) – 0.03-0.07. По данным AFLP-анализа  $P_{95}$  изменялась от 3.4 до 16.0%,  $A$  – 1.03-1.16,  $A_e$  – 1.01-1.13,  $H_{exp}$  – 0.008-0.07. Таким образом, показатели генетической изменчивости, полученные с участием двух типов маркеров ДНК (RAPD и AFLP), сходны между собой и свидетельствуют, что субпопуляции женьшеня из северной части Приморья характеризуются более низкой изменчивостью. Параметры генетической вариабельности для суммарной выборки выше, чем для любой из исследованных субпопуляций, что свидетельствует о дисперсии генетического потенциала вида между субпопуляциями.

С использованием анализа изоферментов и RAPD-маркеров исследован генетический полиморфизм популяций остролодочника ханкайского *Oxytropis chankaensis* – узко-локального эндемика о. Ханка. Полученные результаты указывают на высокий уровень генетического разнообразия и слабую дифференциацию популяций. По данным аллозимного анализа,  $P_{95}$  для популяций составила в среднем 37.1%,  $A$  – 1.95. Значения показателей наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности ( $H_o=0.26$ ;  $H_{exp}=0.29$ ) намного выше средних значений, установленных для редких и эндемичных видов. При анализе RAPD-маркеров  $P_{95}$  составила 66.9%,  $A$  – 1.77. Высокие значения показателей полиморфизма в популяциях могут быть обусловлены особенностями биологии *O. chankaensis*, тетрасомным типом наследования и историей формирования автотетраплоидного генома.

Популяционный анализ кирказона маньчжурского *Aristolochia manshuriensis*, проведенный также этими двумя методами, выявил невысокий уровень полиморфизма: аллозимный –  $P_{95}$  составила в среднем 24.1%,  $A$  – 1.24,  $H_{exp}$  – 0.1,  $H_o$  – 0.12; RAPD –  $P_{95}$  варьирует от 28 до 38%,  $A$  – 1.34-1.44,  $A_e$  – 1.19-1.26,  $H_{exp}$  – 0.12-0.16. Аллозимный анализ выявил выраженную внутреннюю субпопуляционную структуру.

На основе изменчивости RAPD определены основные популяционные параметры



видов лиственниц Сибири и Дальнего Востока: *Larix sibirica* ( $P_{95} = 30-36\%$ ,  $A = 1.36-1.39$ ,  $A_e = 1.19-1.22$ ,  $H_{exp} = 0.12-0.15$ ), *L. gmelinii* ( $P_{95} = 43-54\%$ ,  $A = 1.52-1.65$ ,  $A_e = 1.22-1.30$ ,  $H_{exp} = 0.14-0.20$ ), *L. cajanderi* ( $P_{95}=29.7\%$ ,  $A=1.54$ ,  $A_e=1.28$ ,  $H_{exp}=0.17$ ) и *L. kamtschatica* ( $P_{95}=46\%$ ,  $A=1.46$ ,  $A_e=1.25$ ,  $H_{exp}=0.16$ ). Анализ генетических взаимоотношений выявил наибольшую генетическую близость лиственниц Приморского края с *L. sibirica*. Исследуемые популяции лиственницы Приморского края характеризуются высокой степенью межпопуляционной генетической дифференциации (более 34%) и высокими значениями межпопуляционных генетических дистанций (0.06-0.15), сравнимыми с межвидовыми для рода *Larix*. Эти результаты свидетельствуют об активно идущих в настоящее время процессах видообразования.

У восьми дальневосточных видов семейства *Araliaceae* определены нуклеотидные последовательности ITS региона ядерной рДНК, сравнение которых позволило достоверно установить их филогенетические связи с другими представителями этого семейства. Приморская и сахалинская популяции *Aralia elata* различаются между собой генетически и могут классифицироваться как внутривидовые таксоны, *A. continentalis* относится к секции *Aralia sensu Wen*, виды *Oplopanax elatus* и *O. horridus* близки и, возможно, являются подвидами одного вида или относительно молодыми видами. Подтверждена правомерность выделения двух секций в пределах рода *Eleutherococcus*.

Исследована изменчивость группы видов серых полевок рода *Microtus* Сибири и ДВ. Проведено секвенирование участка Д-петли мтДНК. Для *Microtus fortis* показано отсутствие филогеографической структуры, что может свидетельствовать о недавнем заселении ареала. Лишь популяция одного из островов залива Петра Великого Японского моря имеет тенденцию к фиксации редкого гаплотипа, что соответствует и некоторым ее морфологическим отличиям. Для *M. maximowiczii*, *M. sachalinensis* и *M. evoronensis*, наоборот, продемонстрировано соответствие кластеризации на древе мтДНК их географической приуроченности. Внутри *M. maximowiczii* обнаружена дивергенция по мтДНК двух забайкальских популяций, соответствующих двум подвидам, которая хорошо согласуется с кариотипическими различиями между ними ( $2n = 36-41$  у *M. m. ungurensis* и  $41-43$  у *M. m. maximowiczii*). Аллозимные данные выявили незначительную дивергенцию этих двух форм. Значительная молекулярная дивергенция *M. m. gromovi* соответствует кариотипическим различиям и достигает видового ранга.

Сибирский углозуб *Salamandrella keyserlingii* на огромном ареале не образует подвидов. В популяции Приморья ранее отмечали некоторые морфологические и экологические отличия животных. Проведенное нами секвенирование гена цитохрома *b* мтДНК от 86 особей, собранных от Сахалина и Чукотки до Урала, выявило значительную дивергенцию гаплотипов мтДНК животных из Приморья. Уровень их различий составил 9.8-11.6% от гаплотипов, представленных во всех остальных исследованных популяциях, что соответствует 81-96 мутациям. Предложено рассматривать приморских углозубов в качестве отдельного вида и восстановить для него название *S. schrenckii* (Strauch, 1870), считавшееся младшим синонимом. Можно рассматривать его как «криптический вид». Работа выполнена совместно с сотрудниками ИБПС ДВО РАН Д.И. Берманом, М.В. Деренко и Б.А. Малярчуком.

Проведено исследование гибридизации обыкновенной *Anas platyrhynchos* и пестроносой *A. zonorhynchos* крякв на юге РДВ. Использован анализ RAPD-маркеров, секвениро-



вание мт- и яДНК. Исследована филогеографическая структура обыкновенной кряквы. Показано, что распределение двух основных линий мтДНК у кряквы в Голарктике может быть обусловлено гибридизацией *A. platyrhynchos* с *A. zonorhyncha* на юге Дальнего Востока, тогда как на североамериканском континенте – незавершенной сортировкой линий мтДНК *A. platyrhynchos*. Выявлено преобладание одностороннего генного потока через Берингов пролив с запада на восток. Наиболее дифференцированной оказалась частично оседлая популяция кряквы Алеутских островов.

Проведено исследование гибридизации обыкновенной *Anas platyrhynchos* и пестроносой *A. zonorhyncha* крякв на юге РДВ. Использован анализ RAPD-маркеров, секвенирование мт- и яДНК. Исследована филогеографическая структура обыкновенной кряквы. Показано, что распределение двух основных линий мтДНК у кряквы в Голарктике может быть обусловлено гибридизацией *A. platyrhynchos* с *A. zonorhyncha* на юге Дальнего Востока, тогда как на североамериканском континенте – незавершенной сортировкой линий мтДНК *A. platyrhynchos*. Выявлено преобладание одностороннего генного потока через Берингов пролив с запада на восток. Наиболее дифференцированной оказалась частично оседлая популяция кряквы Алеутских островов.