

**11–14
октября
2022**

Институт общей генетики
им. Н. И. Вавилова РАН,
г. Москва



**НАУЧНАЯ КОНФЕРЕНЦИЯ
С МЕЖДУНАРОДНЫМ УЧАСТИЕМ,**

посвященная 50-летнему юбилею
лаборатории популяционной генетики
им. Ю. П. Алтухова ИОГен РАН
и 85-летию со дня рождения
академика Юрия Петровича Алтухова

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ

СБОРНИК ТЕЗИСОВ

<https://confpopgen.confreg.org>



Ю.П. Алтухов – академик РАН,
основатель Лаборатории популяционной генетики ИОГен РАН



Лаборатория популяционной генетики ИОГен АН СССР в одном из первых составов перед входом в старое здание института на проспекте 60-летия Октября, 1972 г.: в первом ряду в центре Ю. П. Алтухов; за ним, во втором ряду (ступенькой выше), слева направо: В.Д. Прохоровская, Р.И. Хильчевская, Е.А. Салменкова; в третьем ряду: Т.В. Томенко, Л.П. Филатова, Т.В. Малинина, Б.А. Калабушкин; в верхнем ряду: Е.Ю. Победоносцева, А.Н. Милишников, Т.А. Ракицкая, Н.И. Иващенко

ИНСТИТУТ ОБЩЕЙ ГЕНЕТИКИ ИМ. Н.И. ВАВИЛОВА РАН (ИОГЕН РАН)

МОСКОВСКОЕ ОТДЕЛЕНИЕ МЕЖРЕГИОНАЛЬНОЙ ОБЩЕСТВЕННОЙ
ОРГАНИЗАЦИИ ВАВИЛОВСКОЕ ОБЩЕСТВО ГЕНЕТИКОВ И СЕЛЕКЦИОНЕРОВ
(МО МОО ВОГИС)

НАУЧНЫЙ СОВЕТ ПО ГЕНЕТИКЕ И СЕЛЕКЦИИ РОССИЙСКОЙ АКАДЕМИИ НАУК

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ

Материалы Научной конференции с международным участием,
посвященной 50-летию юбилею лаборатории популяционной генетики
им. Ю.П. Алтухова ИОГен РАН
и 85-летию со дня рождения академика Юрия Петровича Алтухова

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН,
г. Москва, 11-14 октября 2022 г.

«Ваш Формат»

Москва – 2022

УДК 575(043.2)
ББК 28.04я43
Авт. зн. Г34

Генетические процессы в популяциях

Материалы Научной конференции с международным участием, посвященной 50-летию юбилею лаборатории популяционной генетики им. Ю. П. Алтухова ИОГен РАН и 85-летию со дня рождения академика Юрия Петровича Алтухова (11–14 октября 2022 г., Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва).
– М.: Ваш Формат, 2022 – 150 с.

Сборник содержит тезисы пленарных, секционных и стендовых докладов, посвященных изучению генетических процессов в популяциях растений, животных и человека, а также генетическим основам видообразования, представленных на Научной конференции с международным участием, посвященной 50-летию юбилею лаборатории популяционной генетики им. Ю. П. Алтухова ИОГен РАН и 85-летию со дня рождения академика Юрия Петровича Алтухова (Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва, 11–14 октября 2022 г.).

Редакторы:

Д.В. Политов, Е.А. Мудрик, М.М. Белоконь, Ю.С. Белоконь

Научное издание (Отпечатано с готового оригинал-макета)

ISBN 978-5-00147-425-8

© Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, 2022

50 лет лаборатории популяционной генетики им. академика Ю.П. Алтухова
ИОГЕН РАН

Политов Д.В., Салменкова Е.А.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

e-mail: dmitri.p17@gmail.com

Дорогие коллеги! От имени организационного и программного комитетов Конференции «Генетические процессы в популяциях», посвящённой 50-летию лаборатории популяционной генетики им. Ю.П. Алтухова Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, мы рады приветствовать всех, кто прислал заявки на личное участие в конференции. Приветствуем мы и тех, кто по каким-то причинам не смог принять участие в мероприятии, но кто знал и помнит Юрия Петровича, считал его своим учителем, наставником, близким коллегой, единомышленником, а также тех, кто познакомился с работами Ю.П. Алтухова в последние годы, когда его уже, к сожалению, не было с нами. И тех, кто долгие годы сотрудничал и поддерживал профессиональные, товарищеские и дружеские контакты с нашей лабораторией. Нас всех объединяет наука, которой Ю.П. отдал жизнь, к становлению которой в нашей стране приложил максимум усилий – генетика популяций. Конференция также посвящена памяти самого Юрия Петровича, которому в прошлом году исполнилось бы 85 лет. Его роль в становлении популяционной генетики трудно переоценить, и наша конференция объединяет специалистов в этой области, которые начинали трудное дело рука об руку с нашим учителем, тех, кто продолжает его сейчас, в нелёгкие для науки годы. Нынешняя конференция – третья по счёту в ряду встреч, посвящённых памятным датам жизни Юрия Петровича Алтухова и созданной им лаборатории, и мы рады, что эти встречи становятся традиционными и регулярными, несмотря на все сложности научной, политической и общественной жизни последних лет.

Мы благодарим всех, кто принимал участие в организации конференции, оказывал спонсорскую и логистическую поддержку, работал над составлением программы, вел переписку с участниками, решал все технические и прочие вопросы. Ну и, конечно, мы искренне благодарны участникам всех возрастов, ради которых это всё делается, и которые сами создают неповторимую атмосферу научного события, где не только докладываются уже полученные результаты, но и самоорганизуются новые точки роста генетики популяций – науки нестареющей и, как мы все верим, имеющей огромный потенциал.

На конференции представлены интересные и важные результаты ваших оригинальных исследований, надеемся на продуктивные и позитивные дискуссии, которые позволят докладчикам получить профессиональную и доброжелательную оценку их достижений, а всем участникам в конечном итоге – вдохновение и силы продолжать полный открытый путь к научной истине.

Помимо работы на пленарных заседаниях и секциях, конференция, которую мы решили провести в очном формате, позволила участникам испытать радость живого общения с коллегами на кофе-брейках, в кулуарах и в форме прочих сопровождающих её неформальных межличностных контактов разного рода, что нам представляется не менее важным, чем официальное представление научных результатов.

Успех нашей юбилейной конференции, помимо усилий организаторов, решающим образом зависел от участников и их творческой активности. Совместные усилия позволили сделать нашу работу одинаково полезной, интересной и по-человечески приятной.

Лаборатория популяционной генетики Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН в 2022 г. отмечает свой 50-летний юбилей. Лаборатория носит имя академика

Ю.П. Алтухова (1936–2006), ее основателя и бессменного руководителя с момента создания в 1972 г. и до ухода из жизни Юрия Петровича в 2006 г.

Создание лаборатории было инициировано директором ИОГен АН СССР академиком Н.П. Дубининым. На место ее руководителя был приглашен Ю.П. Алтухов, на тот момент возглавлявший лабораторию генетики в Институте биологии моря Дальневосточного научного центра АН СССР. В марте 1972 г. Юрий Петрович был переведен из Владивостока в Москву и в конце того же года на Ученом совете ИОГен защитил докторскую диссертацию на тему «Популяционно-генетическое исследование структуры вида у рыб», по материалам которой вскоре была опубликована его первая монография «Популяционная генетика рыб» (1974). К тому времени Юрий Петрович имел уже большой опыт работы в области популяционной генетики природных популяций рыб, многие из этих исследований были первыми в СССР, а некоторые не имели аналогов в мире.

Юрий Петрович родился 11 октября 1936 г. в с. Елань-Колено Воронежской области. В 1940-х гг. семья переехала в Москву, где в 1955 г. Ю.П. Алтухов поступил на отделение физиологии рыб ведущего в то время рыбохозяйственного вуза, которым являлся Мосрыбвтуз – Московский технический институт рыбной промышленности и хозяйства. Запрещенная в то время генетика официально не преподавалась, однако она вызвала большой интерес Юрия Петровича уже в студенческие годы, когда он стал работать с гибридами осетровых рыб во время летних практик. В 1959 г. Ю.П. Алтухов закончил Мосрыбвтуз и был направлен на Карадагскую биологическую станцию Академии наук Украинской ССР в Крыму, где включился в изучение популяций рыб азово-черноморского региона.



Юрий Петрович в конце

1960-х гг.

В 1964 г. по окончании аспирантуры на биофаке МГУ им. М.В. Ломоносова Юрий Петрович защитил кандидатскую диссертацию на тему «Цитофизиологический, серологический и морфологический анализ внутривидовой дифференцировки ставриды Черного моря». В тот год генетика была реабилитирована, и исследования в этой области были официально признаны актуальными. В начале 1960-х гг. Ю.П. Алтухов принял участие в иммуногенетических исследованиях азово-черноморского анчоуса (хамсы) в экспедиции АзЧерНИРО (ныне филиал ВНИРО – Всесоюзного института морского рыбного хозяйства и океанографии), а позже в экспедиции в Северную Атлантику (договор МГУ с Полярным институтом морского рыбного хозяйства и океанографии, г. Мурманск) по изучению внутривидовой дифференциации морских окуней. Тогда впервые в истории отечественной генетики популяций с использованием инновационных для того времени серологических «генетических маркеров» был получен уникальный материал о пространственной наследственно обусловленной неоднородности важных ресурсных видов рыб.

Вскоре Ю.П. Алтухова пригласили на работу в создававшийся тогда во Владивостоке Институт биологии моря (ИБМ) ДВНЦ РАН для организации лаборатории генетики. Во владивостокский период (1967–1972 гг.) сотрудники возглавляемой Ю.П. Алтуховым лаборатории активно осваивали появившийся за рубежом новый метод исследования полиморфизма белков, отражающего полиморфизм кодирующих их генов, – электрофоретический анализ, который на долгие годы стал основным в арсенале методов.

Работа проводилась на организуемых тогда же экспедиционных биостанциях ИБМ непосредственно на выборках из популяций различных видов лососевых и некоторых других видов с целью выявления их внутривидовой и межвидовой генетической изменчивости. К этому времени относятся две совместные с профессором МГУ Ю.Г. Рычковым публикации Ю.П. Алтухова в “Журнале общей биологии”, посвященные серьезным теоретическим обобщениям авторов, повлиявшим на развитие их дальнейших популяционных исследований. Одна из статей “Популяционные системы и их структурные компоненты. Генетическая стабильность и изменчивость” (1970) обосновывает принцип системной, иерархически структурированной организации популяций в природе, то есть принцип подразделения природных популяций на структурные относительно изменчивые компоненты, связанные между собой обменом генами; такая организация обеспечивает эффективную адаптацию и стабильность всей системы, ее длительное существование в поколениях. Другое важное обобщение, сделанное Ю.П. Алтуховым и Ю.Г. Рычковым в 1972 г. в статье «Генетический мономорфизм вида и его возможное биологическое значение», было посвящено открытию и осмыслению феномена мономорфных, инвариантных белков, существующих у вида наряду с полиморфными.

С таким научным багажом Юрий Петрович вернулся в 1972 г. в Москву для организации лаборатории популяционной генетики в ИОГен АН СССР. Ее первыми сотрудниками стали Б.А. Калабушкин, Т.В. Малинина, Е.А. Салменкова, Т.А. Ракицкая (Новикова), А.Н. Милишников, Е.Я. Тетушкин, А. Гнучева, Б.В. Шиленко, первым аспирантом – Б.А. Абдуллаев с темой по хлопчатнику. Сначала лаборатория базировалась по адресу ул. Профсоюзная, 7, откуда в 1973 г. была переведена в здание, надстроенное когда-то над ушедшими в землю палатами князей Шуйских (Подкопаевский пер., 5), где проработала до весны 1976 г., осваивая электрофоретические методики на дрозофиле. Для моделирования экспериментальной популяционной системы дрозофилы, имитирующей различную структуру подразделенности и миграции, был специально сконструирован и установлен “популяционный ящик”. В лаборатории появились новые аспиранты: Е.Ю. Победоносцева, А.Г. Бернашевская, Л.П. Филатова и другие. Параллельно с исследованиями лососевых рыб (тематика, унаследованная с владивостокского периода) и анализом модельных популяций дрозофилы, усилия направлялись на изучение популяций рыб из радиоактивно загрязненных водоемов в районах ВосточноУральского радиоактивного следа на базе биостанции «Миассово», а также на работы по селекции хлопчатника. В последующие годы в коллектив лаборатории влились И.И. Сусков, О.Л. Курбатова, В.И. Слынько, В.Д. Прохоровская, С.К. Семенова, Р.И. Хильчевская, К.И. Афанасьев, Н.И. Иващенко, Л.А. Животовский и др. Одним из важных научных результатов лаборатории стала разработка по заказу Госкомитета по науке и технике Совмина СССР под руководством Н.П. Дубинина «Прогноза возможных генетических и биологических изменений в популяциях человека, флоры и фауны на 1976–1980 гг.», что привело к существенному увеличению расходов на охрану окружающей среды в бюджете стране. В дальнейшем Ю.П. Алтухов, Р.И. Хильчевская и другие сотрудники лаборатории активно участвовали в реализации программы «Человек и биосфера».

Исследования экспериментальных популяций дрозофил дали важный результат, подтвердивший сформулированную ранее концепцию системной организации популяций. Аспиранты Е.Ю. Победоносцева и А.Г. Бернашевская (Имашева) под руководством Юрия Петровича показали, что подразделенность популяции на взаимосвязанные путем миграции компоненты приводит к существенной стабилизации ее генетической структуры в ряду

поколений. В дальнейшем М.Л. Бланк и Ю.П. Алтухов с помощью компьютерного моделирования получили аналогичные результаты.



Лаборатория популяционной генетики ИОГен АН СССР в 1986 г. Нижний ряд, слева направо: А.С. Мальцев, Е.Ю. Пушкина, Е.А. Салменкова, Т.В. Малинина, О.Н. Холод, Г.Д. Рябова, В.Д. Прохоровская; верхний ряд, слева направо: Е.Я. Тётушкин, М.Л. Бланк, Ю.Е. Дуброва, Б.А. Семёнов, К.В. Крутовский, Д.В. Политов

Начатые во Владивостоке работы по генетике природных и искусственно воспроизводимых популяций тихоокеанских лососей продолжились в Москве. Сотрудники выезжали на Сахалин, Камчатку и в другие регионы Дальнего Востока. Совместно с коллегами из ИБМ ДВО АН СССР проводились полевые работы по сбору материала, а на базе биостанций ИБМ ДВО АН СССР («Сокол» на Сахалине и «Радуга» на Камчатке) был развернут анализ наследования полиморфизма изоферментных систем, особенностей пространственной и временной генетической структуры популяций на разных иерархических уровнях у кеты, горбуши и нерки. Большое внимание уделялось влиянию искусственного воспроизводства, генетическим эффектам транслокаций икры между рыбноводными заводами и проявлениям естественного отбора в популяциях. Юрий Петрович (совместно с сотрудниками Сахалинрыбвода) разработал практические рекомендации для искусственного воспроизводства лососей на рыбноводных заводах с учетом структуры популяций и получил свое первое авторское свидетельство на изобретение.

С конца 1970-х гг. в лаборатории под руководством Ю.П. Алтухова были развернуты исследования полиморфизма белковых и иммуногенетических маркеров в популяциях человека. Был разработан оригинальный подход к оценке темпов мутационного процесса на

основе выявления редких электрофоретических вариантов белков в группах детей с различной патологией. Выявлена роль интегральных характеристик генотипа в формировании неспецифической устойчивости к заболеваниям и неблагоприятным факторам среды. Обнаружена связь гетерозиготности по моногенным маркерам с изменчивостью морфофизиологических признаков и приспособленностью. Сформулировано представление об оптимуме гетерозиготности и роли стабилизирующего отбора в поддержании генетического разнообразия, разработан популяционно-генетический подход к проблеме адаптивной нормы (Ю.П. Алтухов, О.Л. Курбатова, И.И. Сусков, Т.В. Малинина, Л.А. Животовский, Ю.Е. Дуброва, К.И. Афанасьев). По итогам этих работ были защищены кандидатские диссертации К.И. Афанасьевым, Ю.Е. Дубровой. Позднее на основе исследований адаптивного значения полиморфизма белков в популяциях человека Ю.Е. Дуброва защитила докторскую диссертацию. Изучение отбора против индуцированных мутаций аллозимных локусов у дрозофилы стало темой диссертации аспиранта К.В. Крутовского.

В 1990-х и 2000-х гг. проводимые исследования генетико-демографических процессов позволили определить основные угрозы генетической безопасности населения России и возможные подходы к оптимизации генетико-демографической обстановки (Ю.П. Алтухов, О.Л. Курбатова и Е.Ю. Победоносцева). Позднее О.Л. Курбатова и др. установили, что миграция является одним из ведущих факторов популяционной динамики городского населения России. Заслуживает упоминания совместная работа Б.А. Калабушкина и О.Л. Курбатовой, в которой была выявлена связь между показателем снижения популяционной приспособленности – частотой врожденных пороков развития у детей и уровнем загрязнения почвы тяжелыми металлами в районах Москвы.

С 1980-х гг. Юрий Петрович с сотрудниками (К.В. Крутовский, аспиранты Н.И. Гафаров, С.А. Мальцев, Д.В. Политов, Ю.С. Белоконь, М.М. Белоконь, О.П. Малюченко) приступили к исследованию популяционной генетики новых экологически и экономически важных объектов – хвойных растений. С помощью аллозимного анализа было установлено, что в популяциях древесных растений, кажущихся непрерывными на больших пространствах ареалов, действуют те же механизмы, что в любых других популяциях животных и растений, то есть вместо неограниченной панмиксии существует система подразделенных популяций с определенной степенью изоляции. Были представлены данные в пользу адаптивной значимости части аллозимного полиморфизма елей и сосен. Со временем масштабы этих исследований существенно расширились как в отношении разнообразия видов хвойных и других древесных, так и географии и динамики популяционно-генетических процессов.

Представления о важной роли естественного отбора в формировании генетической структуры популяций человека и природных популяций животных и растений во многом благодаря работам лаборатории Ю.П. Алтухова прочно заняли свое место в научных публикациях по популяционной генетике различных видов. Ряд работ, в том числе по человеку, лососевым рыбам, хвойным, посвящены обнаружению роли отбора в поддержании генетического полиморфизма в популяциях и разработке конкретных подходов к выявлению отбора. Первыми в этом ряду были исследования популяционной системы нерки оз. Азабачье. Эффекты отбора, варьирующего по направлению на разных стадиях онтогенеза, в дальнейшем были открыты у горбуши и подробно исследованы в нескольких поколениях (Ю.П. Алтухов, Е.А. Салменкова, В.Т. Омельченко, Б.А. Калабушкин и др.). По инициативе и под руководством Юрия Петровича большое число работ лаборатории были посвящены выявлению связей моногенных и полигенных, как правило, адаптивно нагруженных признаков в популяциях. В 1995 г. Ю.П. Алтухову совместно с Л.А. Животовским и О.Л. Курбатовой за цикл работ по стабилизирующему отбору и сопряженной изменчивости моногенных и полигенных признаков в популяциях Российской академией наук была присуждена премия им. И.И. Шмальгаузена.

Начиная с аспирантской работы Б.А. Абдуллаева на сортах хлопчатника, для стабилизации сортов путем поддержания внутрисортного генетического разнообразия Юрий

Петрович разработал и апробировал метод селекции, сочетающий умеренный направленный отбор по признакам продуктивности со стабилизирующим отбором по адаптивно значимым признакам. Статистические подходы к реализации предложенного метода селекции были развиты совместно с Л.А. Животовским. Впоследствии этот метод оказался эффективным в поддержании породных групп каракульских овец (Н.А. Сарсенбаев), а также селекции и семеноводстве подсолнечника (А.И. Гундаев) и томатов (В.А. Жидкова). По этим разработкам были получены авторские свидетельства и патенты на способ селекции и семеноводства. С приходом в лабораторию И.Г. Моисеевой началось изучение генетического разнообразия пород кур с использованием генетико-биохимических методов. Ввиду катастрофической ситуации с естественным воспроизводством осетровых рыб на Каспии был начат генетический мониторинг искусственного размножения русского и сибирского осетров, севрюги, белуги, стерляди; появилась серия публикаций по этой тематике (Г.Д. Рябова и др.).

В 1994 г. сотрудники лаборатории приняли участие в беспрецедентной по масштабу международной научной экспедиции по Северному морскому пути “Экология тундры-94”, финансируемой Шведской академией наук, совместно с учеными из Швеции и других стран. В экспедиции участвовали Д.В. Политов, К.И. Афанасьев, Т.В. Малинина, А.А. Махров, В.Б. Федоров. Экспедиция, базировавшаяся на научно-исследовательском судне “Академик Федоров”, прошла за одну навигацию от Санкт-Петербурга до Чаунской губы Восточно-Сибирского моря и обратно, сделав более 20 вертолетных высадок на материк. Это положило начало изучению новых групп объектов в лаборатории – сиговых рыб и арктических гольцов комплекса *Salvelinus alpinus*. Позже было проведено более 20 экспедиций по сбору материала по сиговым (сем. Coregonidae) – этой важной модельной и ресурсной группе рыб, получено несколько исследовательских грантов, разработаны аллозимные, мтДНК и микросателлитные маркеры, проанализирована их изменчивость в более чем 80 выборках сигов, муксуна, ряпушек, пеляди, чира, арктического омуля, байкальского омуля и других видов (Д.В. Политов, Н.Ю. Гордон, С.Н. Балдина). В фокусе этих исследований – механизмы формообразования, в том числе роль межвидовой гибридизации и интрогрессии, симпатрического видообразования, неконгруэнтности морфологических и молекулярных филогенетических реконструкций. В тот же период были выполнены работы по генетическим взаимоотношениям среди нескольких видов (форм) гольцов рода *Salvelinus* со спорным таксономическим статусом в условиях аллопатричного и симпатричного обитания (Е.А. Салменкова с сотрудниками ИБМ ДВНЦ РАН В.Т. Омельченко и БПИ ДВО РАН Ю.Н. Журавлевым, С.В. Шедько). Н.В. Гордеева участвовала в проведении филогеографического анализа арктического гольца Забайкалья (совместно с С.С. Алексеевым и др. сотрудниками ИБР РАН). Проведено обширное геногеографическое исследование дальневосточных гольцов – мальмы, кунджи (Н.В. Гордеева, Е.А. Салменкова). Н.В. Гордеевой изучалась филогеография, изоляция и миграция у батии мезопелагических рыб Южной Атлантики. Исследования популяционно-генетических процессов у акклиматизированных видов рыб – тихоокеанской горбуши, вселенной на Европейский Север, и дальневосточного пиленгаса, вселенного в бассейн Азовского моря, – осуществили Н.В. Гордеева и Е.А. Салменкова.

Е.А. Салменкова, Д.В. Политов, О.Л. Курбатова, Е.Ю. Победоносцева, Б.А. Калабушкин как соавторы участвовали вместе с другими сотрудниками ИОГен РАН в написании монографии «Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях» (2004 г., небольшой дополнительный тираж в 2005 г.). Она была подготовлена по инициативе, под редакцией и при непосредственном авторском участии Юрия Петровича Алтухова.

Начиная с конца 1990-х гг. Ю.П. Алтуховым и сотрудниками публикуется цикл работ, посвященных анализу связей популяционного генетического разнообразия (аллозимной гетерозиготности) со скоростью роста, полового созревания и продолжительностью жизни. Эти работы были последним крупным исследованием Юрия Петровича. В октябре 2006 г. после тяжелой болезни он скончался. Один из авторов этой статьи (Д.В. Политов) – ученик и

сотрудник Ю.П. Алтухова, стал сначала и.о., а затем заведующим лабораторией, защитив докторскую диссертацию на тему «Генетика популяций и эволюционные взаимоотношения видов сосновых (сем. Pinaceae) Северной Евразии» (2007).

В развитие этих работ и в результате новых научных контактов в число объектов лаборатории вошли хищные птицы, такие как крупные соколы (М.М. Белоконь, А.В. Нечаева), белоплечий орлан и орлан-белохвост (М.М. Белоконь). Активно изучается генетическая структура природных популяций и искусственно разводимых группировок журавлей: красавки, стерха, серого, даурского и японского журавлей (Е.А. Мудрик, Д.В. Политов). Ведутся работы по анализу генетической структуры и филогеографии обыкновенной белки (М.М. Белоконь, Ю.С. Белоконь). С 2007 г. в лаборатории начались исследования генетической структуры популяций и филогеографии волка (М.С. Талала, П.А. Казимиров, А.В. Нечаева под руководством Д.В. Политова). Новый импульс популяционно-генетическим и геномным исследованиям хвойных дало возвращение в лабораторию популяционной генетики в 2013 г. К.В. Крутовского. Выполняются и планируются новые исследования генетической структуры популяций ели, сибирской кедровой сосны и других видов хвойных с помощью традиционных и современных маркеров, функциональных генов и полногеномных данных. В сотрудничестве с Пущинским филиалом Института биоорганической химии РАН разработаны тест-системы для молекулярно-генетической идентификации индивидуальных генотипов осины, березы и ивы на основе микросателлитных локусов. Активно изучается генетика популяций и филогения спирей – нового объекта из покрытосеменных растений (Т.А. Полякова, А.В. Шатохина).

За 50-летний период работы лаборатории популяционной генетики ИОГен РАН было опубликовано 11 монографий, несколько сотен научных статей. Монография Ю.П. Алтухова «Генетические процессы в популяциях» выдержала три отечественных и два зарубежных (Великобритания, Германия) издания. Книга Ю.П. Алтухова в соавторстве с Е.А. Салменковой и В.Т. Омельченко «Популяционная генетика лососевых рыб» (1997) также была издана в Великобритании (2000). Под руководством Ю.П. Алтухова защищено около 40 кандидатских и 10 докторских диссертаций. В 1996 г. Ю.П. Алтухову совместно с Ю.Г. Рычковым, Л.А. Животовским, Л.И. Корочкиным, А.А. Созиновым, Е.А. Салменковой, О.Л. Серовым, Н.П. Мертвцовым была присуждена Государственная премия РФ в области науки и техники за цикл работ «Наследственное биохимическое разнообразие, его роль в эволюции и индивидуальном развитии».

Сотрудники лаборатории осуществляют в качестве руководителей и исполнителей государственные задания, работы по грантам РФФИ, РНФ, научно-исследовательские работы в рамках госконтрактов Минобрнауки, Программы Союзного государства «ДНК-идентификация», многочисленных договоров о НИР с другими научными и производственными организациями. В годы после ухода из жизни Юрия Петровича состоялись защиты четырех кандидатских и двух докторских диссертаций, на базе лаборатории выполнялись более двух десятков бакалаврских и магистерских дипломов. Научная деятельность лаборатории популяционной генетики, основанной Ю.П. Алтуховым, руководимой им на протяжении более трех десятилетий и ныне носящей его имя, базируется на его идеях, подходах, методологии и продолжает их дальнейшее развитие, привлекая новые биологические объекты изучения и используя современные молекулярные и аналитические методы исследования. О прогрессе и перспективах этой области науки свидетельствуют привлекшие большое внимание специалистов юбилейные научные конференции по генетике популяций, организованные нашей лабораторией в связи с 75-летием (в 2011 г.) и 80-летием (в 2017 г.) со дня рождения Юрия Петровича Алтухова. Обновляемый список основных публикаций лаборатории размещен на сайте confrogen.ru. Краткая биография и путь в науке организатора лаборатории популяционной генетики представлены в брошюре «Юрий Петрович Алтухов» (М.: Акварель, 2021), опубликованной в рамках проекта «Жизнь замечательных людей ИОГен им. Н.И. Вавилова РАН».

В этом году, юбилейном для нашей лаборатории, проводится очередная, третья по счету конференция, получившая название созвучно основному труду Юрия Петровича Алтухова «Генетические процессы в популяциях», которая состоится в ИОГен РАН с 11 октября (день рождения Ю.П. Алтухова) по 14 октября 2022 г. В сложных условиях международной политической напряженности географическая представленность участников сократилась, но из России и нескольких других стран получено более 120 заявок на участие.

В этот юбилейный год хочется пожелать большего внимания правительства к поднятым в свое время Ю.П. Алтуховым проблемам генетического скрининга и мониторинга организмов на популяционном уровне организации живой материи. Организованная им лаборатория, как и точки роста генетики популяций по всей стране и в мире, в которых ключевую роль играют ученики и соратники Юрия Петровича, во многом стимулировали внедрение эффективных подходов к решению этих проблем. Необходимо оказывать разностороннюю поддержку как прикладным, так и фундаментальным исследованиям в области генетики природных и искусственных популяций, которые обеспечивают генетическую, экологическую, продовольственную и природоохранную безопасность страны.

МАТЕРИАЛЫ КОНФЕРЕНЦИИ ПО СЕКЦИЯМ:

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ ЖИВОТНЫХ	12
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ РАСТЕНИЙ	65
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ ЧЕЛОВЕКА	98
МЕХАНИЗМЫ ВИДООБРАЗОВАНИЯ	129

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ ЖИВОТНЫХ

Анализ адаптивных радиаций на примере подсемейства полеvoчьи (*Arvicolinae*, *Rodentia*). Взгляд со стороны генома

Абрамсон Н.И., Бодров С.Ю., Бондарева О.В., Генельт-Яновский Е.А., Петрова Т.В.

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

e-mail: natalia_abr@mail.ru

Грызуны подсемейства полеvoчьи (*Arvicolinae*) – пример одной из самых заметных быстрых адаптивных радиаций среди плацентарных млекопитающих умеренного и холодного климата Северного полушария. Первые ископаемые остатки этих грызунов известны с конца позднего миоцена. Число современных видов полеvoчьих (более 150) в 8 раз превышает число видов в сестринской группе настоящих хомяков (*Cricetinae*). Исследование групп, претерпевших быстрые радиации в недавнем прошлом, дает возможность выяснить механизмы, способствующие видообразованию и дивергенции, но реконструкция филогенетических связей в таких группах представляет собой труднейшую задачу, практически неразрешимую при применении небольшого количества молекулярных маркеров вследствие постоянно возникающих т.н. «политомий». В то же время надежная реконструкция филогении – необходимое условие и контекст для любого рода эволюционных исследований. С развитием высокопроизводительного секвенирования, когда в анализ включаются одновременно тысячи маркеров, возможность разрешения таких политомий и уточнения филогенетических схем становится выполнимой задачей. В ходе данной работы мы решали две взаимосвязанные задачи: 1) на основе полногеномных данных реконструировать надвидовые родственные связи в подсемействе и 2) выявить адаптивные изменения на геномном уровне, сопровождавшие становление и быструю радиацию полевок. Поиск следов влияния отбора в выравниваниях митохондриальных белок-кодирующих генов и ортологичных ядерных генах, выявленных при сравнительном анализе транскриптомов, проводился с использованием статистических моделей максимального правдоподобия, оценивающих роль отбора на отдельные ветви филогенетического дерева. Анализ отбора на фоне филогении *Arvicolinae* выявил его следы как в ядерных, так и в митохондриальных генах. Представители каждой адаптивной радиации характеризовались значимо большим значением dN/dS в двух и более митохондриальных генах относительно видов более древней радиации. Тест RELAX выявил два митохондриальных гена с ослаблением отбора, а три гена показали тенденцию к усилению очищающего отбора у представителей первой радиации при сравнении с хомяками. Для таксонов второй радиации (триба *Clethrionomyini*) по сравнению с первой было обнаружено 4 гена с усилением очищающего отбора. Для третьей радиации при сравнении со второй достоверные изменения были обнаружены в 8 генах из 13, указывающие на ослабление очищающего отбора. Предварительный анализ транскриптомов выявил два ортологичных гена, находящихся под отбором у представителей второй радиации (триба *Clethrionomyini*), из которых один ген у *Clethrionomyini* находится под ослабленным отбором, а второй - под усиленным. Аналогичным образом, у трибы *Arvicolini* (3 радиация) было выявлено два гена, находящихся под ослабленным отбором и один ген под интенсифицированным отбором. Таким образом, наши результаты показывают, что в ходе адаптивной радиации на геномы полеvoчьих действовал как положительный, так и очищающий отбор, однако в полиморфизме части генов можно проследить следы ослабления действия отбора, принципиального для интенсификации видообразования и колонизации новых биотопов и экологических ниш.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ № 19-74-20110.

Анализ популяционно-генетической структуры трематод *Crepidostomum farionis* и *C. metoecus* (Allocreadiidae) юга Дальнего Востока России и Японии по данным изменчивости маркеров ядерной и митохондриальной ДНК

Атопкин Д.М.

ФГБУН Федеральный научный центр биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии
ДВО РАН, Владивосток

e-mail: pan2006_82@mail.ru

Оценена изменчивость фрагмента 28S рДНК и фрагмента гена первой субъединицы цитохромоксидазы (COI) митохондриальной ДНК трематод *Crepidostomum farionis* (Muller, 1784) и *Crepidostomum metoecus* Braun, 1900, собранных с разных видов рыб в Японии и на юге Дальнего Востока России. Также в анализ были включены трематоды, идентифицированные как *Crepidostomum cf. nemachilus* Krotov, 1959 от рыб из исследуемых территорий, а также данные секвенирования 28S рДНК из Международного Генного Банка.

Подтверждено наличие трематод *C. metoecus* и *C. farionis*, а также присутствие как минимум одного нового вида *Crepidostomum* в кишечной паразитофауне рыб семейств Salmonidae Jarocki or Schinz, 1822, Cottidae Bonaparte, 1831, Nemacheilidae Regan, 1911 Японии. Результаты анализа топологии сети Median-Joining на основе данных секвенирования 28S рДНК, а также оценки генетических р-дистанций не подтверждают валидность рода *Stephanophiala* и видов *Crepidostomum nemachilus* Krotov, 1959 и *Crepidostomum akhmerovi* Vainutis, Voronova & Urabe 2021 от пресноводных рыб юга Дальнего Востока России.

Результаты анализа топологии сети Median-Joining по данным секвенирования гена COI мтДНК (660 пн) указывают на наличие пяти групп гаплотипов трематод, ассоциированных со специфичностью к окончательному хозяину. Группа '*oncorhynchus*' = *C. farionis*, значительно дифференцирована от остальных: значения р-дистанций варьируют от $16.74 \pm 1.27\%$ до $17.35 \pm 1.25\%$. Дифференциация между *C. metoecus* гаплогруппы '*cottus + barbatula*' и тремя группами этого вида от лососевых рыб составляет от $3.86 \pm 0.52\%$ до $3.9 \pm 0.53\%$. Группы '*salmo + salvelinus*', '*salvelinus*' и '*mixed host*', которые включают в себя трематод *C. metoecus* и *C. cf. nemachilus*, отличаются друг от друга на $0.37 \pm 0.13\%$ – $0.72 \pm 0.28\%$. На этом основании трематоды, предварительно идентифицированные как *C. cf. nemachilus*, далее рассматриваются нами как представители *C. metoecus*.

Наименьшие значения индекса дифференциации Fst (Hudson et al., 1992) при наибольших значениях индекса генных потоков Nm наблюдаются между группами '*salvelinus*' и '*salmo + salvelinus*' трематод *C. metoecus*. Группа '*cottus + barbatula*' незначительно дифференцирована от лососевых трематод: значения индексов Fst и Nm варьируют от 0.07190 до 0.11854 и от 3.72 до 6.45, соответственно, указывая на наличие генетического обмена между конспецифическими трематодами из разных окончательных хозяев. Значения параметров генетической изменчивости (Hd, Pi) внутри групп '*salvelinus*' и '*mixed host*' различались незначительно, что свидетельствует о слабом влиянии хозяйинной специфичности на уровень генетической изменчивости исследуемых трематод. Парные различия для групп '*salvelinus*' и '*mixed host*' имеют унимодальное распределение, соответствующее модели экспансии. Бимодальное распределение наблюдается для группы '*salmo + salvelinus*'. Эти результаты говорят о наличии процессов активного изменения размера популяции для трематод *C. metoecus* групп '*salvelinus*' и '*mixed host*'. Форма распределения парных различий для группы '*oncorhynchus*' = *C. farionis* указывает на недавнее прохождение популяции через 'бутылочное горлышко'.

Автор выражает глубокую признательность профессору Такеши Шиматсу, Хотака-Ариакаэ, Префектура Нагано, Япония за любезно предоставленный материал по трематодам Allocreadiidae из Японии, а также с.н.с. лаб. паразитологии ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН Марине Борисовне Шедько за любезно предоставленный материал по трематодам *Crepidostomum* от рыб юга Дальнего Востока России.

ДНК-баркодирование комаров рода *Aedes* (Diptera: Culicidae) подрода *Stegomyia* Российской Федерации

Бега А.Г.¹, Москаев А.В.¹, Горячева И.И.^{1,2}, Андрианов Б.В.²

¹ГОУ ВО МО Московский государственный областной университет, Мытищи

²Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: Anni.miya@gmail.com

Комары рода *Aedes* подрода *Stegomyia* являются основными переносчиками арбовирусных лихорадок человека. К этому подроду относятся инвазивные виды комаров *Aedes albopictus* Skuse, 1895 и *Aedes aegypti* L, 1762. Для понимания процесса инвазии и оценки устойчивости инвазивных популяций представляют интерес данные о генетическом разнообразии особей из инвазивных популяций. Нами была охарактеризована изменчивость комаров рода *Aedes*, подрода *Stegomyia* с помощью метода ДНК-баркодирования. Мы проанализировали 6 видов комаров: *Ae. albopictus*; *Ae. aegypti*; *Aedes cretinus* Edwards, 1921; *Aedes flavopictus* Yamada, 1921; *Aedes galloisi* Yamada, 1921 и *Aedes sibiricus*. Danilov et Filipova, 1978. Видовая принадлежность исследованных имаго комаров определялась с помощью метода ДНК-баркодирования и по морфологическим признакам. Проведено сравнение полученных нами COI митохондриальных гаплотипов из популяций на территории России с примерно 5000 COI нуклеотидными последовательностями комаров рода *Aedes*, зарегистрированных в базе данных GenBank. Проведённый филогенетический анализ полученных нуклеотидных последовательностей выявил чёткую кластеризацию гаплотипов, со 100% бутстреп поддержкой, на несколько клад, которые соответствовали изучаемым видам. Исключением является пара видов *Ae. sibiricus* и *Ae. galloisi*, которые кластеризуются совместно. Некоторые аномальные митохондриальные гаплотипы, зарегистрированные в GenBank как *Ae. albopictus* кластеризуются с другими видами подрода *Stegomyia*. Если эти данные верны, то внутривидовая генетическая изменчивость *Ae. albopictus* почти равна изменчивости всего подрода *Stegomyia*. Более вероятным, нам представляется ошибочное отнесение особей других видов к *Ae. albopictus*. Аномальные гаплотипы *Ae. albopictus* не образуют особых клад, а кластеризуются вместе с другими видами подрода. Если исключить аномальные гаплотипы *Ae. albopictus* из анализа, то нельзя прийти к выводу о существовании в настоящее время древней нативной популяции *Ae. albopictus*. Мы полагаем, что *Ae. albopictus* молодой инвазивный вид недавно прошедшим через период взрывного роста численности. Комары *Ae. flavopictus*, *Ae. galloisi* и *Ae. albopictus* близки к мономорфизму. Внутри общего кластера *Ae. aegypti* можно выделить три меньших кластера. Первый, объединяет митохондриальные гаплотипы комаров Мадагаскара, второй, комаров Восточной Азии и Центральной Африки, гаплотипы третьего кластера встречаются по всему ареалу вида. Вероятно, третий кластер объединяет гаплотипы инвазивной популяции *Ae. aegypti*. Анализ медианной сети митохондриальных гаплотипов *Ae. sibiricus* (*Ae. galloisi*) и *Ae. flavopictus* не выявил предковые гаплотипы, которые обычно наблюдаются при изучении инвазивных популяций. Мы считаем, что это может быть связано с начальной стадией формирования инвазивной популяции. Такое предположение согласуется с полевыми наблюдениями за этими видами комаров. *Ae. sibiricus* и *Ae. flavopictus* до 2019 года описывались как лесные и малочисленные виды. В настоящий момент *Ae. sibiricus* и *Ae. flavopictus* активно расселяются в населённых пунктах, образуют массовые скопления.

Интрогрессивная гибридизация как результат вторичного контакта ледниковых линий гольцов рода *Salvelinus*

Бондарь Е.И., Олейник А.Г., Кухлевский А.Д., Скурихина Л.А.

Национальный научный центр морской биологии им. А. В. Жирмунского Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток

e-mail: jaja@list.ru

Понимание эволюционных процессов, таких как гибридизация и интрогрессия, имеет большое значение для вывода надежных филогений, реконструкции эволюционной истории и процессов видообразования, особенно у современных аллопатрических видов. Митохондриальная интрогрессия, как частный случай гибридизации, может в крайних случаях привести к замещению митохондриального генома одного вида геномом другого (митохондриальный захват). Выявление митохондриальной интрогрессии может быть единственным способом идентифицировать прошлую гибридизацию аллопатрических видов. В этом случае, географическая протяженность гибридных зон является основой для изучения границ распространения видов и реконструкции их исторических ареалов.

Популяции из арктических районов Северо-Восточной Азии попадают в область вторичного контакта ледниковых филогенетических линий гольцов рода *Salvelinus*, связанных с образованием ледниковых щитов в плейстоцене. Однако наши знания об контактных зонах гольцов в Северо-Восточной Азии недостаточны. Здесь известны небольшие, изолированные друг от друга популяции с неясной таксономической принадлежностью, которые могут представлять интерес для изучения формирования биоразнообразия, механизмов дифференциации и эволюции видов. Но уникальные арктические популяции гольцов до сих пор мало изучены, и поэтому взаимоотношения многих озерных гольцов остаются нерешенными. Одной из причин, хотя и не единственной, является многовариантность последствий вторичного контакта, который включает несколько возможных результатов, от строгой репродуктивной изоляции, до полного объединения генофондов в области совместного обитания.

Полученные новые данные позволили уточнить распространение трех филогенетических линий гольцов рода *Salvelinus* в Северо-Восточной Азии. Анализ генетической изменчивости с использованием митохондриальной ДНК (мтДНК) и микросателлитных локусов ядерной ДНК (мсДНК) подтвердил широкое историческое расселение Арктической группы *Salvelinus taranetzi sensu* Олейник и др. (2015) по побережью Охотского моря. Нас особенно интересовали молекулярные оценки возможных источников колонизации. Уникальное расположение озер на водоразделе двух океанических бассейнов позволяло предполагать несколько источников. На основе комплексного подхода тестировались гипотезы о принадлежности озерных гольцов к: (1) Арктической группе *Salvelinus taranetzi*; (2) Берингийской группе северной мальмы *Salvelinus malma malma*; (3) Атлантической группы *Salvelinus alpinus*. Мы продемонстрировали вторичный контакт и прошлую гибридизацию между предковыми Берингийской и Арктической линиями гольцов, в том числе, уникальный случай митохондриального захвата. Важно подчеркнуть, что интрогрессивная гибридизация не приводит к изменениям морфологических, экологических и эволюционных характеристик соответствующих видов гольцов. Результаты свидетельствуют об одном из наиболее интересных последствий вторичного контакта, возникшего при фиксации исторической интрогрессивной гибридизации в регионах, где в настоящее время не представлен один из участвующих таксонов. В качестве вероятной причины фиксации чужеродного митохондриального генома нами предложено рассматривать эффект основателя или генетический дрейф после гибридизации.

Исследование поддержано Российским фондом фундаментальных исследований (проект № 20-04-00205).

Разнообразие, распространение и происхождение естественных полиплоидных форм рыб рода *Cobitis* (Pisces, Cobitidae)

Васильева Е.Д.¹, Васильев В.П.²

¹Зоологический музей Московского государственного университета, Москва

²Институт проблем экологии и эволюции РАН, Москва

e-mail: vas_katerina@mail.ru

Среди рыб, амфибий и пресмыкающихся в настоящее время известно около 90 естественных однополых форм, размножающихся путем партеногенеза, гиногенеза или гибридогенеза. Эти формы могут быть диплоидными, триплоидными и тетраплоидными; наиболее распространены триплоидные формы. Генезис однополых форм связан с межвидовой гибридизацией; в отличие от партеногенеза, гиногенетическое размножение требует наличия самцов, поэтому гиногенетические рыбы и земноводные встречаются вместе с одним или двумя обоеполюми видами, гибридизация которых привела к их возникновению, редко они размножаются с менее родственными видами. Таким образом, гиногенетическое размножение приводит к образованию однополо-двуполых (клонально-бисексуальных, диплоидно-полиплоидных) комплексов. Такие комплексы обнаружены у рыб родов *Poecilia*, *Poeciliopsis*, *Fundulus*, *Menidia*, *Chrosomus*, *Carassius*, *Squalius*, *Misgurnus* и *Cobitis*. Наибольшее разнообразие однополых форм выявлено в роде *Cobitis*. Диплоидно-полиплоидные комплексы этих рыб широко распространены в водах Европы: в бассейнах Черного, Каспийского, Балтийского и Северного морей. Структура комплексов различна, но их обязательными элементами являются, по меньшей мере, одна однополая форма и один обоеполый вид-хозяин, донор спермы для гиногенетического размножения. Высокая изменчивость однополых форм рода *Cobitis*, наблюдаемая по уровням пloidности и структуре кариотипа, является результатом различных комбинаций гаплоидных наборов от нескольких диплоидных двуполых видов. По данным генетических исследований предполагаемыми родительскими видами однополых форм являются *C. taenia* (распространен в бассейне Северной Атлантики и в бассейне Волги), черноморские виды *C. tanaitica*, *C. elongatoides*, *C. taurica* и *C. pontica* и *C. strumicae* (бассейн Эгейского и юго-западной части Черного морей); в образовании тетраплоидной формы из бассейна Волги участвовал вид *C. melanoleuca*, распространенный от системы Волги до вод западной части Тихого океана. Предполагается, что ареалы этих видов флуктуировали в течение четвертичного периода и периодически перекрывались, что и привело к образованию однополых форм в зонах гибридизации. Наблюдаемое разнообразие генотипов однополых форм не подтверждает предположение об их широкой экспансии на большей части европейского континента, а предполагает локальную историю двуполо-однополых комплексов. Так триплоидная форма Западной Двины, вероятно, возникла в результате гибридизации *C. tanaitica* и *C. taenia* в позднем плейстоцене в Днепровской системе, где встречаются оба родительских вида. Эта форма уникальна для бассейна Балтийского моря, вероятно, она колонизировала Западную Двину через Березинскую водную систему, а из области своего происхождения была вытеснена триплоидной формой, обычной для бассейна Днепра, имеющей тригибридное происхождение с родительскими видами *C. elongatoides*, *C. tanaitica* и *Cobitis* sp. Обе формы входят в состав однополо-двуполых комплексов, в которых роль вида-хозяина принадлежит *C. taenia*.

Оценка генетического разнообразия, структуры популяций и эволюционных взаимоотношений лёгочных сосальщиков *Paragonimus* из России, Китая и Индии

Воронова А.Н.¹, Вайнутис К.С.¹, Щелканов М.Ю.^{1,2,3}

¹Научно-исследовательский институт эпидемиологии и микробиологии
имени Г.П. Сомова Роспотребнадзора, Владивосток

²Федеральный научный Центр биологического разнообразия наземной биоты
Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток

³Дальневосточный Федеральный университет, Владивосток

e-mail: avoronova92@gmail.com

Сосальщики рода *Paragonimus* Braun, 1899 представляют собой важных с медицинской точки зрения червей, передающиеся человеку через пресноводных ракообразных. Парагонимоз как легочная инфекция характеризуется лихорадкой, болью в груди, одышкой, кашлем с гнойной мокротой, иногда с примесью крови, может ошибочно диагностироваться как туберкулез (Курочкин и Суханова, 1980). Парагонимусы встречаются преимущественно в азиатских странах, эндемичны для Хабаровского и Приморского края. При этом этиологическими агентами заболевания являются разные виды червей. Так, *P. ichunensis* распространен на юге Дальнего Востока России и в северном Китае, *P. westermani* и *Paragonimus* sp – в Индии (Voronova et al., 2022). После почти 25 лет отсутствия зарегистрированных случаев, парагонимоз вновь появился на Дальнем Востоке России с характерными эпидемиологическими моделями заражения среди окончательных хозяев - тигров (Белов и др., 2021). Исследование было нацелено на выявление популяционных процессов, объясняющих повторное возникновение *P. ichunensis* на Дальнем Востоке России, и генетических взаимоотношений, которые исторически сложились между парагонимидами в треугольнике Россия–Китай–Индия. Используя изменчивые последовательности спейсера ITS2 и митохондриального гена *cox1*, мы исследовали генетическое разнообразие и популяционную динамику *P. ichunensis* и *P. westermani* из Восточной (Северный и Южный Китай) и Южной Азии (Индия).

Графики mismatch-distribution для дальневосточной популяции парагонимуса имели L-образное распределение ($p < 0.05$), также наблюдалось самое низкое значение гаплотипического и нуклеотидного разнообразия, что в совокупности может говорить о прохождении популяций через бутылочное горлышко, вызванное массовым вымиранием вторых промежуточных хозяев – раков в Приморье. При сравнении последовательностей дальневосточных червей и образцов из центральной и южной частей Китая обнаружилась большая дифференциация по гену *cox1* – 17,4 – 18,2%. Примечательно, что в южных регионах Китая вторыми промежуточными хозяевами парагонимуса являются не раки *Cambaroides* spp., а крабы *Potamon* (Chung, 1978). Наблюдаемый экспоненциальный рост в китайской популяции мог привести к расширению спектра хозяев. Ареал истинного *P. ichunensis* охватывает только юг Дальнего Востока России и северо-восточную часть Китая, а в центральном и южном Китае обитает иной вид, распространение которого скорее всего шло с юга Азии через такие крупные реки как Меконг, Янцзы, Хуанхэ и Брахмапутра при участии пресноводных крабов семейства Potamidae. Графики mismatch-distribution для популяции из Индии единственные, характеризующиеся мультимодальностью. Черви из Индии подразделяются на два типа (Devi et al., 2013), один из которых (с метацеркариями 1 типа) является истинным *P. westermani*. Реконструированные сети с использованием последовательностей гена *cox1* и ITS2 хорошо это продемонстрировали. На сети *cox1* гаплотип (H14), принадлежащий *Paragonimus* sp. с метацеркариями 2 типа, отделен большим количеством замен от остальных гаплотипов (H8-H13) *P. westermani*. Риботип R10 принадлежит червям 2 типа и тяготеет к восточноазиатской группе. Полученные результаты указывают на то, что индийские черви 2 типа нуждаются в переописании. Популяционно-генетические характеристики имеют большое значение для выяснения исторических связей между парагонимусами, прогнозирования эпидемиологической ситуации в Азии и выявления очагов парагонимоза.

Геномы и генетические процессы в популяциях ценных перепончатокрылых Беларуси и сопредельных территорий

Гончаренко Г.Г., Зяцьков С.А., Крук А.В.

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

e-mail: ggoncharenko@gsu.by

Наиболее эффективными опылителями цветковых растений, в том числе и хозяйственно ценных, являются Перепончатокрылые – пчелы и шмели. В последние годы наблюдается резкое сокращение популяций опылителей из-за вирусных и клещевых инфекций, влияния гербицидов и пестицидов, а также нарушения природной устойчивости и снижения иммунитета популяций вследствие межпородной гибридизации.

Анализ генетических процессов, протекающих в популяциях, стал возможным в результате исследований геномов насекомых, в том числе пчел и шмелей.

Развёртывание исследований по анализу генома Пчелы медоносной (*Apis mellifera* L, 1758) было начато после 2000 г., а результаты опубликованы в Nature в 2006 г. Исследование проводила группа ученых из Консорциума по секвенированию генома медоносной пчелы (HGSC). Ранее расшифровка геномов насекомых была проведена у плодовой мушки *D. melanogaster*; малярийного комара *A. gambiae* и тутового шелкопряда *B. mori*.

Исследуя *A. mellifera* Консорциум HGSC установил, что ее гаплоидный геном (16 хромосом) содержит ~2,7x10⁸ н.п., а количество структурных генов, кодирующих белки и различные РНК составило 10 157 (версия Amel_4.0), что оказалось ниже, чем в геноме плодовой мушки (13 600). Дополненная версия генома *A. mellifera* от 2014 г. (Amel_4.5) составила ~2,5x10⁸ н.п. и включала уже 15 314 генов. Количество микросателлитов в геноме медоносной пчелы, также как, и в плодовой мушке, оказалось довольно высоким и составило ~ 2000 и ~ 1300, соответственно.

Что касается митохондриального генома медоносной пчелы, то он был расшифрован в 1993 г. Его размер составил 16 343 н.п. и содержал 13 кодирующих генов, 22 тРНК и 2 рРНК. МтДНК *A. mellifera* в отличие от мт-ДНК *D. melanogaster* содержала более длинные межгенные последовательности и более 84 % ее мт-ДНК составляли АТ-обогащенные участки.

Для анализа генетических процессов в популяциях *A. mellifera* с успехом используется спейсер Мт-ДНК, локализованный между генами COI и COII. Спейсер образован сложными повторами P (54 н.п.) и Q (350 н.п.), который у среднерусских пород имеет варианты – PQQ, PQQQ величиной от 600 до 1000 нп. У южных пород (карпатской и краинской) культивируемых на Юго-Востоке Беларуси спейсер имеет величину ~ 350 н.п., что дает возможность выявлять чистопородных и гибридных особей *A. mellifera* и оценить динамику межпородной гибридизации.

Сопоставление результатов морфометрического и мт-ДНК анализа по идентификации породного состава *A. mellifera* позволили однозначно выявлять гибридизацию (до 15%) среднерусской и южных пород медоносных пчел в популяциях Юга Беларуси, что легло в основу предложенных рекомендаций по снижению засорения породного состава.

Гаплоидный набор шмелей в отличие от медоносной пчелы содержит 18 хромосом. Первые черновые варианты геномов были получены в 2015 г. для двух видов шмелей *B. terrestris* (версия Bter_1.0) и *B. impatiens* (BIMP_2.0) генетиками из Техасского и Иллинойского университетов. Размеры геномов для *B. terrestris* (Большой земляной) и *B. impatiens* (Восточный обыкновенный) оказались приблизительно одинаковыми, составили ~2,5x10⁸ н.п. и включали 10 581 и 10 632 структурных генов, соответственно. Следует подчеркнуть, что именно *B. terrestris* и *B. lucorum* являются наиболее эффективными для коммерческого опыления сельскохозяйственных культур.

Хромосомный полиморфизм малярийных комаров таежной зоны Евразии

Гордеев М.И., Климов К.С., Москаев А.В., Панов В.И., Силакова Е.Ю., Темников А.А.

ГОУ ВО МО Московский государственный областной университет, Мытищи

gordeev_mikhail@mail.ru

Определяли географическое распространение и хромосомный состав популяций видов-двойников малярийных комаров рода *Anopheles* (Diptera, Culicidae) в ряде таежных биотопов: в северной и средней тайге (Архангельская обл.), южной тайге (Вологодская обл.) и подтаежной подзоне (Московская, Тверская, Ярославская обл.).

Материалом цитогенетических исследований фауны малярийных комаров послужили выборки личинок IV возраста из 31 местообитания. Из слюнных желез личинок, фиксированных в спирт-уксусной смеси (3:1), были приготовлены препараты политенных хромосом, окрашенных 2%-ным лактоацеторсеином. В результате цитогенетического анализа установлено, что на всей территории таежной зоны преобладают комары *Anopheles messeae* s. l. Fall, 1926. В ряде молекулярно-генетических исследований было установлено, что комары *An. messeae* s. l. представлены двумя совместно обитающими видами с неполной репродуктивной изоляцией - *An. daciae* Linton, Nicolescu & Harbach, 2004, и *An. messeae* s. s. В кариотипах двух криптических видов имеются видоспецифичные инверсии, поэтому по хромосомным перестройкам можно диагностировать присутствие каждого из этих видов в таежных местообитаниях. У вида *An. daciae* видоспецифичной инверсией является XL₀, у комара *An. messeae* s. s. – инверсии XL₂, XL₄, 2R₁. Ранее было установлено, что гомозиготы по видоспецифичной для *An. messeae* s. s. инверсии 2R₁ встречались с частотой 100% на севере таежной зоны. В настоящее время в северных популяциях *An. messeae* s. s. возросла частота гомо- и гетерозигот с инверсией 2R₀. Кроме того, показано, что в настоящее время комары *An. daciae* с сочетанием инверсий XL₀-2R₀ проникли глубоко в северную тайгу и обнаружены в популяции г. Северодвинска с частотой 13,9%. Подобное явление было обнаружено нами ранее в северной тайге на территории Республики Коми. В более южных местообитаниях, в южной тайге и подтаежной подзоне, комары и этими инверсиями встречаются с высокой частотой, а в степной зоне обитает исключительно *An. daciae* с хромосомными вариантами XL₀-2R₀ и XL₁-2R₀.

Мы объясняем изменение хромосомного состава северных популяций малярийных комаров, относящихся к *An. messeae* s. l., глобальным потеплением, которое отразилось на условиях зимовки диапаузирующих имаго и продолжительности сезона размножения. Глобальное потепление способствовало также продвижению на север таежной зоны южных видов, не встречавшихся здесь ранее. Например, отмечено присутствие *An. maculipennis* s. s. Meig, 1818, на юге Архангельской обл. (п. Долматово Вельского р-на). Нами уже было показано появление этого вида в северной тайге - на севере Карелии и на юге Республики Коми, где ранее в 70-е годы этот вид отсутствовал. Отмечено также снижение в северных местообитаниях доли аборигенного для северной тайги хромосомно полиморфного вида *An. beklemishevi* Stegnii et Kabanova, 1976.

Полученные данные позволяют сделать вывод о том, что у малярийных комаров таежной зоны происходит глубокая перестройка исторически сложившейся генетической структуры популяций, обусловленная направленными изменениями климата.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-24-00183, <https://rscf.ru/project/22-24-00183>.

Новый подход к молекулярной дифференциации волка обыкновенного и собаки домашней в судебной биологической экспертизе объектов животного происхождения

Гребенчук А.Е.¹, Парфенова А.С.², Цыбовский И.С.³

¹ Государственный комитет судебных экспертиз Республики Беларусь, Минск, Беларусь

² ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», Минск, Беларусь

³ РУП «БелЮрОбеспечение», Минск, Беларусь

e-mail: iamsanya94@mail.ru

Сложной проблемой в исследовании семейства Псовые (*Canidae*) является дифференциация особей вида волк обыкновенный (*Canis lupus lupus*) и его подвида собаки домашней (*Canis lupus familiaris*). Большинство доступных в научном пространстве разработок базируются на байесовской кластеризации по результатам статистической обработки результатов генотипирования микросателлитных (STR) локусов. Осложняющим фактором при использовании данного подхода является то, что для достоверного отнесения особи животного к дикому или домашнему подвиду *Canis lupus* необходимо предварительное исследование выборки, представляющей конкретный регион.

В судебной экспертизе объектов животного происхождения для проведения идентификационного исследования (отнесения биологических следов к определенной особи животного) первоочередным этапом является определение вида (подвида) животного. Современные коммерческие панели STR локусов, используемые как в науке, так и в судебной экспертизе, ориентированы на использование ДНК собаки домашней с заведомо подтвержденным видовым происхождением, и не учитывают перекрестную активность при использовании ДНК диких представителей псовых, в том числе волка обыкновенного.

Разработанная нами тест-система ДНК-дифференциации диких и домашних представителей семейства Псовые, основанная на методе ПЦР в режиме реального времени, позволяет быстро и достоверно отнести исследуемый образец к дикому или домашнему представителю вида *Canis lupus*. Тест-система предназначена для выявления двух мишеней: гена панкреатической амилазы *Amy2b* и онкогена *vMyc*. Онкоген *vMyc* ранее для данных целей не использовался. Дифференцирующим параметром между подвидами является численное значение количества копий гена панкреатической амилазы. Для диких представителей семейства Псовые количество копий гена амилазы является величиной постоянной, равной 2. У собаки домашней количество копий гена всегда больше, чем 2.

Возможность дифференциации особей волка обыкновенного и собаки домашней с использованием данной тест-системы подтверждена результатами исследований белорусских популяций волка обыкновенного (121 образец), собаки домашней (216 образцов), а верификация проведена с использованием биологических образцов енотовидной собаки (179 образцов), лисицы обыкновенной (в том числе ее черно-бурой морфы; 383 образца) и песца обыкновенного (29 образцов).

Разработанная тест-система применима для использования на двух типах амплификаторов, обеспечивающих нормализацию сигнала в режиме реального времени, а также методом цифровой капельной ПЦР (ddPCR), в том числе с использованием реактивов различных производителей. Валидационные мероприятия проведены в соответствии с протоколом Scientific Working Group on DNA Analysis Methods (научная рабочая группа судебных экспертов по методам ДНК-анализа) и в соответствии с требованиями по стандарту ISO 5725. Итогом разработки тест-системы явилась методика предназначенная для практикующих судебных экспертов и научных сотрудников по профилю исследования.

Проведение ДНК-дифференциации с использованием разработанной тест-системы и установление принадлежности биологического следа волку обыкновенному или собаке домашней делает возможным последующее применение идентифицирующих панелей STR-локусов и формулирование статистически достоверного вывода о принадлежности биологического следа к определенной особи животного подвидов *Canis lupus*.

Структура разнообразия и гибридизация в видовом комплексе *Crocidura suaveolens* s.l.

Грицышин В.А.¹, Лисенкова А.А.¹, Артющин И.В.¹, Шефтель Б.И.²,
Лебедев В.С.³, Банникова А.А.¹

¹ Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва

² Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

³ Зоологический музей МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва

e-mail: vladimir.sokol.gritsyshin.@gmail.com, hylomys@mail.ru

Видовой комплекс «малая белозубка» (*Crocidura suaveolens* s.l.) населяет обширный ареал, на протяжении которого подразделяется на 9–12 форм потенциально видового ранга. Все они, как правило, распространены аллопатрически и, за исключением *C. suaveolens* s. str. и *C. sibirica*, реципрокно монофилетичны по результатам анализа мтДНК. В провинциях КНР Ганьсу и Сычуань была обнаружена новая митохондриальная филогруппа, сестринская к номинативной (*C. aff. suaveolens*). Из-за большой морфологической изменчивости и предполагаемой гибридизации ситуация в зонах контакта требует тщательного генетического анализа.

Мы исследовали структуру разнообразия номинативной формы комплекса *C. suaveolens* s.str., а также всех форм, имеющих с ней зоны контакта: *C. caspica*, *C. guendenstaedtii*, *C. mimula*, *C. shantungensis*, *C. sibirica*, используя данные по 16-и ядерным локусам, полученные Сэнгеровским и таргетным секвенированием на Illumina MySeq. По нефазированным последовательностям методом максимального правдоподобия (ML) получено филогенетическое дерево. Фазирование выполнено в программе PHASE при визуальном уточнении данных NGS. Для оценки степени различия аллельного состава видов и потенциальной генетической интрогрессии использовали метод кластеризации частот аллелей, реализованный в Structure 2.3.4.

Полученная филогенетическая реконструкция по ядерным генам имеет много неразрешенных узлов. Тем не менее, каждая форма, кроме номинативной и *C. aff. suaveolens*, представляет собой поддержанную монофилетическую группировку. *C. suaveolens* s.str. парафилетична относительно *C. caspica* и *C. sibirica*. *C. aff. suaveolens* сближаются с образцами из Бурятии и с хребта Хэнтэй, которые образуют умеренно поддержанную кладу. К ним наиболее близка кладка, образованная *C. shantungensis* из Хингана и Южного Приморья. Анализ частот аллелей методом кластеризации в программе Structure дал наилучший результат при разбиении выборки на 6 групп. Данное решение поддерживает своеобразие всех форм, кроме *C. sibirica*, которая объединяется с *C. suaveolens* s. str. Хорошо поддерживается объединение белозубок с Хэнтэя и из Бурятии с образцами *C. aff. suaveolens*. Между *C. aff. suaveolens* и малой белозубкой с юга и юго-востока Монголии наблюдается обоюдный обмен небольшой долей аллелей. Дополнительный отдельный анализ выборки, включающей только *C. shantungensis*, *C. aff. suaveolens*, *C. suaveolens* s. str. и *C. sibirica*, обнаруживает своеобразие сибирской белозубки. В отличие от митохондриальных данных, по ядерным *C. sibirica* образует хорошо поддержанную монофилетическую кладу внутри разнообразия *C. suaveolens* s.str. Как по результатам анализа в STRUCTURE, так в многомерном шкалировании, особи малой белозубки близки с *C. sibirica*, особенно на юге и юго-востоке Монголии, в Зайсанской низменности и на юге Средней Азии.

Наши данные свидетельствуют, что наряду с ранее описанными формами, белозубки, обитающие к югу от Байкала в России и Монголии и в Китае к востоку от Тибетского плато, представляют собой обособленную форму с дизъюнктивным ареалом, части которой, по видимому, заимствовали мтДНК из разных источников. Сибирская белозубка очень близка к малой белозубке и интенсивно с ней гибридизует, но обладает определенным своеобразием.

Работа поддержана грантом РФФИ №21-14-00007.

Поиск следов межвидовой гибридизации и интрогрессии у скальных полевок подрода *Aschizomys* (Cricetidae, Rodentia)

Двояшов И.А.^{1,2}, Бодров С.Ю.¹, Петрова Т.В.¹, Бондарева О.В.¹, Абрамсон Н.И.¹

¹ Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

² Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург

e-mail: st083456@student.spbu.ru

Род скальных полевок (*Alticola*) включает два подрода: *Alticola* и *Aschizomys*. В последний подрод входят два вида: *A. macrotis* и *A. lemminus*. Первый вид обитает в Забайкалье и в горах Тарбагатай, на юге Сибири в районе озера Байкала до границ Монголии и Казахстана и на севере китайской автономной области Синьцзян. Второй вид населяет горные системы Сибири от реки Лена до Берингова пролива. При изучении филогеографии и эволюционной истории этих видов было выявлено несоответствие деревьев, полученных по митохондриальным и ядерным маркерам, что могло указывать на межвидовую гибридизацию с последующей интрогрессией митохондриальной ДНК. В настоящей работе мы на основе данных полногеномного секвенирования (ddRAD seq) предприняли попытку реконструировать историю процессов дивергентной и ретикулярной эволюции видов подрода, а также рассчитать примерное время этих событий. Полученные данные убедительно свидетельствуют в пользу гипотезы межвидовой гибридизации и интрогрессии митохондриального генома *A. macrotis* в центрально-западных популяциях *A. lemminus*. Наши данные показывают, что интрогрессия митохондриального генома сопровождалась и частичной интрогрессией ядерного генома. Гибридизация с последующей интрогрессией произошла во время широкомасштабного расселения *A. lemminus*, около 86 - 158 тыс лет назад, если основываться на предложенной ранее скорости замен митохондриального субт. Интрогрессия шла из популяции, в настоящее время неизвестной, сестринской к существующим ныне популяциям *A. macrotis*. Вымерла ли эта популяция или же просто не была обнаружена - вопрос открытый.

Работа выполнена при поддержке РФФ № 19-74-20110

Характеристика современного генофонда российских пород овец на основе применения ДНК-чипов высокой плотности

Денискова Т.Е., Доцев А.В., Зиновьева Н.А.

*Федеральный исследовательский центр животноводства –
ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, Московская обл., Подольск, пос. Дубровицы*

e-mail: horarka@yandex.ru

Генофонд отечественных овец характеризуется значительным разнообразием, которое включает в себя грубошерстные, тонкорунные и полутонкорунные породы. Каждая группа представлена ценными уникальными породами. Тем не менее, грубошерстные породы особенно интересны, так как большинство из них было сформировано путем селекции лучших представителей аборигенных овец без привлечения иностранных улучшающих пород. В связи с этим, цель нашей работы – оценка генетического разнообразия и изучение филогенетических взаимоотношений между наиболее яркими представителями грубошерстных пород на основе данных SNP-генотипирования.

Выборка для нашего исследования была представлена 329 образцами овец из 11 грубошерстных пород. Исследуемые образцы овец были генотипированы с использованием ДНК-чипов высокой плотности *Ovine Infinium® HD SNP BeadChip* (Illumina, San Diego, США). Первичная кластеризация генотипов проводилась в программе *GenomeStudio 2.0* (Illumina, San Diego, США). Контроль качества генотипирования проводился в программе *PLINK 1.9*. Далее были исключены SNP, имеющие частоту минорного аллеля (MAF) менее 5%, отклоняющиеся от равновесия Харди-Вайнберга при $p < 10^{-6}$; находящиеся в неравновесии по сцеплению, имеющие неизвестную локализацию и расположенные на половых хромосомах. Параметры генетического разнообразия были рассчитаны с использованием R пакета “*diveRsity*”. Распределение сегментов гомозиготности было изучено с помощью R пакета «*detectRUNS*». Анализ главных компонент был выполнен в *PLINK v1.9* и визуализирован с помощью пакета R «*ggplot2*». Кластерный анализ был проведен с использованием программы *Admixture v1.3* и R пакета «*BITE*». Генетическая сеть *Neighbor Net*, построенная на основе матрицы значений *Fst*, была визуализирована в программе *SplitsTree 4.14.5*. Было показано, что уровень наблюдаемой гетерозиготности составил 0,384 в среднем по всем породам с вариацией от 0,367 до 0,396. Для всех изучаемых выборок был характерен избыток гетерозигот. Изучаемые породы характеризовались относительно низким покрытием генома сегментами гомозиготности. Так, средняя длина сегментов гомозиготности варьировала от 10,85 Мб в группе монгольской породы до 50,87 Мб в группе тушинской породы, а среднее количество сегментов гомозиготности – от 5 до 19 в группах монгольской и тушинской пород, соответственно. Кроме того, было выявлено, что отдельные особи, характеризующиеся более высоким уровнем инбридинга по сравнению со средними показателями по породе, встречаются в нескольких породах: андийская (267,09 Мб и 81 сегмент), карачаевская (272,64 Мб и 78 сегментов) и осетинская (342,18 Мб и 103 сегмента).

Суммируя результаты анализа главных компонент, структуры генетической сети и кластерного анализа, было выявлено несколько закономерностей: во-первых, романовская порода четко дифференцирована от других пород; во-вторых, породы овец северокавказского происхождения формируют свою обособленную группу; в-третьих, каракульская порода демонстрирует некоторую дистанцированность от других пород.

С целью уточнения генетической истории российских грубошерстных пород овец будут дополнительно привлечены представители грубошерстных пород из соседних стран.

При выполнении исследований было использовано оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста. Работа проведена в рамках выполнения задания Министерства науки и высшего образования РФ (тема № FGGN-2022-0002). SNP-профили овец романовской породы были получены при финансовой поддержке РНФ № 21-66-00007.

Математическое моделирование отбора по ограниченному полом признаку: к вопросу о существовании полиморфизма по размеру помета в естественных популяциях песцов

Жданова О.Л.¹, Фрисман Е.Я.²

¹*Институт автоматизации и процессов управления ДВО РАН, Владивосток*

²*Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН, Биробиджан*

e-mail: axanka@iacp.dvo.ru

Известно, что возможности поддержания полиморфизма в условиях изменяющейся среды значительно увеличиваются за счет материнских генетических эффектов и перекрывающихся поколений. В данной работе рассмотрены условия сохранения полиморфизма при комплексном влиянии ограниченного полом признака, возрастной структуры и циклических изменений внешней среды. В ходе исследования мы в значительной степени ориентировались на ситуацию, наблюдаемую у песцов, поскольку один из основных признаков жизненного цикла этих животных – размер помета – является ограниченным полом женским признаком, который подвержен материнскому отбору с циклическими флуктуациями из-за циклов кормовых ресурсов. При этом внешний цикл, связанный с периодическими изменениями в среде обитания, оказывается несимметричным, т.к. в течении этого цикла есть только один пик кормовых ресурсов и три такта с малым их количеством; наиболее плодовитый доминантный генотип при ограничении пищевых ресурсов оказывается менее приспособленным, чем рецессивный генотип с меньшей плодовитостью. Хотя возможности сохранения полиморфизма при таком типе отбора в циклически изменяющихся условиях посвящено немало работ, как правило рассматривается симметричный внешний цикл (цикл длины 2), при котором доминантный и рецессивный генотипы оказываются в равных условиях. Кроме того, песцы являются долгоживущим видом, характеризующимся наличием возрастной структуры. А вопрос о поддержании полиморфизма по размеру помета у этого вида не вполне ясен.

В данной работе предложена модель отбора по признаку, ограниченному полом и проявляющемуся у особой женской части популяции. Понимание результатов действия отбора по таким признакам весьма важно. Однако применение классических уравнений математической теории популяционной генетики здесь ограничено тем фактом, что генотип потомков определяют оба родителя, а их выживаемость - генотип матери. В результате нарушаются соотношения Харди-Вайнберга, связывающие частоты аллелей и генотипов в смежных поколениях, что приводит к необходимости писать уравнения эволюции для частот генотипов, а не аллелей, как в классической теории отбора, и делает эволюционные уравнения крайне сложными даже в случае однородной популяции без учета ее возрастной структуры. Модель модифицирована для описания отбора по такому признаку в экологически лимитированной популяции с возрастной структурой. В работе показано, что отбор по ограниченному полом признаку, обеспечивает поддержание полиморфизма по размеру помета в более широком диапазоне значений данного параметра, чем отбор по признаку, не ограниченному полом, описываемый классической моделью отбора для случая, когда выживаемость и плодовитость особи определяются только ее собственным генотипом вне зависимости от пола. Расширение предложенной модели отбора на популяцию с двумя стадиями развития позволило показать, что полиморфизм по размеру помета возможен в еще более широких границах значений рассматриваемого параметра.

Генетическая идентификация стад горбуши бассейна Охотского моря

Зеленина Д.А.¹, Косицына А.И.¹, Сергеев А.А.¹, Сошнина В.А.^{1,2}, Шпигальская Н.Ю.¹

¹*Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии (ВНИРО), Москва*

²*Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова, Москва*

e-mail: d.zelenina@gmail.com

Идентификация стад горбуши бассейна Охотского моря представляет собой одну из животрепещущих проблем, стоящих перед российской рыбохозяйственной наукой. Среди всех видов тихоокеанских лососей горбуша наименее предсказуема и наиболее сложна для прогнозирования; и это притом, что ввиду своей высокой численности она является одним из ключевых объектов рыболовства на Дальнем Востоке. Определение доли рыб из основных регионов воспроизводства в смешанных морских скоплениях на настоящий момент представляет собой наиболее актуальную задачу. Наряду с применением традиционных ихтиологических подходов, неоднократно были предприняты попытки дифференцировать региональные стада горбуши с помощью молекулярно-генетических маркеров – митохондриальных и нейтральных ядерных, однако их разрешающая способность оказалась недостаточной. Вместе с тем известно, что наилучшие результаты при дифференциации группировок рыб различного уровня были получены при использовании генетических маркеров, находящихся под давлением отбора, а именно адаптивных SNP-локусов.

В представленной работе мы использовали SNP-маркеры, так называемые Fst-аутлайеры, которые, согласно статистическому анализу, обеспечивали наилучшую дифференциацию ряда популяций горбуши, исторически произошедших из Берингийского рефугиума, от северной Аляски до Японии. Последовательности ДНК, использованные нами для разработки праймеров для проведения KASP-генотипирования, были получены в Университете штата Вашингтон (США) и любезно предоставлены др. Джеймсом Сибом. По результатам предварительного тестирования были составлены две панели SNP-маркеров, состоящих из 8 «чётных» локусов и 11 «нечётных».

Сравнительный анализ популяционных выборок, проведенный с использованием такого малого количества биаллельных SNP-локусов, позволил надежно дифференцировать стада горбуши из различных регионов воспроизводства в пределах бассейна Охотского моря, что не представлялось возможным при использовании аналогичного числа нейтральных микросателлитных локусов, полиморфизм каждого из которых больше на порядок. При анализе горбуши чётных и нечётных лет нереста были выявлены сходные тенденции в дифференциации региональных группировок: наибольшие различия были выявлены между совокупностью северных популяций, включающей стада западной Камчатки и Магаданского побережья, и популяциями южнокурильского острова Итуруп.

Подводя итоги, хотелось бы отметить, что разработанная нами панель SNP-маркеров позволяет в основном дифференцировать стада горбуши на региональном уровне. Тем не менее, мы проводим поиск собственных SNP-локусов, подходящих, в первую очередь, для решения локальных задач: дифференциации стад внутри северного кластера, разделения южного пула выборок на сахалинскую и материковую составляющие, выявления различий между группировками горбуши из различных районов острова Сахалин.

Применение данного подхода дает возможность идентифицировать региональное происхождение горбуши бассейна Охотского моря в смешанных скоплениях, что повышает точность прогнозирования подходов в период нереста и способствует оптимизации промысла.

Генетическое разнообразие трематоды *Asymphylogora ussuriensis* sp. n. юга Дальнего Востока России по данным секвенирования участка гена COI мтДНК

Ивашко Я.И.^{1,2}, Атопкин Д.М.^{1,2}

¹ ФНЦ Биоразнообразия ДВО РАН, Владивосток

² Кафедра клеточной биологии и генетики, ДВФУ, Владивосток

e-mail: ivashko.yana@bk.ru

Ранее на юге Дальнего Востока России были обнаружены два представителя рода *Asymphylogora* – *A. japonica* (Yamaguti, 1938) и *A. markewitschi* (Kulakowskaja, 1947), для которых промежуточными хозяевами выступают моллюски *Parafossarulus manchouricus* и *Boreoelona ussuriensis* (Gastropoda), соответственно (Besprozvannykh et al., 2012).

Однако последние данные показали, что морфологические признаки найденных трематод отличаются от таковых для *A. markewitschi* и *A. japonica*, представленных при их первом описании. На этом основании, а также по результатам молекулярных исследований последовательностей фрагмента гена 28S рРНК таксономический статус обнаруженных трематод был пересмотрен: эти черви были признаны новыми видами рода *Asymphylogora*: *A. ussuriensis* sp. n. и *A. khankensis* sp. n.

В настоящей работе по данным секвенирования фрагмента митохондриального гена первой субъединицы цитохром оксидазы С (COI) мы выполнили анализ внутривидового генетического разнообразия популяций *A. ussuriensis*, как наиболее распространенного вида из семейства Lissorshiidae, циркулирующего через моллюсков рода *Parafossarulus* и использующий карасей *Carassius auratus* в качестве окончательных хозяев.

Сбор материала осуществлялся в 4 локалитетах Приморского края. Проводили морфологическое определение и оценку генетической изменчивости в каждой популяции по параметрам гаплотипического (Hd) и нуклеотидного разнообразия (π). В результате в анализ включена 41 последовательность гена COI мтДНК из 5 локальных выборок, включая 2 от разных окончательных хозяев: *C. auratus* и *Cyprinus carpio* из р. Арсеньевка. Длина полученного участка гена составила 748 н.п. Средний показатель внутривидовых различий составил $4.16\% \pm 0.47$. Наиболее высокий уровень полиморфизма был выявлен для популяции из реки Арсеньевка (хозяин *C. auratus*). Наиболее низкий уровень полиморфизма – для популяции из озера в посёлке Соловей-Ключ. Значения индексов генетического разнообразия варьируют в диапазоне: π 0 – 0,12533, Hd от 0,15385 до 1. Наиболее высокие значения Hd и π характерны для выборки из р. Арсеньевка (от *C. auratus*). Наиболее низкие – для выборки из озера на территории п. Соловей-Ключ. Параметры указывают на разный уровень генетической гетерогенности для северных и южных локальных выборок *A. ussuriensis* на исследуемой территории

Попарные межпопуляционные различия по данным расчета р-дистанций составили в среднем 4.6 % ($0.65 \pm 0.25\%$ – $8.54 \pm 0.67\%$). Значения индекса дифференциации Fst при попарном сравнении выборок варьировали от 0 до 0,26. Эти относительно низкие значения индекса дифференциации свидетельствуют о высоком генетическом сходстве всех сравниваемых выборок по данному молекулярному маркеру. Экстраполируя эти данные на значения генетических дистанций между локальными выборками, последние можно предварительно интерпретировать как внутривидовые.

Популяционно-генетическая структура степного волка России и Казахстана по микросателлитным локусам

Казимиров П.А.¹, Леонтьев С.В.^{2,3}, Нечаева А.В.¹, Белоконь М.М.¹, Белоконь Ю.С.¹,
Бондарев А.Я.⁴, Давыдов А.В.⁴, Политов Д.В.¹

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

²Казахский агротехнический университет им. С. Сейфуллина, Нур-Султан, Республика
Казахстан

³Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск

⁴ФГБУ «Федеральный центр развития охотничьего хозяйства», Москва

Вопрос о подвидах волка *Canis lupus* Linnaeus, 1758 (Mammalia: Carnivora: Canidae), обоснованности их выделения, статусе и генетической основе наблюдаемых морфоэкологических различий широко дискутировался в течение всей истории изучения этого несомненно самого важного для человека крупного хищника. Несмотря на способность к распространению на большие расстояния, основную роль в которых играет натальная миграция, что должно вести к перемешиванию генетического материала, волк отдельных регионов и природных зон имеет своеобразие морфологических признаков, экологии и поведения, что явилось основанием для выделения многочисленных подвидов. Степной волк (номинативный подвид *C. l. campestris*), распространённый в Палеарктике к югу от зоны лесов Европы и Западной Сибири, выделяется в большинстве внутривидовых классификаций вида, однако его статус часто подвергается сомнению, а генетические различия, лежащие в основе фенотипического своеобразия, крайней слабо изучены. Морфологические различия его с волками других экотопов бореальной и умеренной зон Северной Евразии достаточно слабо выражены и касаются, главным образом, размеров и окраски, то есть признаков, подверженных отбору в конкретных условиях среды на фоне потенциально интенсивного обмена генами между локальными популяциями. Мы провели популяционно-генетическое исследование волка на части ареала в России и Казахстане с целью получить новые данные о происхождении, генетических связях, состоянии генофонда и оценить статусе степного волка. С помощью анализа изменчивости 18 аутосомных микросателлитных локусов ядерной локализации показано, что уровень внутривидового генетического разнообразия степного волка Казахстана достаточно высок, аллельное и генное разнообразие сравнимо с популяциями степного волка других регионов (степи Европейского юга России) и лесного и горно-лесного экотипов, населяющих Кавказ, Приуралье и Западную Сибирь. Анализ дифференциации изученных выборок в программе *STRUCTURE* позволяет сделать заключение о наличии в генофонде степного волка как местного кластера генотипов, так и иммигрантов из соседних, прилегающих к степи с севера, территорий. Обсуждается возможное влияние антропогенного пресса в виде регулирования численности популяций волка в советское и постсоветское время, наличие автохтонного компонента в нынешнем генофонде степных волков и последствия последующей реколонизация степной зоны из окружающих донорских популяций. Данные могут быть использованы в практике контроля популяций волка и управления популяционным генофондом хищника.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта Российского фонда фундаментальных исследований 18-04-01300, а также частично в рамках темы госзадания (ИОГен РАН) 0112-2019-0001.

Генофонд соболя Среднесибирского плоскогорья. Анализ генных потоков

Каштанов С.Н.¹, Онохов А.А.¹, Вэй Ц.², Филимонов П.А.¹

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

²Московский физико-технический институт, Долгопрудный

e-mail: snkashtanov@mail.ru

Исследован уровень генетической дифференциации популяций соболя Среднесибирского плоскогорья и ряда сопредельных территорий, в качестве генетических маркеров использовали 15 микросателлитных локусов. Популяции соболя, обитающие на Среднесибирском плоскогорье, являются нативными. В период снижения численности соболя именно из этого региона отбирались животные для восстановления популяций Западной Сибири и Дальнего Востока. На ареале вида, Среднесибирского плоскогорья, сформировался ряд уникальных популяционных структур, исторически сложившихся и охваченных интенсивным промыслом, в последние 300 лет. Для оценки популяционной структуры выполнили кластеризацию популяций соболя Байесовским методом, выявлено пять кластеров. Это два северных кластера, правобережья реки Енисей и левобережья реки Лена, кластер центральной части плоскогорья и кластер популяций, расположенных восточнее озера Байкал. Кроме этого, отдельным кластером выделяется популяция соболя северо-западной физико-географической провинции Алтая, что подтверждает данные ранее проведенных исследований (Каштанов и др. 2018; Ranyuk et al. 2021). Отдельный кластер популяций Байкальской горной страны отличается низкой дифференциацией в своей группе и объединяется в один узел на дендрограмме с вероятностью более 62%. Анализ динамики возрастной структуры соболя показывает, высокую долю молодняка до 70%, что свидетельствует о высокой сезонной миграционной активности (Сафронов 2016). Ранее в середине прошлого века, с открытием промысла соболя на всем ареале вида, молодые зверьки составляли не более трети в промысловых партиях (Ревин и др. 1998). Рост численности вида, следствие изменений климатических условий, которые приводит к повышенной территориальной конкуренции. Молодняк соболей текущего года рождения вынужден увеличивать сезонный миграционный пробег в поисках собственных участков обитания. Исследования миграционных возможностей вида показывают, что дальность сезонных миграций (расселение молодняка) может превысить 200 км (Черников 2006). В исследовании подтвердилось высказанное ранее предположение о существовании южного миграционного потока между выборками Байкальского региона и Саяно-Алтайской горной страной, более того генные потоки на западе объединяются с популяциями Западной Сибири (Каштанов и др. 2015). Помимо этого, нами выявлены меридианные миграции из популяций «оленинского» подвида соболя (северная часть левого берега реки Лена) на север, где соболь расселяется в нехарактерную для него нишу - зону тундры. Первые мигранты в этом районе регистрировались еще в 2015 году, на сегодняшний день здесь формируется новая популяционная структура (Каштанов и др. 2022).

Эволюция генов и таксономические взаимоотношения популяций (подвидов) пчел *Apis cerana* Кореи и Вьетнама

Кинзикеев А.К.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Уфа, Республика Башкортостан

e-mail: kinzikeev@bk.ru

Цель нашего исследования изучить эволюцию генов и таксономические взаимоотношения популяций (подвидов) пчел *Apis cerana*, Кореи и Вьетнама. Подвиды *Apis cerana* обитающие в южных и северных регионах Азии представляют большой интерес по изучению локальных адаптаций. Результаты данного исследования смогут быть применены в решении прикладных аспектов сельского хозяйства.

Азиатская пчела *Apis cerana* имеет важное значение для сельского хозяйства Азии. Кроме опыления сельскохозяйственных культур, она также производит мед, прополис, маточное молочко, пергу, пыльцу, а также является единственными опылителями уникальных эндемичных азиатских растений. Последние исследования показали, что существует шесть «морфокластеров», основанные на многомерном морфометрическом анализе 12 морфологических признаков.

Популяции *A. cerana* из Кореи и Вьетнама остаются недостаточно изученными. Морфометрические маркеры, которые были использованы для анализа *A. cerana*, не достаточно информативны чтобы раскрыть генетическое разнообразие, изменчивость и биогеографическую историю *A. cerana*. Предыдущие исследования, основанные на полиморфизме отдельных локусов мтДНК, не выявили филогенетической дифференциации азиатских популяций *A. cerana*.

Планируется изучить эволюцию генов и оценить таксономическое разнообразие *Apis cerana* на основе полиморфизма генов мтДНК (*ND1* - 6, *COX1* - 3, *CYTB*, *ATP6* и 8, *L* и *Srrna*) и на основе полиморфизма генов яДНК (*VG*, *EF1 - a*, *DEF*, *FOX*, *CRZ*, *TK*, *AST*, *OK*, *GR10*). Установить исторические пути миграции *Apis cerana* в Азии на основе полиморфизма генов мтДНК (*ND1* - 6, *COX1* - 3, *CYTB*, *ATP6* и 8, *L* и *Srrna*) и яДНК (*VG*, *EF1 - a*, *DEF*, *FOX*, *CRZ*, *TK*, *AST*, *OK*, *GR10*). Разработать рекомендации по созданию природоохранных территорий для сохранения и изучения редкого эндемика *Apis cerana* на основе фундаментальных и прикладных аспектов проведенного научного исследования.

SNP на Chr.5 с высоким дифференцирующим потенциалом для различения *Sus scrofa scrofa* и *Sus scrofa domesticus*

Кипень В.Н.

ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск, Беларусь

e-mail: v.kipen@igc.by

Задача по дифференциации дикого кабана (*Sus scrofa scrofa*) и домашней свиньи (*Sus scrofa domesticus*) может быть решена с использованием анализа трех полиморфных вариантов (SNP, Single Nucleotide Polymorphism) в генах *MC1R*, *NR6A1* и *HEPH* [DOI: 10.31857/S0016675820080068]. Ранее в гене *HEPH* на основании биоинформатического анализа SRA для особей вида *Sus scrofa* нами был выявлен дополнительный полиморфный вариант с предположительно высоким дифференцирующим потенциалом – H3GA0051811 (*HEPH*).

Известно, что ген *HEPH* (hephaestin, NCBI Gene ID: 100512938) расположен на X-хромосоме (NC_010461.5 (52314911..52397384), Sscrofa11.1 (GCF_000003025.6)). Чтобы нивелировать данный факт, т.е. предложить научным исследователям и криминалистам-экспертам SNP с высоким дифференцирующим потенциалом, которые располагались бы на аутосомах, был проведен широкомасштабный биоинформатический анализ 280 геномов особей *Sus scrofa* (проекты PRJNA41185, PRJNA176478, PRJEB1683, PRJNA239399, PRJNA260763, PRJNA255085, PRJEB9922, PRJNA309108, PRJNA322309, PRJNA343658, PRJNA358108, PRJNA369600, PRJNA378496, PRJNA393920, PRJNA487172, PRJNA506339, PRJNA507853, PRJNA485589, PRJNA488960, PRJNA550237, PRJNA520978, PRJNA553106, PRJNA671763, PRJNA626370, PRJNA622908).

Биоинформатический анализ включал два последовательных этапа. На первом этапе был сформирован максимально широкий перечень потенциально информативных SNP, в который вошли как ранее описанные SNP [DOI: 10.29235/1817-7204-2021-59-4-464-47], так и фланкирующие их SNP из Axiom® Porcine Genotyping Array (Axiom_PigHDv1) от Affymetrix©, а также SNP, для которых по состоянию на начало 2021 года имелась доказанная ассоциация с QTL (Quantitative Trait Locus) и была представлена информация в Pig Quantitative Trait Locus Database – Pig QTLdb (<https://www.animalgenome.org>). Общее количество SNP в анализе на первом этапе – 7451. Секвенированные нуклеотидные последовательности особей *Sus scrofa domesticus*, которые анализировали на данном этапе, были представлены в формате *.fasta и имели статус «aligned» (выровненные) для каждой хромосомы. На втором этапе был сформирован сокращенный перечень SNP, для которых с использованием ROC-анализа были выявлены статистически значимые ассоциации ($p < 0,001$). Секвенированные нуклеотидные последовательности особей *Sus scrofa domesticus*, которые анализировали на данном этапе, были представлены в формате SRA, которые дополнительно конвертировали в формат *.fasta с использованием пакета SRA-Toolkit v.2.11. Для автоматизации процесса поиска нуклеотидных последовательностей *in silico*, фланкирующих искомым аллель, использовали скрипт на языке программирования Python v.3.10 с использованием среды разработки программного обеспечения Jupyter Notebook. Дифференцирующий потенциал для SNP проводили с использованием ROC-анализа в SPSS v.20.0.

В результате, на 5 хромосоме были определены новые, ранее не описанные SNP, обладающие высоким дифференцирующим потенциалом для различения *Sus scrofa scrofa* и *Sus scrofa domesticus*, часть из них представлена ниже: Chr.5:g.55841466G>T (AUC=0,951, 95% ДИ=[0,923-0,979], $p < 4,22E-17$), Chr.5:g.55894380C>T (AUC=0,913, 95% ДИ=[0,850-0,977], $p < 1,87E-17$). Дальнейший молекулярно-генетический анализ позволит охарактеризовать дифференцирующий потенциал данных SNP в приложении к особям, обитающим в Беларуси и России.

Дифференциация *Bos grunniens* и *Bos taurus* на основании полиморфизма SNP

Кипень В.Н.¹, Исакова Ж.Т.²

¹ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск, Беларусь

²Научно-исследовательский институт молекулярной биологии и медицины,
Бишкек, Кыргызская Республика

e-mail: v.kipen@igc.by

Представители домашнего крупного рогатого скота (*Bos taurus*) и одомашненного яка (*Bos grunniens*) способны свободно скрещиваться, что используют селекционеры и заводчики в своей практике. Однако перед скрещиванием особей данных видов необходимо убедиться в их генетической чистоте и отсутствии неспецифических для вида аллелей. Выявление и документирование недавно гибридизированных животных (в пределах трех поколений) также может иметь важное значение для сохранения подлинной зародышевой плазмы *Bos grunniens* при воспроизводстве здоровых и генетически разнообразных животных. Таким образом, цель данного исследования – с использованием методов биоинформатики выявить SNP с высоким дифференцирующим потенциалом для подтверждения генетической чистоты особей *Bos taurus* и *Bos grunniens*.

Генотипы *in silico* для животных, геномы которых были представлены в открытом доступе в NCBI (проекты PRJNA217895, PRJNA285834, PRJNA74739, PRJNA508864, PRJNA531398, PRJNA431934, PRJNA762180; общий объем выборки – 305 особей (*Bos grunniens* – 90, *Bos mutus* – 3, *Bos taurus* – 200)), были представлены в формате SRA, которые дополнительно конвертировали в формат *.fasta с использованием пакета SRA-Toolkit v.2.11. Для автоматизации процесса поиска нуклеотидных последовательностей *in silico*, фланкирующих искомый аллель, использовали скрипт на языке программирования Python v.3.10 с использованием среды разработки программного обеспечения Jupyter Notebook. Дифференцирующий потенциал для SNP проводили с использованием ROC-анализа в SPSS v.20.0. Комплексную оценку дифференцирующего потенциала для совокупности SNP проводили с использованием программы MDR v. 3.0.2.

С использованием методов биоинформатики были проанализированы 1740 SNP в геномах *Bos grunniens*, *Bos mutus* и *Bos taurus*. Выбор регионов поиска был обусловлен результатами, полученными в исследовании Kalbfleisch T. et al. (2020). Хромосомные позиции указаны по отношению к сборке генома *Bos taurus* ARS-UCD 1.3 (GCF_002263795.2). На основании полученных результатов выделены несколько значимых SNP с высоким дифференцирующим потенциалом, например: Chr.2:g.35649699T>G – AUC = 0,961, 95% ДИ 0,899-1,0, p=6,62E-09; Chr.4:g.68157406G>T (*JAZF1*) – AUC = 0,990, 95% ДИ 0,966-1,0, p=9,86E-15; Chr.9:g.8207875T>G (*ADGRB3*) – AUC = 0,995, 95% ДИ 0,951-1,0, p=7,07E-10; Chr.12:g.16580735C>G (*LRCH1*) – AUC = 0,947, 95% ДИ 0,916-0,998, p=1,06E-11; Chr.14:g.33601230T>G (*SLCO5A1*) – AUC = 0,972, 95% ДИ 0,951-1,0, p=6,33E-11; Chr.19:g.52939160C>G (*RBFOX3*) – AUC = 0,987, 95% ДИ 0,958-1,0, p=1,31E-13; Chr.19:g.62562270G>C (*CEP112*) – AUC = 0,983, 95% ДИ 0,944-1,0, p=9,81E-11; Chr.20:g.7061942T>A – AUC = 0,981, 95% ДИ 0,962-1,0, p=3,31E-13; Chr.21:g.8351691T>G – AUC = 0,971, 95% ДИ 0,928-1,0, p=1,35E-12 и Chr.22:g.3799624T>A – AUC = 0,952, 95% ДИ 0,931-1,0, p=7,94E-13.

В результате, сбалансированная точность дифференциации (adj. Balanced accuracy) *Bos taurus* от *Bos grunniens* (включая *Bos mutus*) по трем SNP – Chr.4:g.68157406G>T (*JAZF1*), Chr.14:g.33601230T>G (*SLCO5A1*) и Chr.20:g.7061942T>A, – составила 96,8% (специфичность модели – 100%, чувствительность – 100%). В 7,86% случаев особь не удалось отнести ни к одному кластеру с заявленным в MDR уровнем точности в 99,0%. Дальнейший молекулярно-генетический анализ позволит охарактеризовать дифференцирующий потенциал данных SNP в приложении к особям, обитающим в Беларуси и Кыргызстане.

Установление принадлежности биологических образцов к диким или домашним представителям вида *Canis lupus* с использованием SNP на основании биоинформатического анализа

Кипень В.Н.¹, Снытков Е.В.¹, Патрин М.М.²

¹ ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск, Беларусь

² ООО «Максим Медикал», Москва

e-mail: v.kipen@igc.by

Дифференциация (различение) биологических образцов, принадлежащих особям видов *Canis lupus* и *Canis lupus familiaris*, с использованием молекулярно-биологических методов является актуальной задачей как при решении ряда популяционно-генетических задач, так и в отношении приложений криминалистической направленности. Так, в работе Гребенчук А.Е. и др. (2016) обсуждалась необходимость в решении данной задачи, в первую очередь, для задач криминалистики. Также в работе Хейдоровой Е.Э. и др. (2018) была отмечена необходимость изучения генетического разнообразия *Canis lupus* на основе ядерного генома для объяснения нетипичных для волка морфологических особенностей, которые могут быть следствием гибридизации с домашними собаками.

Цель данного исследования – с использованием методов биоинформатики выявить SNP с высоким дифференцирующим потенциалом для установления принадлежности биологических образцов к диким или домашним представителям вида *Canis lupus*.

Генотипы *in silico* для животных, геномы которых были представлены в открытом доступе в NCBI (проекты PRJNA263947, PRJNA319610, PRJNA358192, PRJNA417738, PRJNA448733, PRJNA494815, PRJNA517114; общий объем выборки – 805 особей (*Canis lupus* – 39, *Canis lupus familiaris* – 766)), определяли с использованием on-line алгоритма SRA-Blast (файлы в формате *.sam) и программы Unipro UGENE v.1.31.1. Дифференцирующий потенциал SNP определяли с использованием ROC-анализа в SPSS v.20.0. Комплексную оценку дифференцирующего потенциала для совокупности SNP проводили с использованием программы MDR v. 3.0.2.

С использованием методов биоинформатики были проанализированы на наличие SNP с высоким дифференцирующим потенциалом два региона в геноме *Canis lupus familiaris* – Chr.13:g.27000000–29000000, Chr.30:g.800000–1600000. Выбор данных регионов был обусловлен результатами, полученными в исследовании Vonholdt В.М. et al. (2010). Предварительные результаты позволили выделить несколько значимых SNP, например, g.27748425T>C (ген *ADCY8*) и g.1414373T>C (ген *RYR3*). Дифференцирующий потенциал для SNP g.27748425T>C (*ADCY8*) – AUC = 0,949, 95% ДИ 0,933-0,965, p=2,77E-21; для SNP g.1414373T>C (*RYR3*) – AUC = 0,874, 95% ДИ 0,817-0,931, p=3,20E-15.

В результате, сбалансированная точность дифференциации (adj. Balanced accuracy) волка от домашней собаки при совокупном анализе 805 образцов по двум SNP – g.27748425T>C (*ADCY8*) и g.1414373T>C (*RYR3*), – составила 96,4% (специфичность модели – 95,8%, чувствительность – 100%). В 6,3% случаев особь не удалось отнести ни к одному кластеру с заявленным в MDR уровнем точности в 99,0%. Некорректная дифференциации в совокупности показана для 4,0% особей (для *Canis lupus* все особи были определены корректно).

Генетический полиморфизм населения волка (*Canis lupus* L.) Карелии в условиях интенсивного промысла на основании анализа фрагмента контрольного региона мтДНК

Кузнецова А.С., Тирронен К.Ф.

Институт биологии – обособленное подразделение Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра «Карельский научный центр Российской академии наук» (ИБ КарНЦ РАН), Петрозаводск

e-mail: Kuznecova_Nastya@inbox.ru

Популяционная группировка волка, населяющая территорию Республики Карелия, находится в условиях постоянного антропогенного давления, проявляющегося в виде интенсивной охоты. Так, за последнее десятилетие межгодовая численность вида в преддверии сезона размножения колеблется в пределах от 260 до 420 животных, а их добыча составляет от 103 до 225 особей. Особенности географического положения Карелии во многом определяют генетическую структуру популяций многих населяющих ее видов животных. Генетическая связь населения волка республики с другими регионами страны реализуется, главным образом, через т.н. «экологические таежные коридоры» Фенноскандии. Интенсивность обмена («подпитки») определяется как функциональным значением коридоров, так и процессами, протекающими в самих популяциях (территориальных группировках). В последнее десятилетие, по сравнению с первой декадой нового тысячелетия, доля изъятия волка в регионе значимо возросла ($Tt = 2,11$, $p < 0,005$), достигая, в отдельные годы, 69% от послепромысловой численности. Теоретически это подготавливает хорошие условия для интенсивного притока мигрантов.

Изучение генетического полиморфизма по фрагменту контрольного региона I мтДНК размером 392 п.н. выполнено для 56 особей волка с территории Республики Карелия. Число полиморфных сайтов составило 5, гаплотипическое разнообразие – $0,505 \pm 0,018$, нуклеотидное разнообразие – 0,00644. Всего было получено 2 гаплотипа с частотой встречаемости 0,45 и 0,55. Сравнивая с данными из GenBank, установлено полное совпадение одного из двух гаплотипов с гомологичными нуклеотидными последовательностями у волков из Латвии, Эстонии и Швеции, а другого гаплотипа – с волками из России (в районе Уральских гор). Полученные результаты демонстрируют формирование генетической структуры населения волка, территориально приуроченной к экологическим коридорам, а в районах с наиболее интенсивным промыслом и на «стыках» эко-коридоров наблюдается присутствие обоих гаплотипов примерно в равных пропорциях.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-24-00218.

Новые данные о филогеографии бурого медведя (*Ursus arctos* L.) Северо-Запада России на основании анализа фрагмента контрольного региона мтДНК

Кузнецова А.С.¹, Тирронен К.Ф.¹, Футоран П.А.²

¹ *Институт биологии – обособленное подразделение Федерального государственного бюджетного учреждения науки Федерального исследовательского центра «Карельский научный центр Российской академии наук» (ИБ КарНЦ РАН), Петрозаводск*

² *Федеральное государственное бюджетное учреждение «Национальный парк «Кенозерский» (ФГБУ «НП «Кенозерский»), Архангельск*

e-mail: Kuznecova_Nastya@inbox.ru

Изучение филогеографической структуры населения бурого медведя Северо-Запада России выполнено с использованием короткого фрагмента контрольного региона мтДНК длиной 270 п.н. Всего проанализировано 28 образцов биоматериала бурого медведя из Республики Карелия, Мурманской и Архангельской областей. В результате анализа выявлено 10 гаплотипов, 5 из которых оказались уникальными. Полученные последовательности сформировали 4 гаплогруппы. Число полиморфных сайтов составило 4, гаплотипическое разнообразие - $0,267 \pm 0,107$, нуклеотидное разнообразие - 0,00209.

В Мурманской области (n=7) выявлено 2 гаплотипа, один из которых был представлен только на этой территории и совпал с ранее зарегистрированными гомологичными нуклеотидными последовательностями мтДНК у современного бурого медведя из Сибири, Камчатки, Аляски и у одного из ископаемых послеледниковых медведей из Норвегии. Другой – был так же единично представлен в нашей выборке в Карелии и Архангельской области и ранее обнаружен у медведей из Европейской части России, Сибири, Камчатки, Финляндии, Румынии и Эстонии. Ранее, в Карелии был выявлен 1 гаплотип мтДНК бурого медведя (n=3). Нами в карельской выборке (n=15) получено 7 гаплотипов, из которых 6 оказались идентичными гомологичным последовательностям фрагмента контрольного региона мтДНК бурого медведя из Европы, различных частей России, а также у «послеледникового» медведя из Норвегии. Только одна нуклеотидная последовательность, принадлежавшая медведю с севера Карелии, ранее не была зарегистрирована в международной базе данных GenBank. В Архангельской области (n=6) определено 4 гаплотипа, из которых два – общие с Карелией и Мурманской областью, 1 гаплотип ранее не был зарегистрирован в GenBank, а последний оказался идентичен нуклеотидной последовательности мтДНК бурого медведя из Аляски.

Полученные нами данные дополняют картину формирования современной филогеографической структуры бурого медведя Евразии, позволят проследить современные миграционные потоки, а также пути «послеледниковой» реколонизации Фенноскандии бурым медведем.

Исследование выполнено в рамках работы по государственному заданию № FMEN-2022-0003.

Изменчивость гена *BOLA-DRB3.2* крупного рогатого скота как следствие действия разных типов отбора

Лазебная И.В.¹, Лазебный О.Е.²

¹Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

²Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва

e-mail: Lazebnaya@mail.ru

Ген *BOLA-DRB3* главного комплекса гистосовместимости класса II является наиболее вариабельным среди других генов этого класса у крупного рогатого скота, главным образом, за счет второго экзона (*BOLA-DRB3.2*), кодирующего пептидсвязывающую область трансмембранного гетеродимерного белка. Данный ген экспрессируется в специализированных антиген-презентирующих клетках: макрофаги, В-лимфоциты и дендритные клетки, и обеспечивает узнавание широкого спектра антигенов. Известно 54 аллеля *BOLA-DRB3.2*, определяемых методом ПЦР-ПДРФ. К настоящему времени накоплен значительный объем данных об аллельной изменчивости гена *BOLA-DRB3.2*, в том числе у российских пород. Однако не в полной мере охарактеризована внутри- и межпородная изменчивость представителей вида *Bos taurus*, к которому принадлежат практически все российские и европейские породы, а также отсутствуют четкие представления о влиянии селекционных и эволюционных процессов на аллельное разнообразие рассматриваемого района гена *BOLA-DRB3.2*.

Нашей целью являлся анализ собственных данных и опубликованных другими авторами по аллельной изменчивости гена *BOLA-DRB3.2* для получения оценок внутри- и межпородной изменчивости у крупного рогатого скота и расширения представления о возможной связи с разными типами отбора.

Проанализирован массив собственных данных и данных других исследователей о полиморфизме гена *BOLA-DRB3.2*, содержащий более 40 популяций, общей численностью более четырех тысяч животных, относящихся к 17 породам. Оценен уровень ожидаемой гетерозиготности (H_e), рассчитаны попарные расстояния Нея (D_{Nei}), которые использованы для дифференциации выборок методом кластеризации с использованием алгоритма NJ и многомерного шкалирования.

Оценены уровни внутри- и межпородной подразделенности на основе попарных значений статистики Райта (F_{st}): внутрипородная варьирует от 2.09% у голштинской породы до 4.55% у костромской породы, тогда как межпородная подразделенность на примере группы пород колумбийского креольского скота составила 5.65%. Установлена четкая внутрипородная дифференциация популяций с разной степенью их удаленности друг от друга (среднее попарное генетическое расстояние по Нею, D_{Nei} : от 0.158 у голштинской породы до 0.278 у костромской породы). Для ряда пород, данные о которых были доступны, выполнен внутри- и межпородный анализ генотипической изменчивости. У одной из российских пород методом кластеризации по Байесу показана подразделенность по разным кластерам популяций, подвергшихся селекционному отбору на признаки молочной и мясной продуктивности. Эволюционные изменения аллельного разнообразия фиксируются у аборигенных пород, не подвергавшихся интенсивной селекции, исходя из особенностей их содержания, например, свободного выпаса животных в течение значительной части года, отсутствия подбора репродуктивных пар. Обсуждается характер изменчивости гена *BOLA-DRB3.2*, определяемый разными типами отбора.

Исследование контактной зоны двух форм мохноногого тушканчика *Dipus sagitta* на территории Монголии

Лисенкова А.А.¹, Лебедев В.С.², Снытников Е.А.¹, Шенброт Г.И.³, Банникова А.А.¹

¹Биологический факультет, Московский государственный университет
им. М.В. Ломоносова, Москва

²Зоологический Музей Московского государственного
университета им. М. В. Ломоносова, Москва

³Mitrani Department of Desert Ecology, Jacob Blaustein Institutes for Desert Research, Ben-
Gurion University of the Negev, Midreshet Ben-Gurion, Israel

e-mail: biolisenkova@yandex.ru

Длительное время считалось что род *Dipus* Zimmermann, 1780, широко распространенный в полупустынных и пустынных областях умеренной зоны Евразии, включает единственный полиморфный вид *Dipus sagitta* (Pallas, 1773). В ходе морфологической ревизии рода в 1991 году было выделено 12 валидных подвидов *Dipus sagitta*: семи подвидов группы «lagopus» и пяти подвидов группы «sagitta». Дальнейшие генетические исследования этого таксона позволили предположить, что на самом деле мохноногий тушканчик – это целый видовой комплекс, состоящий из нескольких аллопатрических форм, некоторые из которых заслуживают статуса видов, а ранг других не установлен.

В рамках нашего исследования видового комплекса «*Dipus sagitta*» мы провели предварительную реконструкцию филогенетических связей между представителями его основных форм и обнаружили, что уровень обособления формы *ubsanensis* (обитающей на территории Убсунурской котловины и Котловины Больших Озер Монголии) соответствует видовому. Это согласуется с существованием соответствующей ему митохондриальной гаплогруппы, показанной в предыдущих работах, но противоречит результатам морфологической ревизии 1991 года. Форма *ubsanensis* также интересна тем, что при своей обособленности, вступает в гибридизацию с формой *sowerbyi* на территории Котловины Больших Озер и Долины Озер в Монголии.

Для изучения предполагаемой зоны контакта между формами *ubsanensis* и *sowerbyi* был проведен анализ изменчивости митохондриального гена *cytb* и шести ядерных генов на выборке образцов из южной Монголии и Алашани. Судя по распространению аллелей ядерных генов, ареал *ubsanensis* занимает всю территорию Котловины Больших Озер и большую часть Долины Озер. Зона интрогрессии аллелей *sowerbyi* в Долине Озер имеет ширину около 150 км. Зона распространения митохондриальных гаплотипов *sowerbyi* в популяциях *ubsanensis* существенно шире и смещена к северу, занимая большую часть Котловины Больших Озер и всю Долину Озер, где интрогрессированные митотипы фиксированы в большинстве популяций. Таким образом, несмотря на высокий уровень дивергенции формы *ubsanensis*, между ней и *sowerbyi* сохраняется обмен генов.

Работа поддержана грантом РФФИ №20-04-00081.

Популяционно-генетическая структура двух близкородственных видов байкальских эндемичных амфипод рода *Ommatogammarus*

Мадьярова Е.В.¹, Гурков А.Н.^{1,2}, Тимофеев М.А.^{1,2}, Дроздова П.Б.^{1,2}

¹ ФГБОУ ВО «ИГУ», Иркутск

² Байкальский исследовательский центр, Иркутск

e-mail: madyarovae@gmail.com

Происхождение, формирование и эволюция древних озер планеты представляют особый интерес. Фауны древних озер обладают схожими чертами: высокие темпы видообразования; большое количество видов; высокая доля эндемиков, наличие «букетов видов». В Байкале фауна амфипод занимает доминирующее положение среди макробеспозвоночных. Большие глубины озера (до 1640 м) и высокое насыщение воды кислородом по всей толще позволили сформироваться пресноводной фауне глубоководных амфипод – единственной в мире. Важным представителем этой фауны является род *Ommatogammarus* Stebbing, 1899. Виды этого рода населяют различные глубины, что позволяет изучить роль гидростатического давления и освещенности в формировании популяционной структуры как у близкородственных видов, так и у различных популяций одного вида, обитающих по градиенту глубин. В работе выбрали два эврибатных вида этого рода: *O. flavus* и *O. albinus* — которые встречаются на глубинах от 2,5 м (*O. flavus*) и от 47 м (*O. albinus*) до по крайней мере 1300 м. Амфипод ловили с помощью донных ловушек, установленных со льда на разные глубины (25 м, 100 м, 250 м, 650 м и 1000 м) в пос. Большие Коты. Амфиподы обоих видов были во всех ловушках, за исключением ловушки на 25 м, в которой был обнаружен только *O. flavus*.

У отловленных на разных глубинах амфипод мы наблюдали различия в окраске тела и цвете глаз. Так, у рачков, выловленных с глубин от 600 м и глубже, покровы тела бледнее, чем у их «менее» глубоководных представителей. Например, *O. flavus* примерно от 500–300 м и до 25 м обычно желто-оранжевый, яркий и визуально хорошо отличим от *O. albinus*, который, в свою очередь, обладает преимущественно молочно-белым окрасом на всех глубинах. В большинстве случаев цвет глаз у *O. flavus* – черный, это его отличительный признак, однако на глубинах от 600 м и глубже глаза приобретают красный цвет, как у *O. albinus*. Поэтому мы предположили, что данные виды на разных глубинах могли сформировать разные генетические группы. Для изучения популяционной структуры видов использовали участок гена COI мтДНК. Также у тех же животных мы измерили общее содержание каротиноидов и экспрессию генов, кодирующих зрительные белки опсины.

Анализ популяционной структуры обоих видов не выявил какой-либо подразделенности в рамках разных глубин ни для *O. flavus*, ни для *O. albinus*. *O. flavus* разделился на две гаплогруппы с расстоянием в одну нуклеотидную замену. *O. albinus* – на три гаплогруппы, также попарно различавшихся одной нуклеотидной заменой. Расстояние между двумя видами соответствовало 75 нуклеотидным заменам. Отсутствие генетической подразделенности в рамках вида может говорить о том, что гидростатическое давление не является фактором для формирования локальных групп. Также возможно, что такие тонкие отличия могут быть выявлены только при дополнительном анализе более быстро эволюционирующих маркеров.

Анализ экспрессии опсинов у данных видов также не выявил каких-либо значимых отличий, связанных с глубиной их обитания. Этот результат, как и наличие крупных глаз, указывает на то, что способность видеть не утрачивается с увеличением глубины. Совсем иную картину наблюдали при анализе общего содержания каротиноидов: уровень каротиноидов у *O. flavus* в диапазоне глубин 25–250 м примерно в три раза выше, чем у животных с глубин 650–1000 м. У *O. albinus* уровень каротиноидов не зависел от глубины его обитания. Эти данные могут говорить о том, что эти виды различаются по механизмам накопления каротиноидов, присутствующих в их пище.

Исследование поддержано грантом РФФ № 22-14-00128.

Сравнительная оценка генетического разнообразия популяций байкальской (*Pusa sibirica*) и каспийской (*Pusa caspica*) нерпы

Мещерский С.И.¹, Мещерский И.Г.¹, Соловьева М.А.¹, Глазов Д.М.¹,
Шумейко Н.Р.², Рожнов В.В.¹

¹Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

²Целевая группа по охраняемым акваториям для морских млекопитающих Комиссии по выживанию видов и Всемирной комиссии по охраняемым территориям МСОП, Москва

e-mail: nervaner6892236@gmail.com

Байкальская и каспийская нерпы – тюлени, обитающие в замкнутых внутриматериковых водоемах. Происхождение этих видов и время заселения ими Каспийского моря и озера Байкал остается невыясненным. Филогенетические исследования, основанные на анализе участков генома единичных особей, не дают ответа на этот вопрос. Однако сравнительная оценка характера генетической изменчивости в популяциях этих видов может позволить прояснить их эволюционную историю.

Мы определили нуклеотидные последовательности гена цитохрома *b* (*cytb*) и аллельный состав 13 микросателлитных локусов для 32 особей каспийской нерпы (21 из северо-восточной и 11 из северо-западной части Каспия, позднеосенний период) и 125 особей байкальской нерпы (57 из северной, 29 из центральной и 8 из южной части Байкала в позднеосеннее время, 31 – центральный район, лето).

В общей выборке байкальской нерпы было выявлено 20 гаплотипов *cytb* ($H=0.6974$, $\pi=0.0012$), образующих на медианной сети выраженную звездообразную структуру. Занимающий центральное положение гаплотип абсолютно доминирует в выборке (представлен у 53% особей) и еще 33% особей имеют гаплотипы, отличающиеся от центрального на одну замену. В выборке каспийской нерпы отмечен 21 гаплотип ($H=0.9516$, $\pi=0.0045$), ни один из которых не является доминирующим по частоте. На медианной сети эти гаплотипы оформленной структуры не образуют. Общих для обоих видов гаплотипов не обнаружено. На филогенетическом дереве ряд гаплотипов каспийской нерпы объединяется в подклады, содержащие последовательности как с восточного, так и западного побережья. Для байкальской нерпы внутривидовой структуры на дереве не обнаруживается. Однако при сравнении между собой пространственных группировок каждого вида между ними выявляются достоверные отличия в частоте представленных там гаплотипов.

При анализе микросателлитных локусов значения показателей $Ne\mu r/Hobs$ были определены для каспийской нерпы как 0.788/0.787, а для байкальской как 0.705/0.692. Среднее число аллелей на локус составило 8.38 для каспийской и 7.38 для байкальской нерпы, 48% и 40% аллелей соответственно были видоспецифичны. Статистически достоверных различий по частотам аллелей между выборками из разных районов у обоих видов обнаружено не было.

Отмеченные отличия в характере отношений между гаплотипами и существенная разница в уровне генетического разнообразия позволяет предположить разный возраст видовых популяций. Эти различия могут быть связаны с разницей во времени происхождения видов (согласно гипотезе Repenning et al., 1979, байкальская нерпа проникла в Байкал в среднем плейстоцене, в то время как каспийская является потомком тюленей, населявших Паратетис в конце миоцена) или с имевшим место катастрофическим сокращением численности байкальской нерпы, например в период последнего ледникового максимума. Для оценки вероятности этих событий необходимо привлечение данных о скорости эволюции тех или иных участков генома в подсемействе Phocinae.

Проведение работ частично профинансировано Фондом «Озеро Байкал», NCOС, ТОО «КАПЭ».

Хромосомная изменчивость популяций малярийных комаров Белорусского и Российского Полесья

Москаев А.В.¹, Силакова Е.Ю.¹, Логинов Д.Н.², Темников А.А.¹, Панов В.И.¹,
Андреанов Б.В.³, Горячева И.И.^{1,3}, Бега А.Г.¹, Гордеев М.И.¹

¹ГОУ ВО МО Московский государственный областной университет, Мытищи

²ГНПО «НПЦ НАН Беларуси по биоресурсам», Минск

³Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: av.moskaev@mgou.ru

Анализ экологических и генетических механизмов адаптации популяций к условиям среды является важным вопросом популяционной генетики и демэкологии. В данном исследовании были изучены видовой состав и инверсионный полиморфизм видов-двойников комаров рода *Anopheles* (Diptera, Culicidae).

В полевых исследованиях были собраны выборки личинок малярийных комаров IV возраста из 11 местообитаний Российского и Белорусского Полесья. Были определены кариотипы 1179 особей. Цитогенетический анализ показал, что на всей территории Белорусского и Российского Полесья доминирующим видом является *An. messeae* s. l. Fall, 1926. В ряде личиночных биотопов вместе с комарами *An. messeae* s. l. развиваются комары *An. maculipennis* s. s. Meig, 1818. Доля особей этого вида варьирует в пределах от 0% до 12,9%. В результате молекулярно-генетического анализа фрагмента ITS2 рибосомальной ДНК у 30 особей *An. messeae* s. l. было диагностировано 2 криптических вида: *An. messeae* s. s. и *Anopheles daciae* Linton, Nicolescu & Harbach, 2004. Последний вид зарегистрирован впервые для фауны Республики Беларусь.

В популяциях *An. messeae* s. l. выявлен хромосомный полиморфизм по ряду инверсионных вариантов половой хромосомы и аутосом: XL₀, XL₁, XL₄, 2R₀, 2R₁, 3R₀, 3R₁, 3L₀, 3L₁. Все перечисленные инверсионные последовательности встречаются в гетеро- и гомозиготном состоянии. В популяции г. Минска нами обнаружена гетерозигота по новой уникальной инверсии 3L₀₇ (33b-36b). Было установлено, что выборки из Полесья, относящегося к зоне широколиственных лесов, можно разбить на две группы, различающиеся по частотам инверсий половой хромосомы: Западное Полесье (Жидковичи, Мозырь и Гомель) и Восточное Полесье (Вышковское, Почеп, Брянск). Эти группы значительно отличались по соотношению инверсий XL₀ и XL₁+XL₄ в популяциях *An. messeae*: в Западном Полесье выше частота инверсии XL₀ (p<0,01). Популяция г. Минска, расположенная в подтаежной зоне, значительно отличается от популяций Западного Полесья более высокой частотой инверсии XL₁.

По инверсионному составу аутосом территория Полесья достаточно однородна. В популяциях доминируют особи с эволюционно исходными для *An. messeae* инверсионными вариантами 2R₀, 3R₀, 3L₀. На основании генетических расстояний при анализе частот хромосомных вариантов аутосом нами в программе Fstat 2.9.4 были рассчитаны попарные значения FST с использованием многолокусной оценки. Изученные выборки можно с высокой степенью достоверности отнести к группам, кластеризующимся в соответствии с зонально-секторным распределением ландшафтов. Показаны значимые различия между выборками из широколиственной зоны Полесья и территорий подтаежной зоны.

Полученные данные позволяют сделать вывод о том, что популяции Полесья отличаются определенной исторически сложившейся кариотипической структурой, характерной для зоны широколиственных лесов. Адаптивное значение инверсий проявляется в устойчивом соотношении инверсионных вариантов аутосом и вариациями частот инверсий половой хромосомы в зависимости от локальных факторов отбора.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и БРФФИ в рамках научного проекта № 20-54-04017.

Соотношение полов в выводках природной популяции красавки (*Anthropoides virgo*)

Мудрик Е.А.¹, Ильяшенко Е.И.², Постельных К.А.³, Горошко О.А.^{4,5}, Политов Д.В.¹

¹Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва

²Институт проблем экологии и эволюции им. А. Н. Северцова РАН, Москва

³Питомник редких видов журавлей Окского государственного природного биосферного заповедника, Рязанская обл., Брыкин Бор

⁴Государственный природный биосферный заповедник “Даурский”, Забайкальский край, Нижний Цасучей

⁵Институт природных ресурсов, экологии и криологии СО РАН, Чита

e-mail: mudrik@vigg.ru

Красавка (*Anthropoides virgo* Linnaeus, 1758), как и остальные журавли, относится к моногамным видам птиц, у которых заботу о потомстве проявляют оба родителя. В норме в кладке красавки два яйца и, поскольку птенцовая конкуренция у этого вида журавлей отсутствует, оба птенца имеют шансы на выживание и достижение репродуктивного возраста. Однако на соотношение полов в потомстве животных влияет много разных факторов, включая манипулирование оплодотворением и смертностью эмбрионов самкой, а также энергозатраты родителей на выращивание потомства того или иного пола (гипотеза Трайверса – Вилларда). Понимание механизмов поддержания оптимального соотношения полов в потомстве животных имеет большое значение для анализа их репродуктивной стратегии и системы скрещивания – факторов, определяющих сохранение высокой эффективной численности популяций (Алтухов, 2003). Данные по соотношению полов в потомстве журавлей в природе практически отсутствуют. В искусственных популяциях отмечено преобладание самок в потомстве японского журавля (Нестеренко, Кашенцева, 2015; 2021) и равное соотношение полов в потомстве стерха (Мудрик и др., 2015; Нестеренко, Кашенцева, 2021).

С использованием молекулярно-генетического маркера пола EE0.6 мы определили пол 155 птенцов в природной популяции моногамного вида птиц – журавля красавки (*Anthropoides virgo* Linnaeus, 1758). Биологические образцы (растущие перья) птенцов были получены в ходе собственных экспедиций в места гнездования азово-черноморской, прикаспийской, волго-уральской, зауральской, алтайской, хакасской и забайкальской гнездовых группировок. Показано, что выводки красавки с двумя разнополыми птенцами, встречались чаще, чем выводки с двумя птенцами одного пола. Выводки, в которых оба птенца являлись самками, несколько преобладали над выводками из двух птенцов-самцов, хотя различия были статистически незначимы. Всего из 155 птенцов определено 69 самцов и 86 самок. Из 112 птенцов в полных выводках самцами являлись 48 особей, самками – 64. Однако, несмотря на тенденцию преобладания самок среди птенцов в общей выборке и в большинстве гнездовых группировок, соотношение полов в потомстве красавки в целом (0.445, $P = 0.181$) и в полных выводках (0.429, $P = 0.174$) было паритетным.

Полученные данные о равном соотношении самцов и самок в полных выводках и в целом в потомстве красавок в разных гнездовых группировках указывают на то, что для этих моногамных видов птиц с большой продолжительностью жизни и заботой о потомках обоими родителями воспроизводство разнополых выводков является наиболее адаптивной репродуктивной стратегией. Однако не исключено, что тенденция к преобладанию самок, хоть и статистически незначимая, но регулярно наблюдаемая в большинстве гнездовых группировок и в целом в популяции, может являться косвенным ответом на ухудшение условий окружающей среды (аридизация мест обитания, распашка и олуговение степей).

Математическое моделирование отбора в популяциях с чередованием партеногенетического и полового размножения на примере коловраток *Rotifera*

Неверова Г.П.¹, Жданова О.Л.¹, Фрисман Е.Я.²

¹Институт автоматики и процессов управления ДВО РАН, Владивосток

²Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН, Биробиджан

e-mail: galina.nev@gmail.com, axanka@iacp.dvo.ru

В работе рассматривается эволюционная динамика одного из видов зоопланктона – коловраток. Характерной особенностью некоторых видов коловраток является выраженная гетерогония, т.е. чередование однополого размножения (партеногенетического) с двуполым. Однако, многие виды сочетают двуполое размножение с однополым, т.е. демонстрируют смешанное размножение; при этом существование вида в активной форме с образованием покоящихся яиц не прекращается. Следует отметить, что, как правило, коловратки являются преобладающим видом зоопланктона в водоемах и представляют собой важный элемент пищевой цепи, оказывая существенное влияние на выживаемость мальков многих видов рыб. Также коловратки играют важную роль в переработке органических веществ водоема, очищая воду, поглощая бактерии, водоросли и детрит. В этом контексте исследование эволюционной динамики подобных видов приобретает особый интерес и значимость.

При описании эволюционной динамики коловраток учитывается присутствие в популяции некоторого количества сильно редуцированных самцов, не имеющих пищеварительной системы. Отметим, что у большинства видов самцы в несколько раз меньше самок, живут один-два дня, в то время как жизнь самки в среднем продолжается две-три недели. Без самцов самки размножаются партеногенетически, с появлением самцов происходит переход к двуполому размножению и у оплодотворенных самок формируются покоящиеся яйца, которые способны переносить неблагоприятные условия и развиваются в потомство с некоторым запаздыванием. Известно, что запуск механизма дифференцирования самок на размножающихся половым путём и партеногенетически индуцируется различными экологическими факторами: диетическим токоферолом у *Asplanchna*, продолжительностью фотопериода у *Notommata* и перенаселением у *Brachionus*. Однако некоторая часть популяции остаётся нечувствительна к влиянию экологических факторов, продолжая размножаться партеногенетически, несмотря на высокий уровень провоцирующего переход фактора. Объяснение этого феномена возможно в рамках предположения о генетической неоднородности популяции, в которой различные генотипы коловраток в разной степени склонны к переходу от партеногенеза к половому размножению.

В данной работе предложены эколого-генетические модели с дискретным временем, позволяющие рассматривать и изучать эволюционную динамику коловраток в зависимости от генетически или экологически обусловленного механизма, запускающего переход между типами размножения. В целом динамика численности популяции определяется процессами рождаемости и выживаемости, а также плотностно-зависимыми факторами, ограничивающими ее скорость роста; при этом часть популяции размножается половым путём, а другая использует клональное размножение. Отметим, что даже в крайнем случае, когда вся популяция переходит к половому размножению и приспособленности генотипов в мужской и женской части популяции отличаются, соотношения между частотами генотипов и аллелей, аналогичные соотношениям Харди-Вайнберга, сохраняются. В ходе исследования изучено направление эволюционного процесса, а также условия сохранения полиморфизма.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-21-00243, <https://rscf.ru/project/22-21-00243/>

Исследование генетического полиморфизма видов семейства Оленевые для решения идентификационных криминалистических задач

Недзвецкая Д.Э.¹, Цыбовский И.С.²

¹ ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», Минск, Беларусь

² Республиканское унитарное предприятие «БелЮрОбеспечение», Минск, Беларусь

e-mail: NedzvedskayaDiana@gmail.com

Среди семейства Оленевые в Беларуси наиболее распространены лось (*Alces alces*), косуля европейская (*Capreolus capreolus*) и олень благородный (*Cervus elaphus*). Незаконная охота (браконьерство) в отношении этих диких представителей фауны наносит значительный урон не только естественным популяциям животных, влияя на их генетическое разнообразие, но и экономике страны, препятствуя устойчивому развитию охотничьего хозяйства.

Усиление контроля за эксплуатацией диких стад оленевых лежит в разработке технологий ДНК-идентификации биологических образцов лося, косули европейской и оленя благородного для экспертного сопровождения дел о незаконной охоте. Такие технологии требуют предварительного исследования генетического полиморфизма популяций животных, обитающих на территории Республики Беларусь.

На основе литературных данных и предварительных экспериментальных исследований для генотипирования оленевых были отобраны наиболее полиморфные STR-локусы, из которых формировались мультиплексные тест-системы, дополненные полоспецифичным маркером амелогенином. Для идентификации лося в конечном итоге были задействованы 16 ДНК-маркеров (MaF46, T530, RBP3, BM888, BM1818, T193, BM6438, BL4, T172, T268, BM848, BM1258, RT30, T26, BM757, BM203), для косули европейской – 12 (ILST058, MaF70, NVHRT16, BMC1009, BM203, T172, BM848, BL4, BM1818, T26, BM6438, NVHRT21), для оленя благородного – 12 (T108, T501, T26, C01, T507, T107, BMC1009, C143, C273d, T123, C229, T530d). Апробация тест-систем проводилась на выборках диких животных каждого вида из всех регионов страны.

В ходе исследования были сформированы массивы генотипов оленя, лося и косули, что позволило оценить аллельное разнообразие, генетическую структуру, а также получить сведения о частотах встречаемости генетических признаков в популяциях диких животных. Для всех трех видов показан высокий уровень генетической изменчивости. Полученные результаты были отражены в виде баз данных частот встречаемости аллелей, что дает практическую возможность проведения расчетов достоверности экспертного вывода при решении судебно-экспертных задач, связанных с идентификацией биологических образцов животных, предоставленных на исследование.

При этом в популяциях лося установлен высокий уровень генетической гомогенности. В популяциях косули выявлена значительная генетическая дифференциация между региональными популяциями ($F_{ST} = 0,00891$; $P < 0,00001$). У оленя благородного существует внутривидовая структурированность ($F_{ST} = 0,039$; $P < 0,001$), что связано с процессами реинтродукции вида на территории Беларуси. Знание генетической структуры популяций исследованных видов необходимо для формирования баз данных с частотами выявленных аллельных вариантов (одной общей или нескольких региональных), используемых для вероятностно-статистических расчетов при проведении экспертных исследований.

Генетическое разнообразие *Canis lupus* L. в Восточной Европе на основе митохондриальных данных

Нечаева А.В., Белоконь М.М., Белоконь Ю.С., Казимиров П.А., Бондарев А.Я.,
Давыдов А.В., Политов Д.В.

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

²ФГБУ «Федеральный центр развития охотничьего хозяйства», Москва

e-mail: nechaeva-a@mail.ru

Популяционно-генетическая структура большинства видов млекопитающих находится под действием таких факторов как естественные и антропогенные топографические барьеры для миграций, обитание в тех или иных плейстоценовых рефугиумах и миграционные пути в голоцене при заселении современного ареала, а также расстояния и векторы natalного расселения в настоящее время. Однако крупные хищники, обладая высокой мобильностью, зависят от изолирующих факторов в гораздо меньшей степени. Волк, *Canis lupus* L., 1758, наиболее важный для человека из крупных хищников, широко распространён в наземных экосистемах Голарктике в настоящее время, причём исторический ареал вида был ещё шире, однако в XVIII-XX вв. сократился из-за прямого преследования человеком и сокращения площади пригодных местообитаний. Взрослые особи успешно преодолевают практически любые географические барьеры. Предположительно, во время плейстоцена у волка также возникало меньше сложностей при расселении, чем у других представителей мегафауны. Кроме того, молодые волки могут расселяться на сотни километров, а строгой корреляции между полом и филопатрией не существует. Все эти обстоятельства затрудняют анализ филогеографии волка. Волк в западной части Европы довольно хорошо изучен. Структура вида на этих территориях имеет некоторые географические привязки в силу фрагментации ареала. С продвижением на восток структура становится менее очевидной, а данных о генетике вида все меньше. Популяционно-генетическая структура волка России изучена крайне слабо. В данной работе мы представляем предварительные результаты анализа 394 последовательностей контрольного региона (*D*-петли) митохондриальной ДНК волка. 157 образцов добыты на территории России в рамках программ контроля численности волка, остальные взяты из GenBank и охватывают территории большей часть стран востока Европы. Мы обнаружили 57 гаплотипов, 41 из которых оказались уникальными для территории России. Гаплотипы образуют 7 гаплогрупп и слабо приурочены к географии. Наиболее очевидную и интерпретируемую обособленность имеют волки балканской и карпатской популяции. Волки степной, лесостепной и лесной зон Европы не имеют выраженной географической структуры. Однако, географическое распределение гаплотипов позволяет предполагать обмен генами между волками даже в условиях фрагментации ареала. Волки лесной и лесостепной зоны России на медианной сети гаплотипов образуют гаплогруппу, которая занимает центральное положение относительно других гаплогрупп. Кроме того, она несет большое количество уникальных гаплотипов. Это позволяет предполагать, что данная группа потенциально является представляет собой ядро генофонда бореального волка Палеарктики, и может служить донорской популяцией для других европейских популяций волка. Генетическое разнообразие волков России требует дальнейшего изучения в помощью митохондриальной, а также ядерной ДНК, что необходимо как для сохранения генофонда в одних регионах и контроля численности хищника в других.

Структура популяций заводских и вторично одичавших лошадей

Николаева Э.А.¹, Спасская Н.Н.², Столповский Ю.А.¹, Воронкова В.Н.¹

¹*Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва*

²*Зоологический музей МГУ, Москва*

e-mail nickolaevaelina@gmail.com

В настоящее время в коневодстве особенно актуальна проблема поддержания генетического разнообразия как заводских, так и локальных пород. Жесткая селекция по спортивным качествам и небольшое поголовье воспроизводящего состава отечественных пород лошадей приводят к необходимости использования в селекционном процессе молекулярно-генетических маркеров. Микросателлитный анализ является проверенным и широко распространенным методом для паспортизации и генотипирования лошадей. Нами был оценен уровень генетического разнообразия и выявлены филогенетические связи для заводских пород России. Был собран материал 15 ахалтекинских, 15 донских, 4 буденновских, 97 одичавших лошадей, 166 русских верховых, 17 образцов формирующейся и пока незарегистрированной породы серебристых лошадей. Кровь 14 советских тяжеловозов и 40 русских тяжеловозов были любезно предоставлены кафедрой коневодства РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева. Также в анализ были включены европейские породы лошадей из базы данных mendeleu.database. Анализ проводился по 17 микросателлитным локусам, включенным в стандартную панель ISAG. Статистическая обработка данных была проведена с использованием пакетов Popgenreport, Adegnet и Plotly для среды R.

Количество аллелей на локус варьировалось от 11 (VHL20 и HMS7) до 25 (ASB2). Также были выявлены приват аллели. Для русской верховой породы лошадей было выявлено 2 аллеля – 8 и 15 аллель для локуса ASB2. Для одичавших лошадей озера Водный – 21 аллель локуса ASB23. Было рассчитано аллельное богатство, которое нивелирует различия в объемах выборок. Наибольший показатель среди российских пород наблюдается у русских верховых (63,5 аллеля), наименьший у популяции серебристых лошадей (53,4). Так же были построены филогенетические деревья методом UPGMA и Neighbor joining. Тяжеловозные породы России кластеризуются с брабансонами (бельгийская лошадь), а отечественные верховые породы (ахалтекинская, донская, буденновская) отдельно, кроме русской верховой, которая оказалась в кластере вместе с европейскими теплокровными лошадьми, что может быть следствием того, что в породе активно используется прилитие крови импортных пород. Одичавшие лошади кластеризуются вместе с выборкой донских и буденновских лошадей.

Комплекс узкочерепных полевок (*Stenocranius*, Cricetidae, Rodentia): поиск видовой дифференциации на основании транскриптомных данных

Петрова Т.В.¹, Сказина М.А.², Куксин А.Н.³, Бондарева О.В.¹, Абрамсон Н.И.¹

¹Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

²Санкт-Петербургский Государственный Университет, Санкт-Петербург

³Тувинский институт комплексного освоения природных ресурсов СО РАН, Кызыл

e-mail: p.tashka@inbox.ru

Комплекс узкочерепных полевок (подрод *Stenocranius*) включает два криптических вида *Lasiopodomys gregalis* и *L. raddei* (Petrova et al., 2016). Три митохондриальные линии в составе *L. gregalis* аллопатрически распространены в Алтае-Саянском регионе и хорошо генетически изолированы друг от друга, что позволяет их считать самостоятельными таксонами (Petrova et al., 2021). Предыдущие исследования показывали наличие репродуктивной изоляции либо снижение плодовитости между некоторыми из линий (Ковальская и др., 2015; Petrova et al., 2016). Целью данной работы было выявление молекулярных механизмов внутривидовой дифференциации и, в частности, репродуктивной изоляции между анализируемыми группами.

Нами были секвенированы транскриптомы 12 экземпляров узкочерепных полевок (по 3 для *L. raddei* и для каждой из линий *L. gregalis*). Качество сырых данных оценивалось программой FastQC, очистку проводили с помощью программы Trimmomatic. Референсный транскриптом был подготовлен на основе химерной сборки (из 12 экземпляров), сборку проводили программой Trinity. Референс очищали от контаминации с помощью Diamond, для последующего анализа отбирали контиги, соответствующие генам млекопитающих. Выравнивание сырых чтений на референс было проведено с помощью алгоритма bwa mem. Файлы .bam были отсортированы и отфильтрованы в Picard, поиск вариантов проводился в GATK HaplotypeCaller. Обнаруженные SNP аннотировались при помощи eggNOG mapper. Анализ обогащения проводился с помощью The Gene Ontology resource.

Были идентифицированы гены с контрастными SNP для *L. gregalis* и *L. raddei*, вовлеченные в около ста обогащенных биологических процессов. Среди них помимо общерегуляторных, обменных, а также различных иммунных процессов были выявлены процессы межвидовых взаимодействий, защитной реакции, реакции на внешние раздражители, восприятие химических раздражителей и запаха, что указывает на вероятное существование прекопуляционных поведенческих и физиологических механизмов, способствующих репродуктивной изоляции между криптическими видами.

Также мы оценили уровень отбора на отдельные гены. С помощью программы Proteinortho для собранных транскриптомов были отобраны общие однокопийные ортологи. Выравнивание отдельных орто-групп проводили программой Prank. Воздействие отбора оценивали с помощью программ codeml (пакет ETE-toolkit) и RELAX. Показано, что ряд генов у *L. raddei* находился под более интенсивным отбором по сравнению с *L. gregalis*. Среди проанализированных генов были обнаружены гены как с ослаблением, так и с усилением отбора. Хотя ни один из генов не прошел поправку на множественное тестирование, среди генов, преодолевших порог в $p\text{-value} < 0,05$ до поправки, были гены, потенциально связанные с различными аспектами спермато- и оогенеза и прочими репродуктивными процессами.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФ № 19-74-20110.

Генетическая дифференциация нерки (*Oncorhynchus nerka*) юго-западного побережья Камчатки

Пильганчук О.А., Савенков В.В., Денисенко А.Д., Муравская У.О.

Камчатский филиал «Всероссийского научно-исследовательского института рыбного хозяйства и океанографии» («КамчатНИРО»), Петропавловск-Камчатский

e-mail: Pilganchuk.o.a@kamniro.ru

Нерка — один из массовых и наиболее ценных промысловых видов тихоокеанских лососей. Важнейшим местом воспроизводства данного вида на азиатской части ареала является оз. Курильское (бас. р. Озерная), расположенное на юго-западном побережье Камчатки. Это крупнейшее в Азии стадо нерки (Бугаев, 1995). Подходы (возвраты) производителей в р. Озерная по среднемноголетним данным 2010–2019 гг. оцениваются на уровне около 11 млн. рыб (Бугаев и др., 2020). В этом же регионе заметные по численности запасы нерки формируются в бассейне р. Большая, которая расположена приблизительно на 100 км севернее р. Озерная. Здесь по данным авиаучета (2017–2021 гг.) воспроизводится порядка 170–180 тыс. экз. этого вида. При этом на западном побережье Камчатки находится большое количество рек, в которых нерка не достигает высокой численности, но стабильно присутствует в уловах. Информация о популяционно-генетической структуре стад западного побережья Камчатки крайне важна для отечественной рыбной промышленности, так как необходима для регулирования регионального промысла вида.

В данной работе представлены результаты исследования 24 выборок производителей нерки (1103 экз.), отобранных на нерестилищах бассейнов рек юго-западного побережья Камчатки — Озерная, Гольгина, Опала, Кихчик, Большая, Большая Воровская. Анализ проводили по семи микросателлитным локусам: *Oki1a*, *Oki1b*, *Oki6* (Smith et al., 1998), *Ots107* (Nelson, Beacham, 1999), *OtsG68* (Williamson et al., 2002), *One104*, *One109* (Olsen et al., 2000). Основные генетические показатели выборок были получены с помощью статистических программ GDA (Lewis, Zaykin, 2001), GENEPOP 4.7 (Raymond, Rousset, 1995), FSTAT 2.9.3 (Goudet, 1995). Байесовский анализ был выполнен в программе STRUCTURE 2.3.4. (Pritchard et al., 2000).

Все исследованные микросателлитные локусы были полиморфны. Суммарно в 24 выборках выявлено 76 аллельных вариантов. Число аллелей отдельных локусов варьировало от 6 (*Oki1a*, *OtsG68*) до 25 (*One104*). Значения средней ожидаемой гетерозиготности (H_e) и аллельного разнообразия (A_r) в выборках варьировали от 0,476 до 0,606, и от 3,12 до 15,26, соответственно. Среднее значение индекса фиксации (F) равно 0,013. Незначительный недостаток гетерозигот ($F=0,107$) отмечен в выборке р. Плотникова (бас. р. Большая) и незначительный избыток ($F=-0,093$) в р. Выченкия (бас. р. Озерная). Показатель межпопуляционной дифференциации (θ_{st}), в среднем, по 7 локусам составил 2,85% и оказался статистически значимым (95%-ный бутстреп-интервал положительный, нижняя граница — 1,69, верхняя — 4,44). Генетические расстояния Нея находились в пределах от 0,008 (между выборками из устья р. Большая и р. Кихчик) до 0,251 (между выборками р. Большая Воровская и поздней формой оз. Начикинское). В результате проведенного исследования генетической дифференциации в программном пакете STRUCTURE 2.3.4. показано, что наибольшее значение ΔK соответствовало 4-м кластерам. Таким образом, на юго-западном побережье Камчатки можно выделить, как минимум 4, генетически своеобразные группировки нерки: комплекс популяций оз. Курильское; популяции речной (реофильной формы) бассейнов рек Большая, Гольгина, Опала, Кихчик; популяция оз. Начикинское (позднего времени хода); популяции оз. Начикинское (раннего времени хода) и р. Большая Воровская.

Полученные данные будут востребованы при подготовке прогноза вылова и принятии решений по регулированию промысла нерки в пределах юго-западного побережья Камчатки.

Особенности расселения европейского хариуса *Thymallus thymallus* на Европейском Севере России

Пономарева Е.В.¹, Пономарева М.В.¹, Шубина Е.А.², Волков А.А.³, Макеенко Г.А.⁴

¹Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, биологический факультет, Москва

²Научно-исследовательский институт физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского (МГУ), Москва

³Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии (ВНИРО), Москва

⁴ФГБОУ ВО «Мурманский арктический государственный университет», Мурманск

e-mail: kponom@mail.ru

Растущий интерес к сохранению популяций европейского хариуса (*Thymallus thymallus* L.) повысил внимание к изучению генетической структуры вида, а также изучению истории его расселения. Уточнение характеристик европейского хариуса важно как для решения теоретических вопросов, так и для формирования подходов к устойчивой аквакультуре. Для лучшего понимания видовых особенностей и формирования картины расселения необходимо прежде всего изучение популяций европейского хариуса, наименее затронутых хозяйственной деятельностью.

В работе проанализированы два фрагмента мтДНК: контрольный регион (Д-петля, *CR*) и фрагмент *COI*, используемый для ДНК штрих-кодирования, у 302 европейских хариусов из 38 водоемов Европейского Севера России.

Два гаплотипа *COI*, отличающиеся двумя заменами, доминировали в большинстве исследованных выборок, образуя две гаплогруппы. Первая из этих гаплогрупп доминировала у хариусов в большинстве водоемов Кольского полуострова, Печоре и ряде притоков Северной Двины и Онеги, вторая гаплогруппа – в северо-восточных притоках Северной Двины и в реках Беломорско-Кулойского плато. Количество гаплотипов *CR* было почти в два раза больше, чем гаплотипов *COI*, тем не менее формировались две основные гаплогруппы, различающиеся на 4-5 замен, и формировалось похожее географическое распределение гаплотипов в гаплогруппах, с доминированием одной гаплогруппы в северо-восточных притоках Северной Двины и в реках Беломорско-Кулойского плато.

При этом, у 62 рыб из рек Кольского полуострова бассейна Белого моря и 3 рыб из бассейна Северной Двины были обнаружены гаплотипы сибирского хариуса (*T. arcticus*). У большинства рыб доминировал гаплотип *COI*, который был обнаружен у сибирского хариуса из бассейна Оби и Енисея. Гаплотипы *CR* у европейского хариуса из водоемов Кольского полуострова и Северной Двины формировали самостоятельную гаплогруппу, отличающуюся от обских хариусов на 4-5 замен.

Наблюдаемое распределение гаплотипов отражает послеледниковую колонизацию и связано с палеоклиматическими изменениями, фрагментировавшими ареал хариуса. Географическое распространение гаплотипов позволяет предполагать существование общего рефугиума с популяциями Балтийского бассейна, откуда европейский хариус мог расселиться по Восточной Фенноскандии, Кольскому полуострову и в некоторые притоки Северной Двины, Онеги, Печоры, вторая «северорусская» линия могла произойти из рефугиума, который мог существовать в Печорском приледниковом озере или в районе Беломорско-Кулойского плато. Обнаруженные гаплотипы сибирского хариуса в выборках европейского хариуса могут свидетельствовать о существовании палеоареала сибирского хариуса на территории европейского арктического побережья и послеледниковой интродукции европейского хариуса на территорию, ранее заселенную арктическим хариусом.

Искажение паттерна генетического разнообразия в популяциях с факультативным половым размножением

Порошина А.А., Щербаков Д.Ю.

Лимнологический институт СО РАН, Иркутск

e-mail: a.poroshina@lin.irk.ru

Самым распространенным способом бесполого размножения у животных является партеногенез, встречающийся и среди высокоорганизованных организмов. В наибольшей степени этот процесс распространен среди беспозвоночных (аннелиды, кишечнополостные и др.). Часто появление нового поколения в таких популяциях происходит по смешанному типу, часть особей формируется в результате полового размножения, а часть - при бесполом. Встречаются ситуации, когда популяции в зависимости от условий среды могут переходить от полового размножения к бесполому и обратно. В таких случаях следует ожидать нарушения паттернов генетического разнообразия. В популяциях с половым процессом при нейтральной молекулярной эволюции – фиксации новых аллелей благодаря дрейфу генов устанавливается законом Харди–Вайнберга

С помощью компьютерной имитационной модели мы исследовали то, как скажется переход от полового размножения к бесполому в популяции диплоидных организмов для селективно нейтральных маркеров. При этом особое внимание уделялось специфике микросателлитных маркеров. Общую картину нарушения закона Харди–Вайнберга мы описывали с помощью методов объектно-ориентированного имитационного моделирования.

Наша модель учитывает параметр эффективного размера популяции, с помощью которого идет расчет θ -параметра по нейтральными маркерам. Средние значения θ -параметра в апомиксных популяциях сильно превышают средние значения в популяциях, размножающихся половым способом. Чем больше состояний у локуса, тем сильнее различие между разбросом ожидаемых и наблюдаемых значений. Показано, что использование параметров H_o/H_e для оценки различий между способами размножения не релевантно. Также, для исследования неравновесности популяции, программа имеет модуль для расчета сцепления между разными локусами. Результаты, полученные в процессе работы модели, мы проверяем на отклонения от закона Харди–Вайнберга (в однолокусном случае), а также анализируем отклонения неравновесного сцепления между разными парами локусов. Неравновесность (D) возрастает при увеличении доли бесполого размножения и стремится к 0 при половом. При смешанной репродуктивной стратегии значение D будет промежуточными между 0 и 1. Неравновесность может позволить оценить долю полового размножения. Проводятся исследования других популяционных параметров, в том числе и многолокусных.

Исследования были выполнены при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект №22-24-00791 "Метод оценки доли полового размножения у организмов со смешанной репродуктивной стратегией")

Зона локального радиоактивного загрязнения как источник генетической изменчивости в популяциях мелких млекопитающих

Ракитин С.Б.¹, Григоркина Е.Б.¹, Оленев Г.В.¹, Тарасов О.В.²

¹Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург

²ФГУП ПО «Маяк», Челябинская обл., Озерск

e-mail: rakitin@ipae.uran.ru

В результате аварии на ПО «Маяк» (1957 г.) значительная территория Урала была загрязнена радиоактивными веществами, образовавшими Восточно-Уральский радиоактивный след (ВУРС). ВУРС представляет собой уникальную модельную систему для изучения отдаленных последствий воздействия долгоживущих радионуклидов на живые организмы. При изучении кумулятивного радиационного воздействия на природные популяции мелких млекопитающих очевидным преимуществом обладают молекулярно-генетические маркеры, способные предоставить ценную информацию, часто недостижимую при использовании других подходов. При этом высокую эффективность демонстрируют разнообразные методы оценки ДНК-полиморфизма, в частности, анализ изменчивости митохондриальной ДНК (мтДНК). МтДНК и сами митохондрии рассматривают как чувствительные мишени для ионизирующей радиации и других повреждающих агентов (Газиев, 2013; Baker et al., 2017).

Цель работы заключалась в оценке уровня полиморфизма фрагмента (866 пн) гена цитохрома *b* (*cytb*) мтДНК в популяциях красной полевки (*Myodes rutilus* Pallas, 1779) из зоны ВУРСа, с сопредельной (расстояние 9-10 км) и географически удаленной (200 км) фоновых территорий.

Результаты свидетельствуют о высоком гаплотипическом разнообразии полевков по фрагменту гена *cyt b* из зоны ВУРСа ($h=0.913\pm 0.111$; $N=9$) и с сопредельной территории ($h=0.936\pm 0.05$; $N=13$), по сравнению с референтной выборкой ($h=0.786\pm 0.151$; $N=8$). Нуклеотидное разнообразие и среднее число парных различий между гаплотипами оказались наиболее высокими в выборке с сопредельного участка ($\pi(x100)=0.456\pm 0.274$; $k=3.949\pm 2.114$). При сравнении выборок из зоны ВУРСа и референтного участка эти показатели оказались близкими по значениям ($\pi(x100)=0.398\pm 0.337$; $k=3.232\pm 2.122$ и $\pi(x100)=0.392\pm 0.255$; $k=3.393\pm 1.939$). По предварительным оценкам обнаружен достаточно высокий уровень межпопуляционной генетической дифференциации ($F_{st}=0.112$), рассчитанной на основе дисперсии частот гаплотипов мтДНК; определяемая ею доля дисперсии составила 11.20 % ($P=0.018$). Выборки грызунов из зоны ВУРСа и сопредельного участка характеризуются наиболее высоким уровнем гаплотипического разнообразия фрагмента гена *cyt b* мтДНК. Отметим повышенный уровень нуклеотидного разнообразия и среднего числа парных различий между гаплотипами на прилежащем зоне ВУРСа участке, где уровень радиоактивного загрязнения соответствует фоновым величинам. Логично предположить, что наблюдаемая картина может быть связана с миграциями грызунов и спецификой конфигурации зоны загрязнения. Анализ нерезидентной активности мелких млекопитающих, проведенный нами с использованием разных маркеров (тетрацилин, родамин В, стронций-90) (Григоркина, Оленев, 2013, 2018, 2021, 2022), позволяет сделать вывод о переносе радиационно-индуцированных эффектов, выражающихся в увеличении параметров генетического разнообразия, на прилежащие зоне ВУРСа территории.

Таким образом, зона локального радиоактивного загрязнения может вносить существенный вклад в формирование генетической изменчивости в популяциях мелких млекопитающих на сопредельных территориях в течение длительного времени.

Работа выполнена в рамках Государственного задания ИЭРиЖ УрО РАН и частично поддержана РФФИ (проект № 20-04-00164).

Adalia bipunctata и *Adalia frigida* – взаимная интрогрессия митохондриальных геномов в арктической зоне

Романов Д.А., Захаров И.А.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: dromanov_16@mail.ru

Божьи коровки рода *Adalia* (Coleoptera: Coccinellidae) на протяжении почти столетия остаются популярным объектом для генетических исследований. Определение видов у представителей этого рода осуществляется главным образом по окраске и рисунку различных частей тела. Два близких вида, *A. bipunctata* и *A. frigida*, морфологически чётко отличаются по рисунку переднеспинки и надкрылий. У светлых форм *A. bipunctata* надкрылья красные, обычно с одним чёрным пятном на каждом, реже с несколькими; у тёмных форм надкрылья обычно чёрные с двумя-тремя красными пятнами на каждом. Переднеспинка у светлых форм белая с чёрным пятном М-образной формы, у тёмных форм – чёрная. У *A. frigida* каждое надкрылье с двумя поперечными чёрными перевязями; передняя перевязь состоит из трёх, задняя – из двух чёрных пятен, которые обычно полностью сливаются, реже бывают разобщены. Переднеспинка с М-образным чёрным пятном посередине и часто с одной чёрной точкой у каждого бокового края. *A. bipunctata* – голарктический вид, обитающий в Европе, Северной Африке, в России (европейская часть, Кавказ, Сибирь, Дальний Восток), в Передней Азии, Закавказье, Казахстане, Средней Азии, Афганистане, Монголии, Китае, Японии, Северной Америке. *A. frigida* – циркумполярный вид, обитающий на Скандинавском полуострове (Норвегия, Швеция), севере европейской части России, севере и востоке Сибири, на севере Приморского края, Сахалине, Итуруп, Кунашире и в Северной Америке. В 2021 г. в Салехарде были собраны имаго *A. frigida* (23 экземпляра, ДНК была выделена из 20) и *A. bipunctata* (3 экземпляра). Для изучения гаплотипического разнообразия мтДНК этих видов божьих коровок были определены нуклеотидные последовательности средней части гена *cox1*. Все полученные новые последовательности были сравнены с ранее описанными 23 гаплотипами *A. bipunctata*. Среди 20 имаго *A. frigida* было выявлено 11 митохондриальных гаплотипов (Н1, Н9, Н19, Н24-Н26, Н31, Н36-Н38), из них 7 новых (Н24-Н26, Н31, Н36-Н38). У 3 особей *A. bipunctata* обнаружены два новых гаплотипа: Н27 и Н38. Оказалось, что среди *A. frigida* 10 имаго имеют мтДНК своего вида (Н9, Н25-Н38), тогда как у других 10 имаго мтДНК соответствует мтДНК *A. bipunctata* (Н1, Н19, Н24). МтДНК всех 3 особей *A. bipunctata* соответствует *A. frigida*. Значения генетических дистанций между типичными гаплотипами мтДНК *A. frigida* и *A. bipunctata* варьируют от 3.7% до 4.9%. Потомки от скрещиваний *A. frigida* и *A. bipunctata* жизнеспособны и фертильны. Возвратные скрещивания гибридов F₁ с представителями одного из родительских видов приводят к интрогрессии мтДНК. Гаплотип Н9, ранее описанный у *A. bipunctata*, происходит от мтДНК *A. frigida*. К настоящему времени он широко распространился по ареалу и обнаружен в ряде мест, где *A. frigida* не встречается: в Англии, Дании, Германии, России (Москва, Санкт-Петербург), Армении. У *A. frigida* событие интрогрессии отражает гаплотип Н1, обнаруженный в Якутске, где *A. bipunctata* не обитает.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФ (грант № 22-24-00435).

Происхождение байкальского эндемичного вида амфипод *Eulimnogammarus verrucosus* по маркерным генам цитохром с-оксидазы (COI) и 18S рРНК

Саранчина А.Е.¹, Дроздова П.Б.^{1,2}, Мутин А.Д.¹, Ржечицкий Я.А.¹, Тимофеев М.А.^{1,2}

¹НИИ биологии ФГБОУ ВО "ИГУ", Иркутск

²АНО "Байкальский исследовательский центр", Иркутск

e-mail: Alexandra147801@gmail.com

Бассейн озера Байкал является точкой активного видообразования. Одна из самых активно развивающихся групп — отряд амфипод. *Eulimnogammarus verrucosus* (Gerstf., 1858) — распространённый вид в Байкале и популярный модельный объект для исследований фауны озера. Тем не менее, только спустя 150 лет после открытия вида было обнаружено, что он не однороден, а состоит из по крайней мере трёх филогенетических групп (западная, южная и восточная), различающиеся по последовательностям маркерных генов 18S рРНК и первой субъединицы цитохром с-оксидазы (COI).

Река Ангара — единственный исток озера Байкал. В неё могут проникать представители западной и южной групп, границей ареалов обитания которой и является исток реки шириной около 1 км с сильным течением. На протяжении Ангары располагаются мосты и плотина, которые могут влиять на миграцию. Изучение генетического происхождения вида в этом регионе даст понять, как представители ранее разделённых популяций одного вида взаимодействуют друг с другом при встрече.

Цель исследования: определить происхождение популяций *Eulimnogammarus verrucosus*, обитающих в разных участках реки Ангары, с помощью анализа последовательностей COI и 18S рРНК.

Отлов животных производили в 10 точках в черте города Иркутска: правый и левый берег возле первого моста (Глазковского), правый и левый берег возле второго моста (Академического), оба берега между этими мостами, перед плотиной на правом (район Солнечный) и левом (пляж Якоби) берегу, а также после плотины по двум берегам. Для получения последовательностей использовали секвенирование по Сэнгеру. В качестве референсной последовательности для выравнивания хроматограмм использовали последовательность COI представителя западной группы *E. verrucosus*. Выравнивание производили в программе UGENE. Генетическая сеть построена в программе SplitsTree. В качестве внешней группы выбран вид *E. vittatus*. Также были включены последовательности COI из представителей всех трёх филогенетических групп *E. verrucosus*.

Согласно полученным данным, во всех точках встречаются особи, относящиеся к южной филогенетической группе. Кроме того, некоторые особи выделяются в четко обособленную от всех байкальских представителей *E. verrucosus* группу. Представителей западной и восточной клад в выборке не обнаружено. Такую картину наблюдали при анализе как маркера COI, так и 18S рРНК. Исходя из этого, можно сделать следующие выводы: в реке Ангаре происходит распределение амфипод южной клады по двум берегам; в реке обитает морфа *E. verrucosus*, обособленная от байкальских.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ № 22-14-00128.

Популяционная структура домашних и диких популяций северного оленя (*Rangifer tarandus*)

Семина М.Т.^{1*}, Свищёва Г.Р.^{1,3}, Сунко Т.П.⁴, Лайшев К.А.², Южаков А.А.², Воронкова В.Н.¹, Николаева Э.А.¹, Столповский Ю.А.¹

¹ Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва,

³ Санкт-Петербургский федеральный исследовательский центр РАН, Санкт-Петербург

³ Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения РАН, Новосибирск

⁴ Институт экологии и эволюции им. А. Н. Северцова, Москва

e-mail: Magdalena.semina@gmail.com

Оленеводство является стратегической отраслью животноводства в северных регионах России. Целью данной работы было исследование генетического разнообразия популяций, а также выявление генетических различий между дикими и одомашненными северными оленями с использованием анализа микросателлитных маркеров.

В данном исследовании были определены генотипы 16 полиморфных микросателлитов (BMS1788, RT30, RT1, RT9, C143, RT7, ONEQ, FCB193, RT6, C217, RT24, C32, BMS745 NVHRT16, T40 и C276). Проанализированы генотипы 790 животных, представляющих 13 популяций северного оленя. Образцы были собраны от четырех пород, зарегистрированных в России (ненецкая, эвенская, эвенкийская и чукотская), двух экотипов (Тофаларская и Тоджа) и семи диких популяций из Магаданской, Амурской, Таймырской, Якутской, Мурманской и Чукотской областей. Образцы оленей ненецкой породы, взятые из разных регионов размножения, были объединены в одну выборку, так как существенных различий между ними обнаружено не было. Наибольшее количество приват аллелей с поправкой на размер выборки обнаружено у диких оленей Чукотки и экотипе Тоджа (Тува) (24,4% и 14,4% соответственно). Наличие приватных микросателлитных аллелей с частотами выше 0,01 в стадах диких северных оленей говорит о том, что каждое из этих стад, скорее всего, имеет уникальный генофонд.

Генетическая изменчивость в каждой выборке животных изучалась по следующим показателям количества аллелей (A), аллельного богатства (Ar), наблюдаемой (No) и ожидаемой (Ne) гетерозиготности, индекса фиксации (Fis) и значения ρ для критерия хи-квадрат равновесия Харди–Вайнберга (HWE). Ar варьировал от 3,31 (Тофалар) до 5,59 (дикое олене из Якутии) со средним значением $4,62 \pm 0,12$. Мы исследовали связь между Ar и Ne и выявили значимую корреляцию ($R^2 = 0,801$, p -значение = $3,591 \times 10^{-5}$). Результаты показали, что в объединенной выборке оленей зафиксирована разница между средними значениями No и Ne, и объединенная выборка диких северных оленей отклоняется от равновесия Харди–Вайнберга (p -значение = 0,8657). Высокие значения No (0,77) выявлены для диких оленей из Таймыра, и самое низкое (0,57) для тофаларских оленей. Индекс фиксации Fis был рассчитан для каждого образца как $Fis = (Ne - No) / Ne$. Высокие значения Fis указывают на снижение гетерозиготности микросателлитов из-за инбридинга. Незначительный дефицит гетерозигот наблюдался в двух образцах диких оленей Магадана ($Fis = 0,044$) и из Тоджы ($Fis = 0,032$). Значения Fis были равны нулю для эвенской и чукотской пород. Анализируя полученные данные по микросателлитным маркерам, можно сделать вывод, что скрещивание в племенных хозяйствах является абсолютно случайным и не ассортативным. В связи с этим в исследованных стадах северных оленей практически отсутствует инбридинг. Что касается образцов от диких оленей, то выявлено небольшое превышение гетерозигот по микросателлитным маркерам. Среднее значение Fis в объединенной выборке составляет $-0,0013 \pm 0,0002$.

Оценки индекса фиксации, Fst, варьировались от 0,049 до 0,146 со средним значением 0,079, что свидетельствует о высоком уровне генетической дифференциации среди образцов. Наибольший вклад для дифференциации внесли микросателлиты C143, RT30, RT6, RT24, C32, FCB193 и RT9 со значениями Fst более 0,080.

Механизмы формирования структурной изменчивости регуляторной области эволюционно-консервативного гена *Ras85D* и поддержание его функциональной стабильности у видов дрозофил разной степени родства

Сивопляс Е.А.^{1,2}, Куликов А.М.²

¹ Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Московский педагогический государственный университет», Москва;

² Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва

e-mail: sivoplyas-ekater@mail.ru

Высококонсервативный ген дрозофил *Ras85D* имеет смешанный тип промотора – широкий с пиком, сочетающий свойства промоторов генов «домашнего хозяйства» (housekeeping genes) с постоянной экспрессией, и генов «роскоши» (luxury/nonconstitutive genes). Синтез данного белка осуществляется в течение всей жизни у эукариот, а активность экспрессии меняется в различных тканях и на разных стадиях онтогенеза. У человека гомологи этого гена - HRAS, KRAS и NRAS, являются протоонкогенами, онкогенные мутации которых представлены в различных типах опухолей. У *D.melanogaster* многие мутации в кодирующей последовательности и области промотора приводят к летальным мутациям и выраженным морфологическим нарушениям.

Тем не менее, у разных видов дрозофил для ортологов гена *Ras85D* показаны различия области промотора и межгенного района вплоть до предшествующего гена. Часть из отмеченных различий связана с хромосомными перестройками. Так, у общего предка дрозофил группы *virilis* произошла инверсия, граница которой отмечена непосредственно в области промотора у всех видов данной группы.

Эволюционные перестройки и изменения последовательности при сохранении гомологии расположенного выше по цепи гена связаны с встраиванием мобильных генетических элементов, в частности ретротранспозонов и ДНК-транспозонов. Эволюционно консервативные последовательности находятся ниже промотора, в области 5'-UTR и первого интрона. Нами обнаружено 5 эволюционно консервативных последовательностей, одна из которых примыкает к области промотора, но расположена у видов разных подродов (*Drosophila* и *Sophophora*) на противоположных цепях ДНК. Можно предположить, что восстановление функциональной активности гена *Ras85D* связано с сегментной конверсией эволюционно-консервативной последовательности функционального предкового гена на последовательность, измененную перестройкой, на ранних этапах распространения инверсии у предкового вида.

У всех видов показано наличие дополнительных точек старта транскрипции, расположенных как правило выше основной. Во всех случаях около каждой TSS можно найти набор коровых элементов промотора, при этом наиболее полный функциональный набор расположен непосредственно в области основного промотора. Всего у исследованных видов отмечено четыре основных варианта набора базовых элементов, характерных для широких промоторов. Протяженность таких промоторов составляет около 100 п.о., и их формирование не может быть связано с длительным процессом накопления изменчивости. Вероятно, подбор функционального промотора осуществляется по оптимальному набору элементов промотора из имеющихся «в запасе» вариантов. Конститутивные регуляторные последовательности гена *ras85D* представлены в выявленных эволюционно консервативных участках и обогащены сайтами связывания транскрипционных факторов, контролирующими различные этапы онтогенеза дрозофил.

Кроме этого в области 3'-UTR гена *Ras85D* присутствуют консервативные последовательности, отвечающие за связывание микроРНК. Применение генетических конструкций с GFP в качестве гена-мишени, и несущих выявленные сайты связывания микроРНК в области 3'-UTR гена-мишени, подтвердило, что экспрессионная активность гена *Ras85D* различается в зависимости от стадии развития и регулируется с помощью микроРНК. Данная работа поддержана грантом РФФИ № 16-34-00840 мол_а.

Перспективы изучения и использования маркерных генов хозяйственно-полезных признаков у карпа с целью повышения рыбопродуктивности и улучшения качества продукции

Слуквин А.М.¹, Балашенко Н.А.¹, Кулешевич Я.П.¹, Шейко Я.И.¹ Сергеева Т.А.²,
Орлов И.А.², Крук А.Ю.²

¹Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси», Минск, Беларусь

²Республиканское дочернее унитарное предприятие «Институт рыбного хозяйства»
Республиканского унитарного предприятия «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству, Минск, Беларусь

e-mail: A.Slukvin@igc.by

В настоящее время в мире интенсивно проводятся работы по поиску генетических маркеров хозяйственно-полезных признаков у животных. Основные тенденции современной селекционно-племенной работы с прудовым карпом, проводимые в странах ближнего и дальнего зарубежья, направлены на решение проблем по изучению генома у карпа, на создание однополых и стерильных стад, на оценку молекулярно-генетической и биохимической структуры имеющихся пород и линий карпа для поддержания чистоты стад, проведение селекционных работ, направленных на повышение продуктивности и максимальное сокращение времени выращивания товарной продукции, на создание пород карпа с улучшенными потребительскими качествами (малочешуйчатость, малокостность, устойчивость к гипоксии, увеличение и улучшение мышечной части в тушке товарной рыбы), на поиск маркеров генов иммунной устойчивости к заболеваниям, на изучение негативного влияния среды обитания и мутационного процесса у рыб. Применение современных молекулярно-генетических технологий позволяет повысить точность оценки и прогнозирования продуктивных качеств рыб. При этом исследование можно проводить сразу после вылупления личинок рыб из яйцеклеток, задолго до проявления анализируемых фенотипических признаков, что значительно ускоряет процесс селекции, повышает эффективность и экономическую рентабельность рыбоводства (Симонов В.М., 2012). Одним из наиболее перспективных маркерных генов для оценки и прогнозирования мясной продуктивности у животных является ген миостатина (MSTN) (D. Aiello et al., 2018). Белок, кодируемый этим геном, регулирует развитие мышечных тканей у различных видов наземных и водных позвоночных. Мутации в миостатиновом гене могут приводить к двукратному и в некоторых случаях даже трехкратному увеличению массы мышц у особей, относящихся к разным видам. Установлена связь некоторых полиморфизмов гена MSTN с увеличением мышечной массы у обыкновенного карпа и тиляпии, также было показано, что индуцированная мутация гена MSTN привела к увеличению массы тела на 30% у канального сома (*Channel catfish*) (Sun Y, et al., 2012.; Nasema A. Elkatatny1 et al., 2016; Khalil K., et al., 2017). Установлено, что к ключевым генам, регулирующим репродуктивную функцию и плодовитость у позвоночных, относятся гены дифференциального фактора роста GDF9, трансформационного фактора роста β I (TGF- β) и ген рецептора фолликулостимулирующего гормона FSHR (Lin Liu et al., 2006; Ellen R. Busby et al., 2010; Zhiwei Zhang et al., 2015). Зная генотипы генов (GDF9, β I (TGF- β), FSHR), которые отвечают за скорость созревания яйцеклеток, можно прогнозировать репродуктивные качества у рыб, осуществлять отбор у карпа с формированием ремонтно-маточных стад с высокой репродуктивной способностью и, тем самым, снизить явление инбридинга в карповодстве. Сотрудниками Института генетики и цитологии НАН Беларуси и Института рыбного хозяйства НАН Беларуси при финансовой поддержке БРФФИ (договор №Б21УЗБГ-026 от 15.11.2021 года) в рамках белорусско-узбекского проекта начаты работы по ревизии маточных стад белорусских и узбекских пород карпа по гену миостатина (MSTN) и генам (GDF9, β I (TGF- β), FSHR), влияющим на репродуктивные показатели производителей карпа.

Биоинформатический анализ геномов домашних свиней – породоспецифичные SNP для пород ландрас и пьетрен

Снытков Е.В., Кипень В.Н., Михайлова М.Е., Беляк О.А., Романишко Е.Л., Шейко Р.И.

Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Беларусь

e-mail: evsnytkov@gmail.com

Главной задачей селекции сельскохозяйственных животных является поддержание и совершенствование их породных качеств путем подбора пар для скрещивания, умелое ведение линий в пределах породы и межлинейных кроссов наиболее удачно сочетающихся животных. Многочисленными исследованиями показано, что SNP являются эффективным и высокочувствительным инструментом для выявления генетической гетерогенности пород и популяций. Благодаря этой особенности SNP находят практическое применение не только в качестве инструмента контроля происхождения животных, но и для выявления степени генетических различий между породами, типами, стадами и генеалогическими группами животных.

Для исследования были использованы геномы животных, представленные в открытом доступе в формате SRA (Sequence Read Archive), которые дополнительно конвертировали в формат *.fasta с использованием пакета SRA-Toolkit. Для автоматизации процесса поиска нуклеотидных последовательностей *in silico*, фланкирующих искомый аллель, использовали скрипт на языке программирования Python v.3.10 с помощью среды разработки программного обеспечения Jupyter Notebook. Хромосомная позиция для SNP определена для версии сборки генома Sscrofa11.1 (GCF_000003025.6).

Проведенный нами биоинформатический анализ, направленный на определение генотипа по 261 SNP для 178 животных вида *Sus scrofa* (дюрок – 69, ландрас – 24, крупная белая – 45, пьетрен – 21, йоркшир – 19), позволил рассчитать частоты встречаемости генотипов. Дифференцирующий потенциал SNP для определения чистопородности определяли с использованием ROC-анализа в статистическом пакете SPSS v.20.0. При наличии нижней границы асимптотического 95% ДИ более 0,5 для параметра AUC, SNP позиционировался как генетический маркер со значимым дифференцирующим потенциалом.

Часть из определенных для дифференциации свиней породы ландрас SNP представлена ниже: Chr.6: 103109916 A>G (AUC=0,664, $p=4,37E-04$, 95% ДИ=[0,578-0,749]), Chr. 8: 41620747 A>C (AUC=0,701, $p=1,62E-05$, 95% ДИ=[0,602-0,799]), Chr.9: 49034938 A>G (AUC=0,658, $p=6,9E-04$, 95% ДИ=[0,572-0,744]), Chr.14: 107298278 A>G (AUC=0,659, $p=6,25E-04$, 95% ДИ=[0,588-0,730]), Chr.15: 56426211 C>T (AUC=0,673, $p=1,96E-04$, 95% ДИ=[0,602-0,744]), Chr.15: 79166362 C>T (AUC=0,684, $p=7,5E-05$, 95% ДИ=[0,592-0,776]).

Некоторые SNP для дифференциации свиней породы пьетрен представлены ниже: Chr.3: 64757843 A>G (AUC=0,671, $p=2,68E-03$, 95% ДИ=[0,563-0,778]), Chr.5: 45368146 A>G (AUC=0,734, $p=3,99E-05$, 95% ДИ=[0,649-0,819]), Chr.8: 45485535 G>T (AUC=0,646, $p=1,01E-02$, 95% ДИ=[0,553-0,740]), Chr.9: 138661469 C>T (AUC=0,655, $p=6,59E-03$, 95% ДИ=[0,530-0,770]), Chr.10: 106836471 G>T (AUC=0,684, $p=1,2E-03$, 95% ДИ=[0,575-0,794]), Chr.13: 177262726 C>T (AUC=0,692, $p=7,51E-04$, 95% ДИ=[0,578-0,805]), Chr.15: 75258943 A>G (AUC=0,676, $p=1,96E-03$, 95% ДИ=[0,602-0,751]).

Таким образом, нами были выявлены SNP, демонстрирующие высокую способность к дифференциации пород ландрас и пьетрен с использованием молекулярно-генетических методов.

Популяционно-генетическая структура речной выдры (*Lutra lutra*) на основании частот аллелей микросателлитных локусов яДНК на территории России и стран Закавказья

Соколова Н.А., Сорокин П.А.

Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

e-mail: nadezhdasklva@gmail.com

Речная выдра один из околоводных хищных млекопитающих семейства Куны. Он занимает обширный палеарктический ареал от Западной Европы и Северной Африки до Дальнего Востока России и Юго-Восточной Азии. Группировки выдры в Европе претерпели ряд резких снижений численности, в особенности в XX веке (Macdonald, Mason, 1994). Для Европейской части России подобных резких снижений численности зафиксировано не было (Данилов, Белкин, 2009). Несмотря на широкое распространение в России, а также промысловое значение вида в недалеком прошлом, в поле зрения исследователей попадали в основном экологические аспекты. Популяционно-генетические исследования проводились только в европейских странах (Mucci et al. 1999; Ferrando et al. 2004; Mucci et al. 2010; Geboes et al. 2014; Nonnen et al. 2014), а также были начаты в Южной Корее (Hong et al., 2019). Согласно им, в результате фрагментного анализа по 11 микросателлитным локусам выдр из европейской популяции было показано умеренное микросателлитное разнообразие ($H_o = 0.50$; $H_e = 0.58$, в среднем по популяции) и низкое аллельное разнообразие ($N_a = 4.9$, от 2.5 до 6.8; $N_e = 2.8$; от 1.6 до 3.7), что может свидетельствовать о низкой исторической эффективной численности популяции (Mucci et al., 2010). Предполагается, что выдры расселились в Европе из одной рефугиальной популяции. При этом отмечается дифференциация локальных популяций, что может быть следствием послеледниковых изменений численности и относительно недавней изоляции (Mucci et al., 2010, Tison et al., 2014).

Нами было проведено исследование 131 образца речной выдры из различных регионов России, со включением образцов из Армении и Азербайджана. Данную выборку мы разделили на 4 региональных группы: кавказскую (5), европейскую (67), сибирскую (4), дальневосточную (77). Кластерный анализ с помощью алгоритма STRUCTURE показал разделение выборки на «европейский» и «дальневосточный» кластеры. Показатели гетерозиготности составили для европейской выборки $H_o = 0.48$, $H_e = 0.77$, для дальневосточной $H_o = 0.53$, $H_e = 0.81$, что выше полученных для европейской популяции значений. Аллельное разнообразие составило в среднем $N_a = 6.5$, от 3.3 до 11.0; $N_e = 3.8$; от 2.8 до 5.5, что также выше опубликованных ранее данных. Индекс попарных генетических дистанций R_{st} наименее значимо различался между европейской и сибирской выборками (0.23 , $p < 0.05$), наиболее значимо между кавказской и дальневосточной (0.55 , $p < 0.05$), при этом кавказская и европейская различались между собой не значимо ($p = 0.06$).

Таким образом, наше исследование показало, что дальневосточная выборка выдры значимо отличается от европейской, а также показывает по сравнению с ней большее генетическое разнообразие. Это может указывать на более высокую эффективную численность дальневосточных популяций.

Популяционно-генетическая структура кижуча на азиатской части ареала

Сошникова В.А.^{1,2}, Зеленина Д.А.¹

¹ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт рыбного хозяйства и океанографии», Москва

²Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова, Москва

e-mail: valnestle@yandex.ru

Кижуч (*Oncorhynchus kisutch* Walbaum) является ценным объектом дальневосточного рыболовства и искусственного воспроизводства. Этот вид распространен в Северной Пацифике: на американском побережье – от Аляски до Калифорнии, на азиатском – от Чукотки до северной части Хабаровского края, включая остров Сахалин и северные острова Курильской гряды (Зорбиди, 2010). В пределах азиатской части ареала кижуч является третьим-четвертым по численности видом рода *Oncorhynchus*, только лишь на Северных Курилах он занимает второе место, уступая наиболее массовому виду этого рода горбуше (*Oncorhynchus gorbuscha*).

Для исследования варибельности участков митохондриальной ДНК контрольного региона (*D-loop*) и гена цитохрома В, а также полиморфизма пяти микросателлитных локусов (*Oki10*, *One 114*, *OtsG68*, *OtsG78b*, *OtsG83b*) были проанализированы 16 выборок *Oncorhynchus kisutch* из различных азиатских рек тихоокеанского бассейна, а также морская выборка из залива Аляска, всего было проанализировано 687 особей.

Уровень внутривидового митохондриального полиморфизма контрольного региона выявил невысокое генетическое разнообразие с одним массовым гаплотипом, и пятью другими, отличающимися от массового на одну замену (гаплогруппа h2), а также двумя, относящимися к иным гаплогруппам (h1 и h4). При этом примечательно, что, согласно литературным данным (Smith et al., 2001) в реках североамериканского побережья наблюдается тот же массовый гаплотип (гаплогруппа h2), который не является единственным: по частоте встречаемости на втором месте наблюдаются гаплотипы гаплогруппы h3, а также более редко встречающиеся гаплотипы групп h1 и h2. Внутривидовой митохондриальный полиморфизм по гену цитохрома В представлен 25 гаплотипами, разбитыми на три гаплогруппы, при этом самым массовым является гаплотип А1 (гаплогруппы А, также включающей в себя 13 гаплотипов, отличающихся от А1 на одну замену). Гаплотипы гаплогруппы В (9 последовательностей, отличающихся от гаплогруппы А на 5-7 замен) не были обнаружены у особей, нерестящихся в реках о. Сахалин, при этом отмечены в нагульных скоплениях залива Аляска, наряду с гаплогруппой А. Гаплотипы группы С, выявленные в нагульных скоплениях залива Аляска, не обнаружены у азиатского кижуча, однако отмечены в литературе у американских популяций. Микросателлитный анализ выявил достоверные различия между большинством популяций.

Уникальность данного исследования состоит в том, что генетические исследования популяций кижуча на столь обширном ареале его обитания проведены впервые. Анализ митохондриальной ДНК кижуча азиатских стад выявил крайне низкий уровень генетического полиморфизма, который не свойственен виду в целом, а является характерной особенностью, присущей популяциям азиатской части ареала. Присутствие в заливе Аляска гаплотипа группы С, занимающего промежуточное положение между двумя основными гаплогруппами, дополнительно подтверждает концепцию последовательного расселения вида из Каскадийского рефугиума, тем более что ранее этот гаплотип регистрировали в южной части Британской Колумбии, расположенной в начале маршрута постледниковых миграций вида. Учитывая значительно более высокий уровень генетического полиморфизма в южных регионах североамериканского побережья, можно объяснить обнаруженный нами низкий внутривидовой полиморфизм кижуча именно эффектом основателя при формировании азиатских популяций, а не особенностью вида в целом.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проекты 18-04-01375-а и 20-04-00572-а)

Филогеографическая структура обыкновенной *Microtus arvalis* и восточноевропейской *M. rossiaemeridionalis* полевков на юге европейской части России

Стахеев В.В.¹, Панасюк Н.В.^{1,2}, Кубышкина Е.С.¹, Забашта А.В.², Кринко О.Е.¹

¹ Южный научный центр Российской академии наук, Ростов-на-Дону

² Ростовский-на-Дону противочумный институт, Ростов-на-Дону

e-mail: stvaleriy@yandex.ru

Полевки надвида *Microtus arvalis* s.l. имеют важное биоценотическое и практическое значение. На Юге России обитает два вида данной группы: обыкновенная *M. arvalis* формы *obsurus* и восточноевропейская полевка *M. rossiaemeridionalis*.

У обыкновенной полевки по данным изменчивости *cytb* в пределах формы *obscurus* было выделено две филогруппы – Средневосточная и Сино-Китайская (Tougaard et al., 2013; Mahmoudi et al., 2017). Последняя в свою очередь по материалам П.А. Сибирякова с соавт. (2018) подразделяется на Евразийскую и Крымскую субклады. Добавление к этому анализу данных с Юга России показывает, что зверьки с территории Кавказа и Предкавказья формируют собственную дифференцированную субгруппу, имеющую определенные, хоть и ограниченные связи с крымской популяцией. Полевки с правого берега Нижнего и Среднего Дона включены в Евразийскую субкладу.

Необходимо отметить, что *M. arvalis* Евразийской субклады отмечены во Владикавказе. По-видимому, появление здесь зверьков с подобными митохондриальными признаками связано с завозом человеком. Известно, что в этот город во второй половине XIX – начале XX века наблюдался значительный миграционный поток русского населения (Туаева, 2007).

Генетическое разнообразие обыкновенной полевки на юге России по сравнению с другими выборками Сино-Русской группы находятся на довольно высоком уровне. Здесь максимальных значений среди прочих ранее охарактеризованных совокупностей достигают такие показатели, как нуклеотидное разнообразие и среднее число попарных различий.

На филогенетической реконструкции, выполненной на изменчивости фрагмента гена *cytb* восточноевропейской полевки, выделяются четыре клады. Первые две, располагаются анцестрално и объединяют небольшое количество образцов, собранных с территории Казахстана и Турции. Третья митохондриальная линия включает в себя популяции с Юга России. Из изученного материала в нее входят популяции из различных частей Ростовской области (центральные, западные и восточные районы), Волгоградской области, Ставропольского края и Калмыкии. Основу четвертой группы составляют зверьки с территории Украины. Кроме того, здесь же располагаются гаплотипы, выявленные в Финляндии и на Шпицбергене (Jaarola et al., 2004). С территории юга России в эту группу попали полевки с территории Утришского полуострова (Балакирев и др., 2017), а также долины Западного Маныча и Новочеркасска (наши данные).

Выборки с Нижнего Дона и Предкавказья, попавшие в четвертую кладу, характеризуются низким разнообразием. Так полевки с черноморского побережья, долины Западного Маныча, окрестностей Новочеркасска имеют один гаплотип. Прочие генетические варианты из упомянутых локалитетов отличались от него на один–два мутационных шага. Появление на Юге России восточноевропейских полевков, относящихся по митохондриальным признакам к четвертой кладе, характерной для Украины, с высокой долей вероятности связано с деятельностью человека.

История заселения красно-серыми полевками (*Craseomys rufocanus*) о. Итуруп Южно-Курильской гряды

Турсунова Л.С., Петрова Т.В., Абрамсон Н.И.

Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

e-mail: ltursunova54@gmail.com

В данной работе тестировали гипотезы путей колонизации одного из островов курильской гряды, Итурупа, красно-серой полевкой *Craseomys rufocanus* Sundevall, 1846. Согласно первой гипотезе по сухопутному мосту более 15 тысяч лет назад популяции красно-серой полевки мигрировали на Итуруп с евразийского континента через Сахалин, Хоккайдо и Кунашир. Согласно второй гипотезе, красно-серые полевки появились на Итурупе в результате недавнего антропогенного завоза. Нами проанализированы полные последовательности митохондриального гена – цитохрома б – полевок из популяций, собранных на островах Итуруп, Кунашир, Сахалин и на материке. Популяции о. Итуруп были исследованы впервые, причем выборки включали разные точки по периметру острова. Проведен филогенетический и филогеографический анализы, подсчитаны популяционные статистики: R2, TajimaD, анализ молекулярной дисперсии (AMOVA) и проведен демографический анализ (Bayesian Skyline). Полученные результаты показали удивительную генетическую однородность популяции красно-серой полевки на всем острове Итуруп, в отличие от популяций с Сахалина, Хоккайдо и материковой части Дальнего Востока. Во всех выборках полевок с о-ва Итуруп (78 экземпляров) выявлен только один гаплотип. Между популяциями красно-серых полевок Сахалина и Хоккайдо эпизодично возникал поток генов, однако в целом популяции изолированы, образуют хорошо очерченные клады с достаточно высоким нуклеотидным разнообразием. Полученные результаты свидетельствуют в пользу гипотезы недавнего антропогенного завоза красно-серых полевок на остров и последующего экспансивного роста популяции.

Работа выполнена при поддержке гранта БРК №075-15-2021.

Изменчивость аллельного состава микросателлитных локусов Ma3 и Mer041 соболя Среднего Приамурья в охотничьих сборах 2011-2022 годов

Фрисман Л.В., Брыкова А.Л.

Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН, Биробиджан

e-mail: l.frisman@mail.ru

На основе анализа микросателлитных локусов Ma3 и Mer041, проведен мониторинг популяционной генетической структуры соболиного населения Среднего Приамурья по материалу охотничьих сборов зимних сезонов с 2011/2012 по 2021/2022. Выбор исследуемых локусов обусловлен необходимостью сравнения дифференциации на примере известных для данного вида маркеров с минимальным (Ma3) и максимальным (Mer041) числом аллелей. Рассматривается население трех районов Буреинского нагорья: северо-западный склон Буреинского хребта, бассейн верховьев р. Буря (5 сезонов); западный макросклон Буреинского хребта, бассейн р. Тирма, притока р. Буря (4 сезона) и южная оконечность Буреинского хребта северные отроги хребта Малый Хинган, бассейн р. Бира (6 сезонов). На правом берегу Амура, западном макросклоне хребта Сихотэ-Алинь, в бассейне рек Манома и Хар расположен 4-й район исследования (5 сезонов, 4 из которых представляют субпопуляцию бассейна р. Манома). Анализ длин фрагментов выполнен на 8-ми канальном генетическом анализаторе АВ-3500. Идентификацию аллельного состава локусов проводили с помощью программы Gene Mapper, версия 4.1 (Applied Biosystems, США). Оценки наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности, соответствия распределению Харди-Вайнберга и подсчет дистанций на основе попарных F(ST) осуществляли в программе Arlequin (версия 3.5 2020).

В суммарной выборке 585 экз. представлено 5 аллелей локуса Ma3 и 13 аллелей локуса Mer041. Группа специфических аллелей, характеризующих качественные различия между соболиным населением Буреинского нагорья и Сихотэ-Алиня включает 3 редких аллеля. Обнаружен различающийся характер динамики аллельного разнообразия в субпопуляциях левобережья (Буреинское нагорье) по сравнению с правобережьем (хребет Сихотэ-Алинь) реки Амур. Проведенное исследование двух микросателлитных локусов в материале сборов 9 сезонов показывает относительную однородность популяционной структуры соболя Буреинского нагорья, не приводящую к статистически значимому уровню дифференциации субпопуляций ни в пространстве, ни во времени. По сравнению с ней гетерогенность Сихотэ-Алинской субпопуляции выявляется как по частотам аллелей двух рассматриваемых локусов, так и постоянно определяемым неравновесным состоянием по локусу Mer041 в районе р. Манома. Именно выявленная гетерогенность Сихотэ-Алинской субпопуляции определяет разброс генетических дистанций односезонных сборов (попарно сравниваемые F(ST)) при сравнении населения лево- и правобережья Амура от практически нулевых значений до промежуточного уровня дифференциации по Райту. Гетерогенность аллельного состава может указывать на существование на восточных склонах Сихотэ-Алиня пространственно неоднородной популяционной структуры, сформированной из потомков и возможных гибридов автохтонной и двух интродуцированных форм. Исследуемый материал мог быть собран в районах обитания этих форм. Либо мы наблюдаем гетерогенность, поставляемую потоками мигрантов с различающейся генетической структурой на освобождающиеся территории. Продолжение мониторинговых исследований, расширение района исследования и набора маркерных характеристик, как генетических, так и морфологических, позволят воссоздать полную картину эколого-генетических изменений во времени и пространстве.

Популяционные различия в структуре и разнообразии генофонда северного оленя (*Rangifer tarandus*) востока Евразии по нейтральным и функционально значимым молекулярным маркерам - мтДНК и гена прионного белка *PRNP*

Холодова М.В.¹, Сипко Т.П.¹, Кашина Н.В.¹, Голосова О.С.¹, Охлопков И.М.², Захаров Е.С.², Аргунов А.В.²; Кочкарев П.В.³, Колпашиков Л.А.⁴, Бондарь М.Г.⁴

¹Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

²Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, Якутск

³Государственный биосферный заповедник «Центральносибирский», Красноярский край, пос. Бор

⁴ФГБУ «Заповедники Таймыра», Норильск

e-mail: mvkholod@mail.ru

На северо-востоке России обитает основная часть видового населения дикого северного оленя (ДСО) *Rangifer tarandus* Евразии. В этой части ареала выделяют несколько популяций (группировок), генетические характеристики которых до сих пор изучены недостаточно. С целью хотя бы частично восполнить этот пробел мы исследовали полиморфизм наиболее изменчивого некодирующего участка мтДНК – контрольного региона и гена прионного белка *PRNP* яДНК для выборок из семи наиболее крупных группировок ДСО Якутии и Красноярского края: Лено-Оленекской (LO-T), Эвенкийской (западно-якутской, ЭV-F), центрально-якутской (AL-F), Сундурунской (SU-T), Колымской (КОЛ-FM), Таймырской (WT-T) и Красноярской (КК-F, районы рек Подкаменной и Нижней Тунгуски). Всего для общей выборки (129) по контрольному региону (417 п.н.) описано 77 гаплотипов, из них 25 встречались в нескольких образцах (2–14). Характерно, что общие гаплотипы преимущественно отмечены у оленей из одной группировки. Нуклеотидная изменчивость менялась от 0.014 до 0,021. Наиболее изолированной по данному маркеру оказалась группировка лесного ДСО из Красноярского края КК-F. Наиболее близки между собой по материнским линиям наследования были ДСО из Лено-Оленекской, Эвенкийской и Таймырской группировок. Для тех же группировок исследовали полиморфизм полной открытой рамки гена *PRNP* (771 п.н), играющего существенную роль в формировании устойчивости/предрасположенности к смертельно опасной для представителей сем. Cervidae прионной болезни хронического истощения оленей (Chronic wasting disease, CWD). По гену *PRNP* (771 п.н) выявлено шесть однонуклеотидных полиморфизмов (SNP): 4(A/G), 385(A/G), 413(A/G), 505(A/G), 526(A/G) и 674(A/C), соответствующих заменам аминокислот в шести кодонах прионного белка (PrP) – 2(V/M), 129(G/S), 138(S/N), 169(V/M), 176(N/D) и 225(S/Y). Исследованные группировки ДСО существенно различались в соотношении встречаемости гомо- и гетерозигот по этим позициям. Доля аллелей с аспарагином (N) в кодоне 138, ассоциированных с повышенной устойчивостью к CWD, в разных территориальных популяциях ДСО варьировала от 4,2 до 18,8 % (SU-T). Различия наблюдались и по двум другим кодонам PrP (176 и 225), также рассматриваемых в связи с устойчивостью/предрасположенностью к CWD. Доля аллелей с аспарагиновой кислотой (D) в кодоне 176 PRP, ассоциирующейся с повышенной устойчивостью к CWD, в группировках ДСО менялась в пределах от 0 до 8,7 % (AL-F). Суммарная доля аллелей 225Y с аминокислотой тирозином, также ассоциированной с повышенной устойчивостью к CWD, в разных популяциях ДСО составляла от 0 до 37,5 % (КК-F). Значения индекса Шеннона, гетерозиготности (He) и числа эффективных аллелей во всех группировках были сравнительно низкими. Наибольшие значения этих показателей отмечены среди ДСО из выборки КК-F, включающую образцы от оленей с берегов правого и левого притоков Енисея, возможно представляющих разные стада ДСО. Генетическая дистанция по гену *PRNP* этой группировки по сравнению с другими была максимальной, аналогично поученной для контрольного региона мтДНК. Несмотря на выявленные различия во всех исследованных популяциях дикого северного оленя преобладали аллели гена *PRNP*, ассоциированные с повышенной восприимчивостью к CWD. Поэтому при появлении источников заражения риск быстрого распространения CWD в стадах северного оленя России чрезвычайно высок. Это особенно актуально, поскольку в соседних странах Скандинавии случаи заражения CWD северных оленей, лосей и благородных оленей регистрируются, начиная с 2016 г. Работа поддержана грантом РФФИ № 20-04-00970А.

Генетическое разнообразие и популяционная структура нерки Азии: биоконплексность и адаптивная дивергенция популяций

Хрусталева А.М.

Институт биологии гена РАН, Москва

e-mail: mailfed@mail.ru

Нерка *Oncorhynchus nerka* (Walbaum) является одним из наиболее ценных видов среди тихоокеанских лососей, объектом промысла и искусственного разведения в пределах ее обширного ареала, охватывающего всю северную часть Тихого океана и оба его побережья. Для организации устойчивой долговременной эксплуатации популяций тихоокеанских лососей необходима обширная научная база знаний о границах эксплуатируемых единиц запаса, их генетическом разнообразии, их адаптивном потенциале, биоконплексности. Основной задачей данного исследования было выявление региональных конплексов азиатских популяций нерки, их разграничение, изучения их происхождения, демографических, экологических и эволюционных процессов в них протекающих.

Проанализированы данные по изменчивости 45 локусов однонуклеотидного полиморфизма (SNP) в 22 выборках из 15 водоемов воспроизводства нерки на азиатском побережье Тихого океана. На рассматриваемой части ареала выявлены три крупных региональных группировки популяций – биоконплекса, среди которых: западно-камчатский, бассейн р. Камчатки и группировка многочисленных второстепенных стад озерно-речных систем Корякского нагорья и Чукотки. Популяциям в пределах выделенных конплексов свойственны в первую очередь общность происхождения, относительная географическая близость, сходство климатических, ландшафтных, экологических условий воспроизводства, а также биотических и абиотических условий раннеморского нагула. В таких конплексах поддерживается внутривидовая диверсификация и разнообразие внутрипопуляционных форм, что обуславливает их устойчивость к антропогенным и средовым воздействиям.

Популяции, приуроченные к водоемам северо-охотоморского побережья (р. Палана и р. Охота), и островные популяции (за исключением выборки из оз.-р. системы Беттобу, о. Шумшу) существенно отличались от выделенных популяционных конплексов. Возможные причины высокой дивергенции северо-охотоморских популяций (рек Охота и Палана) могут быть связаны как с естественным отбором, главным образом обусловленным экстремальными условиями в период ската и откочевки молоди северо-охотоморской нерки в океан, а также локальными адаптациями к условиям размножения, эмбрионального развития и раннего пресноводного нагула в озерах, так и демографическими (дрейф генов, бутылочное горлышко) или историческими (эффект основателя) процессами.

Для большинства островных популяций выявлено существенное снижение генетического разнообразия. Следы инбридинга по абсолютному большинству нейтральных локусов, обнаружены в большинстве популяций Курильских и Командорских островов. Исключение составила выборка из оз.-р. системы Беттобу (о. Шумшу), относящаяся, вероятно, к западно-камчатскому конплексу популяций, что может объясняться, в том числе, расположением острова на путях массовых преднерестовых миграций нерки оз. Курильского. Локальные адаптации, по-видимому, так же вносят существенный вклад в дивергенцию островных и материковых популяций, что косвенно подтверждается, выраженными различиями между данными группами по потенциально селективно нагруженным SNP.

Соотношение внутри- и межорганизменного генетического разнообразия у байкальских эндемичных планарий

Юдинцева А.В., Щербаков Д.Ю.

Лимнологический институт СО РАН, Иркутск

e-mail: yudinceva@lin.irk.ru

Байкальские трехветвистокишечные турбеллярии или планарии (*Tricladida*) являются яркими представителями байкальской фауны. В Байкале их видовое разнообразие весьма велико, около 100 видов. Многочисленны карликовые и гигантские формы. Данная группа животных является существенным компонентом в донных биоценозах озера.

Планарии вызывают особый научный интерес с точки зрения разнообразия их репродуктивных стратегий. Большинство их представителей размножаются половым путем, однако встречаются виды, размножающиеся бесполом путем – фрагментацией тела. Примечательно, что некоторые планарии способны размножаться как тем, так и другим способом. Выбор репродуктивной стратегии зачастую зависит от условий среды обитания. Бесполой путь размножения наиболее предпочтителен, когда партеров для размножения недостаточно. Несмотря на хорошую изученность данной группы животных, влияние способа размножения на внутри- и межорганизменное генетическое разнообразие изучено слабо. В частности, интерес представляет возможность определения соотношения внутри- и межорганизменного генетического разнообразия у планарий.

Известно, что в процессе индивидуального развития многоклеточного организма в ДНК регулярно происходят соматические мутации, которые к моменту половозрелости приводят к появлению полиморфизма внутри организма, который увеличивается с возрастом. Наиболее вариабельной является митохондриальная (мт) ДНК, в следствии этого внутри организма и клеток наблюдается гетероплазмия. В процессе полового размножения планарий будущему организму передается единственный вариант последовательности мтДНК по женской линии, в единичных случаях по мужской.

С позиции генетики популяций при половом размножении для митохондриального генома должен прослеживаться эффект «бутылочного горлышка», поскольку клетки организма будут содержать один вариант последовательности мтДНК. В случае бесполого размножения организм развивается из части тела, которая содержит полиморфную мтДНК. В следствии этого потомки должны быть более полиморфными, чем организмы, развивающиеся из зиготы. Данное предложение можно проверить, оценивая соотношение внутри- и межорганизменного генетического разнообразия у байкальских планарий, при помощи популяционных генетических параметров, таких как $\Theta_{(S)}$ и $\Theta_{(п)}$, которые характеризуют нуклеотидное разнообразие. Наиболее подходящими молекулярными маркерами для данного типа исследования являются микросателлиты и вариабельные фрагменты мт генов, например, ген первой субъединицы цитохром-с-оксидазы (COI). Обсуждаются предварительные результаты исследования.

Изучение соотношения внутри- и межорганизменных параметров генетического разнообразия байкальских планарий позволит лучше разобраться в вопросах выбора пути размножения и влияние данного выбора на процессы видообразования.

Исследования были выполнены при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект №22-24-00791 "Метод оценки доли полового размножения у организмов со смешанной репродуктивной стратегией").

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ РАСТЕНИЙ

Моделирование активного распространения неадаптивных признаков в популяции растений

Андрианова Е.Ю.,¹ Владимиров И.А.², Павлова О.А.^{2,3}, Богомаз Д.И.^{1,2}

¹ Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого (СПбПУ), Санкт-Петербург

² ООО «Бизль», Санкт-Петербург

³ АО «МЦРМ», Санкт-Петербург

e-mail: bogomazden@mail.ru

Распространение неадаптивных признаков в популяциях сложная и до конца не разрешенная задача в современной биологии. Наблюдаемое явление, когда в популяциях появляются и распространяются как нейтральные, так и негативные признаки, увлекало в разное время Фишера, Кимуру, Райта, и др. В разное время создавались математические модели, позволяющие прогнозировать распространение в популяции нейтральных и даже отрицательных признаков. Сейчас классическим стали понятия: генетический дрейф, бутылочное горлышко, эффект основателя. Однако, в природе существуют примеры многократного последовательного закрепления негативных признаков, которые невозможно объяснить случайными процессами. Одним из таких примеров является агробактериальная трансформация растений разных семейств (*Nicotiana*, *Linaria*, *Ipomoea*), у них обнаружены участки ДНК, гомологичные Т-ДНК *Agrobacterium rhizogenes*. Агротрансформация растений приводит к тяжёлым морфогенетическим последствиям. Существующие гипотезы, объясняющие распространения Т-ДНК-содержащих растений, основаны на предполагаемых преимуществах, привносимых вместе с Т-ДНК, что позволило Т-ДНК-содержащим растениям закрепиться в популяции. В противоположность этому мы предложили, что Т-ДНК вставка исключительно вредна и её закрепление является примером классической эволюционной ловушки, природу которой мы попытались выяснить посредством математической модели. Ни одна из существующих математических моделей не позволяет в достоверности объяснить природу таких эволюционных. Нашей задачей стало создание такой модели, проверка её работы и моделирование эволюционных ситуаций данной сложности.

В результате создания математической модели было выяснено, что подобной эволюционной ловушкой для растений может являться переход отдельных особей на самоопыление при одновременной поставке своей пыльцы в общий пул пыльцы популяции. В данном случае, признак, сцепленный с поломкой механизма самонесовместимости, будет распространяться в популяции даже если при этом у особей, несущих этот признак жизнеспособность снижена до 60 процентов от исходной. Программа доступна по ссылке: <https://evo.biobeagle.com/> В работе, также, обсуждаются возможные биохимические причины, на основе которых Т-ДНК вставка могла бы привести к поломке механизма самонесовместимости природно-трансгенных растений, предложенная гипотеза позволяет объяснить многократное, последовательное захват Т-ДНК некоторых видов природно-трансгенных растений.

Исследование выполнено при поддержке программы «Приоритет 2030» (№75-15-2021-1333 от 30.09.2021)

Гибридизация сосны кедровой сибирской, *Pinus sibirica* Du Tour, и кедрового стланика, *Pinus pumila* (Pall.) Regel, в зоне контакта ареалов

Белоконь М.М.¹, Белоконь Ю.С.¹, Петрова Е.А.², Васильева Г.В.², Ефимова А.П.³,
Захаров Е.С.^{3,4}, Горошкевич С.Н.², Политов Д.В.¹

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

²Институт мониторинга климатических и экологических систем Сибирского отделения
Российской академии наук, Томск

³Институт биологических проблем криолитозоны Сибирского отделения Российской
академии наук, Якутск

⁴Северо-Восточный федеральный университет им. М.К. Аммосова, Якутск

e-mail: belokon@vigg.ru

Обширные ареалы сибирской кедровой сосны, *Pinus sibirica* Du Tour, и кедрового стланика, *Pinus pumila* (Pall.) Regel, формируют значительную зону перекрытия. Места совместного произрастания этих видов были обнаружены на восточном побережье оз. Байкал (Баргузинский заповедник), в дельте Верхней Ангары, в Южном Забайкалье (гора Алханай, Могойтуйский хребет Хэнтей-Чикойского нагорья), по всей горной системе Станового хребта до Алданского нагорья на крайнем северо-востоке этой зоны. Из-за отсутствия репродуктивных барьеров и совпадения фенофаз мужского и женского «цветения» видов, в этих местах происходит естественная гибридизация с образованием гибридов в различных сочетаниях. Поскольку кедровая сосна и стланик представляют собой виды с контрастными экологическими особенностями, естественные гибриды первого поколения между ними можно идентифицировать морфологически, однако такое определение не всегда является точным. С помощью анализа генотипов взрослых растений кедрового стланика и сибирской кедровой сосны по аллелимам (ядерным кодоминантным маркерам с бипарентальным наследованием) и мтДНК получены доказательства современной гибридизации этих видов, а также прошлых гибридизационных событий.

Наиболее интенсивно двунаправленная гибридизация происходит в западной части зоны симпатрии. В прибайкальских популяциях большинство гибридных растений являются гибридами первого поколения с митохондриальными геномами преимущественно от численно преобладающего в данной популяции вида. Незначительная часть растений является беккроссами или гибридами последующих поколений. В популяциях, произрастающих восточнее оз. Байкал также встречаются гибридные растения разных поколений и беккроссы. В условиях Южной Якутии гибридизация проходит преимущественно однонаправленно с асимметричным потоком генов между видами. В большинстве изученных выборок отмечается замена митохондриальных геномов *P. sibirica* геномами *P. pumila*. При этом ядерные геномы остаются характерными для растений кедровой сосны. Учитывая экстремальные для *P. sibirica* условия существования на северо-восточной границе его ареала, захват митохондрий другого вида и закрепление чужеродных митотипов может быть следствием адаптивной интрогрессии.

В целом в пределах зоны симпатрии *P. sibirica* и *P. pumila* ведут себя как хорошие виды. Гибриды постоянно образуются в биотопах, где виды находятся в условиях непосредственного контакта, но нигде особи с промежуточными фенотипическими характеристиками и генотипами по генным локусам ядерной локализации не доминируют, не вытесняют исходные виды. В данном случае мы наблюдаем скорее не единую сплошную гибридную зону, а отдельные локальные зоны и очаги гибридизации, которая может идти далее первого-второго поколения, но при этом нигде не приводит к смешению видов. Захват чужеродной мтДНК, видимо, является альтернативной стратегией регуляции межвидового потока генов, которая позволяет избежать формирования плохо коадаптированных комплексов ядерных генов (гибридный дисгенез, регуляторная несовместимость), но в то же время даёт возможность однонаправленного, а потенциально и взаимного обогащения генетической структуры.

Генетическая структура популяций кедрового стланика, *Pinus pumila* (Pall.) Regel, в восточной части ареала

Белоконь Ю.С.¹, Белоконь М.М.¹, Ветрова В.П.², Горошкевич С.Н.³, Петрова Е.А.³,
Политов Д.В.¹

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

²Камчатский филиал Тихоокеанского института географии Дальневосточного отделения
Российской академии наук, Петропавловск-Камчатский

³Институт мониторинга климатических и экологических систем Сибирского отделения
Российской академии наук, Томск

e-mail: yuri_b@vigg.ru

Кедровый стланик, *Pinus pumila* (Pall.) Regel, широко распространен в Восточной Сибири и на Дальнем Востоке. Высокая экологическая пластичность позволяет ему заселять разнообразные местообитания, часто не приспособленные для роста других древесных растений. Стланик – обычный компонент подгольцового пояса горных лесных экосистем от побережья оз. Байкал до полуострова Камчатка и Курильских островов.

С использованием 28 аллозимных локусов (*Adh-1*, *Adh-2*, *Fdh*, *Fest-2*, *Gdh*, *Got-1*, *Got-2*, *Got-3*, *Idh-1*, *Lap-2*, *Lap-3*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Mdh-3*, *Mdh-4*, *Mnr-1*, *Peuca*, *6Pgd-2*, *6Pgd-3*, *Pgi-1*, *Pgi-2*, *Pgm-1*, *Pgm-2*, *Skdh-1*, *Skdh-2*, *Sod-2*, *Sod-3*, *Sod-4*) была изучена генетическая структура и дифференциация двадцати популяций кедрового стланика Сихотэ-Алиня, Чукотки, полуострова Камчатка, островов Парамушир, Сахалин и Кунашир. В целом изменчивыми оказались 26 из изученных локусов (92.9%), среднее число аллелей на локус – 2.3, значение средней гетерозиготности равно 0.248. В большинстве популяций уровни внутривидовой изменчивости были близки к средним значениям. Минимальные значения показателей внутривидовой изменчивости отмечены для выборки стланика с о. Парамушир. А самые высокие – в выборке г. Облачная (Сихотэ-Алинь) и в двух выборках с о. Сахалин. В большинстве выборок отмечен дефицит гетерозигот среди зародышей, в то время как в выборках, где исследованный материал был представлен взрослыми особями, наблюдается близкое к равновесному распределение генотипов.

В пределах группы популяций Камчатки межпопуляционная дифференциация оказалась максимальной ($F_{ST}=0.045$). Слабая дифференциация наблюдалась между двумя северными чукотскими популяциями ($F_{ST}=0.013$), а также двумя популяциями острова Сахалин ($F_{ST}=0.013$). Довольно высокий уровень генетической дифференциации выявлен между популяциями острова Кунашир, произрастающими в контрастных условиях среды на небольшой по географическим меркам территории ($F_{ST}=0.041$). Факторный анализ выявил кластеры популяций по географическому происхождению, а также показал высокую степень дифференциации между локальностями в пределах о. Кунашир и п-ова Камчатка, что может свидетельствовать о высокой степени приспособленности отдельных популяций к их среде обитания. Таким образом, можно заключить, что высокие показатели межпопуляционной дифференциации кедрового стланика зависят не только от географического происхождения, но и от условий обитания.

Поддержание высокого уровня аллозимного полиморфизма является адаптивной стратегией, за счет которой, популяции кедрового стланика сохраняют возможность приспособиться к изменяющимся условиям среды. Генетическое своеобразие отдельных групп популяций доказывает влияние изоляции расстоянием и демонстрирует историю расселения стланика в регионе.

Полиморфизм IRAP-маркеров и оценка степени метилирования ДНК в популяциях красной японской сосны (*Pinus densiflora*) префектуры Фукусима

Бондаренко В.С.¹, Бондаренко Е.В.¹, Бондаренко С.В.², Гераськин С.А.¹

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт радиологии и агроэкологии», Обнинск

² МБОУ «СОШ № 12», Обнинск

e-mail: Bvs79@mail.ru

Загрязненные радионуклидами территории являются уникальными экспериментальными площадками для изучения влияния техногенного загрязнения на компоненты биоты. Произрастающая на загрязненных после аварии на АЭС «Фукусима» участках, красная японская сосна является радиочувствительным видом ($LD_{50}=6$ Гр) и была выбрана объектом для изучения радиационных эффектов на молекулярно-генетическом уровне. Цель работы заключалась в оценке глобального уровня метилирования и гидроксиметилирования ДНК и полиморфизма IRAP (interretrotransposon amplified polymorphism) маркеров в популяциях красной сосны с 4 импактных и одного контрольного участков. Мощность амбиентного эквивалента дозы на контрольном участке составляет $0,25\pm 0,05$ мкЗв·ч⁻¹, а на импактных варьировала от $3,4\pm 0,1$ до $6,4\pm 0,4$ мкЗв·ч⁻¹.

Уровни метилирования (5mC) и гидроксиметилирования (5hmC) оценивались колориметрическим методом на ИФА анализаторе с использованием наборов для количественного определения 5mC и 5hmC, соответственно (Abcam, Великобритания). Установлены статистически значимые различия между референтным и импактными участками. Выявлены отрицательные корреляции процентного содержания 5mC и 5hmC с дозой радиационного воздействия ($\rho=-0.34$, $p = 0.02$ для 5mC и $\rho=-0.6$, $p = 0.00001$ для 5hmC), и выраженная положительная корреляция между уровнями метилирования и гидроксиметилирования ($\rho=0.7$, $p=1.2\times 10^{-7}$). Для выявления возможных признаков эпигенетического перепрограммирования рассчитывали соотношение 5hmC к 5mC. На наиболее радиоактивно загрязненных участках наблюдалось статистически значимое снижение соотношения 5hmC/5mC по сравнению с референтным участком. Результаты показывают, что в геномах красной японской сосны степень метилирования и гидроксиметилирования снижается с увеличением уровня радиоактивного загрязнения.

Для изучения генетического разнообразия исследуемых популяций использовались праймеры, разработанные к длинным концевым повторам дифференциально экспрессируемых ретротранспозоноподобных фрагментов сосны обыкновенной. Выявлено, что наиболее радиоактивно загрязненная популяция красной сосны ($6,4\pm 0,4$ мкЗв·ч⁻¹) выделяется наибольшим количеством ампликонов, в том числе уникальных. Показатель средней гетерозиготности, который положительно коррелирует с уровнем приспособленности организмов, также выше в этой популяции. Таким образом, использованные IRAP маркеры представляются перспективными для оценки генетического разнообразия и мониторинга радиоэкологического состояния природных популяций красной японской сосны, которые восстанавливаются вслед за естественным снижением уровней излучения в результате распада и миграции радионуклидов.

Генетическое разнообразие и молекулярно-генетическая идентификация популяций древесных растений на Урале

Боронникова С.В., Васильева Ю.С., Сбоева Я.В., Чертов Н.В., Жуланов А.А.,
Пыстогова Н.А., Нечаева Ю.И.

ФГАОУ ВО «Пермский государственный национальный исследовательский
университет», Пермь

e-mail: SVBoronnikova@yandex.ru

Для сохранения генетических ресурсов лесобразующих видов растений необходимо изучение их генетического разнообразия и популяционной структуры.

Проведен молекулярно-генетический анализ 10 популяций *Larix sibirica* Ledeb. (*Larix sukaczewii* Dyl.) и 7 популяций *P. sylvestris* L. на Среднем и Северном Урале. Протестированы пары праймеров к 10 ядерным и 3 хлоропластным локусам *P. sylvestris*, а также пары праймеров к 10 локусам *L. sibirica*. Для идентификации популяций установлены 3 ядерных локуса *L. sibirica* (4CL1-363, sSPcDFD040B03103-274, ABA-WDS) и 3 хлоропластных локуса *P. sylvestris* (trnV, rpl20-rps18, psbA-trnH). В нуклеотидных последовательностях исследованных локусов определены позиции SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) и выполнен анализ их частот. Установлено, что в среднем частота SNPs в геноме *L. sibirica* по трем изученным локусам составила 1 SNP на 53 пары нуклеотидов. Определены нуклеотидные последовательности 6 локусов, в которых выявлены 59 SNPs. Для идентификации популяций двух видов хвойных растений отобраны 11 SNP-маркеров. Выявлено, что изученные популяции *L. sibirica* характеризуются большим нуклеотидным разнообразием по сравнению с другими видами хвойных растений ($Hd = 0,896$; $\pi = 0,007$ и $\theta_w = 0,015$).

В изученных десяти популяциях западной расы *L. sibirica* на Среднем и Северном Урале установлен высокий уровень генетического разнообразия ($P_{95}=0,951$; $H_E=0,202$; $n_e=1,471$; $Hd=0,896$; $\pi=0,007$), определенный на основании полиморфизма ISSR-PCR маркеров, а также полиморфизма трех локусов потенциально адаптивно-значимых генов. В результате молекулярно-генетического анализа популяций *P. sylvestris* на Среднем Урале выявлен 91 ISSR-PCR маркер, среди которых 82 оказались полиморфными, также у сосны обыкновенной установлен высокий уровень генетического разнообразия ($P_{95}=0,901$; $H_E = 0,161$; $n_e=1,386$).

Молекулярно-генетическая идентификация основана на поиске и анализе стабильных идентификационных молекулярных маркеров. Для популяций *P. sylvestris* установлен 21 идентификационный ISSR-PCR маркер, из которых 14 являются уникальными. Для популяций *L. sibirica* выявлено 22 ISSR-PCR идентификационных маркера, из которых 11 являются уникальными. Составлены молекулярно-генетические формулы, штрихкоды и генетические паспорта популяций. Отобраны идентификационные ISSR-PCR маркеры для двух видов, а также сочетания полиморфных маркеров для отдельных популяций.

На основании данных молекулярно-генетического анализа, полученных с помощью двух типов ДНК-маркеров (ISSR-PCR и SNP-маркеры), разработана шкала и проведена оценка состояния генофондов изученных популяций, а также даны рекомендации для их сохранения на Урале. Выявленные для отдельных популяций уникальные ISSR-PCR и SNP-маркеры могут быть применены как для идентификации изученных популяций, так и для генетического контроля происхождения древесины.

Получен патент на изобретение «Способ молекулярно-генетической идентификации неизвестного образца древесины хвойных растений» (№2760522 от 26.11.2022).

Исследование частично выполнено при финансовой поддержке Правительства Пермского края в рамках научного проекта № С-27/776 от 31.03.2022.

Аллельное разнообразие генов антоциановой окраски перикарпа у линий ржи разного происхождения

Буланов А.Н.¹, Решетникова Г.Д.¹, Цветкова Н.В.¹, Зыкин П.А.¹, Андреева Е.А.^{1,2}

¹ Санкт-Петербургский государственный университет,

Лаборатория генной и клеточной инженерии растений, Санкт-Петербург

² Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

e-mail: an.bulanov20002014@gmail.com

Рожь, *Secale cereale* L., – важное сельскохозяйственное растение, в популяциях которого, несмотря на долгую историю одомашнивания, сохранилось крайне широкое естественное разнообразие признаков. Одним из таких признаков является антоциановая пигментация различных органов и тканей. В Петергофской генетической коллекции ржи поддерживается широкий спектр линий, отличающихся по данному признаку. В их числе и линии, несущие различные аллельные варианты локуса фиолетовой пигментации перикарпа, *Vs* (*violet seed*). Наши данные позволяют предполагать, что две мутации безантоциановости *vi4* и *vi5*, обнаруженные при изучении растений различного происхождения и поддерживающихся в гомозиготном состоянии у инбредных линий, затрагивают данный локус. В коллекции выявлены линии с интенсивной антоциановой окраской зерна (аллель *Vs*) и слабо-фиолетовой окраской («слабая» аллель *Vs*). Генетическое картирование и анализ транскриптомных и геномных данных позволил нам обнаружить ген-кандидат локуса *Vs* – ген транскрипционного фактора семейства MYC. Именно MYC транскрипционные факторы играют ключевую роль в регуляции биосинтеза антоцианов.

Проведено секвенирование кодирующих последовательностей аллелей разного происхождения гена-кандидата локуса *Vs* у пяти линий, различающихся по антоциановой пигментации перикарпа и, соответственно, генотипу. Обнаружен значительный полиморфизм, связанный с накоплением однонуклеотидных как синонимичных, так и несинонимичных замен. Различия нуклеотидных последовательностей гена-кандидата обнаруживаются даже у растений одной линии, несмотря на поддержание в виде чистой линии в течение многих поколений. Кроме того, обнаружен полиморфизм в регуляторных последовательностях гена-кандидата — однонуклеотидные замены и делеции.

Полученные данные подтверждают широкое генетическое разнообразие ржи, что делает её крайне интересным для изучения объектом с возможностью использования полиморфизма в селекционном процессе.

Дифференциация пыльцы растений семейства Березовые (*Betulaceae*) с помощью маркеров штрихкодирования

Верчук А.Н., Кильчевский А.В.

ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси», Минск, Беларусь

e-mail: a.n.verchuk@mail.ru

Дифференциация видового происхождения пыльцы для целей криминалистики с помощью световой микроскопии, основанной на особенностях морфологического строения внешней стенки пыльцевого зерна, имеет ряд недостатков, одним из которых является низкое таксономическое разрешение метода по некоторым группам растений. Проблемы, возникающие при изучении пыльцы с помощью световой микроскопии, могут быть успешно разрешены с использованием молекулярно-генетических методов (штрихкодов).

Целью нашего исследования было изучение возможности дифференциации пыльцы растений путем ДНК штрихкодирования для криминалистических целей. Для выделения ДНК из пыльцы использовали коммерческий набор ReliaPrep™ FFPE gDNA Miniprep System (Promega, США), предназначенный для выделения ДНК из тканей, помещенных в парафиновые блоки. Согласно методике, выделению предшествовал этап инкубирования пыльцы в минеральном масле при 80°C, что позволяет облегчить процедуру разрушения наружной оболочки пыльцы. Для эффективной процедуры ДНК-штрихкодирования необходимо несколько условий, одним из которых является наличие высокоэффективных ДНК-маркеров. Были исследованы три ДНК-маркера (*ITS2*, *rbcL* и *psbA-trnH*), которые были секвенированы на 8 образцах пыльцы растений вида лещина обыкновенная (*Corylus avellana*) рода *Corylus*, и 8 образцах пыльцы растений вида ольха серая (*Alnus incana*) рода *Alnus* семейства Березовые (*Betulaceae*). Полученные нами последовательности сравнивали с фрагментами соответствующих штрихкодов, представленных в NCBI (National Center for Biotechnology Information).

Сравнение последовательностей в NCBI по маркеру *ITS2* позволило в большинстве (7/8) случаев установить точное видовое происхождение пыльцы. Среднее значение идентичности для всех образцов лещины по данному маркеру составляло 99,75%, а для ольхи 99,78%. Также с помощью *ITS2* было выявлено по два гаплотипа для каждого исследуемого рода. Маркер *psbA-trnH* позволил повысить достоверность полученных результатов, установить вид в тех случаях, когда результатов по маркеру *ITS2* было недостаточно. Среднее значение идентичности для образцов лещины составило 99,70% (обнаружено 3 гаплотипа), а для ольхи 99,93% (один гаплотип). Установить видовую принадлежность с помощью маркера *rbcL* оказалось проблематично, поскольку в большинстве случаев значения показателей были равны для большого количества видов, входящих в один род. Однако, во всех случаях маркер *rbcL* правильно устанавливал родовую принадлежность образцов.

Таким образом, для подтверждения происхождения пыльцы от растений видов лещина обыкновенная (*Corylus avellana*) и ольха серая (*Alnus incana*) необходимо минимум два ДНК-маркера – *ITS2* и *psbA-trnH*. ДНК-маркер *rbcL* достоверно устанавливает родовую принадлежность исследуемых образцов.

Генетическое разнообразие природных популяций карельской березы

Ветчинникова Л.В.¹, Титов А.Ф.², Топчиева Л.В.²

¹ Институт леса ФИЦ «Карельский научный центр РАН», Петрозаводск

² Институт биологии ФИЦ «Карельский научный центр РАН», Петрозаводск

e-mail: vetchin@krc.karelia.ru

Карельская береза считается разновидностью березы повислой (*Betula pendula* Roth), но в отличие от нее произрастает только на территории стран Балтийского региона, хотя и характеризуется высоким полиморфизмом по ряду анатомо-морфологических признаков. Учитывая это, целью нашего исследования явилось изучение генетического разнообразия природных популяций карельской березы, расположенных на северной и южной границах ее ареала, с помощью ядерных микросателлитных маркеров.

Объектами исследований были российские (карельские), финские и белорусские популяции (включая субпопуляции), расположенные в пределах одной географической долготы (~30° в.д.), но удаленные друг от друга с севера (~62° с.ш.) на юг (~53° с.ш.) примерно на 1300 км.

Установлено, что аллельное разнообразие популяций несколько выше в южной части (Беларусь) ее ареала по сравнению с северной (29 и 26,5–27 аллелей по 6 полиморфным микросателлитным локусам, соответственно). По всей вероятности, это обусловлено значительно более высокой численностью ее популяций и менее выраженной фрагментацией ареала на территории Беларуси, а не экологическими условиями их местообитания. Наиболее вероятной причиной значительного снижения численности деревьев в северных популяциях могла выступать, в частности, массовая селективная рубка здесь лучших из них, т.е. с наиболее ярко выраженной узорчатой текстурой в древесине. Сравнительно высокий полиморфизм северных популяций карельской березы скорее всего сохранился благодаря тому, что снижение эффективной численности популяций и сокращение занимаемых ими площадей произошло относительно недавно. Для северных популяций также оказалось характерным превышение значений ожидаемой гетерозиготности над наблюдаемой, что свидетельствует о преимущественном накоплении гомозигот, а следовательно, повышении риска деградации ее популяций в перспективе. Накопление избытка доли гетерозигот (выявляемое на основании расчета индекса фиксации Райта) обнаружено только в одной из пяти изученных субпопуляций в северной части ареала, находящейся в ботаническом заказнике «Анисимовщина» (Республика Карелия), а в южной части ареала – в белорусской популяции. Это коррелирует с их размерами по численности: первая является наибольшей в России, а вторая – наибольшей в мире. Согласно дендрограмме генетического сходства, все изученные популяции и субпопуляции разделились на два кластера: в одном – деревья, представляющие северные популяции (Республика Карелия и Финляндия), которые хотя и удалены друг от друга на 400 км, но расположены в сходных природно-климатических условиях; в другом – белорусская популяция, вероятно, вследствие ее географической отдаленности и действия фактора «изоляция расстоянием».

В целом, результаты исследований позволили выявить общие черты северных и южных популяций карельской березы (высокий уровень аллельного разнообразия, превышение значений ожидаемой гетерозиготности над наблюдаемой). Некоторые различия, обнаруженные при оценке их генетического разнообразия, по-видимому, обусловлены не только экологическими условиями их местообитаний, но и биологическими особенностями вида и его эволюционной историей.

Финансовое обеспечение исследований осуществлялось из средств федерального бюджета на выполнение государственного задания ФИЦ «Карельский научный центр Российской академии наук» (Институт леса КарНЦ РАН – № 0185-2021-0018; Институт биологии КарНЦ РАН – № FMEN-2022-0004) и при частичной финансовой поддержке РФ (проект № 22-16-00096).

Регуляция покоя семян, как основа адаптивных стратегий *Arabidopsis thaliana* в северных природных популяциях

Зарецкая М.В., Лебедева О.Н., Федоренко О.М.

Институт биологии Карельского научного центра Российской академии наук, Петрозаводск

e-mail: fedorenko_om@mail.ru

Проблема адаптации живых организмов к условиям окружающей среды продолжает оставаться наиболее актуальной в современной биологии. Высшие растения в отличие от животных ведут прикрепленный образ жизни, поэтому они в значительной степени зависят от климатических условий и имеют принципиально иную жизненную стратегию, связанную с адаптацией. Сезонные сроки прорастания семян имеют решающее значение для адаптации растений. Они непосредственно связаны с периодом покоя семян и определяют, в каких условиях окружающей среды будут формироваться последующие жизненные признаки растений (такие, как потребность в яровизации, время начала цветения и т.д.). Эти признаки могут быть скоррелированы в результате естественного отбора и формировать синдромы адаптивных форм жизненного цикла. У однолетних растений вариации в сроках сезонного прорастания семян создают альтернативные стратегии жизненных циклов. Индукция вторичного покоя семян в зимних условиях, который ограничивает прорастание до осени, положительно коррелирует со временем цветения, создавая зимние и весенние сезонные стратегии жизненного цикла.

В представленной работе дана оценка глубины первичного покоя семян растений *A. thaliana* северных природных популяций (Карелия), имеющего решающее значение для адаптации. Установлено, что температурный опыт материнского растения в период созревания семян используется для контроля прорастания семенного потомства. Выявлена зависимость транскрипционной активности гена *FLOWERING LOCUS T (FT)* в стручках растений от температуры выращивания материнского растения: она оказалась выше при прохладной температуре (16 °C) по сравнению с более теплыми условиями (22 °C). Для *DELAY OF GERMINATION 1 (DOG1)* подобная зависимость верна лишь для некоторых популяций, имеющих в своем составе не только позднецветущие, но и относительно раннецветущие растения. Вероятно, это связано с тем, что самые поздние экотипы *A. thaliana* имеют особые механизмы регуляции физиологических функций *DOG1*. Таким образом, проведенное исследование показало, что в условиях холодного климата у большинства растений *A. thaliana* семена имеют более глубокий покой при высокой температуре (22 °C), что обеспечивает их прорастание осенью и цветение весной, после окончания яровизации. Тем не менее, выявленная способность определенного количества семян прорасти при 22 °C, позволяет судить о наличии смещения типов осеннего и весеннего прорастания растений *A. thaliana* в карельских популяциях. Предполагается, что такая неоднородность стратегий жизненного цикла растений является своеобразной формой защиты популяций от риска вымирания и увеличивает потенциал выживаемости. Полученные результаты свидетельствуют о своеобразии генетических механизмов, участвующих в регуляции глубины покоя и сезонных сроков прорастания семян *A. thaliana* в популяциях, расположенных на северной периферии ареала вида в нестабильных условиях произрастания растений.

Дендрогеномика – новая междисциплинарная область исследований адаптивного генетического потенциала лесных древесных популяций, интегрирующая дендрохронологию, дендрозкологию, дендроклиматологию и геномику

Крутовский К.В.^{1, 2, 3, 4}

¹*Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия*

²*Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова Российской академии наук, Москва*

³*Сибирский федеральный университет, Институт фундаментальной биологии и биотехнологии, Красноярск*

⁴*Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г. Ф. Морозова, Воронеж*

e-mail: kkrutovsky@gmail.com

Считаю очень важным отметить, что Юрию Петровичу Алтухову, как и всякому настоящему исследователю, наряду с другими были присущи также такие замечательные черты, как широкий взгляд, стремление к новому, выход за рамки своей дисциплины. Благодаря ему и под его руководством многие новые междисциплинарные области исследования были заложены и успешно развивались в созданной им лаборатории популяционной генетики, в том числе такая интересная и важная область исследований, как лесная генетика. Будучи его учеником, я также всегда стремился следовать этому. На базе Института фундаментальной биологии и биотехнологии Сибирского федерального университета (СФУ) в г. Красноярске нами был создан один из первых в стране научно-образовательный центр геномных исследований в 2012 г., а чуть позже, через два года, в 2014 г. была создана первая и до сих пор единственная в стране лаборатория лесной геномики. Одно из современных направлений, которое развивается в рамках этой лаборатории совместно с сотрудниками научно-образовательной лаборатории дендрозкологии и экологического мониторинга Хакасского технического института (филиала СФУ), - это дендрогеномика, новая междисциплинарная область, интегрирующая дендрохронологию, дендрозкологию, дендроклиматологию и геномику и позволяющая на основе совместного анализа данных, полученных дендрологическими и геномными методами исследовать на новом уровне важные биологические проблемы, в частности такие, как временная динамика формирования границы леса, пространственно-временная структура популяций, а также изучение адаптивного генетического потенциала лесных древесных популяций. Данные проблемы особенно актуальны в контексте глобального потепления, которое способствует активному продвижению леса на север и горные высоты, ранее малоприспособленные для древесных растений, а также для понимания достаточно ли наблюдаемого уровня адаптивного генетического потенциала лесных древесных популяций для их выживания в новых климатических условиях. Эти исследования, а также новые перспективные исследования будут рассмотрены в предлагаемой презентации.

Анализ CNV для оценки холодоустойчивости сельскохозяйственных культур семейства *Brassicaceae*

Лемеш В.А., Кипень В.Н., Мозгова Г.В., Иванова Е.В., Хотылева Л.В.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

e-mail: V.Lemesh@igc.by

Существующие трудности проведения полевых испытаний сельскохозяйственных культур семейства *Brassicaceae* общепринятыми методами традиционного отбора и гибридизации стимулируют интерес к исследованию генов-регуляторов холодового стресса и механизмов, лежащих в его основе. В связи с тем, что устойчивость к пониженным температурам является количественным признаком (Thomashow M.F. et al, 1998), научно-обоснованный подход для создания новых устойчивых сортов состоит в том, чтобы идентифицировать полиморфные аллели генов, ассоциированные с устойчивостью к пониженным температурам, и подобрать эффективные молекулярные маркеры к выявленным аллелям. К настоящему времени установлен ряд локусов, ассоциированных с морозостойкостью у представителей семейства *Brassicaceae*. Некоторых из них относятся к классу CNV (Copy Number Variation), т.е. степень холодоустойчивости коррелирует с количеством копий локусов в геноме.

Цель работы – определение вариации числа копий для некоторых локусов, ассоциированных с холодоустойчивостью, у представителей семейства *Brassicaceae* с широким ареалом возделывания.

Материалом для исследования служили образцы семян 39 сортов семейства *Brassicaceae* различного происхождения: 26 образцов рапса *B. napus L.*, 7 образцов капусты полевой *B. rapa ssp. olerifera (DC) Metzg.*, 2 образца турнепса *Brassica rapa L. ssp. rapa Metzg.*, 2 образца репы листовой *Brassica rapa L. ssp. rapa f. Shirona Kitam* и *Brassica rapa L. ssp. rapa var. komatsuna Makino*, 2 образца брюквы *Brassica napus var. napobrassica (L.) Döll*. Локусы для анализа CNV (BrGMS102, BrgMS372, SSRO110, BnGMS180) отобраны на основании ранее проведенных исследований (DOI: 10.47612/1999-9127-2022-32-18-27). Для оценки копийности исследуемых локусов нами были смоделированы олигонуклеотиды, фланкирующие небольшой фрагмент (до 120 п.н.). ПЦР проводили в трехкратной повторности на амплификаторе QuantStudio 5 (Applied Biosystems) с использованием qPCRMix-HS low ROX (Евроген, Россия) со следующими условиями реакции амплификации (PCR Stage): 5 мин – 95°C, 40 циклов: 15 с – 95°C, 60 с – 60°C. В качестве интеркалирующего красителя использовали EvaGreen (Jena Bioscience, Германия). Далее следовал этап плавления ампликонов (Melt Curve Stage), с помощью которого осуществляли первичную оценку специфичности ПЦР. С_q определяли в приложении LinRegPCR v.2020.0. В качестве эндогенного референсного локуса использовали CruA (DOI: 10.3390/foods9091245). Для итоговой оценки специфичности ПЦР ампликоны разделяли электрофорезом в 2,0%-ном агарозном геле с добавлением раствора бромида этидия до конечной концентрации 0,5 мкг/мл при напряжении 100 В в течение 60 мин. Результаты электрофореза документировали с использованием системы E-Box CX5 (Vilber, Германия), программное обеспечение E-Box CX5 TS Edge 18.01. Количество CNV рассчитывали по формуле $R = 2^{-[\Delta C_{q\text{sample}} - \Delta C_{q\text{calib}}]}$. Значения в диапазоне 0,8-1,2 указывают на две копии участка ДНК, менее 0,6 – на уменьшение количества копий, а более 1,4 рассматривалось как увеличение копийности.

В результате исследований установлено, что для локуса BrGMS102 значение CNV варьировало в диапазоне 1,713-3,419 (максимальные значения показаны для образцов репы кормовой Ova Daehnfeldt [Дания], рапса Кавагаре [Япония] и Schnitt brauner [Германия]); для BrgMS372 – 1,659-4,289 (репа кормовая Ova Daehnfeldt [Дания], капуста полевая Злата [Россия], рапс Ветразь [Беларусь]), для SSRO110 – 0,748-2,661 (репа кормовая Ova Daehnfeldt [Дания] и рапс Мартын [Беларусь]), для BnGMS180 – 1,066-2,288 (рапс Кавагаре [Япония], капуста полевая Бемуар [Беларусь], репа кормовая Ova Daehnfeldt [Дания]).

Качество пыльцы *Pinus silvestris*, *Trifolium repens*, *Aquilegia vulgaris*, *Chelidonium majus*, произрастающих в районе аварии на Чернобыльской АЭС

Макаренко Е.С., Волкова П.Ю.

ФГБНУ ВНИИ радиологии и агроэкологии, Калужская обл., Обнинск

e-mail: makarenko_ek_obninsk@mail.ru

Качество пыльцевых зёрен древесных и травянистых растений, произрастающих в течение десятилетий на радиоактивно загрязнённой территории, позволяет оценить отдалённые радиационно-индуцированные биологические эффекты. Пыльцевые зёрна гаплоидны и поэтому более чувствительна к повреждающим факторам, чем диплоидные клетки, имеющие большие возможности для репарации повреждений. Сосна обыкновенная рекомендована Международной комиссией по радиационной защите (МКРЗ) в качестве референтного растения для оценки радиационного воздействия на окружающую среду.

Целью работы являлась оценка качества пыльцы у древесных и травянистых растений из радиоактивно загрязнённых после аварии на ЧАЭС территорий.

Материалы и методы. Работа проведена на территории Брянской области Российской Федерации и Полесского государственного радиационно-экологического заповедника Гомельской области Республики Беларусь. Мощность поглощённой дозы достигала 130 мГр/год.

Изучали сосну обыкновенную (*Pinus silvestris* L.), клевер ползучий (*Trifolium repens*), водосбор обыкновенный (*Aquilegia vulgaris*), чистотел большой (*Chelidonium majus*). Пыльцу у сосны собирали по 10-30 стробиллов с 15 деревьев на участок, клевера ползучего отобрали по 10 соцветий, с водосбора и чистотела по 12-13 и 10-11 цветков с участка, соответственно. На сосне просматривали по 750, а на травянистых растениях не менее 1000 пыльцевых зёрен с растения. Пыльцу окрашивали йодным методом и анализировали на микроскопе при 120 и 240-кратном увеличении, соответственно.

Для определения значимости отличия от контроля использовали критерий Манна-Уитни (*U*-тест) в Statistica 8.0.

Результаты. В изучаемых популяциях сосны выявлены 5 распространённых тератоморфных форм пыльцевых зёрен и 6 редких. Частота аномальной пыльцы на большинстве участков, испытывающих радиационное воздействие, значимо превышает уровень контрольных популяций и увеличивается с ростом поглощённой дозы в 2-х из 3-х годов исследования.

Средняя частота встречаемости стерильной пыльцы клевера ползучего повышена только на одном участке, который характеризуется небольшим количеством тени и засушливостью.

У водосбора обыкновенного средняя частота встречаемости стерильных пыльцевых зёрен значимо ниже на участке с наибольшей мощностью поглощённой дозы (70.4 мГр/год).

Частота встречаемости стерильных пыльцевых зёрен чистотела большого на импактных участках не отличается значимо от контрольного уровня.

Заключение. Спустя десятки лет после аварии на Чернобыльской АЭС у радиочувствительной сосны обыкновенной увеличена частота аномальной пыльцы на большинстве импактных участков, тогда как для более радиоустойчивых травянистых видов, сменивших десятки поколений, данный уровень радиационного воздействия недостаточно высок для индуцирования устойчивых изменений качества пыльцы, либо он был модифицирован другими факторами.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (№ 18-34-20012) и Российского научного фонда (№ 14-14-00666, № 20-74-10004).

Полиморфизм генов семейства *ipiO* оомицета *Phytophthora infestans* в популяции Московской области

Мартынов В.В., Чижик В.К.

ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии, Москва

e-mail: martynov.vik@gmail.com

Фитофтороз является наиболее вредоносным заболеванием картофеля и томатов. Его возбудителем является оомицет *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. Чтобы инфицировать растительные клетки, *P. infestans* секретирует эффекторные белки, которые подавляют защитную реакцию растения. За последнее время в геноме *P. infestans* было обнаружено множество генов, кодирующих эффекторные белки. К числу таких генов относятся гены семейства *ipiO*. Семейство генов *ipiO* является высоко полиморфным: у *P. infestans* было выявлено 13 вариантов последовательностей гена *ipiO*, которые на основании различий в их первичной структуре были разделены на три класса (I, II и III). Изучение полиморфизма генов семейства *ipiO* является важным не только с научной, но и с практической точки зрения, так как сведения об этом полиморфизме будут способствовать более эффективной борьбе с фитофторозом. Однако полиморфизм генов этого семейства ранее был изучен лишь на небольшой коллекции европейских изолятов, а также у изолятов, собранных на территории Центральной и Северной Америки и Юго-Восточной Азии, а для российских популяций *P. infestans* такие исследования не проводились. Таким образом, в настоящей работе был оценен полиморфизм первичной структуры генов семейства *ipiO* в популяции *P. infestans* в Московской области. В качестве метода оценки полиморфизма использовали SSCP анализ. В результате при помощи этого метода удалось различить классы генов семейства *ipiO* и установить, что изучаемые образцы имели один из трех вариантов генотипа *ipiO* в зависимости от комбинации у них генов этих классов. Выявленные генотипы оказались распределены в проанализированной популяции *P. infestans* Московской области с неодинаковой частотой. Кроме того, было показано, что картофельная и томатная субпопуляции *P. infestans* также различаются по частотам встречаемости выявленных генотипов.

Изучение генетической адаптации в популяциях лиственницы сибирской (*Larix sibirica* Ledeb.) с использованием данных полногеномного генотипирования

Новикова С.В.^{1,2}, Шаров В.В.^{1,2}, Орешкова Н.В.^{1,2,3}, Симонов Е.П.⁴, Крутовский К.В.^{2,3,5,6}

¹Красноярский научный центр Сибирского отделения РАН, Красноярск

²Сибирский федеральный университет, Красноярск

³Воронежский государственный лесотехнический университет им. Г. Ф. Морозова, Воронеж

⁴Тюменский государственный университет, Тюмень

⁵Гёттингенский университет им. Георга-Августа, Гёттинген, Германия

⁶Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: serafima_novikova_11@mail.ru

Как показывает практика лесовосстановления, наиболее локально адаптированными оказываются деревья, выращенные из семян, взятых из районов произрастания на схожих географических широтах, с приближенными экологическими условиями. Адаптация к условиям района происхождения является наследуемым признаком, причём не только благодаря генетическим различиям, но также и устойчивым трансгенеративным эпигенетическим модификациям. Нами проведено исследование геномной дифференциации популяции лиственницы сибирской (*Larix sibirica*), возникшей в результате адаптации к высотному градиенту климатических условий, на основе анализа данных высокопроизводительного секвенирования геномных районов ДНК, ассоциированных с сайтами рестрикции (т.н., restriction site-associated DNA sequencing - RAD-seq).

Образцы лиственницы были собраны по семи высотным трансектам, расположенным в Алтае-Саянском регионе, по три – четыре выборки, отличающихся высотой произрастания, ранжированных в диапазоне 500-2000 м н.у.м. Для каждого дерева были получены значения шести биоклиматических переменных: среднегодовая температура, изотермальность, температурная сезонность, средние температуры самого теплого и холодного квартала, среднегодовые осадки. Для рестрикции (расщепления) ДНК при пробоподготовке были использованы рестрикционные ферменты *EcoRI* и *MseI*. При последующем секвенировании полученных такой двойной рестрикцией (double digest – dd) ddRAD-библиотек было получено – после первичной обработки и фильтрации по качеству – ~2,1 млрд. прочтений длиной от 32 до 92 нуклеотидных оснований (н.о.), в среднем по 9 млн. прочтений на образец. При поиске однонуклеотидных полиморфных позиций – снипов (от английского SNPs - single nucleotide polymorphisms) было найдено 17,354 снипов (SNPs) для 234 образцов. Ожидаемая гетерозиготность (H_e) в среднем составила 0,053 и варьировала от 0,049 до 0,055 между выборками и 0,021 до 0,499 между локусами; показатель аллельного разнообразия (A) составил в среднем 1,719.

Поиск генетических маркеров, чья изменчивость возможно находится под влиянием отбора, проводился с использованием нескольких популяционно-генетических подходов: на основе анализа главных компонент (PCAdapt v4.3.3), методом смешанных моделей со скрытым фактором (LFMM, LEA v3.8.0), методом марковской цепи Монте-Карло с обратимым скачком (Bayescenv v1.1). Тремя различными методами суммарно было найдено 570 снипов (FDR q -значения = 0,05), достоверно коррелирующих со средовыми факторами, 33 из которых являлись общими для всех трех методов. Функциональная аннотация геномных участков, содержащих данные снипы, показала наличие полиморфизма в участке гена, предположительно кодирующем белок семейства тиоредоксинов, регулирующих реакцию на окислительный стресс. Также один из снипов расположен внутри гена, предположительно кодирующего белок-регулятор гиперчувствительного ответа, связанный с быстрой патоген-индуцированной гибелью клеток. Шесть найденных генетических маркеров расположены в промотерных районах рибосомальных генов митохондрий, в частности, кодирующих рибосомальные белки S2, S7, S11 и S14.

Генетическое разнообразие в инвазивных и нативной популяциях

Heracleum sosnowskyi Manden.

Осипова Е.С., Степанова А.Ю., Терешонок Д.В., Гладков Е.А., Высоцкая О.Н.

Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева Российской академии наук,
Москва

e-mail: oes@bk.ru

Агрессивное внедрение чужеродных видов в природные биологические сообщества угрожает их биоразнообразию и может приводить к негативным экологическим, экономическим и социальным последствиям. В связи с этим необходимо выяснить направление и скорость микроэволюции в нативных и инвазионных популяциях. Один из способов сделать это - оценить генетическое разнообразие (GD). Целью данного исследования было определение уровня GD успешного инвазионного вида *H. sosnowskyi* на территории России (Кавказ, Москва) и Украины (Киев, Житомир, Песковка) с помощью RAPD, ISSR и REMAP методов. GD внутри каждой из популяций варьировало: Москва 0.217 – 0.606, в среднем 0.398; Песковка 0.224 - 0.678, в среднем 0.418; Киев 0.265 - 0.622, в среднем 0.441; Житомир (промышленная зона) 0.216 - 0.640, в среднем 0.446; Житомир (центр) 0.248 - 0.629, в среднем 0.457; нативная Кавказская популяция 0,244 - 0,739; в среднем 0,502. Существенных различий GD в популяциях из разных районов Житомира не было. Наибольшее GD было между Московской и Кавказской популяцией (0.614). Это можно объяснить значительной удаленностью Московской популяции, и ее эволюцией в процессе адаптации к новой среде обитания. Наименьшее генетическое разнообразие было обнаружено между популяциями из Житомира и Песковки (0.438). Здесь, скорее всего, имело место антропогенное распространение семян из одного района в другой. Поток генов маловероятен, поскольку расстояние между Житомиром и Песковкой составляет около 100 км. Среднее значение GD в инвазионных популяциях (0.432) было немного меньшим (0.502), чем в нативной Кавказской популяции. Это может свидетельствовать об успешной натурализации инвазий, почти полном восстановлении их GD и возможности дальнейшего распространения. Дендрограммы анализируемых популяций борщевика были построены по данным отдельных методов RAPD, ISSR, REMAP и по их обобщенным данным. Независимо от используемого метода, популяции из Житомира и Песковки объединяются в кластер. Высокие значения бутстрэпа указывают на их тесную взаимосвязь. Семена борщевика из Житомира могли быть перенесены в Песковку или наоборот. Популяции из Киева, Житомира и Песковки объясняются в кластер по данным ISSR и REMAP анализа, что соответствует их близкому географическому расположению. Результаты RAPD анализа позволяют рассматривать Московскую и Киевскую популяции борщевика как генетически родственные. Однако, на дендрограмме, полученной в результате обобщения данных RAPD, ISSR и REMAP был обнаружен только один кластер, объединяющий Житомир и Песковку, хотя популяция Киева располагается рядом с ними. Кавказская нативная популяция располагается обособленно на всех дендрограммах, что свидетельствует о значительном расхождении между нативной и инвазивной популяциями в процессе эволюции. Успех в натурализации борщевика связан с деятельностью человека, поскольку он использовался в сельском хозяйстве с 40-х годов. Также *H. sosnowskyi* отличается устойчивостью к воздействию окружающей среды, высокой плодовитостью и фенотипической пластичностью. Способность к стремительной адаптации подобных агрессивных чужеродных видов необходимо изучать в дальнейшем, так как их распространение – одна из главных угроз разнообразию существующих биогеоценозов.

Генетическое разнообразие *Pinus sylvestris* L. в древостоях особо охраняемых природных территорий Беларуси

Падутов В.Е., Ивановская С.И., Каган Д.И.

ГНУ «Институт леса НАН Беларуси», Гомель, Беларусь

e-mail: forestgen@mail.ru

Воздействие совокупности антропогенных факторов радикально изменяет естественную среду обитания видов, и все большее значение приобретает проблема сохранения и рационального использования видовых генофондов. При сохранении генетических ресурсов, по мнению многих исследователей, главная цель – сохранить как можно больше генетической изменчивости, которая найдена у изучаемого вида. Точкой отсчета при генетическом мониторинге популяционных систем, испытывающих антропогенное воздействие, является состояние генетического оптимума, унаследованное нативной системой популяций от предкового генофонда, примером которого могут служить особо охраняемые природные территории (ООПТ).

Проведенные с использованием метода изоферментного анализа молекулярно-генетические исследования сосновых древостоев ООПТ Беларуси (Национальные парки «Беловежская пуща», «Припятский» и «Браславские озера», Березинский биосферный заповедник) выявили высокий уровень генетической изменчивости, который в среднем составил: $P_{95} - 0,65$; $P_{99} - 0,90$; $A - 3,35$; $A_{1\%} - 2,40$; $H_e - 0,258$; $H_o - 0,268$. Наиболее высокие параметры изменчивости, находящиеся у верхнего предела генетического разнообразия сосны обыкновенной, установлены для сосняков Национального парка «Беловежская пуща» ($P_{95} - 0,65$; $P_{99} - 0,95$; $A - 3,10$; $A_{1\%} - 2,50$; $H_e - 0,259$; $H_o - 0,275$). Следует отметить, что данное явление характерно для большинства сосняков национального парка – у 62,5% проанализированных древостоев уровни ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности превышали значения 0,250 и 0,270 соответственно, что свидетельствует о большом запасе генетической изменчивости у сосны обыкновенной в Национальном парке «Беловежская пуща». Полученные результаты можно объяснить тем, что структура сосновой формации, как и других лесообразователей национального парка, формировалась в условиях ограниченной лесохозяйственной деятельности на протяжении длительного периода времени (более 600 лет). Это позволило сохранить ценный генофонд вида, представленный наиболее гетерозиготными особями. Учитывая факт наиболее длительного ограничения антропогенного воздействия, древостои Национального парка «Беловежская пуща» в сравнении с другими ООПТ Беларуси являются оптимальной моделью для изучения и получения информации о состоянии нативного генофонда сосны обыкновенной.

Высокий уровень популяционно-генетических параметров характерен и для других охраняемых территорий. Сравнительный анализ уровня генетического разнообразия в лесах Национального парка «Беловежская пуща» (пример нативного генофонда) и древостоев с различной интенсивностью лесохозяйственной деятельности (лесные генетические резерваты, плюсовые лесные насаждения, леса хозяйственного использования) показал, что по показателям полиморфности и количества аллелей все древостои различных категорий защитности имеют сходные значения. Однако по средним значениям гетерозиготности исследованные древостои с любой степенью защитности превосходят леса хозяйственного использования. Необходимо отметить, что прослеживается отрицательная зависимость между величиной показателя средней гетерозиготности и интенсивностью проводимых лесохозяйственных мероприятий (главным образом рубок: главного пользования, ухода, реконструкции, обновления, переформирования и т. д.) в ряду «леса хозяйственного использования → плюсовые лесные насаждения → лесные генетические резерваты → древостои НП «Беловежская пуща». При этом значения показателей H_e и H_o в объектах сохранения генофонда достоверно ($P < 0,01$) превышают таковые в лесах хозяйственного использования.

Аллельное разнообразие SSR-локусов у степной популяции *Pinus sylvestris* L. Воронежской области

Петюренко М.Ю.

ФГБУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лесной генетики, селекции и биотехнологии», Воронеж

e-mail: forestgenetic@mail.ru

Одна из основных лесообразующих пород Центрально-Чернозёмного региона (ЦЧР) – сосна обыкновенная (*Pinus sylvestris* L.). Сосна является хозяйственно ценной породой, которая в процессе эволюции приспособилась к выживанию в изменяющихся климатических и экологических условиях от субарктики до лесостепной зоны. В степной зоне, на южном пределе ареала, сосновые насаждения нуждаются в особенных мерах охраны по причине более сухого и жаркого климата. Для изучения аллельного разнообразия локусов сосны обыкновенной в степной зоне Европейской части России была выбрана популяция *Pinus sylvestris* L. (Воронежская область, Кантемировский район, 49°66′ с.ш и 39°75′ в.д.), произрастающая по склонам оврагов и балок на южной границе ареала этого вида. Тип лесорастительных условий – А₁. Объем популяционной выборки составил 60 деревьев. Исследования проводились на основании микросателлитного анализа 18-ти SSR-локусов, подобранных ранее для оценки генетического разнообразия сосны обыкновенной. Показатели генетической изменчивости – среднее число аллелей на локус (A), среднее эффективное число аллелей (n_e), наблюдаемая (H_o) и ожидаемая (H_e) гетерозиготность, коэффициент фиксации Райта (F) определяли с помощью программы GenAlEx 6.503.

Для анализа аллельного разнообразия, а также для определения параметров генетической изменчивости были рассчитаны частоты встречаемости аллелей. В исследованной популяции *P. sylvestris* было выявлено 35 аллельных вариантов. Количество обнаруженных редких аллелей (R) (с частотой встречаемости $<0,05$) составило – 5,7%. Среди проанализированных 18 SSR-локусов в степной популяции у двух локусов (*lw_isotig27940* и *lw_isotig21953*) было выявлено от 8 до 12 аллелей соответственно, у семи локусов (*lw_isotig01420*, *lw_isotig10603*, *lw_isotig20215*, *lw_isotig00080*, *lw_isotig04204*, SPAC12.5, PtTx4001) количество идентифицированных аллельных вариантов существенно меньше – от 3 до 4. Наименее изменчивыми оказались остальные 6 EST-SSR-локусов и 2 nSSRs-локусов, имеющие по 2 аллеля. Низкий уровень изменчивости популяционной выборки был зафиксирован у локуса *lw_isotig02842*, который оказался мономорфный (значение H_e и H_o составило соответственно 0,000, выявлен 1 аллель).

Наряду с аллельным разнообразием при оценке запаса генетической изменчивости важное значение имеют параметры генетического полиморфизма популяций. Анализ усреднённых основных параметров генетической изменчивости показал, что степная популяция сосны характеризуется относительно высоким уровнем генетического разнообразия: $A=3,500$, $n_e=2,466$, $H_o=0,209$, $H_e=0,493$. Уровень полиморфизма локусов составил – 94,4%. Среднее значение индекса фиксации Райта (F) у исследованной популяции равно – 0,577. Известно, что высокие положительные значения этого показателя указывают на дефицит гетерозигот и могут являться показателем повышенной доли инбридинга в генотипическом составе аутбредного потомства хвойных растений. В виду того, что развитие степной популяции происходит в более жарком климате на южной границе ареала этого вида, то повышение доли инбредного потомства – ожидаемый результат для пессимальной зоны видового ареала. Это подтвердил высокий положительный индекс F её деревьев. Тем не менее относительно высокий уровень выявленного генетического разнообразия изучаемой популяции объясняет высокую экологическую пластичность данного вида, позволяя ему занимать большой ареал с крайне широким спектром экологических условий.

Полученные наработки могут быть положены в основу методики мониторинга состояния генетических ресурсов *Pinus sylvestris* L. и являться составной частью дальнейшего изучения потенциала её генетической изменчивости.

Адаптивная генетическая структура популяций ели комплекса *Picea abies* – *P. obovata*

Политов Д.В., Гречневикова Д.Д., Белоконь М.М., Белоконь Ю.С., Мудрик Е.А., Полякова Т.А., Шатохина А.В., Крутовский К.В.

Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: dmitri.p17@gmail.com

Европейская, *Picea abies* (L.) Н. Karst., и сибирская, *P. obovata* Ledeb., ели образуют комплекс лесообразующих видов хвойных сем. Сосновых (Pinaceae), суммарно имеющий один из наиболее обширных ареалов среди древесных видов Палеарктики. Ели этого комплекса растут в широком диапазоне условий среды, от лесотундры до горных лесов юга Сибири и Дальнего Востока. Характерным для этой пары видов является отсутствие репродуктивных барьеров, так что, несмотря на выраженные различия в форме кроны, размерах макростробил и семян, а также форме семенных чешуй, они образуют самую протяжённую зону гибридизации, от Севера Европы на западе до бассейна Оби на востоке. Несмотря на ряд попыток оценить уровни и пространственное распределение генетической изменчивости по маркерным участкам генома разных классов и локализации (ядерных и органелльных) и описать филогеографические паттерны этих экологически и экономически важных видов хвойных, генетические основы адаптаций елей Северной Евразии остаются слабо изученными. Однонуклеотидные полиморфизмы (ОНП, англ. SNP - Single Nucleotide Polymorphisms) являются весьма эффективными инструментами для анализа адаптивной генетической структуры, поскольку позволяют дифференцированно выделять и исследовать функционально важные участки генома. Для изучения адаптивной генетической структуры популяций ели мы использовали SNP-аутлаеры, для которых генетическое разнообразие и пространственная генетическая подразделенность не может быть объяснена лишь селективно нейтральными процессами (Sullivan et al., 2017). Исследовали выборки из природных популяций (ПП) и географических культур (ГК) палеарктических елей. Выделение ДНК из высушенной силикагелем хвои проводили с помощью метода СТАВ. Исследована изменчивость CAPS-маркеров, разработанных для девяти ОНП на основании полногеномных данных (Grechnevikova et al., 2021; Politov et al., 2022, in press). Для различения аллелей и диплоидных генотипов, электрофоретическое разделение продуктов ПЦР, обработанных эндонуклеазами рестрикции. Электрофорез проводили в вертикальных блоках ПААГ с последующей окраской EtBr и визуализацией в УФ-свете. Исследовали распределения частот в зависимости от географических координат мест сбора, корреляции оценивали с помощью рангового критерия Спирмэна. Линейных корреляций распределений частот с широтой не выявлено. Выявлены достоверные ($p < 0.05$) клинальные изменения частоты аллелей с долготой по шести локусам из 9 исследованных. Для ещё одного локуса зависимость была нелинейной, с минимумом в центре распределения. Мы обнаружили также тренд к сдвигу частот аллелей в географических культурах: 1) при закладке на северной площадке в Архангельской обл. – в сторону аллелей, характерных для более северных происхождений *P. abies* и Сибири (*P. obovata*), 2) для ГК, заложенных на юге ареала (Заокское участковое лесничество на юге Московской обл.) – в сторону аллелей, типичных для запада и юга ареала, то есть для оптимальных условий произрастания европейской ели. Эта тенденция оказалась значимой при применении критерия знаков: 27 случаев сдвига в сторону предсказанного направления против 9 в противоположном, или 25 случаев против 8, если исключить два SNP, подверженных предположительно балансирующему отбору. Ординация выборок по методу главных компонент подтвердила наблюдаемую картину. Результаты могут использоваться для динамической охраны генофондов и маркер-ассоциированной селекции (MAS) с использованием разработанных и протестированных функционально важных SNP, которые могут рассматриваться как кандидатные гены на продуктивность и устойчивость для популяционной селекции и получения улучшенного посадочного материала для лесовосстановления, преадаптированного к климатическим сдвигам.

Генетическая изменчивость и структура популяций степных видов рода *Spiraea* (Rosaceae)

Полякова Т.А., Шатохина А.В.

Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: tat-polyakova@yandex.ru

Степные виды *Spiraea* (*S. crenata*, *S. aquilegifolia*, *S. hypericifolia* L., *S. pubescens* Turcz.) образуют заросли кустарников в засушливых условиях в зоне луговых, горных и типичных степей, лесостепных зон и остепненных ценозов. Степные виды спирей часто играют ценозообразующую роль и выступают в качестве эдификаторов, доминантов и содоминантов в различных степных сообществах, образуя чистые флороценокомплексы – спирейники (Иметхенова, 2008) или своеобразные петрофильные кустарниковые степи – харганаты (Беликович, Галанин, 2006).

Степные виды спирей обладают компактной формой куста, моноцентрическим типом биоморфа, относятся к вегетативно-неподвижным кустарникам. На каменистых местообитаниях в условиях умеренного увлажнения представлены геоксильными кустарниками (Иметхенова, 2008).

В условиях полной освещенности и отсутствия преград в виде густого травяного покрова наблюдается высокая жизнеспособность спирей, встречаются все возрастные спектры, почти все особи достигают генеративного состояния.

Для степных видов спирей в условиях полной освещенности характерно возобновление преимущественно половым (семенное, аллогамия) путем в относительно однородных эколого-фитоценологических условиях степных сообществ.

Ценопопуляции из вегетативно неподвижных и малоподвижных особей степных видов спирей характеризуются одновременно пространственной однородностью и структурностью, состоят из клонов с кустами семенного возобновления и близкородственных, инбредных особей и имеют однородную генетическую структуру ценопопуляций в виде «пятен», составляющих клоны. Для степных видов *Spiraea* чаще наблюдается переопыление в пределах одного клона, представляющего собой группу близкородственных особей, потомков одних исходных прародительских форм. Панмиксия происходит и между разными клонами.

Популяции степных видов спирей, несмотря на перекрестное опыление, часто обнаруживают высокий уровень гомозиготности; большинство ядерных микросателлитных локусов оказывается гомозиготными и мономорфными. Низкий уровень гетерозиготности в природных популяциях степных видов *Spiraea* свидетельствует о переопылении в пределах одного клона и инбридинге. В результате инбредных скрещиваний происходит стабилизация гомозиготных генотипов.

Степные виды рода *Spiraea*, как и многие другие представители розоцветных, могут образовывать естественные межвидовые гибриды. На Кавказе, в Закавказье и реже в других южных районах встречаются гибриды *S. crenata* × *S. hypericifolia* (Пояркова, 1939; Коропачинский, Милютин, 2006). В результате процессов гибридизации и постгибридного обособления популяции *Spiraea* оказываются более гетероморфными, в них чаще наблюдаются гетерозиготные особи, что ведет к значительной роли «дрейфа генов» и лучшей адаптации кустарников к различным биотопам.

Определение стратегий генетической устойчивости популяций степных видов *Spiraea* позволит разработать рекомендации по сохранению редких видов и редких сообществ спирей *ex situ*.

Проблема интерпретации ростовых реакций растений в свете теории В.А. Драгавцева применительно к дендрохронологическим рядам

Румянцев Д.Е., Воробьева Н.С.

Мытищинский филиал МГТУ им. Н.Э. Баумана, Московская обл., Мытищи

e-mail: dendro15@list.ru; vorobyeva@bmstu.ru

На основе работ В. А. Драгавцева нами сформулирован следующий тезис, затем активно использовавшийся в наших работах. Ряд радиального прироста представляет собой совокупность реакций количественного признака (ширины годичного кольца) на ряд провокационных фонов (экологические условия разных лет). Сложный количественный признак в разных условиях среды определяется разными локусами, и вклады их в детерминацию полигенного признака при этом меняются. Имеет смысл говорить о комплексах генов – адаптивных полигенных системах, обеспечивающих устойчивость растений и адекватную экофизиологическую координацию ростовых реакций. При этом максимально совпадающие дендрохронологические ряды (особого рода) будут отражать идентичные наследственные экологические свойства особей (групп особей). Гены, контролирующие скорость роста вторичной ксилемы тесно связаны с системами обеспечения устойчивости растений к неблагоприятным климатическим условиям. Однако, нам кажется важным подчеркнуть, что снижение скорости роста может выступать прежде всего (и как это чаще всего принято интерпретировать) как эффект повреждения нормального режима функционирования адаптивных полигенных комплексов. Однако скорость роста может выступать и как адаптивный эффект, предохраняющий систему от работы в неблагоприятных условиях. Эта проблема важна с точки зрения использования дендрохронологической информации для диагностики лесопатологического состояния. Как правило мы рассматриваем низкий прирост как эффект «повреждающего» влияния засухи на организм дерева. С другой стороны, своевременное закрытие устьиц, снижение транспирации (и как следствие интенсивности фотосинтеза, снижение прироста) это как раз общеизвестный механизм увеличения засухоустойчивости растений. Другими словами, как связана величина прироста в засушливый год с вероятностью усыхания дерева под воздействием засухи биологически не вполне ясно, эта связь не может быть однозначной. Возникает задача разграничения «неадаптивных» и «адаптивных» реакций ширины годичного кольца на воздействие неблагоприятных условий среды. Следует полагать, что в случае адаптивной реакции на следующий год мы будем наблюдать нормальную величину прироста, тогда как при «неадаптивной» восстановление прироста до нормы может идти ступенчато. Очевидно, что в первом случае в следующий вегетационный сезон система начинает работать лучше, чем во втором случае, требующем «устранения поломок». Общие соображения показывают, что для исследования рассматриваемых гипотетических эффектов двух типов реакции ширины годичного кольца может быть применен метод сопряженного анализа хронологий полученным путем двумя вариантами индексации. В программе GROWLINE они называются «односторонним» и «симметричным» типом сглаживания. При варианте 1 индексированный ряд прироста рассчитывается как отношение ширины годичного кольца в год X5 к средней ширине годичного кольца в группе X1, X2, X3, X4, X5 (к среднему приросту за последние пять лет). При варианте 2 индексированный ряд прироста рассчитывается как отношение ширины годичного кольца в год X3 к средней ширине годичного кольца в группе X1, X2, X3, X4, X5. Полученные при двух вариантах расчёта ряды обычно высоко синхронны и сильно коррелированы. Некоторые (разного уровня) расхождения между ними могут быть обусловлены разным адаптивным смыслом снижения прироста. Исследования в данном направлении важны для формирования методов оценки состояния растений, для более точной экофизиологической интерпретации закономерностей изменчивости радиального прироста.

Филогеография и внутривидовой генетический полиморфизм популяций сосны обыкновенной

Рябухина М.В.

Экспертно-криминалистический центр МВД РФ, Москва

e-mail: Marija-rjabuhina@mail.ru

Одной из основных природоохранных задач является изучение и сохранение адаптивной изменчивости и популяционной структуры видов. В связи с этим особый интерес представляют виды со значительным географическим ареалом и широкой экологической амплитудой условий произрастания, в частности сосна обыкновенная (*Pinus sylvestris* L.), распространенная на большей части территории России. Большое эколого-биологическое значение имеют степные и лесостепные боры и небольшие группы реликтовых сосен, произрастающие на границах ареала, флористических областей, в условиях эколого-географических разностей. В частности, особый интерес вызывают реликтовые сосны на территории Оренбуржья, представленные островными борами. Согласно физико-географическому районированию, территория Оренбургской области находится в пределах трех физико-географических стран. В условиях сложной структурной организации природных ландшафтов Оренбургской области сосна обыкновенная, характеризуется высоким разнообразием генетических признаков, которые сформировались в конкретных, зонально-климатических, эдафических и ценологических условиях. Естественно-экстремальные экотопы Оренбургской области обладают факторами, которые обеспечивают процессы интенсивного формообразования. Замедленные темпы роста реликтовых деревьев в экстремальных экотопах обуславливают низкую скорость конкурентного исключения особей, следовательно, высокую вероятность развития не только доминирующих быстрорастущих форм, но и редких второстепенных вариаций, не сохраняющихся, в большей степени, в оптимальных для вида условиях произрастания. Совокупность и разнообразие вышеуказанных факторов определяет тот факт, что на территории Оренбургской области наблюдается значительный для сосны обыкновенной набор адаптивных вариаций, которые проявляются филогенетически, что в последствии позволяет рассматривать исследованные площади в качестве действующих районов формообразования.

При изучении 8 популяций реликтовой сосны ISSR-методом нами был получен 161 полиморфный маркерный признак, что составляет 94% от общего количества, и 9 мономорфных. Кластерный анализ (UPGMA), основанный на степени сходства популяций по ISSR-маркерным признакам, выявил разделение исследуемой выборки на две генетические группы А и В. Группа В образована одним резко отличающимся от других кластером. В группу А входят популяции 7 районов, которые в дальнейшем делятся на две подгруппы. С целью изучения генетического сходства реликтовых сосен Оренбургской области с общемировыми результатами исследования сосны обыкновенной была проведена амплификация ITS2. В результате полного секвенирования ITS2 с 5.8S фрагментом рибосомальной ДНК из разных популяций были получены последовательности ДНК 5 образцов длиной 332 нуклеотида.

Высокое генетическое разнообразие популяций сосны обыкновенной на территории свидетельствует об устойчивости и значительном адаптационном потенциале популяции сосны обыкновенной на территории Оренбургской области. Однако ряд факторов, способствующих деградации лесных массивов, приводит к сокращению ареалов, фрагментации, снижению общей и эффективной численности и плотности популяций, что неминуемо ведет к генетическому обеднению популяций и снижению ее устойчивости.

Эффективный подход к исследованию изменчивости митохондриальной ДНК растений в пределах рода на примере пихт

Семериков В.Л.¹, Семерикова С.А.¹, Путинцева Ю.А.²

¹Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург

²Сибирский федеральный университет, Красноярск

e-mail: semerikov@ipae.uran.ru

Митохондриальная ДНК хвойных деревьев семейства Pinaceae имеет материнское наследование, что определяет высокую информативность её использования в филогенетических и популяционных исследованиях, в сочетании с ядерной ДНК, имеющей двуродительское наследование. Однако количество «универсальных» маркеров митохондриальной ДНК обычно ограничено. В то же время разработка достаточного количества новых изменчивых маркеров весьма трудоемка ввиду низкой скорости нуклеотидных замен митохондриальной ДНК растений и, соответственно, низкого нуклеотидного разнообразия. Также для разработки маркеров представляет проблему высокая скорость перестроек митохондриального генома растений, снижающая долю ортологичных регионов, общих для исследуемых таксонов или популяций. Как следствие, для получения заметной филогенетической информации необходимо секвенировать существенную часть митохондриального генома.

Для исследования филогении видов рода *Abies* (пихты) и исследования изменчивости внутри видов мы используем NGS секвенирование геномных библиотек 87 представителей большинства видов рода *Abies*. Библиотеки были обогащены митохондриальной фракцией путем гибридизации на байты – ПЦР-амплифицированные фрагменты митохондриального генома пихты сибирской, иммобилизованные на биотинилированные магнитные частицы. Парно-концевые прочтения были картированы на митохондриальный геном пихты сибирской, в результате чего был сформирован алайнмент 87 образцов видов *Abies* длиной около 900 тыс. п. н. Филогенетическое ML дерево было калибровано с использованием палеонтологических данных. Сопоставление филогенетических деревьев, основанных на ядерной ДНК и на вновь полученных митохондриальных данных, дало новую информацию об истории и эволюции рода *Abies*. Разделение современных линий митохондриальной ДНК пихт на две группы, американскую и евроазиатскую, соответствует самой ранней волне миграции пихт в Евразию около 13.5 млн. л. н. В дальнейшем происходило еще несколько волн миграции, которые сопровождалась частичным вытеснением пихт предыдущих миграций с гибридным захватом имеющей материнское наследование мтДНК аборигенных видов (Semerikov et al., 2022).

Виды *Abies*, представленные в исследовании несколькими образцами, содержали значительное количество изменчивости – однонуклеотидные полиморфизмы и инделы, являющиеся потенциальными маркерами для исследований филогеографии и популяционной структуры внутри видов. Например, среди четырех образцов *A. sibirica* было выявлено 16 полиморфизмов, из которых три были ранее выявлены путем капиллярного секвенирования. Среди трех образцов европейского вида *A. alba* выявлено 33 полиморфизма, среди четырех образцов американского вида *A. concolor* – 150 полиморфизмов. Таким образом, на примере *Abies* продемонстрирована эффективность метода “target enrichment” для исследований изменчивости митохондриальной ДНК растений в пределах рода.

Работа поддержана РФФИ, проект 19-04-00795, и государственным заданием Института экологии растений и животных УрО РАН.

Генетическая структура и филогеография европейских робуроидных дубов (*Quercus* L. sect. *Quercus*, Fagaceae) в восточной части ареала

Семерикова С.А., Семериков В.Л., Шуваев Д.Н.

Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург

e-mail: s.a.semerikova@ipae.uran.ru

Проанализирована структура изменчивости хлоропластной и ядерной ДНК важнейших элементов умеренных лесов западной Евразии – дуба черешчатого (*Q. robur*) и родственных ему видов дубов (*Q. petraea*, *Q. pubescens*) – в Восточной Европе и в крымско-кавказском регионе. В ходе изучения пластидной изменчивости на основе секвенирования пяти фрагментов хпДНК общей длиной более 10000 пн обнаружен 21 гаплотип, определено их взаимоотношение и географическое распределение для 1600 образцов в 107 популяциях дуба. Установлена принадлежность гаплотипов к нескольким дивергентным филогенетическим линиям. В восточноевропейской части ареала дуба черешчатого выявлена резкая дифференциация популяций по составу гаплотипов и уровню изменчивости. В восточной части ареала, на Русской равнине и на Урале, было обнаружено два преобладающих гаплотипа, которые при этом отсутствовали в более западных регионах, где разнообразие хпДНК было намного выше. Данная структура соответствует гипотезе колонизации северо-востока ареала дуба в результате послеледникового расселения как из европейских рефугиумов лесной растительности, так и из рефугиумов, располагавшихся непосредственно на востоке ареала (Семерикова и др., 2021).

Обособленное филогенетическое положение крымско-кавказских гаплотипов и отсутствие общих гаплотипов с более северными регионами позволяет сделать заключение об исторически длительном изолированном существовании робуроидных дубов в этой части ареала. В то же время наличие общих и родственных гаплотипов демонстрирует тесные исторические связи крымско-кавказских популяций с Малой Азией и с Балканами.

В крымско-кавказском регионе обнаружена значительная дифференциация популяций *Q. robur* и *Q. petraea* по составу хпДНК гаплотипов в направлении с запада на восток, что свидетельствует о длительной истории существования дуба одновременно во многих районах, при частичной изоляции последних друг от друга. Присутствие эндемичных гаплотипов в Крыму свидетельствуют о давнем проникновении туда дуба и о наличии рефугиума в горных лесных районах Крыма. Интересно, что Восточный Крым и Западный Кавказ имеют общие гаплотипы, что означает периодические миграции дуба через Керченский полуостров.

Изменчивость 18 ядерных микросателлитных (nSSR) локусов изучена в 48 популяционных выборках робуроидных дубов. При наиболее выраженных межвидовых различиях, как у *Q. robur*, так и у *Q. petraea* наблюдается дифференциация между исследованными регионами. В последнем случае структура изменчивости по ядерным генетическим маркерам во многом соответствует дифференциации по хлоропластной ДНК. Так, по ядерным, как и по хлоропластным маркерам наблюдается разделение восточно-европейских популяций *Q. robur* на восточную и западную группу, а западно-кавказские популяции отделяются от восточно-кавказских.

Работа поддержана грантом РНФ, № 22-24-00667, <https://rscf.ru/project/22-24-00667/>.

Генетическая изменчивость и лесосеменное районирование сосны обыкновенной (на примере сибирской части ареала)

Тараканов В.В.^{1,2}, Тихонова И.В.¹, Роговцев Р.В.³, Хомутова К.Г.^{1,2}, Бородинцева Л.И.¹

¹ ЗСО ИЛ СО РАН - филиал ФИЦ КНЦ СО РАН, Новосибирск

²Новосибирский государственный аграрный университет, Новосибирск

³Российский центр защиты леса – Центр защиты леса Новосибирской области,
Новосибирск

e-mail: tarh012@mail.ru

Исходя из определения популяции, данного Н.В. Тимофеевым-Ресовским и соавторами (1973), и представлений о соответствии между лесосеменным районированием и популяционной структурой вида (Семериков, 1986), для уточнения лесосеменного районирования основных лесобразующих пород РФ необходимо прежде всего изучение их пространственной популяционной структуры. В связи с большими размерами ареалов лесообразователей и другими причинами эта проблема до сих пор не решена.

Как следует из публикаций А.И. Видякина и соавторов (2004, 2012 и др.) и некоторых работ других авторов, даже для такого вида как сосна обыкновенная, отличающегося относительно большими радиусами разлёта пыльцы и семян, средний размер популяции составляет всего 100-300 тыс. га. Если принять площадь сосновых лесов России около 114 млн га и средний размер 1 популяции 200 тыс. га, то ориентировочное число популяций сосны составит свыше 500. Согласно лесосеменному районированию 1982 г. общее число лесосеменных районов (с учётом подрайонов) составляет около 140, по лесосеменному районированию 2015 г. – 25. Очевидное несоответствие между этими цифрами может быть обусловлено несколькими причинами. Укажем лишь на научные.

На начальном этапе исследований большие надежды возлагались на анализ изменчивости географических культур. Однако, число испытываемых «географических популяций» («климатипов») было относительно небольшим (около 100). При этом в культурах не были проведены своевременные лесоводственные уходы, что могло привести к заниженной оценке различий между происхождениями по интенсивности роста и другим признакам (Погребняк, 1968; Рогозин, 2015; Тараканов и др., 2020).

Не менее важная причина заключается в применении селективно нейтральных генетических маркеров для анализа изменчивости популяций наряду с недостаточными выборками для высоко изменчивых ДНК маркеров. В докладе эта проблема рассмотрена на основе собственных данных об изменчивости географических культур и генетической изменчивости сосны в Сибири.

Генетическое разнообразие тетраплоидной пшеницы *Triticum dicoccum* (Schrank) Schuebl. по сайтам интеграции LTR-ретротранспозонов: внутривидовые филогенетические взаимоотношения и предполагаемые пути распространения вида

Фисенко А.В., Драгович А.Ю.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

e-mail: fisenko800@mail.ru; dragova@mail.ru; Dragovich@vigg.ru

Проведен анализ SSAP (sequence-specific amplification polymorphism) геномной ДНК выборки из 80 образцов культурной тетраплоидной пшеницы *Triticum dicoccum* из разных регионов мира с использованием праймеров, специфичных к LTR-ретротранспозонам *BARE-1* и *Jeli*. Полученные данные позволили установить филогенетические взаимоотношения между изученными образцами *T. dicoccum* и подразделить их на генетически различающиеся группы. Выделено 3 крупных кластера образцов, соответствующие 3-м подвидам полбы в таксономической классификации: эфиопская полба - *T. dicoccum* subsp. *abyssinicum*, восточная полба *T. dicoccum* subsp. *asiaticum* и европейская полба - *T. dicoccum* subsp. *dicoccum*. Два последних кластера подразделяются на две группы каждый: восточная полба - на закавказскую и волжско-балканскую, а европейская – на центральноевропейскую и южноевропейскую. Географическое распределение образцов, принадлежащих разным кластерам и группам, вкуче с историко-археологическими данными, позволило предположить пути распространения *Triticum dicoccum* (spreading) из центров распространения в различные регионы мира. Предполагается, что первая волна распространения полбы продвигалась из Южного Леванта на запад через Малую Азию и Балканы в Южную и Центральную Европу в VI–V тыс. до н.э. Это волна послужила основой образования «европейского» подвида (генетического пула) полбы. Привнесение в Европу нового генетического материала из Восточного Средиземноморья и Египта в период существования Римской империи привело к трансформации местного европейского генофонда и обособлению южно-европейской группы из общего пула европейских полб. При движении на юг из Южного Леванта полба пришла в Эфиопию, а затем с торговыми и миграционными потоками распространилась до юга Аравийского полуострова и Индии. Из Закавказского центра распространения генотипы закавказской группы восточного подвида, двигаясь на юг, дошли до Йемена, двигаясь на запад - достигли Греции, а при продвижении на юго-восток – Индии, сформировав там, совместно с оmano-эфиопскими генотипами генофонд индийских полб. Продвигаясь в северном направлении, закавказская группа достигла Кавказа в VI – V тыс. до н.э., затем распространилась на предгорья Северного Кавказа. Учитывая историко-археологические данные и связывая распространение волжско-балканской группы с салтово-маяцкой археологической культурой, мы выдвигаем предположение, что генотипы закавказской группы дошли до низовий Дона и образовали на этой территории волжско-балканскую группу полбы. Эта группа стала последней по времени волной распространения полбы, пришедшейся на период Раннего Средневековья (V-VII в. н.э.). Она распространялась с территории Нижнего Дона двумя потоками – 1) на восток, с образованием подгруппы волжской полбы, которой в подавляющем своем большинстве принадлежат и образцы из России, а также 2) на запад на Балканы (балканская подгруппа полбы). Обе группы входят в состав восточного подвида *T. dicoccum*.

Генетическая дифференциация популяций сосны обыкновенной в ленточных борах Сибири

Хомутова К.Г.^{1,3}, Кравченко А.Н.,² Тараканов В.В.^{1,3}

¹Западно-Сибирское отделение Института леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Новосибирск

²Институт леса им. В.Н. Сукачева СО РАН, Красноярск

³ФГБОУ ВО Новосибирский ГАУ, Новосибирск

e-mail: kseniya-zacsepina@yandex.ru

Степная часть ареала *Pinus sylvestris* L. на территории Алтайского края представлена уникальными ленточными борами. Согласно Л.Ф. Правдину, эти боры сложены насаждениями двух подвидов – сибирского (*P. sylvestris* L. ssp. *sibirica* Ledebour) и кулундинского (*P. sylvestris* ssp. *kulundensis* Sukaczew). Ранее проведенные нами исследования с использованием аллозимных, фенетических и морфометрических маркеров дали противоречивую картину об уровне различий между популяционными выборками двух подвидов, зависящую от природы маркеров. Дальнейшие исследования популяционной структуры и дифференциации популяций сосны обыкновенной проводили методом микросателлитного анализа ядерной ДНК. В работе использовано шесть стабильно амплифицируемых микросателлитных локусов: lw_isotig10603, lw_isotig04195, lw_isotig04306, lw_isotig21953, psy157, PtTx2146. Проанализирована 21 популяционная выборка сосны обыкновенной из Алеусской, Касмалинской, Барнаульской и Кулундинской лент.

Проведенные исследования показали, что все включенные в анализ микросателлитные локусы оказались изменчивыми. Наиболее полиморфными из них являются локусы PtTx2146 и lw_isotig21953. В изученных нами популяциях сосны обыкновенной выявлено 15 и 20 аллельных вариантов соответственно. Семь аллелей обнаружено в локусе lw_isotig10603, шесть – в локусе lw_isotig04306, четыре – в локусе lw_isotig04195 и пять – в локусе psy157. Всего при анализе шести микросателлитных локусов выявлено 57 аллельных вариантов, 14% из которых оказались уникальными, то есть встречались только в какой-либо одной из популяций.

На основе анализа изменчивости шести микросателлитных локусов рассчитаны основные показатели генетического разнообразия в исследуемых популяциях сосны обыкновенной. Установлено, что среднее число аллелей на локус (N_a) варьирует в популяциях от 5.2 до 6.7, эффективное число аллелей (N_e) – от 2.5 до 3.3, значения наблюдаемой (N_o) и ожидаемой гетерозиготности (H_e) – от 0.55 до 0.67 и 0.53 до 0.63, соответственно. Средние значения этих показателей составляют: $N_a = 5.8$, $N_e = 3.0$, $N_o = 0.60$, $H_e = 0.59$. Большая часть выявленной изменчивости сосредоточена внутри популяций, на долю межпопуляционной составляющей изменчивости приходится лишь 1 % ($F_{st} = 0.013$, $P = 0.001$). Все изученные нами локусы в равной степени вносят вклад в межпопуляционную дифференциацию (F_{st} между локусами варьирует от 0.024 до 0.033). Низкий уровень генетической дифференциации популяций сосны по микросателлитным локусам подтверждается и результатами анализа иерархической структуры молекулярной изменчивости AMOVA ($R_{st} = 0.095$, $P = 0.001$).

Генетическое расстояние D Нея между популяциями варьирует от 0.014 до 0.082. Различия между 16 из 21 популяцией по генетическим дистанциям достигают значений 0.05-0.08. Максимальные различия в генетической структуре наблюдаются среди самой южной (Михайловское) и самой северной (Подборный) выборками ($D = 0.082$). AMOVA с разложением изменчивости на межрегиональный и межпопуляционный показал, что различия между регионами ($F_{rt} = 0.0072$, $P = 0.001$) даже ниже чем между популяциями внутри регионов ($F_{sr} = 0.0098$, $P = 0.001$).

В итоге, анализ генетической дифференциации методом PCoA парных значений F_{st} и индивидуальных генетических дистанций (D) не подтверждают таксономическую самостоятельность сибирского и кулундинского подвидов сосны обыкновенной.

Изучение генетического разнообразия популяций *Phytophthora infestans* Московской области при помощи SSR анализа

Чижик В.К., Соколова Е.А.

Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Москва

e-mail:chizhikvera@bk.ru

Фитофтороз картофеля, вызываемый *Phytophthora infestans*, является актуальной проблемой современного сельского хозяйства. Для изучения популяций и оценки генетического разнообразия *P. infestans* применяются различные молекулярные маркеры, такие как: RAPD, AFLP, RFLP, SSR анализ и определение гаплотипа митохондриальной ДНК. Наибольшее распространение по всему миру получило типирование по 12 SSR маркерам, что позволяет сравнивать популяции патогена, собранные в разных точках мира.

Задачей исследования было изучить полиморфизм патогена *P. infestans* на основе 12 SSR маркеров на одной площадке в течение 3-х лет.

В качестве материала для исследования в августе 2018, 2019 и 2020 гг. были отобраны образцы *P. infestans*, собранные с сортов и межвидовых гибридов картофеля на поле ВНИИФ (ОПИ «Раменка»), которое отличается высоким инфекционным фоном.

Генотипирование по 12 микросателлитным локусам выявило заметные различия между изолятами, собранными в разные годы. Нами были получены данные о полиморфизме популяций в течение 2018-2020гг, выявлены доминирующие клональные линии и показано, что популяции на территории Московской области обладают большим полиморфизмом, и каждый год происходит смена доминирующей клональной линии *P. infestans*.

О возможности генетической паспортизации некоторых видов рода *Crambe* L (Brassicaceae) с использованием RFLP-анализа гена *rbcl*

Чохели В.А., Корниенко И.В., Степаненко В.В., Бушкова А.А., Дмитриев П.А., Вардуни Т.В.

Южный федеральный университет, Ростов-на-Дону

e-mail: vachokheli@sfedu.ru

Сохранение биологического разнообразия растительных организмов является одной из важнейших задач современности. Большинство растений занесенных в региональные Красные книги являются декоративными, лекарственными, медоносными, кормовыми, пищевыми растение и др. Изучение генетического разнообразия ценопопуляций позволит в дальнейшем сохранять перспективные популяции в культуре *in vitro*. Изучение генетической структуры, а в дальнейшем и генетическую паспортизацию ещё не секвенированных растений удобно проводить с использованием универсальных маркеров, таких как RAPD и ISSR. А также возможно с использованием RFLP-анализа генов, используемых при баркодинге. В этой связи, целью данной работы является биоинформационный анализ последовательностей гена *rbcl* большой субъединицы рибулозо-1,5-бисфосфаткарбоксилаза/оксигеназа (рубиско) на наличие различных сайтов рестрикции.

Для анализа были выбраны нуклеотидные последовательности с сайта NCBI трёх видов рода катран (*Crambe* L): *C. strigosa* (MN783785.1), *C. pritzelii* (MN783784.1), *C. kralikii* (MN783783.1). Нуклеотидные последовательности в формате FASTA были загружены в инструмент REBsites биоинформационной базы данных по рестриктазам REBASE. В исследовании было проанализировано шесть рестриктаз: AluI, HaeIII, HinfI, MspI, RsaI и TaqI.

Ген *rbcl* у всех трёх видов состоит из 683 пн. Для двух видов *C. strigosa* и *C. pritzelii* рестриктаза AluI режет ампликон в трёх местах, с образованием четырех фрагментов, одинаковых для двух видов, размером 338 пн, 132 пн, 126 пн и 87 пн. А для *C. kralikii* рестриктаза AluI режет ампликон в четырёх местах, с образованием пяти фрагментов, размером 279 пн, 132 пн, 126 пн и 87 пн и 59 пн.

Для рестриктазы HaeIII нет сайтов рестрикции у видов *C. strigosa* и *C. pritzelii*. Для вида *C. kralikii* рестриктаза HaeIII образует два фрагмента размером 404 пн и 279 пн.

Для видов *C. strigosa* и *C. pritzelii* рестриктаза HinfI режет ампликон в трёх местах, с образованием четырех фрагментов, одинаковых для двух видов, размером 257 пн, 238 пн, 132 пн и 62 пн. А для вида *C. kralikii* рестриктаза HinfI режет ампликон в двух местах, с образованием трёх фрагментов, размером 313 пн, 238 пн и 132 пн.

Рестриктаза MspI для трёх видов *C. strigosa*, *C. pritzelii* и *C. kralikii* образует два фрагмента размером 592 пн и 91 пн. Как и рестриктаза RsaI для всех трёх видов режет ампликон в двух местах, с образованием трёх фрагментов, размером 324 пн, 213 пн и 146 пн.

Для видов *C. strigosa* и *C. pritzelii* рестриктаза TaqI образует два фрагмента размером 469 пн и 214 пн. А для вида *C. kralikii* рестриктаза TaqI режет ампликон в двух местах, с образованием трёх фрагментов, размером 469 пн, 138 пн и 76 пн.

Таким образом чёткий генетический профиль с изученными рестриктазами дает только для одного (*C. kralikii*) из трёх изученных видов рода катран (*Crambe* L). Остальные виды (*C. strigosa* и *C. pritzelii*) слабо дифференцированы между собой. Возможно, с увеличением числа изучаемых рестриктаз, можно будет получить два разных генетических профиля для данных видов.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта Президента Российской Федерации МК-2083.2022.1.4.

Числа хромосом представителей рода *Spiraea* (Rosaceae)

Шатохина А.В., Полякова Т.А.

Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: shatokhina78@mail.ru

Число хромосом – первая и важная характеристика кариотипа. С течением времени хромосомные числа не только сохраняют, но и усиливают свою значимость в изучении вопросов систематики и эволюции растений, так что почти все современные «флоры», таксономические монографии включают данные по хромосомным числам (Пробатова, 2014). Род *Spiraea* L. принадлежит к трудным для кариологических исследований объектам, так как хромосомы очень мелкие, часто располагаются в разных оптических плоскостях, это значительно затрудняет их подсчет и детальное изучение.

В сообщении представлены результаты исследования чисел хромосом 8 видов рода *Spiraea* (Rosaceae). Все 26 изученных образцов происходят из разных регионов России: Поволжья (Волгоградский край), Кавказа (Республика Дагестан), Сибири (Иркутская область, Красноярский край, Республика Бурятия, Новосибирская область, Республика Саха-Якутия) и Дальнего Востока (Амурская область, Приморский край, Курильские острова).

Большинство видов (*S. betulifolia*, *S. crenata*, *S. dahurica*, *S. hypericifolia*, *S. media*, *S. ussuriensis*) – диплоиды ($2n = 18$), с основным числом $x = 9$. Для двух из них числа хромосом установлены впервые (*S. crenata*, *S. dahurica*). Тетраплоидное число хромосом ($2n = 36$) подтверждается для *S. chamaedryfolia* из Сибири (Красноярский край, Новосибирская область) (Poliakova, Shatokhina, 2021). Согласно нашим исследованиям, образцы *S. salicifolia* из Сибири (Республика Саха-Якутия, Республика Бурятия) и Дальнего Востока (Амурская область, о-в Шикотан) являются миксоплоидными. В меристематической ткани этих растений наряду с тетраплоидными клетками встречаются клетки с диплоидным и триплоидным ($2n = 27$) числами хромосом, что ранее не было зафиксировано. Кариологическое изучение этих и других видов *Spiraea* из различных частей ареалов, и особенно на их пределах в крайних экологических условиях, будет продолжено.

Филогеография сосны сибирской с позднего плейстоцена до современности

Шуваев Д.Н., Семериков В.Л.

Институт экологии растений и животных УрО РАН, Екатеринбург

e-mail: denis.shuvaev@gmail.com

Период позднего плейстоцена характеризовался климатическими осцилляциями, которые вызвали наиболее масштабные перестройки флоро-фаунистических комплексов Сибири и отразились на генетической структуре популяций эдификаторных видов хвойных. Сосна сибирская (*Pinus sibirica* Du Tour) является одним из главных компонентов темнохвойной таёжной формации и её биогеографическая история до сих пор остается слабоизученной, несмотря на значительный объем данных палеоботаники. В данном исследовании мы провели комплексную реконструкцию популяционной динамики сосны сибирской. Применение комплексного подхода с использованием данных генетической изменчивости, палеоботаники и моделирования экологической ниши позволяет глубже заглянуть в прошлое вида и проверить ряд гипотез о рефугиумах последнего ледникового максимума и путях расселения сосны сибирской во время последнего межледниковья и в голоцене, что в свою очередь может заметно дополнить представления о закономерностях эволюции лесных экосистем таежного типа.

Всего было изучено 66 естественных популяций сосны сибирской (1470 деревьев), представляющих большую часть ареала вида. Митохондриальная структура изменчивости была выявлена с помощью двух локусов методом одноцепочечного конформационного полиморфизма (SSCP). Демографические сценарии и структуру популяций исследовали с помощью 8 локусов ядерной микросателлитной ДНК. Генетические данные обрабатывали в программных пакетах: SAMOVA V. 1.0, ARLEQUIN v.3.5, STRUCTURE 2.3.4, DIYABC 2.1.0 и др. Для палеоботанического обзора использовали опубликованные работы по данным пыльцы и макрофоссилий сосны сибирской с привлечением базы данных Binney et al. (2009; 2017). Экологическое моделирование ареала сосны сибирской проводили в программе MaxEnt 3.4.1 для современности, среднего голоцена (~6 т. л. н.), последнего ледникового максимума (LGM) (~22 т. л. н.) и последнего межледниковья (140-120 т. л. н.).

Проведенное исследование подтвердило основные выводы Бляхарчук Т.А. о сохранении сосны сибирской в рефугиумах Урала, гор Южной Сибири и озера Байкал во время LGM. Однако результаты анализа изменчивости митохондриальной и ядерной ДНК показали, что процесс расселения сосны сибирской в голоцене был неоднородным. Так, популяции кедра из Алтая и Западного Саяна не участвовали в реколонизации Западно-Сибирской равнины, поскольку имели общий митотип, который не встречался за пределами Алтае-Саянской горной страны. Заселение кедром Западно-Сибирской равнины в голоцене происходило из двух центров – Урала и Кузнецкого Алатау. При этом были сформированы две группы популяций, разделенные по юго-западной и северо-восточной частям водосборного бассейна Оби, соответственно. Данные популяции обладали одинаковым митотипом и дивергировали недавно, что подтверждается датировками (22-16 т. л. н.), полученными с помощью моделирования демографических сценариев на основе микросателлитных данных. Кедр мог проникнуть на Урал из Кузнецкого Алатау во время последнего межледниковья. Моделирование экологической ниши и палеоданные подтверждают это, а также две последующие дизъюнкции предкового ареала кедра (между Уралом и Кузнецким Алатау) во время двух оледенений – Ермаковского оледенения и LGM. Третья группа популяций кедра распространилась из байкальского рефугиума и заняла горы Восточного Саяна, бассейн Ангары и, вероятно, ареал в Восточной Сибири. Таким образом, современные популяции кедра сформировались из 4 основных рефугиумов LGM. При этом три рефугиума Байкал, Алтай и Кузнецкий Алатау были древнее уральского, – потомка популяций Кузнецкого Алатау, оставшегося со времени последнего межледниковья.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 22-24-00665, <https://rscf.ru/project/22-24-00665/>.

О генетическом потенциале подростка сосны обыкновенной в различных местообитаниях с однородными лесорастительными условиями: анализ хода роста

Янбаев Р.Ю., Бахтина С.Ю.

Башкирский государственный аграрный университет, Уфа

e-mail: Ruslan.yanbaev@list.ru; yanbaev_ua@mail.ru

У древесных растений генетический анализ количественных признаков является трудной задачей, в том числе из-за их формирования под воздействием как генетических, так и средовых факторов. При этом вклады этих групп, как правило, трудно определить экспериментально. Генетическая компонента будет более выраженной при минимизации экологической гетерогенности местообитаний, чем лесоводы пользуются при закладке испытательных культур. Такая возможность также появилась в последние несколько десятилетий из-за интенсивного лесозаращания заброшенных сельскохозяйственных земель. В этих условиях отсутствует влияние материнского древостоя на рост подростка, конкурентные отношения между ними за доступ к свету, к питательным веществам и влаге минимальны.

Целью исследования является анализ хода роста подростка сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.) на неиспользуемых землях сельскохозяйственного назначения Башкирского Зауралья. Нами на бывших пашнях и пастбищах заложена 21 пробная площадь. При этом соблюдены требования к однородности лесорастительных условий биотопа, составу и пространственному расположению растений (выбраны сосновые молодняки с близким видовым составом травяной растительности), возрастному состоянию (годовой прирост измерен в группах подростка в возрасте 20-25 лет) и густоте растений (не более 500 растений в пересчете на 1 га). В каждой выборке случайным образом отобраны по 30 растений, у которых с точностью в 1 см измерено расстояние между мутовками. Вычислены средние значения показателя каждого подростка (по 30 на одну выборку) за 2009-2012 гг.

Во всех местообитаниях обнаружена синхронная динамика годового прироста в ответ на флуктуацию климатических факторов. В каждом биотопе обнаружены растения, прирост которых статистически достоверно коррелировал с месячной температурой и количеством осадков и, наоборот, у части особей климатические отклики не выявлялись. Годовой прирост подростка в высоту, в зависимости от выборки, изменялся за анализируемый период от $24,0 \pm 1,0$ до $51,3 \pm 2,0$ см. В 135 из 210 возможных случаев (64,29 %) при использовании t-критерия Стьюдента обнаружены статистически достоверные различия выборок. Это может свидетельствовать как об изменчивости лесорастительных условий изученных групп, так и неравноценности генофонда родительских популяций – источников семян. Коэффициент вариации индивидуального годового прироста, несмотря на одинаковое воздействие климатических факторов и относительную однородность экологических условий в пределах местообитаний, изменяется в широких пределах: 20,6-66,1 % (2009 г.), 20,3-49,2 % (2010), 22,4-58,1 % (2011), 21,7-39,7% (2012), 17,5-34,9 % (2013). Как правило, размах изменчивости признака в одних и тех же выборках сохранялся относительно стабильным. Эти результаты указывают на широкий диапазон генетически обусловленной нормы реакции растений и перспективность продолжения исследования индивидуальных наследственных различий подростка сосны обыкновенной в ходе роста с использованием молекулярных маркеров.

Исследование проведено при поддержке гранта Президента Российской Федерации для поддержки молодых ученых № МК-3699.2022.5.

Прикладные аспекты результатов исследований дуба черешчатого с применением современных генетических маркеров

Янбаев Ю.А., Янбаев Р.Ю., Бахтина С.Ю., Садыков А.Х.

Башкирский государственный аграрный университет, Уфа

e-mail: yanbaev_ua@mail.ru

Дуб черешчатый (*Quercus robur* L.) из-за своей важной экологической и экономической роли и ухудшения состояния дубрав, особенно в XX веке, всегда привлекал внимание лесоводов и лесных селекционеров. Существенное оживление дискуссий о его перспективах наблюдается в связи с изменением ареалов древесных растений из-за антропогенной деятельности и глобального изменения климата. Применение современных молекулярно-генетических методов позволило получить сведения, важные для популяционной генетики вида. По этой причине появляется возможность использования новых достижений лесной генетики в практике лесного хозяйства и в отношении дуба черешчатого. Попытка вклада в решение этой задачи сделана нами на основе изучения генотипов 970 деревьев дуба черешчатого репродуктивного возраста из 80 природных популяций и 6 лесных культур на территории 33 регионов России, из 6 естественных насаждений Белоруссии и 5 насаждений Латвии и Украины, представленных в географических культурах Крапивинского лесхоза-техникума (Тульская область).

Работа выполнена после генотипирования деревьев путем секвенирования 348 генетических маркеров их ядерного (327 локусов) и оргanelьных (14 и 7 локусов хлоропластной и митохондриальной ДНК, соответственно) геномов с участием Б. Дегена, С. Бланк-Жоливет и М. Мадера (Тюнненский институт лесной генетики, Германия). В целом, прослеживается дифференциация изученных дубрав на «западную» и «восточную» группы популяций. В пределах каждой из них десять выявленных гаплотипов позволили обнаружить очень высокую автокорреляцию генетических данных и географических дистанций в диапазоне до 600 км. Значительная пространственная структура генетической изменчивости отмечена для предположительно нейтральных ядерных локусов после исключения из анализов 47 потенциально селективных генетических маркеров. Генетическое разнообразие популяций отрицательно коррелирует с долготой, с более низкими значениями аллельного разнообразия и гетерозиготности на севере, востоке и юго-востоке изученной части ареала вида. В работе обсуждаются прикладные аспекты этих результатов для оптимизации лесосеменного районирования дуба черешчатого, эксплуатации существующих объектов Единого генетико-селекционного комплекса России и создания новых из них, разработки разнообразных мер по адаптации лесной отрасли к условиям глобального изменения климата (в первую очередь в лесосеменной и лесокультурной сферах) и «вспомогательной миграции» наиболее ценных популяций, противодействия незаконному обороту древесины и др.

Исследование проведено за счет гранта Российского научного фонда № 19-16-00084 (2019-2021 гг.).

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ПРОЦЕССЫ В ПОПУЛЯЦИЯХ ЧЕЛОВЕКА

Генетические процессы на пересечении ареалов славянского, финноязычного и тюркоязычного населения Восточной Европы

Агджоян Анастасия Т.¹, Окованцев В.С.¹, Сальникова (Мамаева) А.Д.¹, Балановская Е.В.^{1,2}

¹Медико-генетический научный центр имени Н. П. Бочкова, Москва

²Биобанк Северной Евразии, Москва

e-mail: aagdzhoyan@gmail.com

Генетическая история народонаселения Восточной Европы остается актуальным и многогранным объектом исследования. Поиск общих компонентов генофонда народов, сейчас говорящих на языках разных лингвистических групп, реконструкция переплетения сложных генетических процессов, сформировавших эти генофонды, наиболее убедительны, когда они строятся на «бинокулярном зрении» современной популяционной генетики – на данных обеих информативных систем генетических маркеров – Y-хромосомы и аутосомного генома.

Анализ данных аутосомного генома и SNP-маркеров Y-хромосомы проведен для 2000 образцов ДНК представителей 20 народов Северо-Восточной Европы и Волго-Уральского региона методами многомерной статистики, моделирования предковых компонент ADMIXTURE и геногеографии. В исследование включены популяции карел, вепсов, финнов, води и ижоры, литовцев, марийцев, мордвы мокша, эрзя и шокша, удмуртов, бесермян, коми-пермяков и коми-зырян, чувашей, поволжских татар, башкир, белорусов, украинцев, русских северных, центральных и южных областей.

Моделирование ADMIXTURE аутосомного генома выявило 8 основных предковых компонент в охваченном регионе: «карельскую», «новгородскую», «беломорскую», «восточно-славянскую», «удмуртскую», «марийско-чувашскую» и две широко распространённых «мордовских» компоненты. В целом, наибольшее разнообразие предковых компонент обнаружено в контактной зоне славянских, тюркоязычных и финноязычных популяций (генофонд популяций Урало-Поволжья) и в северной контактной зоне финноязычных и славянских популяций (Беломоро-Балтийский регион).

При этом генетическое разнообразие северной контактной зоны огромно. Например, даже генофонды трёх впервые изученных самых северных русских популяций – поморов Зимнего, Летнего и Онежского берегов - значительно различаются по маркерам Y-хромосомы. Генетические расстояния Нея между этими тремя популяциями поморов ($d=0,28$) больше генетических различий между основным массивом русских популяций ($d=0,16$). Для каждой популяции поморов обнаружен свой собственный спектр генетически сходных популяций России и Фенноскандии, что указывает на различное происхождение популяций поморов, значительно усиленное мощным дрейфом генов.

Исследование выполнено при поддержке грантами РФФИ 20-29-01017_Древняя ДНК, 20-09-00479_a и Государственным заданием Министерства науки и высшего образования РФ для Медико-генетического научного центра им. академика Н. П. Бочкова.

Молекулярно-генетическое исследование древнего населения Нижнего Подонья в сарматское время

Арамова О.Ю.^{1,2}, Корниенко И.В.^{1,2}, Флоринская В.С.¹, Вдовченков Е.В.¹, Парусимов И.Н.³

¹Южный федеральный университет, Ростов-на-Дону

²Федеральный исследовательский центр Южный научный центр РАН, Ростов-на-Дону

³Археологическое научно-исследовательское бюро ООО «АНИБ», Ростов-на-Дону

e-mail: aramova.olya@mail.ru

Малочисленные археологические данные о древнем обществе Юга России не позволяют достоверно оценить особенности формирования кочевого и оседлого населения, проследить связь между ними и определить роль миграций в формировании древних культур. Палеогенетические исследования позволяют существенно дополнить знания о происхождении древних обществ, их миграциях, взаимодействиях, ответить на вопрос о преемственности между древними популяциями степной зоны Нижнего Дона. Актуальность данного исследования связана с ограниченностью биологического материала при исследовании его традиционными археологическими методами.

Цель работы состояла в исследовании STR-маркеров аутосомной ДНК скелетов древнего общества меотов Нижнего Подонья II в. до н. э. – IV вв. н. э.

Задачами являлись изучение особенностей STR-маркеров, установление генетических профилей и половой принадлежности представителей меотского общества Нижнего Дона.

Молекулярно-генетические исследования древней ДНК представителей меотской культуры проводились с использованием разработанной методики деконтаминации археологического материала, при помощи которой удалось исключить возможность загрязнения костных останков современным генетическим материалом.

В результате исследования шести скелетов представителей меотского общества Нижнего Дона установлено, что трое индивидуумов имеют женский пол. Для остальных костных останков не удалось получить ПЦР-продукт локуса *Amelogenin* вследствие низкой активности матрицы древней ДНК. Для одного из анализируемых скелетов удалось установить полный генотип по исследованным STR-локусам. В ходе полученных генетических данных, стоит отметить, что аллель 11 локуса D8S1179 с высокой частотой встречается у азиатов, аллель 13.2 локуса *D19S433* имеет более высокую частоту среди монголоидов и негроидов, а аллель 12 локуса *D3S1358* практически не встречается среди европейцев и вероятнее всего имеет азиатское, либо африканское происхождение. При этом данный генетический профиль может встречаться в среднем у одной из 6095040549760218 женщин (частота составляет $1,64068 \times 10^{-16}$). В результате молекулярно-генетического анализа STR-локусов можно сделать вывод о том, что происхождение данной женщины из древнего общества меотов Нижнего Подонья II в. до н. э. – IV вв. н. э. не исключает азиатское или африканское происхождение.

Исследования выполнены в рамках гранта РНФ 22-28-02000 «Комплексное историко-культурное и молекулярно-генетическое исследование древнего населения Нижнего Подонья в сарматское время».

Подразделенность мирового народонаселения по потенциально значимым для различных патологических состояний генетическим маркерам

Бабушкина Н.П., Кучер А.Н.

НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ, Томск

e-mail: nad.babushkina@medgenetics.ru

Адаптация к среде обитания выступает в качестве значимого фактора, определяющего территориальную специфичность и высокую гетерогенность структуры генофондов мирового народонаселения, в том числе и по вариантам, лежащим в основе формирования предрасположенности к различным заболеваниям. Это, в свою очередь, определяет эпидемиологическую картину для различных патологий, включая болезни многофакторной природы. В настоящем исследовании проанализирован дифференцирующий потенциал 220 SNP-маркеров в генах, которые условно можно отнести к генам «синтропии» (потенциально значимы для бронхиальной астмы и артериальной гипертензии, 92 SNP); «дистропии» (значимы для астмы и туберкулеза, 18 SNP); «фиброгенеза» (50 SNP); «репарации ДНК» (9 SNP); «подверженности туберкулезу (ТБ)» (51 SNP). Данные маркеры анализировались в ассоциативных исследованиях с различными многофакторными заболеваниями в лаборатории популяционной генетики НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ. На основании частот аллелей 220 SNP с помощью кластерного анализа в пакете программ STATISTICA v.10 оценена подразделенность 27 популяций мира (26 групп из проекта «1000 геномов» [<http://www.ensembl.org/index.html>] и популяционная выборка г. Томска). Для иерархической кластеризации использован метод одиночной связи на основании евклидовых расстояний. Визуализация осуществлялась в GenAIEx 6.503.

Исследованные маркеры в первую очередь классифицируют привлеченные к анализу популяции с точки зрения их расовой принадлежности. И по общему пулу SNP, и по отдельным подгруппам, выделенным по функциональной значимости, четко выделяются три кластера: один включает 7 африканских, второй - 5 восточно-азиатских популяций (популяции именно этих двух кластеров наиболее удалены друг от друга), третий – прочие группы. В пределах третьего кластера самостоятельный субкластер образуют популяции Южной Азии при анализе SNP, локализованных в генах репарации. Кроме того, в общий кластер «перемещаются» вьетнамцы кинь при анализе генов дистропии.

При исключении из рассмотрения африканских и восточно-азиатских выборок для всех групп SNP отмечается выраженная обособленность южно-азиатских популяций. При анализе генов репарации, южно-азиатские популяции входят в единый кластер с большинством популяций Латинской Америки, за исключением пуэрто-риканцев, кластеризующихся с европеоидами. В остальных случаях латино-американские популяции образуют линейный кластер (вероятно, отражающий степень монголоидизации), тесно примыкающий к европеоидному.

Популяция Томска по общему пулу анализируемых маркеров дистанцирована от других европеоидных популяций, хотя и в меньшей степени, чем финнская, но наблюдаются различия по кластеризации для подгрупп маркеров. Популяция Томска по SNP генов синтропии, дистропии и фиброгенеза удалена от образующих общий кластер европеоидов, по маркерам генов репарации наиболее дистанцированы от остальных европеоидных групп популяция Томска и британцы Англии и Шотландии, а по генам подверженности ТБ томская популяция, напротив, образует тесный кластер с британцами, иберийцами, итальянцами.

Полученные данные еще раз подчеркивают наличие значимой этнической компоненты в генетическом разнообразии по маркерам, определяющим подверженность многофакторным заболеваниям, причем межэтнические различия зависят от функциональной значимости тестируемых маркеров.

Генетическое разнообразие популяций Северной Евразии по маркерам, ассоциированным с заболеваниями, нарушающими когнитивные функции человека

Бочарова А.В., Степанов В.А.

НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ, Томск

e-mail: anna.bocharova@medgenetics.ru

Генетическая компонента подверженности к многофакторным заболеваниям (МФЗ) зависит не только от возрастных и половых составляющих, но и от популяционных. Характерные сочетания аллелей генов, формирующих предрасположенность к МФЗ, являются исключительными для каждой популяции. Цель настоящего исследования заключалась в характеристике генетического разнообразия полиморфных вариантов генов, ассоциированных, согласно данным полногеномных ассоциативных исследований (GWAS) с шизофренией, болезнью Альцгеймера и их когнитивными эндотипами, в популяциях Северной Евразии.

В настоящей работе для выявления сходств и различий в частотах аллелей генов, ассоциированных с заболеваниями, нарушающими когнитивные функции человека, использованы популяционные выборки из биобанка НИИ медицинской генетики Томского НИМЦ РАН «Биобанк населения Северной Евразии». Общая численность исследованных 16 популяционных выборок составила 1508 образцов, представляющих различные этно-территориальные регионы Северной Евразии: европейская часть России (русские, удмурты), Сибирь (хакасы, тувинцы, кеты, алтайцы, ханты, буряты, якуты), Средняя Азия (узбеки, казахи, киргизы северные, киргизы южные) и Дальний Восток (чукчи, коряки, нивхи). Генотипирование 30 генетических маркеров (SNP) проводили с помощью метода MALDI-TOF масс-спектрометрии.

Уровень генетического разнообразия исследуемых популяций Северной Евразии оценивали на основании данных ожидаемой гетерозиготности (H_e). Высокое значение средней ожидаемой гетерозиготности ($> 0,45$) показали 6 маркеров, максимальное значение ожидаемой гетерозиготности (0,48) показали локусы rs10273775 гена *CNTNAP2* и rs561655 межгенного региона *PICALM / RNU6-560P*. Среди исследуемых 16 популяций Северной Евразии наибольший уровень генетического разнообразия (0,31) показали европеоидные популяции: русские, удмурты и узбеки. Среди монголоидных популяций у нивхов наблюдался наименьший уровень генетического разнообразия 0,23. Выделяются две группы маркеров, которые преобладают у европеоидов (rs12922317 гена *SNX29*, rs1466662 гена *DCHS2*, rs1635 гена *NKAPL*, rs561655 межгенного региона *PICALM / RNU6-560P*, rs7561528 гена *LOC105373605*) или у монголоидов (rs433598 гена *ACSM1* и rs4765905 гена *CACNA1C*). Расположение 16 популяций в пространстве главных компонент отражает их географическую локализацию и позволяет выделить четыре кластера. Оценку генетической дифференциации проводили с помощью коэффициента F_{st} . Общий уровень генетической дифференциации изученных шестнадцати популяций составил 3,6 %. Локус rs138880 гена *BRD1* ($F_{st} = -0,004$, $p = 0,690$) показал более высокое внутривнутрипопуляционное различие, чем межпопуляционное.

В целом, анализ внутривнутрипопуляционного и межпопуляционного генетического разнообразия по 30 маркерам в 16 популяциях отражает закономерности структуры генофонда Северной Евразии, которые описаны по другим системам маркеров.

Исследование выполнено за счет средств государственного задания по теме ФНИ № 122020200083-8.

Определение статуса метилирования в промоторах генов у ВИЧ-1 положительных лиц методом пиросеквенирования

Винокуров М.А., Есьман А.С., Саламайкина С.А., Салеева Д.В.

ФБУН «Центральный НИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва

e-mail: vinokurov@cmd.su

Глобальной проблемой здравоохранения остается персистенция вируса иммунодефицита человека 1 (ВИЧ-1) в организме инфицированных на протяжении жизни. Несмотря на значительное влияние антиретровирусной терапии (АРВТ) на подавление ВИЧ-1, полного излечения достичь не удастся и вирус продолжает сохраняться в резервуарах [PMID: 25117799]. Метилирование может опосредованно воздействовать как на поддержание вируса в латентной стадии, так и на жизненный цикл ВИЧ-1. Ранее Arumugam и др. [PMID: 34925380] показали влияние метилирования группы генов хозяина на жизненный цикл ВИЧ-1. Наиболее перспективными для изучения из них на наш взгляд являются *CCR5*, *CXCR4*, *EZH2*, *MBD2*, *TP53*. Наиболее актуальным представляется сравнение статуса метилирования у людей живущих с ВИЧ-инфекцией, находящихся на разных стадиях подбора АРВТ.

Статус метилирования определяли на промоторных областях исследуемых генов с помощью геномного браузера UCSC [PMID: 12045153], путем наложения последовательностей промоторов из базы данных EPD и CpG-островков описанных Gardiner-Garden и др. [PMID: 3656447]. Для каждой последовательности подобраны праймеры для ПЦР и пиросеквенирования. Апробация методик проводилась на биологических образцах, полученных от ВИЧ-положительных лиц, с вирусной нагрузкой меньше 50 коп/мл. Выделение нуклеиновых кислот из образцов цельной крови осуществляли с применением набора "РИБО-преп" (АмплиСенс®). Бисульфитную обработку нуклеиновых кислот выполняли с помощью набора реагентов «EpiTect Bisulfite Kit (48)». ПЦР проводили на амплификаторе «Терцик». Пиросеквенирование продуктов ПЦР осуществлялось с использованием секвенатора «РугоMark Q24».

В результате проведенного анализа разработанных методик для определения статуса метилирования в промоторах исследуемых генов показана их высокая специфичность и чувствительность. Анализ результатов показал, что методика детектирует для:

- *TP53* 3 CpG-локуса и показывает отсутствие метилированных участков (<5%).
- *MBD2* 9 CpG-локусов и показывает отсутствие метилированных участков (<5%).
- *CXCR4* 8 CpG-локусов и показывает отсутствие метилированных участков (<5%).
- *EZH2* 9 CpG-локусов и показывает отсутствие метилированных участков (<10%).

Таким образом, показано, что разработанные методики детектируют уровень метилирования в CpG-локусах промоторов генов (*CXCR4*, *EZH2*, *MBD2*, *TP53*). В дальнейшем планируется разработка методик для детекции CpG в промоторах ВИЧ-1 в стадии провируса, а также апробация методик на выборке ВИЧ-инфицированных на разных этапах приема АРВТ (0, 3, 6, 9, 12 месяцев) с разной вирусной нагрузкой.

Генетическое разнообразие и структура изолированных популяций по данным полноэкзомного секвенирования

Гибитова Е.А.¹, Добрынин П.В.^{1,2}, Наумова О.Ю.², Рычков С.Ю.²,
Жукова О.В.², Григоренко Е.Л.³

¹Национальный исследовательский университет ИТМО, Санкт-Петербург

²Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

³Научно-технологический Университет «Сириус», Сочи

e-mail: e.gibitova@yandex.ru

Для изолированных популяций характерны генетические признаки инбридинга и накопление вредоносных мутаций. В данном исследовании мы демонстрируем применение различных метрик в популяционно-генетическом анализе подобной популяции, здесь и далее условно обозначенной популяция AZ. Популяция AZ – это жители отдаленного русского сельского поселения Архангельской области, относительно изолированного географически и культурно.

В данной работе нами было изучено генетическое разнообразие одного поколения популяции AZ; генетический материал был собран у 108 детей в возрасте от 2 до 17 лет. Для установления геномных вариантов проводилось полноэкзомное секвенирование, в ходе которого использовалась панель и набор реагентов для экзомного обогащения TruSeq DNA Exome (hg19); секвенирование ДНК было проведено на платформе Illumina HiSeq 4000. Выравнивание фрагментов к hg19 и установление геномных вариантов проводились в соответствии со стандартами GATK Best Practices. Аннотация вариантов к геному и референсным базам данных проводилась при помощи программ bcftools annotate и ANNOVAR. Анализ степени родства детей проводился с помощью программ King и bcftools roh. Попарный коэффициент родственности в популяции – IBD (Identity By Descent), составил 0.105 ± 0.113 ; средняя длина сумм непрерывных гомозиготных участков в геномах – ROH (Runs Of Homozygosity) составила 144.525 ± 82.625 Mb. Оба показателя указывают на высокий уровень инбридинга в популяции, что подтверждает ее статус генетического, а не только географического, изолята с ярко выраженным эффектом основателя. Иерархический кластерный анализ индивидуальных геномов указывает на присутствие основного ядра наиболее близкородственных представителей популяции и ряд относительно дистанцированных семейных кластеров, что, возможно, восходит к истории заселения и последующих волн прироста численности популяции за счет семей-выходцев из других поселений в области. Эти сценарии в настоящее время проверяются с привлечением данных о родословных насельников AZ и генетических данных по референсным группам населения региона.

Для оценки мутационной нагрузки в популяции мы проанализировали вредоносные миссенс мутации и мутаций с потерей функции (LoF, Loss-of-Function). В качестве LoF рассматривались варианты в стоп-кодонах (нонсенс мутации) и варианты, нарушающие сайты сплайсинга. Вредоносность миссенс мутаций определялась при помощи шкалы Грантама: мутации с индексом Грантама ≥ 150 оценивались как вредоносные. Мутационная нагрузка в популяции оценивалась как отношение гомозиготных вариантов к общему числу аллелей; для вредоносных миссенс вариантов это отношение составило 0.727 ± 0.026 , LoF вариантов – 0.480 ± 0.040 . Данная оценка для миссенс вариантов значительно отличалась от рассчитанной для русской популяции из проекта Human Genome Diversity Project, что указывает на достаточно высокий мутационный груз в AZ популяции.

Для подгруппы генов, несущих редкие варианты с наиболее высокими показателями предсказанной патогенности, был проведен анализ обогащения генов онтологий (GO, Gene Ontology). GO анализ показал значимое обогащение в данной подгруппе генов молекулярных процессов и биологических путей, вовлеченных в развитие ЦНС. В настоящее время осуществляется анализ возможного влияния накопленных в популяции вредоносных и потенциально вредоносных генетических вариантов с показателями развития детей, принявших участие в исследовании.

Анализ влияния аланского наследия на современный генофонд Северного Кавказа по широкогеномным данным

Горин И.О.^{1,2}, Петрушенко В.С.^{1,2}, Балановская Е.В.^{1,3}

¹Медико-генетический научный центр имени Н. П. Бочкова, Москва

²Московский физико-технический институт

(Научно-исследовательский университет), Москва

³Биобанк Северной Евразии, Москва

e-mail: gorin.io@phystech.edu

Тысячелетняя история аланских племен в предгорьях и горной части Кавказа внесла свой вклад в этническое и лингвистическое разнообразие региона. Археологическая культура алан охватывала территории от Черного моря до Каспийского, хронологический период от первых веков нашей эры до позднего средневековья. До сих пор остается актуальным вопрос: сохранился ли генетический след алан в современных популяциях Северного Кавказа (осетин, балкарцев, карачаевцев, ингушей и чеченцев)? Поиск ответа на этот вопрос с помощью методов современной популяционной генетики представлен в данном исследовании.

Образцы ДНК 207 индивидов, каждый из которых на глубину трех поколений представляет одну из 29 популяций Северного Кавказа, изучены по широкогеномной панели аутосомных маркеров и проведено моделирование вклада предковых компонент с помощью метода ADMIXTURE. Каждая модель показывает спектр предковых компонент у современных индивидов (геномов) и популяций (генофондов).

Созданы 140 независимых моделей ADMIXTURE с разным числом предполагаемых предковых компонент (от $K=2$ до $K=15$). Оптимальная по подробности структура генофонда Северного Кавказа проявляется при числе предковых компонент $K=11$. По результатам моделирования создана серия геногеографических карт распространения предковых компонент в населении Северного Кавказа и окружающих регионов.

Для современных популяций, проживающих в пределах ареала алан, наиболее распространены четыре предковые компоненты, которые для удобства можно обозначить названиями популяций, у которых они наиболее ярко выражены: «кубанская», «абхазо-адыгская», «осетинская» и «нахская». Геногеография этих предковых компонент изучена с помощью картографического анализа. Ареалы основных четырех генетических пластов (предковых компонент) этих популяций пересекаются на территории Центрального Кавказа, однако для основных претендентов на аланское наследие – осетин, балкарцев, карачаевцев, ингушей и чеченцев – не выявлен общий генетический след.

Проведен подробный анализ генетической структуры 8 групп осетин: северных (алагирцы, иронцы, дигорцы, куртатинцы, тагаурцы) и южных (туальцы, кударцы, ксанцы). Выявлены две основных генетических «волны»: южная (представлена локальной «осетинской» предковой компонентой) и северная (вклад «абхазо-адыгской» и «кубанской» может указывать на след миграций из равнин и предгорий Кавказа).

Генетико-демографические параметры трех мегаполисов: Москва, Санкт-Петербург, Новосибирск

Грачева А.С.^{1,2}, Удина И.Г.¹, Победоносцева Е.Ю.¹, Курбатова О.Л.¹

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

²НИИ общей реаниматологии им. В. А. Неговского ФНКЦ РР, Москва

e-mail: palesa@yandex.ru

Основные генетико-демографические параметры трех крупнейших мегаполисов России – Москвы, Санкт-Петербурга и Новосибирска – охарактеризованы на основе данных выборочного анкетирования жителей, материалов переписей населения, а также данных демографической статистики Росстата.

Наибольшие значения коэффициента миграции ($m=0.648$) и среднего миграционного расстояния ($R=1782$ км) характерны для младшей выборки из населения Москвы (годы рождения 1959-2001); в старшей выборке москвичей (годы рождения 1914-1984) значения этих параметров значительно меньше ($m=0.485$; $R=1008$ км). В Петербурге (годы рождения анкетированных 1925-1994) $m=0.356$; $R=1746$ км. В Новосибирске (годы рождения анкетированных 1927-1992) значения этих параметров наименьшие: $m=0.30$; $R=893$ км. Выявлены гендерные особенности миграционных потоков. Охарактеризованы различия областей миграционного притяжения мегаполисов – московская популяция (по данным о старшей выборке) на $\frac{3}{4}$ формировалась за счет населения ЦФО, петербургская – на $\frac{3}{4}$ за счёт населения СЗФО, а новосибирская – на ту же долю за счёт населения СФО, что предопределяет различия этнического состава населения этих мегаполисов.

Брачная структура мегаполисов охарактеризована при помощи нескольких показателей: доля межнациональных браков (10% и 12%, соответственно, в старшей и младшей выборках москвичей; 8% в Петербурге; 23% в Новосибирске); средние брачные расстояния (в Москве в старшей выборке 379 км; в младшей - 947 км; в Петербурге – 664 км; в Новосибирске – 391 км); индексы внутриэтнической брачной ассортативности (наибольшие в малочисленных этнических группах в младшей выборке из населения Москвы); средний индекс экзогамии (наибольший в младшей, а наименьший в старшей выборке жителей Москвы).

Полученные данные свидетельствуют о смешанном характере населения изученных мегаполисов.

Территориальная подразделенность мегаполисов по этническому признаку (этническая топография) проанализирована при помощи статистики F_{st} . Наиболее выражена подразделенность в Новосибирске (0.313), наименее в Москве (0.077), средний уровень в Петербурге (0.193).

Для населения Москвы и Петербурга изучены показатели естественного воспроизводства и параметры отбора (индексы Кроу) и его компоненты, обусловленные дифференциальной смертностью (I_m) и дифференциальной плодовитостью (I_f). Индекс I_m в старшей когорте москвичей 0.023, в младшей 0.012; в Петербурге 0.009. Среднее число потомков у женщин с законченным репродуктивным периодом намного меньше, чем необходимо для простого воспроизводства – в Москве в старшей когорте (годы рождения женщин до 1940 г.) – 1.44, в младшей (годы рождения женщин 1966-1970) – 1.35; у жительниц Петербурга – 1.33 (годы рождения женщин до 1940). Индекс I_f составляет в старшей когорте москвичек и в Петербурге – 0.39, в младшей когорте москвичек 0.42. Продемонстрированы межэтнические различия в показателях воспроизводства и в индексах Кроу.

Выявленные в настоящем исследовании особенности генетико-демографических параметров трех мегаполисов указывают на необходимость создания для каждого мегаполиса отдельных баз данных для целей ДНК-идентификации.

Геногеография и филогеография родовых групп тувинцев по данным о полиморфизме Y-хромосомы

Дамба Л.Д.^{1,2}, Агджоян А.Т.², Пылёв В.Ю.², Мамаева А.Д.², Балановская Е.В.²

¹ГБУ НИИ медико-социальных проблем и управления Республики Тыва, Кызыл

²ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: larissa.damba@gmail.com

Тувинцы – коренное население Южной Сибири – подразделяются на 26 родовых групп и родовая система тувинцев состоит из патрилокальных групп (родов), практиковавших экзогамные браки, что подтверждается значительным генетическим разнообразием генофонда тувинцев по классическим маркерам, аутосомным микросателлитным и Alu-повторам, мтДНК и Y-хромосоме по сравнению с другими коренными народами Сибири. Генофонд тувинцев ранее изучался без учета родовых групп. Молекулярно-генетические исследования полиморфизма Y-хромосомы данного коллектива авторов охватили шесть родовых групп тувинцев: *монгуш*, *ооржак*, *оюн*, *кол*, *кыргыз*, *хертек*. Показано, что генофонд тувинцев необходимо изучать с учетом родовой структуры, т.к. выявлена достоверная корреляция между генетической и родовой структурой популяций.

В генофонде тувинцев с наибольшей частотой выявлена гаплогруппа N1a-M178 (38%), встречающаяся в генофонде всех шести изученных родовых групп с минимальной частотой у южной группы *кыргыз* – 21% и максимальной частотой у западной родовой группы *ооржак* – 61%. Из 5 субветвей N1a-M178 с частотой до 15% встречена субветвь N1a2-L666 в генофонде западной родовой группы *ооржак* и южной – *кыргыз*, а в остальных 4 родовых группах тувинцев (*монгуш*, *оюн*, *кол*, *хертек*) со значительно меньшей частотой до 2%. Суммарная частота субветви N1a2-L666 в генофонде тувинцев составила 22%. Субветви N1a1a1a1a3a-F4205 и N1a1a1a-L708 с суммарными частотами 10% и 6%, соответственно, составляют основу генофонда западной родовой группы *ооржак* с частотами от 14 до 32%, а в остальных родовых группах – от 1 до 9%.

Второй по частоте оказалась гаплогруппа Q-M242 (20%), составившая более половины генофонда северо-восточной родовой группы *кол* – 52%. В других родовых группах частота Q-M242 варьирует от 30% у юго-восточной группы *хертек* и до 3% у центральной родовой группы *оюн*. Наиболее частой из 3 субветвей (Q1b1a3b1a-YP1691, Q1b1a3b-YP1102, Q1b1a3b1-BZ99) оказалась субветвь Q1b1a3b1a-YP1691 – 15%, а остальные – менее 2%. Максимумы частот субветви Q1b1a3b1a-YP1691 наблюдаем в генофонде северо-восточной родовой группы *кол* (48%) и юго-восточной родовой группы *хертек* (27%), а в остальных родовых группах частота данной субветви составила менее 5%.

На третьем месте по частоте встречаемости в генофонде тувинцев гаплогруппа C2-M217 (17%) с наибольшим разнообразием субветвей – 18, причем все субветви в основном встречаются в генофонде южной родовой группы тувинцев-*кыргыз*, а в остальных родовых группах (*монгуш*, *ооржак*, *оюн*, *хертек*) субветви C2-M217 обнаружены с низкой частотой (от 1 до 9%), причем в северо-восточной родовой группе *кол* гаплогруппа C2-M217 отсутствует.

Гаплогруппа R1a1a1b2-Z93 с суммарной частотой 15%, представленная 6 субветвями, встречена в генофонде всех изученных родовых групп тувинцев, но с наибольшей частотой в генофонде центральной родовой группы *оюн* – 48%, а с минимальной – у северо-восточной группы *кол* – 3%. Наиболее частая субветвь R1a1a1b2-Y39884 выявлена у центральных родовых групп *монгуш* и *оюн*, с частотами от 12 до 38%, соответственно.

Филогеографический анализ гаплогрупп Y-хромосомы является одним из инструментов реконструкции древних миграционных путей и анализа происхождения отдельных генеалогических линий. Особый интерес вызывает филогеографический анализ гаплогрупп N и Q, маркирующих древний пласт в генофондах популяций Южной, Западной и Центральной Сибири. Филогенетический анализ субветви N1a2-L666 в генофонде тувинцев с датировкой около 1 тыс. лет назад, показал распространение одних и тех же гаплотипов из

единого источника, предположительно, самодийской прапопуляции, от западной до северо-восточной части Тувы, Тофаларии и Южного Алтая. Наличие в генофонде тувинцев, хакасов, кетов, селькупов трех субветвей (Q1b1a3b-YP1102, Q1b1a3b1-BZ99, Q1b1a3b1a-YP1691) гаплогруппы Q-M242 с разными частотами и их филогеографический анализ показал, что прародиной базальной ветви Q1b1a3b-YP1102, возникшей около 4 тыс. лет назад, может быть Южная Сибирь. Филогенетический анализ наиболее частой в генофонде родовой группы *монгуи* субветви C2a1a2a2a2-SK1066 гаплогруппы C2-M217, возникшей около 1 тыс. лет назад на территории Северо-Восточной Монголии, отображает древние миграционные процессы, происходившие в Южной Сибири и Центральной Азии в XI-XII вв.

Геногеографический и филогеографический анализ генофонда тувинцев и их родовых групп показал, что генофонды родовых групп тувинцев:

1. сходны по спектру Y-хромосомных гаплогрупп, что указывает на единство их происхождения;
2. сформированы на древнем «южносибирском пласте» («самодийско-кетском»);
3. относительно высокая частота гаплогруппы C2-M217 и ее субветвей в генофонде южной родовой группы *кыргыс* и минимальные частоты у других родовых групп тувинцев свидетельствуют о широкой экспансии центральноазиатских племен вдоль степной полосы Евразии при небольшом вкладе в исходный генофонд популяций;
4. накопление центральноазиатского компонента в генофонде южных (*кыргыс*) и центральных (*монгуи*) родовых групп произошло на позднем этапе этногенеза – в XII-XVIII вв.
5. необходимо комплексное изучение и других родовых групп Тувы для реконструкции этногенеза тувинцев и их родовых групп.

Благодарности

Исследование выполнено при финансовой поддержке Государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ для Медико-генетического научного центра им. акад. Н.П. Бочкова (работы по генотипированию, филогенетический анализ, интерпретация результатов); гранта РФФИ № 22-18-20113 (экспедиционное обследование популяций).

Авторы выражают благодарность всем донорам образцов, которые принимали участие в данном исследовании, и АНО «Биобанк Северной Евразии» за предоставление коллекций ДНК.

Популяционно-генетическое изучение населения Северной Осетии-Алании

Ельчинова Г.И., Зинченко Р.А.

ФГБНУ «Медико-генетический научный центр им. академика Н.П. Бочкова», Москва

e-mail: elchinova@med-gen.ru

Комплексное медико-популяционно-генетическое изучение населения Северной Осетии-Алании в настоящее время находится в стадии завершения. Все исследования выполнены строго в соответствии с Протоколом, разработанным в лаборатории генетической эпидемиологии ФГБНУ «МГНЦ» под руководством академика Е.К. Гинтера и используемым уже более четырех десятилетий при обследовании населения различных регионов России. Протокол предусматривает помимо генетико-эпидемиологического обследования населения еще и сбор генетико-демографической информации, которая затем используется при статистической обработке полученных данных. Традиционно в наших исследованиях отводится значительное место использованию небиологических источников информации, это списки избирателей, брачные записи и анкетирование женщин пострепродуктивного возраста. Все расчеты выполнены стандартными методами как в целом для районов, так и отдельно с учетом этнической принадлежности населения, где это было возможно. Кроме этого, все основные параметры рассчитывались отдельно для городского и сельского населения. Прежде всего была проверена допустимость использования осетинских фамилий в качестве квазигенетического маркера в популяционно-генетических исследованиях. По тотальным спискам избирателей рассчитаны случайный инбридинг Райта F_{st} и параметры Барраи, как расширение изонимного метода. Проведен картографический анализ полученных данных. Составлены схемы фамильных ландшафтов. Выявлены аномалии в Ирафском и Моздокском районах. Брачные записи проанализированы за 1990-2000 гг тотально. Оценены эндогамность, уровень метисации, этническая брачная ассортативность, рассчитаны параметры изоляции расстоянием Малекко. Среди всех районов также выделяются Моздокский и Ирафский. Также проведен картографический анализ и составлены схемы инбредного ландшафта. Получены положительные и значимые корреляции между данными, вычисленными через брачные миграции и через фамилии. Анкетирование женщин пострепродуктивного возраста (старше 45 лет) проводилось по нашей просьбе работниками местного здравоохранения. Оценены основные витальные статистики и возрастные параметры репродукции, тотальный индекс Кроу и его компоненты. Показано снижение рождаемости за четыре десятилетия от расширенного воспроизводства к простому, отмечено снижение дорепродуктивных потерь.

Генетическая структура адыгейцев по маркерам Y-хромосомы в контексте народов Кавказа

Кагазежева Ж.А.^{1,2}, Почешхова Э.А.², Агджоян Анна Т.¹, Агджоян Анастасия Т.¹

¹Медико-генетический научный центр, Москва

²Кубанский государственный медицинский университет, Краснодар

e-mail: janetka0001@bk.ru

Изучение генетической структуры популяций позволяет выявлять основные закономерности микроэволюции человека и исследовать историю формирования генофонда. Адыгейцы представляют коренное население Западного Кавказа, включающего народы двух языковых семей – абхазо-адыгов северо-кавказской семьи (абазины, абхазы, адыгейцы, кабардинцы, черкесы) и тюрков алтайской семьи (балкарцы, карачаевцы). Анализ геномов указывает на интенсивное взаимодействие населения всех регионов Северного Кавказа и Закавказья на протяжении всей истории населения Кавказа, при этом влияние народов северо-кавказской семьи наиболее значительно (Балановская и др., 2022).

В результате длительной (почти вековой) Кавказской войны, закончившейся в 1864 г., популяция адыгейцев претерпела резкие изменения. Часть населения погибла, большая часть переселилась за пределы России. Из двенадцати наиболее крупных племен в пределах России осталось четыре, три из них живут в Адыгее. Четвертое – шапсуги – разделены на две географически изолированные группы популяций (прикубанские шапсуги, переселенные в Прикубанье, и причерноморские побережья Черного моря. Эти группы численностью по 5 тыс. чел., разделенные предгорьями Большого Кавказа, изолированы и генетически: поток генов между ними практически отсутствует (0.5%). Изученная выборка охватывает все популяции адыгейцев, велика (N=616) и в докладе будет представлен детальный анализ структуры их генофонда в контексте других народов Кавказа.

В целом генофонд адыгейцев характеризуется тремя мажорными гаплогруппами – G2a, R1a, J2a. Поскольку гаплогруппа G2a является одной из наиболее частых на Кавказе [Balanovsky et al., 2011], был проведен полногеномный анализ Y-хромосомы и выявлены 10 новых информативных ветвей: 5 ветвей в пределах гаплогруппы G2-P303 (самой частой среди народов Западного Кавказа) и 5 ветвей гаплогруппы G2-P16. Был проведен скрининг всех носителей гаплогруппы G2-P303 на Кавказе по всем новым ветвям. Новая ветвь этой гаплогруппы – G2-YY1215 демонстрирует четкий географический градиент распространения, частота которой стремительно растет с востока на запад: она отсутствует у осетин и объединяет все абхазо-адыгские народы, встречаясь в их популяциях с частотой от 18% до 94%.

Исследование выполнено при поддержке грантов РФФИ №20-29-01037 Древняя ДНК, РФФИ №21-74-00156, Государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ для Медико-генетического научного центра им. академика Н.П. Бочкова. Мы благодарим всех доноров образцов, которые принимали участие в данном исследовании, АНО «Биобанк Северной Евразии» за предоставление коллекций ДНК.

Распространенность полиморфизма генов семейства CYP450 (19A1, 1B1, 2C19, 2C9, 3A4, 3A5), ассоциированных с чувствительностью РМЖ на неоадьювантную полихимиотерапию

Кипень В.Н.¹, Симонов В.С.², Хоров А.О.³, Лемеш В.А.¹

¹Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

²Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь

³РНПЦ ОМР им. Н.Н. Александрова, аг. Лесной, Беларусь

e-mail: v.kipen@igc.by

Рак молочной железы (РМЖ) составляет наибольший удельный вес в общей структуре злокачественных опухолей у женщин в Республике Беларусь. Согласно современным данным Белорусского канцер-регистра, абсолютное число вновь выявленных случаев заболевания раком молочной железы в год составляет 4,6-5,0 тыс. пациентов. Своевременная диагностика РМЖ на ранних стадиях (I и II стадии) достигла цифры 73,5%, из которой первая стадия заболевания выявлена в 31,0% случаев. В 2017 г. стандартизованный показатель заболеваемости женщин на 100 тыс. населения составил 52,6 чел. Около 40% пациентов с РМЖ при первичном обращении имеют местнораспространенный опухолевый процесс. Учитывая концепцию системности злокачественных опухолей, лечение таких пациентов необходимо начинать с неоадьювантной (предоперационной) полихимиотерапии (НПХТ), которая показана к применению у женщин с местнораспространенным раком и позволяет уменьшить объем первичного очага и выполнить радикальное оперативное вмешательство или провести органосохранное лечение. Современный подход дозирования лекарств при НПХТ должен учитывать индивидуальную способность пациента метаболизировать назначаемый химиопрепарат, что позволит достичь максимального противоопухолевого эффекта и свести к минимуму побочные явления индукционной терапии. Эффективность применения конкретных химиопрепаратов и их дозировки зависят от молекулярно-генетического статуса пациентов. В качестве потенциальных биомаркеров эффективности НПХТ могут выступать полиморфизмы в генах, влияющие на активность или на экспрессию мишени для лекарственного средства, на активность лекарственного средства/гормона, его метаболизм или транспорт.

Цель данного исследования – охарактеризовать частоту распространенности минорных аллелей по ряду SNP (Single-nucleotide polymorphism) генов семейства CYP450 (19A1, 1B1, 2C19, 2C9, 3A4, 3A5), ассоциированных с ответом злокачественной опухоли молочной железы на проводимую химиотерапию. Материалом для молекулярно-генетических исследований являлась венозная кровь 40 пациентов с клинически верифицированным диагнозом: злокачественное новообразование молочной железы (МКБ-10 C.50). Для пациентов проведено от 1 до 4 курсов НПХТ. После каждого двух курсов НПХТ оценивался непосредственный противоопухолевый эффект по критериям RECIST. Для генотипирования была использована технология, основанная на конкурентной аллель-специфической ПЦР (KASP, kompetitive allele specific PCR, LGC Biosearch Technologies). Статистический анализ проведен с использованием программы SPSS v.20.0 (IBM).

Для rs1008805 (CYP19A1) частота минорного аллеля G составила 45,12% (95% ДИ 42,69-47,55), для rs4244285 (CYP2C19) аллель A – 29,27% (95% ДИ 27,05-31,49), rs12248560 (CYP2C19) аллель T – 26,83% (95% ДИ 24,67-28,99), rs776746 (CYP3A5) аллель T – 6,10% (95% ДИ), rs1799853 (CYP2C9) аллель T – 8,54% (95% ДИ 7,18-9,90), rs1056836 (CYP1B1) аллель C – 45,12% (95% ДИ 42,69-47,55), для rs2740574 (CYP3A4) минорный аллель не выявлен. В дальнейшем планируется продолжить молекулярно-генетические исследования (увеличение объема выборки), а также провести ассоциативный анализ с клинико-морфологическими характеристиками опухоли при НПХТ для пациентов с РМЖ.

Генетическое разнообразие 27 аутосомных STR-локусов в белорусской популяции по данным NGS

Котова С.А.¹, Парфёнова А.С.¹, Спивак Е.А.¹, Забавская Т.В.¹,
Рыбакова В.И.¹, Луговнёв А.В.²

¹Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз
Республики Беларусь, Минск, Беларусь

²Государственный комитет судебных экспертиз Республики Беларусь, Минск, Беларусь
e-mail: svetlkotova@mail.ru

Внедрение метода массового параллельного секвенирования (NGS) в практику судебно-экспертного ДНК-анализа позволяет существенно увеличить дискриминирующий потенциал систем STR-локусов, традиционно используемых при установлении индивидуального тождества и определении родства. Эффективное применение NGS в судебной экспертизе невозможно без обновления баз данных частот аллелей микросателлитных маркеров с учетом секвенированных вариантов. В рамках настоящего исследования с целью формирования базы данных частот NGS-аллелей изучена структура нуклеотидной последовательности для 27 аутосомных STR-маркеров тест-системы ForenSeq DNA Signature Prep Kit (Verogen, США) у 733 неродственных индивидов мужского пола, представляющих население Республики Беларусь. Суммарно секвенировано 39534 фрагмента ДНК, среди которых с учетом полиморфизма тандемных и фланкирующих участков идентифицировано 517 аллельных вариантов (NGS-аллелей). 13 из выявленных NGS-аллелей не были описаны ранее, о чем свидетельствуют данные STRBase 2.0. Общее количество идентифицированных аллелей для 27 маркеров тест-системы увеличилось в 1.7 раза по сравнению с данными фрагментного анализа, при этом у восьми локусов число аллелей выросло более чем в 2 раза: D12S391 ($\times 4.24$), D21S11 ($\times 3.43$), D2S1338 ($\times 3.07$), vWA ($\times 2.63$), D3S1358 ($\times 2.44$), D8S1179 ($\times 2.0$), D13S317 ($\times 2.11$), D9S1122 ($\times 2.0$). Изоморфные аллельные варианты зарегистрированы в 19 из 27 аутосомных локусов тест-системы; для восьми локусов – PentaE, PentaD, D20S482, CSF1PO, TPOX, D10S1248, TH01, D16S539, дополнительные аллели зафиксированы не были. Для всех локусов тест-системы рассчитаны частоты встречаемости NGS-аллелей и криминалистические параметры идентификационной информативности. Показано, что информационная значимость данных NGS-генотипирования для совокупности исследованных маркеров при установлении индивидуального тождества и определении родства значительно увеличивается. Так, рассчитанное по данным NGS среднее значение вероятности того, что два случайно выбранных из популяции индивида будут иметь один и тот же генотип (CPM), достигало 2.89×10^{-35} , а комбинированный индекс родства с учетом наличия NGS-аллелей (CPI) составил 2.08×10^{10} , что на четыре и два порядка соответственно превысило значения, получаемые с использованием данных фрагментного анализа (CPM = 1.43×10^{-31} ; CPI = 3.25×10^{12}). Анализ генетической подразделенности резидентного населения Республики Беларусь по частотам NGS-аллелей не выявил статистически значимых различий между исследованными региональными популяциями – всё население республики характеризовалось общностью генного пула по изученным 27 аутосомным STR-маркерам. Для имплементации новых сведений в экспертную практику сформирована референтная база данных частот аутосомных STR-локусов для населения Республики Беларусь по данным массового параллельного секвенирования. Размещенные в базе данных сведения о частотах аллелей 27 аутосомных STR-локусов позволят экспертному сообществу Республики Беларусь проводить вероятностную оценку результатов NGS-генотипирования при установлении индивидуального тождества и определении родства.

Динамика частот гаплогрупп Y-хромосомы и мтДНК в популяции мегаполиса под воздействием миграционных процессов

Курбатова О.Л., Грачева А.С., Победоносцева Е.Ю., Удина И.Г.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

e-mail: okurbat@list.ru

Генофонд населения мегаполиса под воздействием миграционных процессов практически полностью обновляется за 6-8 поколений. В этой связи возникает необходимость обновления и актуализации генетических баз данных для населения мегаполиса, в том числе баз данных для целей ДНК-идентификации. Для понимания основных тенденций динамики генофонда популяции востребованы методы генетико-демографического прогнозирования. Разработанная нами методология прогнозирования опирается на теоретическую модель динамики генофонда популяции в поколениях под воздействием миграционных процессов.

Для разработки прогноза динамики частоты генетических маркеров необходимо располагать следующими данными для каждого из изучаемых мегаполисов: общее число мигрантов, прибывших в мегаполис за год или за поколение; среднегодовая численность населения мегаполиса за рассматриваемый период; перечень этнических групп, вносящих основной вклад в поток мигрантов, прибывающих в мегаполис; численная доля каждой этнической группы в потоке прибывающих мигрантов; частоты генетических маркеров в каждой из этнических групп мигрантов и в принимающей популяции. При прогнозировании динамики частот однородительских маркеров необходимо учитывать гендерные особенности миграционных процессов в мегаполисе.

Для населения Москвы разработан долгосрочный прогноз динамики частот 10 гаплогрупп Y-хромосомы и 2 гаплогрупп мтДНК на 10 последующих поколений. Прогноз выполнен в двух сценариях миграционных процессов: в первом для расчета взят коэффициент мужской миграции 0.413 (для маркеров Y-хромосомы), женской – 0.517 (для маркеров мтДНК); во втором сценарии коэффициенты миграции 0.636 и 0.657 для мужчин и женщин, соответственно. Различен в двух сценариях и этнический состав мигрантов – так, в первом случае доля русских в потоке мигрантов 47%, во втором – 55%.

Согласно первому сценарию, в Москве для гаплогруппы Y-хромосомы *R1a* прогнозируется значительное, почти двукратное уменьшение частоты за 10 поколений – от 0.45 до 0.24. Особенно резкое уменьшение частоты гаплогруппы приходится на первые 6 поколений. Для гаплогруппы *R1b* ожидается более чем двукратное увеличение частоты за 10 поколений – от 0.05 до 0.13, причем особенно резкое увеличение частоты гаплогруппы приходится на первые 4 поколения. Согласно прогнозу, частота гаплогруппы *I* снизится в 2 раза за 10 поколений (от 0.18 до 0.09). В поколениях москвичей ожидается значительное увеличение частот «южных по происхождению» гаплогрупп Y-хромосомы: 5-кратный рост частоты гаплогруппы *G* (от 0.01 до 0.05), 6-кратный рост частоты гаплогруппы *J2* (от 0.02 до 0.115) и менее выраженный рост частоты гаплогруппы *J1*.

Согласно второму сценарию, динамика частот гаплогрупп Y-хромосомы в поколениях москвичей имеет аналогичную направленность, но не столь значительна.

Прогнозируемая динамика частот митохондриальных гаплогрупп согласно обоим сценариям выражена слабо: для гаплогрупп мтДНК *U4* и *J* ожидается незначительное снижение частоты в поколениях москвичей.

Представленные прогнозы предполагают неизменность параметров миграции на протяжении жизни 10 поколений (условно 250 лет), что явно нереалистично. Поэтому долгосрочные прогнозы необходимо своевременно уточнять с учетом текущей демографической ситуации. Однако, если учесть, что в современном мегаполисе одновременно присутствуют 4 поколения жителей, то динамику частот генетических маркеров можно проследить на разновозрастных группах населения.

Генетическая дифференциация и инбридинг коренного населения Республики Алтай по данным родового состава

Лузина Ф.А.

ФГБНУ «НИИ Комплексных проблем гигиены и профессиональных заболеваний»,
Новокузнецк

e-mail: luzina45@mail.ru

Основу алтайского этноса представляет родовая структура. Сеок у современных алтайцев — это ядро их традиционной социальной организации, маркер этнической идентичности и элемент национальной культуры (С.П. Тюхтенева, 2011 г.). Такая многофункциональность и жизнеспособность родовой организации свидетельствует и об устойчивости структуры генофонда коренного населения.

С использованием квазигенетического маркера – рода (сеока) – изучена генетическая структура и оценен (внутри и межпопуляционный) уровень генного разнообразия коренных народов Республики Алтай: теленгитов, алтай-кижи, маймаларов, тубаларов челканцев.

Материал по родовому составу алтайцев собран в экспедиционных условиях в 1980–1985 гг. и 2009–2012 гг. во всех районах проживания коренного населения Республики Алтай. Родовая принадлежность определена у 3090 человек, что составляет > 60% численности коренного сельского населения. У алтайцев зафиксировано 66 родов, из них впервые учтены и использованы в расчетах 16 сеоков, характерных только для челканцев. Это патронимы (аналоги рода), наиболее распространенные из них – ньондукой, алыян, бардыйак, кызыл кос, кёрюкей, тьеткыр.

Методы. На основе данных о родовом составе коренного населения (на внутри- и межпопуляционном уровне) рассчитаны коэффициент инбридинга методом изонимии, уровень генного разнообразия – (F-г), стандартизованная дисперсия частоты рода (Рычков Ю. Г. и др., 1976 г.), генетические расстояния, позволяющие количественно определить местоположение популяций относительно друг друга (Cavalli-Sforza, 1971),

Коэффициент инбридинга, определенный по современной частоте рода, варьирует от 0,02 у алтай-кижи до 0,029 у теленгитов, составляя в целом для общеалтайской популяции 0,015 (уровень родства четвероюродных сибсов). Показатели инбридинга на Алтае относительно стабильны во времени (1897 г. – 0,0130, 1985 г. – 0,0150) и свидетельствуют о генетической преемственности поколений

Отмечено увеличение генетических дистанций от южных алтайцев к северным; маймалары занимают промежуточное положение между алтай-кижи и тубаларами; челканцы, ввиду специфики их родового состава, наиболее удалены от всех коренных народов Алтая.

Итогом генетико-демографических процессов, протекающих в популяциях, является уровень их генетической дифференциации, составивший 0,019 для теленгитов, 0,02 – тубаларов и челканцев, 0,05 – маймаларов и алтай-кижи. С переходом на следующий уровень иерархии генное разнообразие составило 0,033.

Каждый коренной народ Республики Алтай имеет свой генетический «родовой» портрет. Каков биологический смысл этого феномена? Согласно Ю. П. Алтухову иерархически проявляющаяся подразделенность играет важную роль в сохранении генетического разнообразия вида, так как система популяций проявляет большую стабильность по сравнению с бесструктурной панмиксной группой (Алтухов. Ю.П., 2003).

Таким образом, родовой уровень организации коренных народов Республики Алтай, сохраняющий преемственность и относительную стабильность является сложной, иерархически подразделенной системой, наиболее полно отражающей генетическую структуру народонаселения.

Некоторые результаты анализа репродуктивного поведения женщин Тазовского района Ямало-Ненецкого АО

Осипова Л.П., Табиханова Л.Э., Чуркина Т.В.

*Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики
Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск*

e-mail: ludos77@yandex.ru

Генетико-демографические исследования коренных этносов Сибири важны для определения степени влияния социально-экономических преобразований в стране. О популяции тундровых ненцев, живущих в экстремальных климатических условиях за Северным полярным кругом, в литературе имеются неполные сведения. Особую роль играет репродуктивное поведение женщин, которое влияет на сохранность генофонда.

По результатам экспедиционной работы 2011-2012 годов в пос. Тазовский (анкетирование и прямой опрос) проанализированы репродуктивные характеристики 239 женщин пострепродуктивного возраста, проживающих оседло в пос. Тазовский, а также ведущих кочевой образ жизни в прилегающих тундрах Тазовского района ЯНАО. Условной границей репродуктивного возраста мы приняли 45 лет, включив в анализ женщин, достигших этого возраста в 2011 г., т.е. родившиеся до 1966 г., включительно. При этом выборка ненок составила 211 человек, 164 из них живущих в тундре и 47 – оседло в посёлке.

Обнаружены разительные отличия между группами. Среднее число живорожденных детей на ненку, живущую в тундре (N=164), оказалось равным 7.71. Среднее число детей, доживших до репродуктивного возраста в этой группе – 6.19. Женщины-ненки, живущие в комфортных условиях поселка, работающие на объектах поселковой инфраструктуры (N=47) имеют репродуктивные показатели значительно ниже – 2.91 и 2.4. Для условной группы европейек (N=28), куда вошли русские, украинки, белоруски и др., эти показатели оказались катастрофически низкими – 1.92 и 1.82. Среднее число искусственных прерываний беременности у европейек – 3.62, у ненок поселка – 1.5, что свидетельствует, в частности, о меньшем распространении среди ненок практики планирования семьи.

Таким образом, подтверждена тенденция значительного уменьшения репродуктивной активности женщин коренной национальности, отошедших от традиционного образа жизни и проживающих в смешанном по национальному составу поселке. А среднее число живорожденных детей на тундровую ненку, ведущую традиционный кочевой образ жизни, входит в диапазон максимальных значений, зарегистрированных ранее у эвенов и тундровых ненцев Самбурга (7.7–7.8).

Генетические портреты и этнографическая классификация сибирских татар

Падюкова А.Д.¹, Имекина Д.О.¹, Валихова Л.В.², Пономарев Г.Ю.³,
Пылев В.Ю.³, Лавряшина М.Б.¹

¹ФГБОУ ВО «Кемеровский государственный медицинский университет», Кемерово

²ФГБНОУ «Томский национальный исследовательский медицинский центр Российской академии наук» структурное подразделение Научно-исследовательский институт медицинской генетики Томского НИМЦ, Томск

³ФГБНОУ «Медико-генетический научный центр имени академика Н.П. Бочкова», Москва

e-mail: radyukova_asiya@mail.ru

Сибирские татары населяют обширные территории Западной Сибири – от Урала до Енисея и характеризуются значительной гетерогенностью, входящих в их состав групп. Интерес научного сообщества к сибирским татарам имеет давние корни, однако, системный характер их изучения фиксируется лишь во второй половине XX века сначала инструментарием этнографии, лингвистики и антропологии и лишь затем – с начала XXI века – генетики.

Нами проанализирована структура генофондов локальных групп сибирских татар, чьи этнические ареалы расположены в области контактных зон. Согласно этнографической классификации, эти группы относятся к этнотерриториальному массиву тоболо-иртышских татар: искеро-тобольские, иштякско-тогузские (Тобольский и Вагайский р-ны Тюменской обл.), саргатско-утузские (Усть-Ишимский р-н Омской обл.), любейско-тунусские (Венгеровский и Кыштовский р-н Новосибирской обл.) и сибирских бухарцев (Большереченский р-н Омской обл.). Суммарный объем выборки – 236 человек. Материалы для исследования собраны в экспедициях Кемеровского государственного университета (Кемерово), Медико-генетического научного центра (Москва) и Томского НИИ Медицинской генетики (Томск). ДНК из образцов выделяли методом фенол-хлороформной экстракции.

По результатам генотипирования были рассчитаны показатели межпопуляционного разнообразия (F_{st}) с помощью программы Arlequin ver.3.5.2.2 и межпопуляционной подразделенности (H_{st}) популяций с помощью анализа молекулярной дисперсии AMOVA. Анализ данных по частотам SNP маркеров Y-хромосомы показал, что генофонды искеро-тобольских и иштякско-тогузских татар на 2/3 состоят из общих гаплогрупп, разница лишь в процентном соотношении. Три оставшиеся популяции обладают уникальным генетическим портретом и не имеют в своем составе общих гаплогрупп. Межпопуляционная подразделенность (H_{st}) исследованных групп составила 10%. Среди народов Сибири по гетерогенности сибирские татары занимают промежуточное положение между южными алтайцами (3,16%), шорцами (4,67%) и северными алтайцами (20%). Анализ F_{st} показал, что наименьшим межпопуляционным разнообразием обладают искеро-тобольские и иштякско-тогузские татары (0.05). Результаты вполне ожидаемы и объясняются территориальной близостью их ареалов расселения в Тобольском районе недалеко друг от друга по разным берегам Иртыша. Наибольшие показатели межпопуляционной вариативности (0.22) отмечены при сравнении иштякско-тогузских и саргатско-утузских татар. Для саргатско-утузской локальной группы до недавнего времени была характерна определенная изолированность – браки в основном заключались между представителями близлежащих деревень и в пределах проживания данной группы татар.

Таким образом, проведенное исследование выявило своеобразную генетическую структуру представленных популяций и в определенной мере согласуется с классификацией предложенной Н.А. Томиловым на основе территориального деления.

Генетическое разнообразие 38 аутосомных STR-локусов среди жителей России

Культин А.Ю., Полякова А.В.

Экспертно-криминалистический центр МВД РФ, Москва

e-mail: anastasia.polyakova08@yandex.ru

Выявление полиморфизмов коротких tandemных повторов (STR) является важным результатом изучения генетической изменчивости человеческой популяции. Данные о вариабельности участков STR-локусов используются в судебно-экспертной практике при проведении ДНК-идентификации личности и установления родства.

Накопленные за последние годы данные в экспертно-криминалистических подразделениях системы МВД России позволили провести анализ генетического разнообразия населения России по 38 аутосомным STR-локусам ДНК. Впервые были получены частоты аллелей и стандартные криминалистические показатели для 38 STR-локусов (CSF1PO, D1S1656, D2S441, D2S1338, D2S1360, D3S1358, D3S1744, D4S2366, D5S818, D5S2500, D6S474, D6S1043, D7S820, D7S1517, D8S1132, D8S1179, D10S1248, D10S2325, D12S391, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, D21S2055, D22S1045, F13A01, F13B, FESFPS, FGA, LPL, Penta C, Penta D, Penta E, SE33, TH01, TPOX, vWA) у более 7000 неродственных лиц из 69 регионов Российской Федерации с помощью программы Power Stats v12. В ходе исследования выявлено 617 аллелей с частотами встречаемости в диапазоне от 0,0003 до 0,5551. Маркером с наибольшим числом аллелей являлся локус SE33, для которого выявлено 68 аллельных вариантов.

Показатель дискриминационной силы (PD) для 38 проанализированных локусов варьировался от 0,7942 до 0,9950. На основании значений PD локусы SE33, FGA, D21S2055 могут рассматриваться как наиболее информативные маркеры для ДНК-анализа. Наименее информативный локус – TPOX.

Установленные данные о частотном распределении аллелей 38 аутосомных STR-локусов среди жителей России позволяют решить вопросы достоверности вероятностно-статистической оценки результатов ДНК-анализа при проведении экспертиз.

Геногеография гаплогруппы N3a3 в народонаселении Северной Евразии

Пономарёв Г.Ю.¹, Запорожченко В.В.¹, Агджоян А. Т.¹, Балановская Е.В.^{1,2}

¹ФГБНУ «Медико-генетический научный центр имени академика Н.П. Бочкова», Москва

² АНО «Биобанк Северной Евразии», Москва

e-mail: st26i900@gmail.com

Исследование пространственной изменчивости SNP и STR-маркеров Y-хромосомы позволяет пролить свет на генетические процессы взаимодействия коренных народов Северной Евразии. Совокупность мутаций, передаваемых Y-хромосомой по «отцовской» линии, дает новую информацию об этапах формирования генофонда и путей миграции населения. Благодаря современным методикам экспериментальной работы и развитию методов биоинформатического анализа постоянно уточняется информация о генетическом профиле популяций. Геногеографический и филогенетический анализ Y-хромосомы в совокупности с данными антропологии, этнологии, археологии, лингвистики позволяет с разных точек зрения взглянуть на историю формирования генофонда, выдвигать и проверять гипотезы генетической истории популяций.

Гаплогруппа Y-хромосомы N3a3 (возраст ее – 5 тысяч лет) – одна из ключевых в решении вопросов генетической истории населения Северо-Восточной Европы. Новые исследования нашего научного коллектива уточнили филогенетическую структуру и геногеографию гаплогруппы N3a3. Изучение полиморфизма Y-хромосомы у 10 000 представителей коренного населения Северной Евразии позволило отобрать 300 носителей гаплогрупп N3a3 из 23 популяций Восточной Европы, Урала и Западной Сибири. Каждый носитель гаплогрупп N3a3 изучен по широкой панели ДНК-маркеров, включающей в себя 28 популяционно-информативных SNP маркеров, отражающих внутреннюю структуру гаплогруппы N3a3. Полученные результаты - в совокупности с данными коллег - позволяют реконструировать пути миграций населения из Западной Сибири в Урало-Поволжье и далее на северо-запад.

Анализ популяционных частот 28 новых линий-гаплогрупп в пределах гаплогруппы N3a3 позволил построить геногеографические карты распространения для каждой из линий. Филогенетический анализ STR-маркеров Y-хромосомы позволил определить датировки возникновения субгаплогрупп и выявить ранние хронологические границы миграций их первых носителей. Установлены ареалы распространения ветвей, образующих кластеры, и проведено сопоставление с гипотезой о миграции популяций-представителей уральской языковой семьи с Урало-Поволжья на север Восточной Европы. Следы этой миграции обнаружены в популяциях финно-угорской, тюркской и славянской языковых групп.

Исследование поддержано грантами РФФИ №20-09-00479-а, №20-29-01017_Древняя ДНК, Государственным заданием Министерства науки и высшего образования РФ для Медико-генетического научного центра им. акад. Н.П. Бочкова.

Анализ изменчивости SNP-полиморфных локусов генов *OXTR*, *HTR2A* и STR-полиморфного локуса (CAG-повторы) гена *AR* в выборке из современной популяции армян; взаимосвязь с признаками агрессивного поведения

Прошаков П.А.¹, Куликов А.М.¹, Лазебный О.Е.¹, Бутовская М.Л.²

¹Институт биологии развития имени Н. К. Кольцова Российской академии наук, Москва
²Ордена Дружбы народов Институт этнологии и антропологии им. Н.Н. Миклухо-Маклая Российской академии наук, Москва

e-mail: ub3dco@gmail.com

До широкого распространения технологий секвенирования нового поколения NGS основным методом поиска ассоциаций “агрессивное поведение - генотип” был подход, основанный на анализе генов-кандидатов. В качестве таких генов обычно выбирали гены, связанные с работой нервной системы и мозга, в особенности - гены, белковые продукты которых принимают непосредственное участие в процессах, связанных с передачей нервных импульсов, а также гены, связанные с действием половых гормонов. В данной работе мы также применили гено-кандидатный подход. Для анализа выбрали три полиморфных локуса, два из которых находятся в генах, связанных с работой окситоциновой и серотониновой систем, а один - в гене, связанном с процессами гуморальной регуляции.

Проведено генотипирование выборки студентов Ереванского Государственного Университета ($n = 241$) по двум SNP-локусам, один из которых локализован в гене окситоцинового рецептора *OXTR* (SNP-идентификатор rs53576), а другой - в гене серотонинового рецептора *HTR2A* (идентификатор rs6311) методом ПЦР-ПДРФ, а также генотипирование по микросателлитному локусу (триплетные CAG-повторы), находящемуся в третьем экзоне гена андрогенового рецептора *AR* методом фрагментного анализа на капиллярном секвенаторе. Для выделения ДНК брались пробы буккального эпителия, для оценки признаков агрессивного поведения использовался опросник Басса-Перри.

Исследованные локусы достаточно часто используются различными научными группами в ассоциативных исследованиях. Для локуса rs6311 известна взаимосвязь с суицидальным поведением и аутоагрессией. Нами ранее впервые была показана взаимосвязь с агрессивным поведением полиморфизма локуса rs53576. Обратная зависимость между числом микросателлитных CAG-повторов гена *AR* и общим уровнем агрессии так же отмечалась ранее. Большинство подобных исследований обычно включает в анализ несколько выборок, причем они представляют либо разные популяции (этнические группы), либо группу с девиантным поведением и контрольную выборку. В первом случае различия в аллельных частотах могут быть просто обусловлены особенностями протекания популяционно-генетических процессов в двух сравниваемых выборках, во втором - определяющим фактором является фактор среды, т.е. социо-культурные различия. Поэтому в нашем исследовании была поставлена задача провести ассоциативный анализ названных локусов в моноэтнической стратифицированной выборке студентов-армян. При этом, как мы полагаем, минимизируются эффекты влияния среды и эффекты, связанные с этнически обусловленной генетической изменчивостью.

В результате исследования нами показано, что распределение частот генотипов в исследованной выборке по обоим проанализированным SNP-локусам соответствует равновесному состоянию. В локусе *AR*(CAG) n было выявлено 15 аллелей, из которых наиболее представленными являются аллели с числом повторов от 20 до 24. Дисперсионный анализ выявил эффект влияния гена *OXTR* на показатель вербальной агрессии ($p = 0.048$), также эффект влияния взаимодействия генов *AR* и *OXTR* на показатели вербальной агрессии ($p = 0.002$), гнева ($p = 0.045$) и реактивной агрессии ($p = 0.003$). Кроме того, для мужчин выявлен эффект влияния гена *AR* на показатель физической агрессии ($p = 0.031$), а у женщин эффект влияния взаимодействия генов *OXTR* и *HTR2A* на показатель реактивной агрессии ($p = 0.037$).

Анализ географической изменчивости фармакогенетически значимых ДНК-маркеров в популяциях коренного населения России и сопредельных стран

Пылёв В.Ю.^{1,2}, Горин И.О.¹, Балановская Е.В.^{1,2}

¹ФГБНУ «Медико-генетический научный центр имени академика Н.П. Бочкова», Москва

²АНО «Биобанк хранения и научного исследования биологических образцов народонаселения Северной Евразии», Москва

e-mail: freetrust@ya.ru

Фармакогенетика становится важным разделом персонифицированной медицины: выявлены ключевые гены, влияющие на чувствительность к жизненно важным лекарственным средствам. Но для населения России внедрение фармакогенетических тестов сталкивается с фундаментальным ограничением - огромными генетическими различиями между популяциями. Решить проблему может детальное исследование геногеографической изменчивости фармакогенетически значимых ДНК-маркеров, обеспеченное созданием популяционных биобанков и использованием подходов и методик популяционной генетики человека.

Нашим коллективом был изучен фармакогенетический профиль народов России по 60 наиболее фармакогенетически значимым маркерам, а также произведён их разноуровневый анализ: 4144 образцов «Биобанка Северной Евразии» в данной работе представили 28 метапопуляций, охватывающих основное генетическое разнообразие коренного населения изучаемой территории. Образцы, предоставленные популяционным биобанком «Биобанк Северной Евразии», снабжены подробной анкетной обезличенной информацией о происхождении индивида, информацией, позволяющей определить сохранность данного образца (время помещения образца в биобанк, количество пройденных циклов заморозки-разморозки, количество и концентрацию ДНК, другие показатели). Это позволяет производить различные виды генетического анализа, а также гарантирует долговременную сохранность биологических образцов. Особенности формирования данного биобанка коллективом, возглавляемым Балановской Е.В. и Балановским О.П., позволяют сформировать на его основе репрезентативную популяционную выборку, характеризующую этно-территориальное разнообразие России.

Итоги осуществлённого анализа представлены в виде картографического атласа, включающего как раздел 60 карт геногеографической изменчивости отдельных фармакогенетически значимых ДНК-маркеров, так и раздел обобщенных карт фармакогенетического ландшафта населения России. Атлас позволяет в понятной графической форме оценить распространение фармакогенетических маркеров. Общие закономерности дополнены региональными исследованиями. Созданы фармакогенетические портреты населения Северного Кавказа, Приуралья и Волго-Окского регионов. Картографирование генетических отличий населения этих регионов от отдельных популяций (удмуртов, осетин, русских Рязанской области) позволяет выявить группы населения, обладающего сходным фармакогенетическим статусом. Выявленные закономерности фармакогенетического ландшафта рассмотрены на фоне изменчивости селективно-нейтральных маркеров.

Результаты данного анализа позволяют в понятной графической форме оценить распространение фармакогенетически значимых ДНК-маркеров. Атлас можно использовать как основу для разработки персонифицированных фармакогенетических тестов и протоколов по подбору оптимальных препаратов и их доз в зависимости от этногеографического происхождения пациента.

Исследование поддержано грантом РФФИ № 21-14-00363.

Гиперметилирование промоторов генов в лейкоцитах крови облученных лиц – итоги исследований

Рубанович А.В., Кузьмина Н.С., Лаптева Н.Ш.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

e-mail: rubanovich@vigg.ru

Многолетний мониторинг генетического статуса представителей облученных локальных популяций, участников ликвидации радиационных катастроф, лиц, подвергшихся радиационному воздействию в результате профессиональной деятельности, проводимый сотрудниками лаборатории экологической генетики ИОГен РАН (анализ aberrаций хромосом, мутаций генов и мини-/микросателлитных локусов, CD95⁺ - предикторов апоптоза) свидетельствует о повышенном уровне соматического мутагенеза в ближайшие и отдаленные сроки после экспонирования. Аналогичные эффекты выявляются и у детей – потомков облученных родителей. Эпигенетические эффекты – новый аспект последствий радиационного воздействия на организм человека. На протяжении нескольких лет нами проводилось пилотное изучение радиационно-индуцированного гиперметилирования промоторов генов в лейкоцитах крови лиц различных контингентов (ликвидаторы аварии на ЧАЭС, жители территорий с радионуклидными загрязнениями, профессионалы-атомщики г. Сарова и работники ПО «Маяк» г. Озерска), подвергшихся хроническому или фракционированному облучению в широком диапазоне доз. Показана дифференциальная значимость возраста и радиационного воздействия в метилировании CpG-островков промоторов разных генов, что демонстрируют однонаправленные эффекты, наблюдаемые в независимых выборках облученных лиц. ROC-анализ показал высокую информативность рассмотрения выявляемых эпигенетических нарушений как биомаркеров перенесенного облучения (AUC = 0.846±0.015, $p = 1.5E-48$). Гиперметилирование CpG-островков генов *RASSF1A* и *p14/ARF* зависит от возраста, а эпигенетическая модификация локусов *p16/INKA* и *GSTP1* высоко значимо ассоциирована с радиационным воздействием, что верифицировано на двух тестовых выборках обследованных индивидов. Выявленный дозозависимый характер гиперметилирования изученных генов косвенно подтверждается наличием положительной ассоциативной связи между уровнем aberrаций хромосомного типа и частотой метилированных генов ($r = 0.604$, $p = 2.3E-11$). Очевидно, что выявляемый спектр нарушений генома/эпигенома является не только биоиндикатором воздействия радиации, но и может свидетельствовать о развитии функционального дисбаланса клеток организма, приводящего к преждевременному развитию мультифакториальной патологии, а также ее хронизации.

Реакция организма человека на облучение имеет место на фоне действия целого комплекса эколого-генетических факторов, в частности, введения в окружающую среду множества генотоксикантов, а также резкого изменения генетической структуры современной популяции, о чем свидетельствуют результаты работ Ю. П. Алтухова и его сотрудников. В первую очередь, это следует учитывать для населения городов. В конечном итоге можно говорить об изменении качества жизни и снижении биологической устойчивости облученных индивидов и популяции в целом. Поэтому разработка системы отдаленных маркеров перенесенного облучения, сопряженных с развитием различных заболеваний, является крайне важной. Исходя из последних достижений эпигенетики, локус-специфические изменения метилирования могут иметь очевидную прогностическую ценность в отношении здоровья облученного индивида, а именно в оценке его биологического возраста и риска развития той или иной радиационно-индуцированной патологии, что будет предшествовать регистрации морфофункциональных изменений органов и систем организма.

Распространенность полиморфных вариантов генов Толл-подобных рецепторов в выборках пациентов, инфицированных ВИЧ и туберкулезом среди населения стран ВЕЦА

Саламайкина С.А.^{1,2}, Миронов К.О.¹, Корчагин В.И.¹, Дунаева Е.А.¹, Дрибноходова О.П.¹, Гапонова И.И.¹, Есьман А.С.¹, Кулабухова Е.И.¹, Зимица В.Н.³, Кравченко А.В.¹

¹ФБУН «Центральный НИИ Эпидемиологии» Роспотребнадзора, Москва

²ФГАОУ ВО «Московский Физико-технический институт (национальный исследовательский университет)», Москва

³ФГАОУ ВО «Российский университет дружбы народов», Москва

e-mail: salamaykina@cmd.su

Толл-подобные рецепторы (TLR) известны как комплекс белков, находящийся на поверхности клетки и информирующий адаптивную иммунную систему организма-хозяина о типе патогена, который проникает в организм. В ряде исследований показано, что аллельные варианты генов *TLR* могут быть ассоциированы с риском развития и тяжестью течения многих инфекционных заболеваний. В частности, полиморфизмы в генах *TLR2* и *TLR4* могут являться факторами предрасположенности к развитию и тяжёлому течению туберкулёза (ТБ) у ВИЧ-инфицированных лиц. Выявление таких генетических факторов наряду с социально-демографическими факторами может быть в дальнейшем использовано в клинической практике.

В исследование включены 9 выборок из стран ВЕЦА (России, Белоруссии и Таджикистана): 3 выборки пациентов с моноинфекцией ВИЧ (n=147), 3 выборки пациентов с моноинфекцией ТБ (n=148) и 3 выборки пациентов с коинфекцией ВИЧ-ТБ (n=144). Охарактеризованы популяционные особенности распределения аллелей исследуемых локусов в сравнении с европейской (EUR) и азиатскими (EAS, SAS) выборками из базы данных Ensembl (проект «1000 геномов»). Для выборок России (RUS) и Беларуси (BLR) характерны близкие значения частот аллелей всех локусов, и не обнаружено значимых отклонений в сравнении с европейской выборкой (EUR). В то же время, частоты генотипов rs5743708 (*TLR2*) и rs4733781 (*ASAPI*) в этих выборках отличаются от частот в азиатских (EAS, SAS) выборках. Выборка Таджикистана (TJK) значительно отличается частотами генотипов от EUR только по rs4733781 (*ASAPI*), а по rs5743708 (*TLR2*), rs361525 (*TNF*) и rs4733781 (*ASAPI*) сходна с южноазиатской выборкой (SAS). Таким образом, частоты редких аллелей исследуемых локусов в среднеазиатских выборках вероятнее всего находятся в пределах общемировых значений, но могут отличаться как от европейских (EUR), так и от азиатских выборок.

Предварительный анализ ассоциации выявил в выборке BLR высокое значение риска развития ТБ у пациентов с ВИЧ для носителей rs361525-A (ОШ=7,58; 95%ДИ 1,60-35,93; $p=0,0026$). В то же время в выборке RUS носительство rs4986790-G ассоциировано с пониженным риском развития ТБ на фоне ВИЧ (ОШ=0,22; 95%ДИ 0,07-0,73; $p=0,0074$). В выборке TJK не обнаружено значимой ассоциации исследуемых SNP с риском развития ТБ, что может быть связано как с отсутствием такой ассоциации, так и с иными причинами – низкой частотой редких аллелей и, следовательно, недостаточным объёмом анализируемых групп, влиянием иных факторов, и популяционно-генетическими особенностями выборок.

Полученные результаты подтверждают необходимость учёта особенностей распространённости полиморфных вариантов генов в анализируемых популяциях при проведении ассоциативных исследований и в дальнейшем при разработке аналитических систем для выявления лиц, наиболее подверженных инфекционным заболеваниям, с целью своевременного проведения необходимых профилактических или диагностических мероприятий.

Сравнительный анализ вариантов в генах первичных иммунодефицитов с использованием баз данных генотип-фенотип и dbSNP

Свиридова Д.А., Колобков Д.С., Абилов С.К., Сальникова Л.Е.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: daria_sv11@mail.ru

Введение. Иммунные реакции человека формируются под эволюционным давлением, оказываемым микроорганизмами и вирусами на протяжении всей истории. Согласно литературным данным, ряд генов иммунной системы характеризуется более высокой изменчивостью и большим числом функционально значимых вариантов по сравнению с другими генами. К генам иммунной системы, относятся, в частности, гены первичных иммунодефицитов (ПИД), генетически обусловленных заболеваний, вызванных недостаточным развитием и функционированием иммунной системы. Мы проанализировали ландшафт вариабельности генов ПИД, сравнив представленность вариантов в базах данных генотип-фенотип ClinVar и HGMD[®] и в глобальном ресурсе генетических вариаций человека dbSNP.

Материалы и методы. Информация из баз данных ClinVar и HGMD[®] для 403 генов ПИД (Tanguy et al. 2020) была объединена в единую базу ClinVar/HGMD. Все герминальные варианты в генах ПИД из dbSNP версии 154 были загружены через Ensembl Biomart. Был выполнен сравнительный анализ клинической значимости вариантов в ClinVar/HGMD (патогенные или безвредные) и предиктивной функциональной значимости dbSNP вариантов (повреждающие или нейтральные). Для предиктивной аннотации несинонимичных вариантов был разработан алгоритм на основе ресурса dbNSFP v4.1 (Liu et al., 2020). Алгоритм был апробирован с использованием клинических аннотаций ClinVar/HGMD, его диагностическая точность составила 81.3%.

Результаты. Совмещенная база данных ClinVar/HGMD включала 111940 генетических вариантов, из них 32452 варианта были охарактеризованы как патогенные. Ресурс dbSNP включал 5415794 варианта в генах ПИД. Во всем пуле dbSNP вариантов было выявлено 38291 HI (high impact) вариантов (нонсенс мутации и другие мутации, вызывающие потерю или нарушение функции гена), среди них 25500 вариантов (66.6%) отсутствовали в ClinVar/HGMD. С помощью разработанного нами алгоритма были также дополнительно идентифицированы 28507 повреждающих миссенс вариантов, отсутствующих в ClinVar/HGMD.

Обсуждение и выводы. В нашей работе установлено, что в генах ПИД присутствует большое число повреждающих вариантов, которые не зарегистрированы в базах данных генотип-фенотип. Такие варианты могут быть представлены аллелями рецессивного заболевания в гетерозиготном состоянии или обуславливать наиболее редкие фенотипы. При реализации генетической информации на фенотипическом уровне имеет значение ген специфичное и вариант специфичное взаимодействие генотип-фенотип, и другие генетические и негенетические факторы также влияют на вероятность манифестации заболевания. Зарегистрированные клинически значимые патогенные варианты вносят относительно небольшой вклад в генетическую вариабельность генов ПИД.

Популяционно-генетическая характеристика населения Республики Беларусь по SNP-маркерам Y-хромосомы

Спивак Е.А.¹, Котова С.А.¹, Забавская Т.В.¹, Рыбакова В.И.¹,
Парфенова А.С.¹, Гребенчук А.Е.²

¹Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз
Республики Беларусь, Минск, Беларусь

²Государственный комитет судебных экспертиз Республики Беларусь, Минск, Беларусь

e-mail: spivak_e@inbox.ru

Современный этап развития криминалистики и судебной экспертизы характеризуется внедрением в практику новейших технологий исследования образцов, позволяющих решать задачи нового типа, например, определять этно-географическое происхождение индивида – донора ДНК. Известно, что наиболее высоким потенциалом при выявлении региональной и этнической гетерогенности генофонда обладают маркеры Y-хромосомы. Ранее нами уже был изучен дифференцирующий потенциал Y-STR маркеров в отношении надчеловеческих сообществ Беларуси. В настоящей работе проведена популяционно-генетическая характеристика населения республики по 737 SNP маркерам, определяющим принадлежность донора гаплогруппам Y-хромосомы в соответствии с минимальным деревом гаплогрупп vanOven. В ходе исследования методом NGS получены Y-SNP гаплотипы для 354 неродственных индивидов, представляющих три региона страны (юго-запад – 120, юго-восток – 117, север – 100), определена принадлежность Y-SNP гаплотипов гаплогруппам Y-хромосомы и изучено распределение выявленных гаплогрупп в региональных выборках образцов. Анализ показал, что все полученные SNP-гаплотипы распределялись по 10 мажорным кладам и принадлежали суммарно 68 субгаплогруппам Y-хромосомы. Наиболее часто встречающейся среди мужской части населения Беларуси была гаплогруппа R1a – к этой гаплогруппе отнесено 46,7% всех гаплотипов, распределенных по 12 субгаплогруппам. Второй по распространенности являлась гаплогруппа I, к ней относилось 27,8% гаплотипов принадлежащих 10 субгаплогруппам. К мажорным кладам N, J и R1b были отнесены 8,8%, 5,4% и 5,09% гаплотипов соответственно, на остальные 5 гаплогрупп суммарно приходилось менее 5% полученных гаплотипов. В региональных выборках образцов субгаплогруппы Y-хромосомы были распределены неравномерно. Так, если на юго-западе и юго-востоке наиболее часто встречалась субгаплогруппа I2a-L621 (22,5% и 22,4% гаплотипов соответственно), то на севере самой распространенной была субгаплогруппа R1a-Z92 (27,0% гаплотипов). Анализ уровня подразделенности населения Республики Беларусь на основе распределения субгаплогрупп Y-хромосомы позволил выявить статистически достоверные различия на уровне 2,14% между региональными выборками ($F_{st} = 0.021$, $P \leq 0.05$) при общем уровне внутрипопуляционной изменчивости 97,86%. Анализ матрицы парных расстояний показал, что существуют достоверные различия в распределении гаплогрупп Y-хромосомы между региональными выборками севера и юга, при этом достоверные различия между двумя южными популяциями отсутствовали. Следует отметить, что ранее в аналогичных исследованиях с использованием сведений о Y-STR гаплотипах нами был зафиксирован максимальный уровень межпопуляционных различий для населения республики 0,52%. Таким образом, анализ Y-SNP маркеров и получаемые на его основе сведения о распределении субгаплогрупп Y-хромосомы позволяют выявить более тонкую дифференциацию между региональными группами Республики Беларусь, чем сведения о STR-гаплотипе Y-хромосомы.

Особенности биодемографических процессов в популяции Чебоксары периода 1989-2019 гг.

Спицына Н.Х.¹, Балинова Н.В.²

¹ФГБНУ «Институт этнологии и антропологии им. Н.Н. Миклухо-Маклая» РАН,
Москва

²ФГБНУ «Медико-генетический научный центр» РАН, Москва

e-mail: nailya.47@mail.ru

Демографическая структура популяций человека является динамичным, непрерывно меняющимся во времени параметром, непосредственно связанным с естественным движением населения. В наибольшей степени изменчивостью элементов структуры отличаются городские популяции. В современных исследованиях чрезвычайно актуальна задача исследования факторов определяющих динамику формирования городских популяций. Среди них особо выделяется роль миграций, инбридинга, аутбридинга, частот наследственной патологии и др. Значительное место занимает биологическая компонента процесса воспроизводства, в которой репродукция выступает в роли универсального индикатора социального и биологического здоровья общества.

В настоящем сообщении представлен анализ биодемографических процессов воспроизводства населения г. Чебоксары 2019 гг. сопоставленный с нашими данными 1989 г. Прошло 30 лет, время сопоставимое с 1 генетическим поколением, и результаты исследования динамики изменений в параметрах воспроизводства городского населения представляют особый интерес. Оценка истинного вклада индивидов в генофонд нового поколения проведена в группе лиц, вышедших из репродуктивного возраста (женщины старше 45 лет, мужчины 50 лет). В соответствии с законом о персональных данных, все сведения респондентов деперсонифицированы. В г. Чебоксары 1989 г. в выборке численностью 804 индивида пострепродуктивного возраста на каждую женщину приходится 5.72 ± 0.29 беременностей, 1.88 ± 0.07 рождений, 3.42 ± 0.28 аборта. Пропорция спонтанных абортов, выкидышей, внематочных беременностей составила 0.44. Таким образом, только 32.6% беременностей завершается рождением ребенка, 59.6% беременностей искусственно прерывается. В 2019 г. в выборке пострепродуктивной когорты численностью 560 человек на каждую женщину приходится 4.31 ± 0.21 беременностей, 2.45 ± 0.08 рождений, 1.39 ± 0.21 аборта. Завершается рождением ребенка 56.86% беременностей, 32.22% искусственно прерывается. Динамика произошедших изменений следующая: число беременностей на одну женщину в 2019 г. снижается с 5.72 до 4.31, а число родов повышается с 1.88 до 2.45, соответственно число абортов снижается с 3.42 до 1.39. Результаты измерения индексов потенциального отбора (IT) и его компонентов в пострепродуктивной возрастной группе г. Чебоксары проведены по методу Crow J.F. (1958). Рассчитаны компоненты дифференциальной смертности и плодовитости. В Чебоксарах в 1989 г. выявлен жесткий регулируемый характер воспроизводства суженного типа с некоторой тенденцией ослабления контроля рождаемости. Исследование 2019 г. показало, что меры искусственной регуляции численности детей в семьях снизились в 2 раза.

Представленный анализ биодемографических процессов воспроизводства населения г. Чебоксары является пролонгированным во времени комплексным междисциплинарным исследованием особенностей биодемографических процессов воспроизводства городского населения. Выявленная положительная динамика изменений в популяции свидетельствует о переходе от жесткого регулируемого характера воспроизводства суженного типа к уровню, превышающему воспроизводство простого типа. С известной долей осторожности можно говорить о положительной тенденции движения к воспроизводству расширенного типа.

Полиморфизм *rs1800795* гена *IL6* в выборках коренных народов Сибири

Табиханова Л.Э.¹, Осипова Л.П.¹, Чуркина Т.В.¹, Ковалев С.С.¹,
Филипенко М.Л.², Воронина Е.Н.²

¹Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского
отделения Российской академии наук, Новосибирск

²Институт химической биологии и фундаментальной медицины Сибирского отделения
Российской академии наук, Новосибирск

e-mail: tabikhan@bionet.nsc.ru

Исследование частот функционально значимых вариантов генов в контексте медицинской биологии и геногеографии является актуальным вопросом при изучении генетической структуры популяций коренных народов Сибири. Знание о генетическом полиморфизме гена интерлейкина *IL6* имеет большое значение для понимания патогенеза сердечно-сосудистых, бронхолегочных, онкологических, аутоиммунных, неинфекционных и инфекционных заболеваний.

Исследование проведено на моноэтнических выборках бурят, телеутов, долган, якутов и тувинцев. Генотипирование полиморфизма *C-174G*, *rs1800795*, в гене *IL6* проводилось с помощью полимеразной цепной реакции в реальном времени.

Наибольшая частота аллеля *-174G* отмечена у якутов (97,3%), несколько меньше у тувинцев, далее, в порядке уменьшения, следуют буряты и долганы, а минимальный показатель у телеутов (87,1%). Различия телеутской с якутской и тувинской популяциями статистически значимы. Полученные результаты были сравнены с частотами, определенными нами в выборке русских Восточной Сибири (57,4%) и значениями в других европеоидных группах (48-65%), описанных в литературе. Исследованные выборки коренного населения показали значительно более высокую встречаемость аллеля *-174G* по сравнению с европеоидами. В то же время, она оказалась значительно ниже, чем в восточноазиатских популяциях, описанных в литературе (китайцы, японцы, корейцы и вьетнамцы), в которых частота аллеля *-174G* близка к 100%.

Таким образом, показано увеличение частоты варианта *-174G* гена *IL6* в человеческих популяциях при движении по карте Евразии с запада на восток. Промежуточное положение коренных сибирских популяций, уже было продемонстрировано нами ранее на частотах полиморфизма некоторых других генов. Известно, что носительство варианта *-174G* ассоциируется с высоким уровнем экспрессии *IL6* и, как следствие, с усилением воспалительного ответа на встречу с патогеном. Повышенная концентрация этого аллеля в сибирских популяциях, по сравнению с европеоидными, может указывать на давление отбора при увеличении патогенной нагрузки в связи с особенностями окружающей среды.

Накопление «южных по происхождению» гаплогрупп Y-хромосомы в генофонде населения Москвы под действием миграционных процессов

Удина И.Г.¹, Грачева А.С.^{1,2}, Курбатова О.Л.¹

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

²НИИ общей реаниматологии им. В.А. Неговского ФНКЦ РР, Москва

e-mail: irina_udina@mail.ru

В трёх мужских выборках из населения Москвы, представляющих три поколения, изучены особенности изменений профиля частот гаплогрупп Y-хромосомы под действием миграционных процессов. Проведено генетико-демографическое анкетирование и генотипирование по 18 STR Y-хромосомы, на основе которого определены гаплогруппы Y-хромосомы. Установлены характерные особенности профилей частот гаплогрупп Y-хромосомы в поколениях населения мегаполиса. Выявлены статистически достоверные различия в профилях частот гаплогрупп между самым молодым поколением и двумя предыдущими. Показано накопление в генофонде населения мегаполиса «южных по происхождению» гаплогрупп, привносимых с потоками мигрантов. Присутствие «южных по происхождению» гаплогрупп наиболее выражено в самом молодом поколении. Особенности распределения частот гаплогрупп Y-хромосомы в трех поколениях москвичей хорошо согласуются с параметрами миграционных потоков в Москву в последние десятилетия и с данными анкетирования о местах происхождения и этническом составе мигрантов. Результаты исследования предполагают необходимость постоянного обновления популяционных референтных баз данных для целей ДНК-идентификации в мегаполисах в связи с изменениями частот гаплогрупп в поколениях, а также необходимость проведения молекулярно-генетического анализа для формирования таких баз данных в сочетании с получением генетико-демографических данных с помощью анкетирования. Генетико-демографическое анкетирование позволяет изучать этнический состав населения с учетом возрастных аспектов, оценивать дальность и интенсивность миграции, а также этнический состав мигрантов с учетом гендерных особенностей и определять коэффициент миграции для каждого поколения. Предложенный подход позволит формировать актуальные базы данных для населения мегаполиса и избежать определенных ошибок при их формировании, что обеспечит более высокую надежность выводов при проведении ДНК-идентификации для жителей мегаполиса. С помощью генетико-демографических параметров, характерных для каждого мегаполиса, возможно в дальнейшем прогнозировать динамику частот конкретных гаплогрупп Y-хромосомы в генофонде населения мегаполиса в поколениях с учетом миграционных процессов.

Исследование проведено в рамках реализации **Мероприятия 10** Научно-технической программы Союзного государства «Разработка инновационных геногеографических и геномных технологий идентификации личности и индивидуальных особенностей человека на основе изучения генофондов регионов Союзного государства» («ДНК-идентификация»).

Исследование межпоколенного взаимодействия локальных групп сибирских татар по данным фонда фамилий

Ульянова М.В.¹, Тычинских З.А.², Лавряшина М.Б.¹

¹ «Кемеровский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации (ФГБОУ ВО КеМГМУ Минздрава России), Кемерово

²Тобольская комплексная научная станция УрО РАН, Тобольск

e-mail: ulmar2003@mail.ru

Бухарцы, или сибирские бухарцы – представители уникальной этносословной группы, сформировавшейся в Западной Сибири из переселившихся в течение XVI–XIX вв. выходцев из Самарканда, Ургенча, Бухары, Сайрама и других городов Средней Азии. Их совместное проживание на одной территории с сибирскими татарами сопровождалось не только экономическими, но и брачными связями. В настоящее время потомки бухарцев в основном идентифицируют себя как татары или сибирские татары. Однако, как показывают проведенные нами исследования, многие потомки бухарцев продолжают жить в прежних населенных пунктах в Тобольском, Тюменском, Вагайском районах Тюменской области и Большереченском и Тарском районах Омской области. Настоящее исследование посвящено изучению фонда фамилий татарского населения в историческом ареале расселения татар-бухарцев для выявления популяционно-генетических особенностей различных территориальных групп и межпоколенной трансформации генетической структуры отдельных субпопуляций.

Исследованы практически все, сохранившиеся до настоящего времени, места расселения бухарцев – три сельских поселения в Тюменском районе Тюменской области – Ембаевское, Червишевское, Чикчинское (Тюменская группа) и одно – Уленкульское – в Большереченском районе Омской области (Уленкульская группа).

Сравнение методом изонимии продемонстрировало незначительное сходство фондов фамилий исследованных групп – величина коэффициента родства (R_i) варьировала в пределах от $0,7 \cdot 10^{-5}$ до $1,9 \cdot 10^{-5}$. Примечательно, что за исследованный период времени, несмотря на увеличение числа одинаковых фамилий, отличие только увеличивается – коэффициент родства демонстрирует тенденцию к снижению при сравнении большинства территориальных групп.

На фонд фамилий, как и на воспроизводство населения, оказывают влияния различные факторы, прежде всего демографические (рождаемость, смертность, миграции, практика заключения браков и другие), что приводит к его трансформациям. Чем интенсивнее действие трансформирующих факторов, тем выраженнее будут изменения. Применив фамилии как аналог генетического маркера, мы рассчитали генетические расстояния (d) между поколениями каждой исследованной группы татар, а также их усредненную генетическую дистанционированность друг от друга. Ожидаемо наиболее удаленной оказалась географически отдаленная группа уленкульских татар Омской области. На современном этапе значение усредненного генетического расстояния этой группы от исследованных татар Тюменской области составило 0,227, дистанции между которыми варьировали в пределах от 0,150 для чикчинской группы до 0,168 у ембаевской. Что касается изменений фонда фамилий между поколениями внутри исследованных групп, то, согласно с вышеприведенными данными об изменении национального состава, самые высокие значения показателя усреднённых генетических расстояний получены для Ембаевского поселения – 0,206. Далее по убыванию идут Червишевское (0,197), Чикчинское (0,132) и Уленкульское поселение (0,092).

МЕХАНИЗМЫ ВИДООБРАЗОВАНИЯ

Циклические основы эволюционного процесса

Брынцев В.А.

Главный ботанический сад им. Н.В. Цицина РАН, Москва

Мытищинский филиал МГТУ им. Н.Э. Баумана, Мытищи Московской обл.

e-mail: bryntsev@mail.ru

Биологические процессы разных уровней имеют в своей основе циклический (волновой) характер. Циклы, сохраняя целостность и определенную консервативность динамических систем, тем не менее, могут менять от цикла к циклу их содержание, создавая этим эволюционный процесс.

Одним из наиболее освоенных эволюционными теориями (ламаркизм, дарвинизм, теория стабилизирующего отбора И.И. Шмальгаузена и др.) циклов является цикл смены поколений. В ходе этого цикла происходят изменения (генетические, эпигенетические, модификационные), которые, если они не приводят к элиминации несущих их особей, в той или иной мере передаются следующему поколению, т.е. на новый виток цикла смены поколений. За счет накопления изменений и адаптогенеза идет рост формового разнообразия и внутривидовая дифференциация вида на подсистемы различного уровня, вплоть до выделения викарирующих серий видов. Цикл смены поколений является наиболее низкоуровневым, элементарным циклом биологической эволюции. Поскольку он соразмерен времени человеческой жизни, то легко изучаем, в т.ч. экспериментальным путем, и на этом направлении достигнуты самые большие успехи.

Следующим, более высоким самостоятельным системным уровнем, является вид. Системная концепция вида была дана Н.И. Вавиловым в работе «Линнеевский вид как система». Вид имеет начало, конец и жизненный цикл, что не может не учитываться при его изучении. Первая теория циклической эволюции была построена палеонтологом Д.Н. Соболевым. Современные палеонтологические данные согласуются с его заключениями.

Палеонтология имеет данные о волновом (циклическом) характере развития таксонов разного ранга, а эры в хронографической шкале указывают на циклы самого высокого биосферного уровня. Эволюционный процесс в целом определяется взаимодействием циклов разного уровня, от цикла смены поколений отдельных видов, до биосферных циклов. Все они вносят свою лепту в процесс эволюции, что определяет ее сложность.

Учитывая хорошую изученность цикла смены поколений, можно предположить, что больше сил будет направлено на изучение жизненного цикла вида. Как у динамической системы, жизненный цикл вида можно разделить на три стадии: появления и становления, роста и развития, деградации и распада. Направленность процессов на каждой стадии имеет существенные особенности, что должно отражаться на морфофизиологическом и генетическом уровне. Много интересного материала дает сегодня генетическая филогения, особенно в сочетании с изучением морфологических изменений таксонов.

Учитывая длительность видового цикла, который измеряется миллионами лет, его нельзя проследить непосредственно. Палеонтологические данные в этом вопросе имеют только вспомогательное значение. Интересные результаты может дать комплексное сравнительное изучение системных, экологических, генетических и морфофизиологических особенностей видов внутри крупных родов. Определение собственного системного возраста вида может иметь не только эволюционное теоретическое значение, но и практическое, например, для определения инвазивной опасности вида при планируемой интродукции, или выбора для вида комплекса охранных мероприятий.

Экогеографические единицы и эколого-географическая организация вида на примере тихоокеанского лосося – кеты *Oncorhynchus keta* Walbaum

Животовский Л.А.^{1,2}, Афанасьев К.И.^{1,2}, Рубцова Г.А.¹,
Малинина Т.В.¹, Прохоровская В.Д.¹, Ракицкая Т.А.¹, Шитова М.В.¹

¹ *Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва*

² *ВНИИ рыбного хозяйства и океанографии (ВНИРО), Москва*

e-mail:levazh@gmail.com

Кета, *Oncorhynchus keta* Walbaum, нерестящаяся в реках и озёрах Дальнего Востока, подразделена на экогеографические единицы (ЭГЕ) на основе зоо- и физико-географического районирования ареала вида, биологических особенностей группировок, учитывающих районы нереста и экологические формы (экотипы), и генетических различий между ними. Каждая ЭГЕ имеет свои географические границы и может включать несколько нерестовых популяций кеты разных рек в пределах этих границ. Популяции кеты разных ЭГЕ генетически значительно отличаются друг от друга. Экогеографические единицы являются важными элементами внутривидовой структуры. В то же время они могут рассматриваться как базовые единицы запаса кеты, которые следует учитывать при разработке стратегии управления запасами водных биологических ресурсов. В частности, при искусственном воспроизводстве этого вида крайне нежелательны перевозки оплодотворённой икры между популяциями из разных ЭГЕ.

Молекулярная эволюция, систематика и филогенетика водных организмов. Глобальные фундаментальные и прикладные аспекты

Картавец Ю.Ф.

*Национальный научный центр морской биологии, Дальневосточное отделение
Российской академии наук, Владивосток*

e-mail: yuri.kartavtsev48@hotmail.com

Тезисы доклада таковы: 1. Какие методы обнаружения гибридов и генетической интрогрессии или потока генов являются наиболее подходящими? 2. О чем свидетельствуют факты, полученные на основе яДНК и мтДНК маркеров? 3. Имеются ли в литературе данные о соответствии молекулярной изменчивости в филетических линиях или таксонах с Биологической Концепцией Вида (БКВ)? 4. Насколько часто встречаются ретикуляции генных деревьев, а также, какой главный информационный сигнал выявляет их топология?

1. Для идентификации гибридов и оценки интрогрессии или потока генов наиболее подходит комбинация яДНК и мтДНК маркеров. 2. Имеющиеся факты об изменчивости яДНК и мтДНК делают как будто очевидной генетическую интрогрессию во многих таксонах животных и особенно растений, хотя даже для широких гибридных зон, например, комплекса мидий *Mytilus* ex. group *edulis*, интрогрессия может быть весьма ограниченной для большей части ареала или асимметричной, таким образом, сохраняя нетронутыми по меньшей мере некоторые «таксоны-источники». 3. Если принять, что бисексуальные морские и наземные виды имеют интрогрессированные гены, как это обнаружено для довольно большого числа видов, то соответственно надо согласиться с тем, что ортодоксальная БКВ, в понимании полного отсутствия потока генов между видами, является не адекватной; в том смысле, что многие зоологические виды не являются еще в настоящий момент биологическими видами. Очевидно также, что раньше или позже, они становятся таковыми. Это заключение поддерживается градуированно увеличенными генетическими расстояниями в иерархии таксономических категорий и наименьшей дивергенцией на внутривидовом уровне по отдельным генам мтДНК, по полным митогеномам, а также по генам яДНК (Kartavtsev, 2013, 2021; Hedges et al., 2015; Kartavtsev et al., 2016, 2021). 4. Недавнее исследование генетической дивергенции среди рыб и других животных (Kartavtsev, 2017, 2021) с использованием обширной базы данных BOLD (www.boldsystems.org) и других источников обнаружило, что генные деревья для таксонов до уровня семейства являются преимущественно монофилетическими, а межвидовые ретикуляции, соответственно, редки для большинства генных деревьев.

Все вышеперечисленные обобщения имеют ключевое значение для парадигм общей биологии, эволюционной генетики, а также для научной составляющей программы iBOL (www.ibol.org) и, в частности, для практики идентификации видов при ДНК-штрихкодировании. Очевидно, что встречающаяся в подавляющем большинстве таксонов успешная идентификация видов на основе подхода ДНК-штрихкодирования, возможна благодаря преобладанию географического способа видообразования, позволяющего накопление стохастических мутаций/замен при формировании дочерних популяций/таксонов в условиях изоляции, что выявляется посредством молекулярных маркеров (ДНК-штрихкодов). С этих позиций кажутся неоправданными заявления о несостоятельности существующей парадигмы ввиду обширной интрогрессии и ретикуляции в природе (Arnold, Fogarty, 2009; Arnold, 2008). Наоборот, имеющиеся данные позволяют заключить, что молекулярно-генетические данные в целом хорошо согласуются с БКВ и Нео-Дарвинизмом.

Внутрипопуляционные структурные хромосомные перестройки *in statu nascendi* восточноазиатских полевок *Alexandromys* (Rodentia) в популяциях юга ДВ России

Картавцева И.В., Шереметьева И.Н., Павленко М.В.

ФНЦ Биоразнообразия наземной биоты Восточной Азии ДВО РАН, Владивосток

e-mail: Kartavtseva@biosoil.ru

Хромосомные перестройки являются источником новых генетических вариаций, облегчают формирование генов *de novo* и занимают центральное место в исследованиях эволюции генома. Знания об эволюционных последствиях на ранней стадии кариотипической дифференцировки млекопитающих (т.е. полиморфизма), на удивление ограничены (Dobigny et al., 2017). Все известные структурные хромосомные перестройки могут быть вовлечены во внутри- и межпопуляционный полиморфизм у млекопитающих, особенно у эволюционно молодых видов. Среди них тандемные слияния – теломера-центромера (TCen) и теломера-теломера (TTel) являются наиболее вредными мутациями хромосом млекопитающих (King 1993; Dobigny et al. 2017), потому что гетерозиготные носители обнаруживали, по крайней мере, 50% снижение продукции сбалансированных гамет (White 1973; King 1993).

Тандемные слияния обнаружены в гетерозиготном состоянии только у пяти видов млекопитающих - летучих мышей *Uroderma bilobatum* (Owen and Baker 2001) и грызунов туко-туко *Stenomys talarum* (Massarini et al. 2002) в Южной Америке, мышовок *Sicista subtilis* (Ковальская и др., 2011) в Европе, песцов *Alopex lagopus* (Раджабли и Графодатский 1977), полевки Максимовича *Alexandromys maximowiczii* (Мейер и др., 1996) и эворонской полевки *A. evoronensis* на юге ДВ России (Картавцева и др., 2021 а, б). Для последнего вида описано две хромосомные расы: “эворон” ($2n = 38-41$, $NF = 54-59$) и “арги” ($2n = 34, 36, 37$, $NF = 51-56$), у которых изменение числа хромосом сопровождается как центромерными, так и тандемными слияниями. Особый интерес представляет полиморфизм по тандемным слияниям хромосом.

Для хромосомной расы «эворон» выявлено гетерозиготное состояние тандемного (TTel) слияния двухплечих хромосом (1 и 4) с образованием двухплечей хромосомы (1/4), с частотой 0.47. Для хромосомной расы “арги” выявлено гетерозиготное состояние тандемного слияния (TTelCen) трех пар хромосом – одного акроцентрика (14) и двух метацентриков (6 и 7) с частотой 0.12.

Общепринято мнение, что если вид подразделяется на две географические формы, одна из которых характеризуется серией хромосомных перестроек, можно ожидать, что гибриды между этими географическими формами будут иметь пониженную плодовитость из-за нарушения мейотических процессов, вызванных гетерозиготностью перестроек. Наши исследования по гибридизации двух хромосомных рас эворонской полевки не выявили снижения жизнеспособности гибридов первого и второго поколения, что свидетельствует в пользу предположения, что многочисленные структурные хромосомные перестройки в гетерозиготном состоянии могут не иметь нарушения мейоза на начальных стадиях видообразования.

Моделирование видообразования микроорганизмов в изменяющихся водных экосистемах

Клименко А.И.^{1,2}, Лашин С.А.^{1,2}, Матушкин Ю.Г.¹

¹*Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск*

²*Курчатовский геномный центр, Институт цитологии и генетики СО РАН,
Новосибирск*

e-mail: mat@bionet.nsc.ru

Подвижность является одним из ключевых факторов адаптации бактерий, живущих в скудных морских средах. Данное имитационное исследование посвящено вопросу о том, как способность к адаптивным миграциям влияет на успешность микробной популяции в различных условиях. Рассмотрена модель конкуренции подвижных и малоподвижных популяций микроорганизмов в замкнутой водной среде, снабжаемой периодическим порционным источником питательных веществ, и оценили приспособленность тех и других. Изучено влияние таких факторов, как концентрация питательных веществ, период подачи порции, тип смертности и энергетические затраты на миграцию. Определены условия, благоприятствующие различным стратегиям – кочевой, характерной для подвижной популяции, и оседлой. Показано, что существует порог энергетических затрат на миграцию, определяющий, успешна ли стратегия кочевника или нет. Однако эта величина сильно зависит от таких условий, как доступность питательных веществ. Даже без штрафов за миграцию при определенных условиях оседлая популяция способна достичь доминирующего положения в экосистеме. Это достигается за счет снижения локальной доступности питательных веществ вблизи источника питательных веществ, в то время как подвижные популяции, полагающиеся на стратегию локальной оптимизации, как правило, следуют за благоприятными условиями и не выдерживают стресса, связанного с пересечением областей субоптимальной доступности питательных веществ.

Следует отметить, что два вида сценариев моделирования, описывающих смертность либо квадратичным, либо линейным членом, соответствуют классической плотностно-зависимой смертности Ферхюльста и линейно-пропорциональной смертности, обусловленной постоянными неблагоприятными факторами.

Оказалось, что более динамичные и дефицитные среды благоприятствуют доминированию подвижных популяций, в то время как затраты на подвижность превышают выгоду в богатых питательными веществами и застойных средах, которые, как правило, способствуют доминированию малоподвижных микроорганизмов. Квадратичная смертность, зависящая от плотности, более губительна для подвижной популяции, чем линейная, поскольку хемотаксис заставляет ее клетки организовываться в плотно заселенные области.

Подвижные формы имеют преимущество в условиях недостатка питательных веществ, что характерно для сред, в которых обитают морские бактерии. Однако, поскольку в природе мы наблюдаем сосуществование обеих стратегий, и ни одна из них полностью не вытесняет другую, вопрос о механизмах поддержания такого разнообразия приобретает особую актуальность для дальнейших исследований. Как показывают некоторые исследования [1, 2], динамичная и микрогетерогенная природа водной среды может быть одним из возможных факторов, который приводит к постоянному изменению направления отбора, препятствуя закреплению одной определённой стратегии.

Теория *carcino-evo-devo*: организмы-опухоленосители как переходные формы в прогрессивной эволюции

Козлов А.П.^{1,2}

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

²Биомедицинский центр и Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, Санкт-Петербург

e-mail: contact@biomed.spb.ru

Доклад будет посвящён новой биологической теории – теории *carcino-evo-devo*, или теории эволюционной роли наследуемых опухолей. Основная гипотеза этой теории – гипотеза эволюции путём неофункционализации опухолей, согласно которой опухоли предков предоставляли пространство и ресурсы для экспрессии эволюционно новых генов, что в эволюционной перспективе могло приводить к возникновению новых типов клеток, тканей и органов. Понятие *carcino-evo-devo* происходит из понятий *carcinoembryonic* и *evo-devo*, уже имеющих распространение в научной литературе, и восходящих к работам выдающихся отечественных учёных Г.И. Абелева (1928 – 2013) и А.Н. Северцова (1866 – 1936).

Основные положения теории *carcino-evo-devo* следующие: 1) опухолевые процессы участвуют в эволюции онтогенеза; 2) эволюционная роль наследуемых опухолей – предоставление эволюционирующим организмам избыточных клеточных масс для экспрессии эволюционно новых генов и сочетаний генов; 3) Организмы-опухоленосители - относительно нестабильные переходные формы, участвующие в прогрессивной эволюции; 4) Опухоли являются «поисковиками» новых сочетаний генов в пространстве биологических возможностей.

В докладе будут рассмотрены предпосылки и составные части новой биологической теории; гипотеза эволюции путём неофункционализации наследуемых опухолей и этапы становления новой теории; нетривиальные предсказания теории и их экспериментальное подтверждение; нетривиальные объяснения некоторых необъяснённых биологических явлений и связь новой теории с уже существующими биологическими теориями; диаграммы *carcino-evo-devo* как способ формализации основных положений новой теории; биокомпьютинг увеличения структурной сложности в пространстве биологических возможностей и роль наследуемых опухолей в этом процессе. Новая теория не противоречит существующим биологическим теориям, но заполняет существующие лакуны между ними, объясняя многие необъяснённые вопросы. Так, существует проблема переходных форм в происхождении крупных морфологических новшеств и сложных эволюционных инноваций в прогрессивной эволюции. Согласно новой теории, популяции организмов-опухоленосителей могут быть переходными формами между видами организмов, стоящими на разных ступенях прогрессивной эволюции. Существует проблема ограничений развития в прогрессивной эволюции (*developmental constraints*) – непонятно, как преодолеваются ограничения, связанные с нормальным развитием (*developmental constraints*) у предкового вида организмов. Новая теория объясняет способ преодоления ограничений развития в эволюции и эволюционной пластичности развития: ограничения, связанные с развитием, преодолеваются за счёт повышенной пластичности опухолей. Новая биологическая теория *carcino-evo-devo* объединяет в едином рассмотрении три основных вида биологического развития: эволюционное, индивидуальное и неопластическое развитие. Поэтому новая теория обладает потенциалом объединения существующих биологических теорий. К предпосылкам новой теории можно отнести теорию Конгейма об эмбриональных зачатках опухолей [Cohnheim, 1877, 1889]; теорию А.Н. Северцова о морфологических закономерностях эволюции [Северцов, 1939]; теорию *evo-devo* о закономерностях эволюции онтогенеза [Gould, 1977]; концепцию опухолей как болезни дифференцировки [Markert, 1968]; представление о роли «перспективных монстров» в эволюции [Шимкевич, 1915; Goldschmidt, 1940]; осознание роли различных патогенов и патологий в эволюции [Anderson, 1970]; Дарвиновскую медицину [Williams and Nesse, 1991], эволюционную эпидемиологию [Ewald, 1994] и сравнительную онкологию.

Массовые диверсификации карповых рыб в водоемах Эфиопского нагорья

Лёвин Б.А.^{1,2,3}

¹ Институт биологии внутренних вод им. И.Д. Папанина РАН, Борок Ярославской обл.

² Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

³ Зоологический институт РАН, Санкт-Петербург

e-mail: borislyovin@mail.ru

На Эфиопском нагорье (Восточная Африка) обнаружены массовые адаптивные радиации карповых рыб. Примечательным является обнаружение таковых не только в озерных (оз. Тана), но и в речных экосистемах, в которых, как полагали ранее, условия не способствуют возникновению и развитию адаптивных радиаций. При использовании методов морфологии, экологии (оценка деления трофических ресурсов) и генетики (мтДНК маркеры и геномные SNPs, полученные в результате ddRAD-секвенирования) изучены четыре речные диверсификации у усачей рода *Labeobarbus* ($2n=150$). Каждая диверсификация включала от 4 до 6 симпатрических форм. Характерной особенностью этих диверсификаций является их адаптивность и конвергентный характер. В частности, каждая диверсификация усачей представлена различными по строению ротового фенотипа формами - генерализованной, губастой, скребущей и рыбающей (в некоторых радиациях по 2-3 формы одного трофического типа). Ряд форм в некоторых диверсификациях хорошо различались по разделению трофических ресурсов. Генетические результаты говорят о независимой эволюции диверсификаций усачей *Labeobarbus* в четырех географически изолированных речных бассейнов от разных анцестральных популяций. Для адаптивных радиаций карповых Эфиопского нагорья характерна быстрая скорость морфо-экологической эволюции при невысоких или отсутствующих генетических дистанциях (оцененных по мтДНК маркерам) между симпатрическими формами. В то же время геномные результаты показывают наличие репродуктивной изоляции между симпатрическими формами в некоторых, наиболее «зрелых» радиациях. В целом, отмечена корреляция степени морфологических, экологических и генетических дивергенций при сравнении всех четырех радиаций. Изучение ряда сходных, но независимо возникших адаптивных радиаций, находящихся на разной стадии развития, способствует более надежным реконструкциям формо- и видообразования рыб в условиях симпатрии.

Исследование поддержано Российским Научным Фондом (грант 19-14-00218).

Чувствительный биомаркер воздействия окружающей среды

Минасбемян Л.А.

ЕГУ, НИИ Биологии, Ереван, Армения

e-mail: minlia@ysu.am

В естественных условиях произрастания большое количество биотических и абиотических факторов влияет на рост растений. Последовательность ДНК не несет полной информации, необходимой для определения фенотипа организма. Подходы экологической геномики информировали нас о структуре генетического разнообразия в природных популяциях, которая может лежать в основе паттернов изменчивости признаков. Однако мы до сих пор на удивление мало знаем о механизмах, позволяющих организмам приспосабливаться к изменчивым условиям окружающей среды. Эпигенетическая регуляция включает различные обратимые химические модификации, происходящие как на самой ДНК, так и на взаимодействующих с ней белках, что в результате влияет на структуру и функцию хроматина, однако без изменения последовательности нуклеиновых остатков в ДНК. Эпигенетические механизмы регуляции экспрессии генов – это группа ключевых молекулярных механизмов в клетке, которые вызывают изменения активности генов без изменений в их нуклеотидной последовательности, причем эти изменения могут наследоваться дочерними клетками. Один из основных эпигенетических механизмов – метилирование ДНК в положении С5 цитозинового основания в составе CpG-динуклеотидов. Метилирование ДНК контролирует геномную интеграцию, конформацию хроматина, регулирует экспрессию генома и дифференцировку клеток, а также реакцию растений на биотические и абиотические стрессы.

В настоящее время особое значение придается изучению популяции пастбищных растений, так как загрязнение окружающей среды через животную пищу может передаваться человеку. В связи с этими обстоятельствами крайне необходим регулярный мониторинг пастбищных растений, как для переселения животных на более экологически чистые луга, так и на проведение природоохранных мероприятий, направленных на улучшение поврежденных пастбищ. Среди пастбищных растений широко распространены *Bromus inermis*, *Medicago sativa*, *Onobrychis arenararia*, *Agropyron pectinoforme* и др. В настоящее время нами изучено метилирование ДНК эспарцета – *Onobrychis arenaria* и *Agropyron pectinoforme*. Полученные данные об эпигенетических изменениях на изучаемых растениях позволят усовершенствовать методы мониторинга пастбищ с учетом эколого-климатических условий регионов и аграрного сектора экономики стран.

Взгляд на биоразнообразие гольцов рода *Salvelinus*: новые идеи, основанные на секвенировании полных митохондриальных геномов

Олейник А.Г.

Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского
Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток

e-mail: alla_oleinik@mail.ru

Гольцы рода *Salvelinus* являются важной составной частью арктических и субарктических пресноводных экосистем. Феноменальная морфоэкологическая изменчивость гольцов представляет богатый материал для изучения процессов микроэволюции, но, одновременно, создает филогенетические и таксономические проблемы при описании биоразнообразия. Один из основных вопросов заключается в том, как оценить ранее описанные, идентифицируемые таксоны и число реально существующих видов. Большое количество ошибочных филогенетических выводов было сделано из-за недостаточной длины анализируемых участков ДНК, поскольку короткие фрагменты, принадлежащие только одному гену, могут нести слабый филогенетический сигнал или нефилогенетический сигнал, связанный с эволюцией конкретного гена. В этом смысле митогеномика или изучение полных последовательностей митохондриальных геномов была предложена в качестве полезного инструмента для филогенетического анализа почти всех видов организмов, включая рыб. Митогеномы оказались более информативны, чем отдельные гены мтДНК или их фрагменты. На основе новых данных были опубликованы несколько филогений для отдельных родов и семейства лососевых рыб. Проблема таких реконструкций заключается в представительстве таксонов. Наименее изучен в этом отношении род *Salvelinus*, который, одновременно, является доминирующим по биоразнообразию среди лососевых рыб.

Можно утверждать, что про гольцов мы теперь знаем больше, чем несколько лет назад. Филогенетические исследования узкоареальных, эндемичных и спорных таксонов гольцов, оригинальные описания большинства из которых основаны исключительно на морфологических признаках, значительно выигрывают от секвенирования митогеномов. Филогенетические деревья, построенные на основе митогеномов, имеют сходную топологию с очень высокой статистической поддержкой большинства узлов. Филогенетический анализ свидетельствует, что гольцы рода *Salvelinus*, включая *Salvelinus leucomaensis*, являются монофилетической группой лососевых рыб. Новые данные по митогеномам подтверждают, что базальная группа рода включает четыре вида *S. fontinalis*, *S. levanidovi*, *S. leucomaensis* и *S. namaycus*, которые формируют независимые эволюционные линии. В отличие от предыдущих реконструкций, филогения на основе митогеномов позволяет точно определить положение ветви *Salvelinus leucomaensis* внутри рода *Salvelinus*. На основе новых данных уточнены филогенетические отношения Арктической, Атлантической и Сибирской линий и оценены альтернативные гипотезы, объясняющие отсутствие реципрокной монофилии *Salvelinus alpinus* для филогений рода *Salvelinus*.

По сравнению с филогенетическими деревьями в предыдущих исследованиях гольцов рода *Salvelinus*, дерево, основанное на митогеномах, стало более устойчивым и надежным. Наше исследование подтвердило, что митогеномы могут обеспечить адекватное разрешение противоречивых филогенетических взаимоотношений. Интенсивная таксономическая выборка специально подобранных коллекционных образцов, представляющих основные филогенетические линии гольцов, позволяет реконструировать более детальную картину эволюционных взаимоотношений с более точными оценками разнообразия видов. Идентификация на основе митогеномов дополняет традиционные методы анализа, и обеспечивает более точное разрешение филогенетических отношений внутри рода.

Исследование поддержано Российским фондом фундаментальных исследований (проект № 20-04-00205).

Использование митогеномов для идентификации и выяснения происхождения уникальных популяций гольцов рода *Salvelinus*

Олейник А.Г., Кухлевский А.Д., Скурихина Л.А.

Национальный научный центр морской биологии им. А.В. Жирмунского Дальневосточного отделения Российской академии наук, Владивосток

e-mail: alla_oleinik@mail.ru

Род *Salvelinus* – один из самых богатых видами родов лососевых рыб. На всем широком циркумполярном ареале гольцы являются идеальными модельными объектами для экологических и эволюционных исследований, и хорошими индикаторами состояния северных экосистем в ответ на увеличивающуюся эксплуатацию Арктики. Одновременно гольцы проявляют биологические признаки, затрудняющие реконструкцию филогении рода: высокая морфологическая и экологическая изменчивость, быстрая радиация, интрогрессивная гибридизация, локальные адаптации. Это приводит к неточному определению видовой принадлежности отдельных популяций и, как следствие, ошибочным филогенетическим выводам. Мы представляем недавнее исследование полных митохондриальных геномов (митогеномов) гольцов рода *Salvelinus*, посвященное биоразнообразию в Северо-Восточной Азии.

На основании филогении митогеномов подтверждены: (1) самостоятельный таксономический статус *S. levanidovi* и его близость к общему предку рода; (2) принадлежность *S. boganidae* и *S. elgyticus* из озера Эльгыгытгын, а также *Salvelinus* sp. 4 из озера Начикинского к Арктической линии гольца Таранца *Salvelinus taranetzi*. Проведен сравнительный анализ изменчивости трех полных митохондриальных геномов эндемичного гольца *Salvelinus* sp. 4 из озера Начикинского (Камчатка, Россия) с близкородственными гольцами из Азии и Северной Америки. Результаты филогенетического анализа митогеномов подтверждают близость *Salvelinus* sp. 4 и *Salvelinus alpinus erythrinus* Северной Америки (NWT). Получены новые доказательства того, что популяция *Salvelinus* sp. 4 из оз. Начикинского является изолированной популяцией *S. taranetzi*. Положение *Salvelinus* sp. 4 на филограмме строго определено и статистически подтверждено, так же как и сестринские отношения между *Salvelinus* sp. 4 – *S. a. erythrinus* и *S. taranetzi*. Предполагая общее происхождение гольцов *Salvelinus* sp. 4 и *S. a. erythrinus* из географически изолированных популяций, мы оценили дивергенцию митогеномов, появившуюся в результате фрагментации ареала общего предка.

Полученные результаты позволили реконструировать филогенетические связи двух видов гольцов из сообщества озера Эльгыгытгын (Чукотка). Подтверждена филогенетическая близость *S. boganidae* и *S. elgyticus* и их происхождение от общего предка. Однако на филограмме эти симпатричные озерные гольцы не формируют общий кластер; *S. boganidae* кластеризуется с *S. taranetzi* с Чукотки, а *S. elgyticus* выступает по отношению к ним сестринским таксоном. Появление двух видов гольцов в озере, вероятно, связано с двумя последовательными вселениями предковых ледниковых линий гольца Таранца. Несмотря на устойчивость топологии деревьев, показана возможность исторической интрогрессивной гибридизации между *S. boganidae* и *S. elgyticus*, хотя гибриды между озерными гольцами в настоящее время не наблюдаются.

Наше исследование показало, что митогеномы могут обеспечить устойчивое и надежное филогенетическое дерево с возможностью разрешения отношений между близкородственными видами гольцов. Полученные результаты необходимы для оценки и мониторинга биологического разнообразия, а также природоохранных мер в условиях усиливающегося антропогенного воздействия на популяционные системы промысловых рыб, к которым относятся гольцы. Исследование поддержано Российским фондом фундаментальных исследований (проект № 20-04-00205).

Симпатрическое видообразование в популяциях лососевидных рыб

Политов Д.В.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: dmitri.p17@gmail.com

В традиционной дарвиновской эволюционной схеме изоляция играет ключевую роль в видообразовании, поэтому аллопатрическое видообразование и дивергенция в условиях изоляции рассматривались в качестве основного, если не единственного, механизма микроэволюции. Симпатрическое видообразование, то есть разделение видов без пространственной изоляции, долгое время оставалось на периферии эволюционной теории, а отсутствие надежных эмпирических данных только усиливало скептическое к нему отношение. Однако в последнее время появляется все больше данных о возможности происхождения видов без изоляции и даже поддержания их дискретности без прекращения потока генов. Применение молекулярно-генетических маркеров на ряде модельных объектов, например, видах разных групп позвоночных животных и высших растений, показало, что многие морфоэкологически различные симпатрические формы имеют больше сходства между собой в пределах локальностей и регионов, чем с морфологически близкими формами из пространственно удаленных местообитаний. Это в полной мере касается важных в эволюционной плане и в экономическом отношении видов лососевидных рыб, водная среда обитания которых обладает свойствами резкой стратификации по ряду важных экологических переменных (температура, солёность, плотность, прозрачность, световой режим, трофность, дифференцированная доступность разных видов корма и др.) на небольшом пространственном масштабе.

Симпатрия подразумевает большую вероятность их дивергенции внутри каждой локальности от единственного предка, чем аллопатрическое происхождение с множественными последовательными вселениями из исходных ареалов предковых видов. Однако, многие детально исследованные эволюционные сценарии для лососевых, сиговых и хариусовых показали высокую вероятность комбинированного механизма видообразования, включающего аллопатрию как одну из стадий, сменяющуюся сосуществованием в условиях межвидового потока генов. Возникновение сходных аллопатрических форм пресноводных, полупроходных и проходных рыб можно объяснить параллелизмами, возникающими в результате гомологичных мутаций (гомологические ряды изменчивости, описанные Н.И. Вавиловым), эпигенетикой (различия в уровнях экспрессии, находящиеся под контролем регуляторных генов), а также гибридизацией между представителями одной и той же пары родительских видов. Видообразование в результате сетчатой эволюции возможно только при симпатрии. Таким образом, представления об исключительно или преимущественно аллопатрическом видообразовании должны быть пересмотрены для многих групп организмов, включая лососевидных рыб. В то же время должны рассматриваться и более сложные механизмы, такие как аллопатрическое происхождение с последующей гибридизацией и интрогрессией через бэккроссинг с родительскими видами. Настоящий обзор даёт представление о многообразии сценариев симпатрического и комбинированного видообразования с примерами из собственных исследований по сиговым рыбам и из литературных источников по лососям, сигам и хариусам.

Сравнительный генетический анализ популяций *Corydalis subjenisseensis* s.l. и *C. solida* (Papaveraceae) с использованием ISSR, rbcL, trnL-trnF маркеров

Рябова К.К.¹, Ямских И.Е.¹, Степанов Н.В.¹, Куцев М.Г.²

¹ Сибирский федеральный университет, Красноярск

² Алтайский государственный университет, Барнаул

e-mail: Ryabova.kseniya.k@mail.ru

Хохлатка приенисейская – (*Corydalis subjenisseensis* Antipova sensu lato) – клубневой эфемероид, характеризующийся высоким морфологическим разнообразием. Произрастает в растительных сообществах юга Приенисейской Сибири. Хохлатка плотная – *Corydalis solida* (L.) Clairv. – клубневой эфемероид, встречается в широколиственных, хвойно-широколиственных, мелколиственных лесах Европы и юга Западной Сибири. Внесена в Красную книгу Красноярского края. На первом этапе популяции видов были проанализированы с использованием ISSR маркеров. В ходе исследования была проведена оценка генетического полиморфизма 4 популяций *Corydalis subjenisseensis* s.l.: Cs1 – осиново-березовый лес (окр. г.Красноярска, пойма руч. Лалетина); Cs2 – черневой осинник папоротниково-разнотравный (Западный Саян, окр. пос. Танзыбей); Cs3 – березово-осиновый лес (Западный Саян, окр. пос. Танзыбей); Cs4 – сосняк (Хакасия, окр. пос. Майна, пойма р. Уй); и Белорусской *Corydalis solida* (Cs5).

Выделение тотальной ДНК производили из 5-10 образцов в каждой популяции с помощью коммерческого набора DiamondDNA (г. Барнаул). Амплификацию проводили в 20 мкл реакционной смеси с помощью набора для проведения ПЦР с HS-Taq (+MgCl₂) (ООО «Биолабмикс», Новосибирск) в следующем составе: 7 мкл ddH₂O; 4 мкл 5x ПЦР буфер (+MgCl₂); 4 мкл 10мМ праймера; 0,2 мкл HS-Taq DNA-полимеразы (5 ед. акт./мкл); 0,4 мкл 50x смеси dNTP; 2,4 мкл 50мМ MgCl₂; 2 мкл ДНК.

В результате амплификации геномной ДНК с 3 ISSR- праймерами получено 117 полиморфных ампликонов ДНК. Число амплифицированных фрагментов ДНК, в зависимости от праймера, варьировало от 38 (ISSR-23, HB14) до 41 (HB12). Коэффициент подразделенности изученных популяций (Gst) составляет 0,5902, что свидетельствует о высоком уровне их дифференциации. Максимальный уровень генетического разнообразия зафиксирован в популяциях Cs1 (пойма руч. Лалетина, P = 53,85%, He = 0.1781; Io = 0.2719) и Cs2 (хр. Веховой, P = 51,28%, He = 0.1745; Io = 0.2645). Минимальные значения генетического разнообразия зафиксированы для популяции Cs4 (Белоруссия, P = 1,71%; He = 0.0082; Io = 0.0115). Наибольшие значения генетических дистанций Нея (1972) наблюдаются между популяциями разных видов Cs2 и Cs5 (D=0,5761), а также Cs3 и Cs5 (D=0,5137).

Анализ структуры распределения генотипов особей в программе STRUCTURE показывает, что исследуемые образцы видов хохлаток максимально можно разделить на пять генетических кластеров K=5 (delta K = 134,18). На диаграмме разделения образцов на два кластера наблюдается раннее обособление представителей Cs5 (Белоруссия, *C. solida*), что подтверждает полученные результаты о генетической самостоятельности сибирского вида *C. subjenisseensis* s.l.

Секвенирование хлоропластных участков ДНК (ген rbcL и межгенный спейсер trnL-trnF) и следующее выравнивание с образцами *C. solida*, указало на различия *C. solida* и сибирских *C. subjenisseensis* s.l. При выравнивании участка rbcL обнаружено 2 точечные замены (транзиции), в межгенном спейсере - 1 замена (трансверсия тимина на гуанин).

Таким образом, проведенный генетический анализ с использованием ISSR, rbcL, trnL-trnF маркеров показал, что популяции *C. subjenisseensis* s.l. являются генетически обособленными от *C. solida*. Генетические различия так же доказываются существованием двух точечных замен в гене rbcL, и одной в межгенном спейсере trnL-trnF, однако для подтверждения филогенетических различий между этими двумя видами на основе секвенирования участков ДНК требуются дополнительные исследования.

Особенности селекции клеток с аномалиями мейоза у млекопитающих и рептилий

Спангенберг В.Е.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

e-mail: v.spangenberg@gmail.com

Ключевые события мейоза – формирование и репарация запрограммированных двунитевых разрывов ДНК, активация и инактивация хроматина, синапсис гомологичных хромосом с формированием синаптонемных комплексов и кроссинговер осуществляются на стадии профазы I мейоза. Исследования этих событий активно продолжаются, при этом большое внимание уделяется проблемам ДНК-белковых и ДНК-ДНК взаимодействий, которые требуют дальнейших исследований методами *in situ*.

Нами проведено исследование взаимодействия аутомных бивалентов между собой и с половым бивалентом в профазе I мейоза у самцов мыши. Показано, что в ядрах сперматоцитов, помимо объединения прицентромерных участков хромосом в структуры хромоцентров, между разными хромоцентрами выявляются тяжи хроматина, объединяющие разные хромоцентры в структуре ядра. Ассоциации полового бивалента с аутомными бивалентами считается признаком пахитенного ареста и описано многими авторами у стерильных животных и человека. В этих случаях ассоциации XY наблюдаются с гетероморфными бивалентами или мультивалентами с нарушениями синапсиса и репарации DSBs. Однако у нормальных фертильных самцов мыши нами убедительно показана временная связь XY бивалента с каждым из аутомных бивалентов. Мы предполагаем, что полученные данные о состоянии хроматина в ассоциациях негомологичных хромосом свидетельствуют о важной роли мейотических хромоцентров в контроле целостности генома.

В результате исследований сетчатой эволюции скальных ящериц рода *Darevskia*, мы столкнулись с удивительным прохождением мейоза и завершением сперматогенеза у триплоидных самцов, имеющих гибридное происхождение. Триплоидные самцы возникают в природе от скрещивания партеногенетического вида *D. unisexualis* и родительского вида *D. valentini*. У таких самцов наблюдались яркие нарушения как синапсиса хромосом, формирующих СК-триваленты, так и нарушения репарации DSBs ДНК, которая не завершалась и на стадии диплотены. Однако это не блокировало сперматогенез на стадии пахитены. У таких самцов выявлено множество сперматозоидов, правда, с нарушениями морфологии.

Сравнительные исследования мейоза, проводимые на рептилиях и млекопитающих, группах, различающихся как системами определения пола, так и строгостью чекпоинтов мейоза, позволяют глубже понять молекулярно-цитогенетические механизмы, обеспечивающие стабильность кариотипов, особенности формирования гибридной стерильности в разных группах животных.

Работа поддержана грантом РФФИ 22-14-00227.

Генетика сальтационного видообразования и системные мутации

Стегний В.Н.

Томский госуниверситет, Томск

e-mail: stegniy@res.tsu.ru

Исторически концепции градуального и сальтационного видообразования создали одновременно Ч. Дарвин (1859) и А. Кёлликер (1864). С середины 20-го века биологическая концепция вида, основанная на принципах градуальной эволюции начала уступать место концепции сальтационного видообразования. Это было связано с открытием молекулярной нейтральной эволюции (М. Кимура), открытием роли генетического мономорфизма в видообразовании (Ю.П. Алтухов, Ю.Г. Рычков), открытием роли гетерохроматиновых модификаций в видообразовании (V. Vaimai), открытием мобильных генетических элементов (В. McClintock) и, связанное с этим, развитие представлений о роли эпигенетических факторов эволюции (М.Д. Голубовский), открытием системных мутаций (В.Н. Стегний).

Аргументируется сальтационное возникновение видов на основе системных мутаций. Изменение архитектуры хромосом в герминативной клеточной системе организмов имеет решающее значение в процессе видообразования. Постулируется, что главным событием, приводящим к видоспецифической фиксации генных, хромосомных мутаций и модификаций гетерохроматина при видообразовании, является перестройка пространственной организации хромосом в ядре. Наиболее важным внешним обстоятельством сальтационного видообразования является наличие критического уровня благоприятствия экологических (чаще абиотических) факторов среды обитания. Высокая инбредность периферийных популяций, обусловленная резким снижением численности особей в условиях экологического стресса и низкой миграционной активности, способствует, с одной стороны, усилению гомозиготизации по полиморфным генам, с другой – накоплению аберрантных форм, которые и являются резервом «перспективных» макромутантов.

Вскрытое Ю.П. Алтуховым и Ю.Г. Рычковым явление генетического мономорфизма и появление видоспецифичности молекулярных мутаций, как и ранее известное появление видоспецифичных хромосомных инверсий, ранее не понятное, находит объяснение в сопряженности этих мутационных событий с системными мутациями, которые «вынуждают» их быстро фиксироваться из одного мономорфного состояния в другое. Таким образом, переходный полиморфизм по генам и хромосомам длится только одно поколение. Обосновано представление об эволюционном значении жесткого инбридинга в условиях экстремальных режимов внешней среды (особенно температур) для процессов формирования адаптивного генетического полиморфизма и видообразования. При этом основными проявлениями “парадоксального” эффекта жесткого инбридинга являются следующие: 1) структурная и функциональная реорганизация генома генеративной (репродуктивной) системы; 2) активация мобильных генетических элементов. Это может приводить к генерации мутаций различных типов (генных, хромосомных, геномных, системных) и модификациям гетерохроматина. Есть основания считать, что системные мутации можно получить экспериментально и, следовательно, воспроизвести видообразование посредством системных мутаций, как это было сделано на основе геномных мутаций. Изучение генетических аспектов видообразования и адаптации, позволило выявить ряд генетических параметров, которые отличают виды эволюционно лабильные (с низким уровнем специализации), являющиеся «генераторами» видообразования и виды эволюционно консервативные (специализированные), занимающие терминальные звенья филогенетических линий. Сальтационное видообразование через ряд промежуточных несбалансированных вариантов в этих условиях приводит к появлению таксонов высокого уровня (арогенезы) и затем эти таксоны дают начало подчинённым таксонам и аллогенной (горизонтальной) эволюции. При аллогенной эволюции образуются стволовые виды, дающие начало адаптивно радирующим в зоны с повышением экстремальности абиотических условий (из тропиков в Арктику) или в горные условия с резким градиентом температур.

Неравномерность темпов эволюции на разных уровнях организации генома на примере восточной слепушонки *E. tancrei*

Тамбовцева В.Г., Богданов А.С., Мюге Н.С., Ляпунова Е.А., Баклушинская И.Ю.

Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН, Москва

e-mail: tambovtseva@idbras.ru

Высокий уровень изменчивости хромосомных наборов у восточной слепушонки *Ellobius tancrei* ("робертсоновский веер") был обнаружен в Сурхобской долине Таджикистана более 40 лет назад (Луарипова et al., 1980), и с тех пор остаётся в фокусе изучения таких проблем, как начальные этапы видообразования, гибридизация и изоляционные механизмы разнохромосомных форм, неравномерность скоростей эволюции на разных уровнях организации генома (хромосомном, геном). На небольшой территории (около 150 км) описано такое внутривидовое разнообразие хромосомных форм, какое можно считать одним из рекордных среди млекопитающих: $2n=54-30$ (Луарипова et al., 1980; Ляпунова и др., 1984; Romanenko et al., 2019). В этих и других исследованиях освещены те особенности Сурхобской долины, которые делают ее "котлом видообразования". Это, в первую очередь, высокая степень фрагментации местообитаний. Колонии слепушонок приурочены к участкам с хорошей кормовой базой (корнями эфемероидов и пр.) и подходящим грунтом. Таким образом, колонии имеют мозаичную структуру, могут как тесно соседствовать с другими, так и отстоять от них на много километров. Мобильность слепушонок относительно слабо ограничена, несмотря на подземный образ жизни. Они могут передвигаться по поверхности на значительные расстояния (по нашим наблюдениям, даже пересекать реки по мостам), однако вклад особей-мигрантов в контакты отдаленных популяций прицельно не изучался. Другой фактор – сейсмическая активность региона. Здесь нередки землетрясения, сели, оползни, регулярно, случайным образом, перекраивающие структуру популяций и поддерживающие вид на этом краю ареала в состоянии непрерывного изменения (Vorontsov, Луарипова, 1984). Следует упомянуть также потенциальную мутагенность радоновых вод, изучавшуюся на примере других групп (Воронцов, Ляпунова, 2005), в том числе на материале из Сурхобской долины (Федоренко и др., 1988).

Целью данной работы было сопоставить паттерны молекулярной и хромосомной изменчивости восточной слепушонки *E. tancrei* на территории Таджикистана. Для этого мы проанализировали полную последовательность цитохрома *b* у 73 слепушонок из зоны "робертсоновского веера" и из других, удалённых частей Таджикистана. На полученные дендрограмму и гаплотипическую сеть были наложены ранее опубликованные сведения о кариотипах популяций изучаемых локалитетов.

Оказалось, что изменчивость *cyt b* у *E. tancrei* отражает географическое распределение популяций, но слабо коррелирует с различиями в структуре кариотипа. Такая картина позволяет предположить, что для разнохромосомных популяций слепушонок Сурхобской долины характерна неравномерность темпов эволюции на разных уровнях организации генома. Сходная картина несоответствия паттернов полиморфизма кариотипа, мтДНК и яДНК (mito-nuclear discordance) описана для близкородственного вида *E. alaicus* (Tambovtseva et al., 2022). Подобная «рассинхронизация» молекулярной и хромосомной эволюции нередко сопровождает процессы видообразования у быстро эволюционирующих форм.

Структурно-функциональная организация и эволюционная изменчивость коротких диспергированных повторов (SINEs) эукариот

Фирсов С.Ю., Кошеров К.А., Муха Д.В.

Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва

e-mail: dmitryVmukha@gmail.com

В последние десятилетия накопились экспериментальные данные, свидетельствующие о том, что короткие диспергированные элементы генома эукариот (SINEs) могут играть существенную функциональную роль в регуляции экспрессии генов. Кроме того, разработаны молекулярные маркеры на основе анализа инсерционных полиморфизмов SINEs, которые широко используются для генетической дифференциации популяций эукариотических организмов. В докладе будет дан обзор опубликованных к настоящему времени исследований, касающихся структурно-функциональной организации и эволюционной изменчивости SINEs эукариот. Особое внимание будет уделено собственным результатам авторов, полученных с использованием в качестве объекта исследований рыжего таракана *Blattella germanica*.

Используя рутинный биоинформатический анализ и общедоступные данные последовательностей геномной ДНК и малых РНК, мы впервые описали девять SINEs (Sbg1 – Sbg9) в геноме *B. germanica*. Описанные SINEs имели следующую длину: Sbg1 – 306 п.н., Sbg2 – 313 п.н., Sbg3 – 613 п.н., Sbg4 – 456 п.н., Sbg5 – 582 п.н., Sbg6 – 359 п.н., Sbg7 – 564 п.н., Sbg8 – 355 п.н., and Sbg9 – 658 п.н. Показано, что Sbg9 является димерным SINE, содержащим в своем составе структурные элементы Sbg1 и Sbg8.

Все описанные SINEs имеют промоторы тРНК, и начало их транскрипции начинается на 11 п.н. выше «А»-бокса этих промоторов. Концевые последовательности Sbg2 и Sbg7 представляют собой поли(А)-последовательности, тогда как все остальные SINE *B. germanica* в этой структурной части ретротранспозонов содержат короткие тандемные повторы (STR). Интересно, что каждая из копий Sbg1, Sbg4, Sbg6, Sbg8 и Sbg9, идентифицированных в геноме *B. germanica*, содержит многократно повторяющиеся микросателлитные мотивы: «accttt», «tgga», «ca», «ttag» и «ttag», соответственно. Однако лишь несколько экземпляров Sbg5 содержали мотив «tsaga». Копии Sbg3 содержат разные варианты повторов, по-видимому, представляющие разные варианты дубликаций коротких нуклеотидных последовательностей родительской копии SINE.

Число копий описанных SINEs в геноме *B. germanica* колеблется от нескольких копий до более чем тысячи копий в зависимости от типа SINE.

Показано, что некоторые из описанных SINEs и их вырожденные копии локализованы как в интронах генов, так и в локусах, известных как кластеры piРНК (*piwi*-interacting RNA). Показано, что piРНК, происходящие из кластеров piRNA, картируются на семь из девяти описанных нами типов SINEs, включая копии SINEs, локализованные в интронах генов. Мы предполагаем, что SINEs, локализованные в интронах определенных генов, могут регулировать уровень экспрессии этих генов с помощью молекулярного механизма, связанного с PIWI. Предлагается простая модель для проверки этого предположения.

О генетической дивергенции миграционно-связанных популяций: современное моделирование по результатам экспериментов Ю.П. Алтухова и А.Г. Бернашевской

Фрисман Е.Я.¹, Жданова О.Л.²

¹Институт комплексного анализа региональных проблем ДВО РАН, Биробиджан

²Институт автоматики и процессов управления ДВО РАН, Владивосток

e-mail: frisman@mail.ru

Наиболее интересной и даже несколько парадоксальной с точки зрения популяционной генетики является возможность установления устойчивых различий на однородном по отбору ареале, т.е. в условиях одинаковости действия отбора во всех субпопуляциях популяционной системы. Единственный тип отбора, который может привести к такой дивергенции – это дизрупция.

Моделирование действия однородного по ареалу дизруптивного отбора даже в простейшем случае при пониженной приспособленности к гетерозигот системы двух менделевских однолокусных диаллельных достаточно произвольным образом лимитированных популяций приводит к возможности генетической дивергенции, то есть к возможности закрепления устойчивых различий в генетических структурах этих популяций. Подобное действие дизруптивного отбора, направленного на поддержание устойчивых различий в генетических структурах миграционно-связанных популяций можно ожидать и при более сложных системах, включающих обилие субпопуляций. Известны примеры природных и экспериментальных популяционных систем, в которых наблюдалось устойчивая дивергенция генетических структур субпопуляций, обитающих на однородном ареале. Сопоставляя эти данные и результаты моделирования, мы видим, что можно объяснить сохранение устойчивости природной генетической дивергенции механизмом взаимодействия дизруптивного отбора (как пониженной приспособленности гибридных форм) и слабого миграционного процесса. Наиболее интересные доводы в пользу этого утверждения можно получить при анализе экспериментов, выполненных Ю. П. Алтуховым и А. Г. Бернашевской (1978, 1979, 1981 гг.) с ящичными популяциями *Drosophila melanogaster*, в которых была получена первичная дивергенция генетических структур субпопуляции по локусу α -ГДГ. Там же отмечается, что существенную роль в поддержании этой дивергенции могло играть наличие дизруптивного отбора, в данном случае наличие пониженной приспособленности гетерозигот по α -ГДГ. Альтернативной гипотезой является закрепление различий в результате генетического дрейфа.

Для того чтобы с одной стороны – выявить и обосновать возможность наличия этого фактора в данной системе, а с другой – оценить, насколько существенную роль играет дизруптивный отбор в поддержании устойчивости первичной генетической дивергенции, мы провели следующее исследование: были проанализированы математические модели динамики частот аллелей в большой панмиктической популяции и в системе из 30 локальных миграционно-связанных популяций. Модельные динамики частот аллелей под действием дизруптивного отбора и без него (соответствующая случайному дрейфу генов) сопоставлялись с реальными данными, полученными в экспериментальной работе. Проведенное моделирование показывает, что хотя первичная генетическая дивергенция в системе миграционно-связанных популяций возможна как при наличии отбора, так и без него, однако в присутствии отбора дивергенция наблюдается с большей вероятностью и устанавливается значительно быстрее. Сопоставление результатов моделирования с результатами эксперимента позволяет заключить, что с большой вероятностью в исследованной Ю.П. Алтуховым и А.Г. Бернашевской искусственной популяционной системе имел место дизруптивный отбор, который способствовал первичной генетической дивергенции.

***Coregonus fluviatilis* Issatschenko – филогеография, биологические особенности, современное состояние**

Чананбаатар А.¹, Нармандах Т.¹, Бочкарев Н.А.², Политов Д.В.³, Тетерина В.И.⁴,
Яхненко В.М.⁴, Соловьев М.М.², Суханова Л.В.⁴

¹Институт биологии Монгольской академии наук, Улан-Батор, Монголия

²Институт систематики и экологии животных СО РАН, Новосибирск

³Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

⁴Димнологический институт СО РАН, Иркутск

e-mail: lsukhanova@yandex.ru

Енисейский речной (горбоносый) сиг был описан как вид В. Л. Исаченко (1925) под научным названием *Coregonus fluviatilis* sp. nova. Причина - характерные морфологические особенности (в том числе, число чешуй в боковой линии) и достаточно протяженный ареал, простирающийся в Енисее от Нижней Тунгуски до верховьев, включая притоки Подкаменная Тунгуска, Питу, Мана, Туба, Сисима, Оя, Абакан. Берг (1948) подчёркивает, что некоторые авторы отождествляли его с байкальским озёрно-речным сигом, но в дальнейшем эти воззрения игнорировались на протяжении многих десятилетий.

Первыми генетическими данными по дифференциации байкальского озёрно-речного сига, отождествляемого, как указано выше, некоторыми авторами с енисейским речным сигом, стали результаты электрофоретического анализа изоферментов различных популяций с привлечением данных по гибридам с омулем (Мамонтов, 1988, Мамонтов, Яхненко, 1995, Яхненко, et al., 1992). Однако, авторы сравнивали байкальских озерного и озерно-речного сигов только между собой и с байкальским омулем, без привлечения каких бы то ни было форм/видов небайкальских сиговых. Было показано наличие двух кластеров, один из которых соответствовал паре байкальский омуль – байкальский озёрный сиг, а другой – байкальскому «пыжьяну» и его гибридам.

Анализ полиморфизма мтДНК (Sukhanova et al., 2002; Baldina et al., 2007) и, прежде всего, более поздние работы с привлечением значительного числа популяций «настоящих» сигов и других видов р. *Coregonus* (Sukhanova et al., 2012; Бочкарев et al., 2017) выявили конспецифичность *C. fluviatilis* и байкальского озёрно-речного сига. Обсуждается вероятная связь происхождения сига Исаченко с системой озера Байкал (Бочкарев et al., 2017), предлагается гипотеза продолжительной изоляции их общего предка в некоем рефугиуме соседствующем с бассейном Байкала, не исключая территорию Монголии, и последующее возвращение в озеро с образованием озерно-речной форм (Sukhanova et al., 2012).

Анализ полиморфизма ITS1 рДНК (Sukhanova, et al., 2004) выявил обособленное и базальное положение байкальского озёрно-речного сига (а, соответственно, можно предполагать и *C. fluviatilis*) в монофилетичной кладе, объединяющей всех истинных сигов, включая *C. nasus* и *C. chupeaformis*.

Можно считать установленными видовой статус енисейского речного сига и его конспецифичность байкальскому озёрно-речному сигу. Вопрос о том, какие популяции вида являются предковыми, а какие производными, требует изучения.

Будучи самым крупным и быстрорастущим в своем ареале, вид имеет большой аквакультурный потенциал, однако его численность повсеместно сокращается. Необходимо принимать меры для сохранения и восполнения популяций, использовать приемы искусственного воспроизводства, создавать маточные стада и криоколлекции половых продуктов (криобанки) и, как альтернативу промыслу, развивать технологичную товарную индустриальную и пастбищную аквакультуру, максимально задействовав биологические особенности сиговых (межвидовая гибридизация) и современные методы селекции.

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта РФФИ № 20-54-44017 Монг_а.

Генетическая концепция вида как инструмент определения «вида» в палеоантропологии

Шулимова Е.А.^{1,2}

¹Кубанский государственный технологический университет, Краснодар

²Институт этнологии и антропологии РАН, Москва

e-mail: shulimova@mail.ru

Имеется три определения генетической концепции вида:

1. «... группа организмов, так сформированных и так расположенных в природе, что наследственный характер любого из этих организмов может быть передан потомку любого другого». (Симпсон, 1943).

2. «... крупнейшее и наиболее инклюзивное репродуктивное сообщество половых и перекрестно оплодотворяющихся особей, имеющих общий генофонд». (Добжанский, 1950).

3. «... представители вида образуют репродуктивное сообщество. Особи одного вида животных признают друг друга как потенциальных партнеров и ищут друг друга с целью размножения ... Вид, наконец, является генетической единицей, состоящей из большого, взаимосвязанного генофонда [и эти] свойства поднимают виды выше типологической интерпретации «класса объектов». (Майр, 1969).

Таким образом, главным критерием вида в генетической концепции вида является наличие общего генофонда. Механизмом выявления которого выступают генетические расстояния и сходства.

Применительно к палеоантропологии главной проблемой генетической концепции вида в исследованиях является отсутствие достаточного материала о генетической информации ископаемых видов рода *Homo* и его предков.

К ранним ископаемым формам эта концепция не может быть применима, поскольку ДНК сохраняется лишь в пределах 100 тыс. лет. Поэтому генетическая концепция вида применима только при исследовании видов живших либо появившихся в пределах этого времени. К таковым относятся виды *Homo neanderthalensis*, *Homo sapiens*, *Homo altaiensis*, *Homo floresiensis*.

В настоящее время собрана информация о генетической структуре первых трех видов гоминид из четырех перечисленных выше.

Таким образом, данная концепция не позволяет получить комплексного представления о генетической структуре всех представителей рода *Homo* и его предков, входящих цепочку антропогенеза. Поэтому генетическая концепция вида может рассматриваться частично в качестве рабочей, при изучении поздних этапов антропогенеза. И не может являться универсальным инструментом определения «вида» в палеоантропологии.

Спонсоры конференции

ООО «Компания Хеликон» – один из ведущих российских поставщиков лабораторного оборудования, реагентов и расходных материалов с 1997 года. Компания оказывает полный комплекс услуг – от помощи в проектировании лабораторий до обучения персонала на местах, методической поддержки и сервисного обслуживания.

121374, Москва, Кутузовский проспект, д. 88
Тел.: +7 (800) 770 71 21 E-mail: mail@helicon.ru www.helicon.ru

ООО «Скайджин» – поставщик лабораторного оборудования, реагентов и химреактивов для научно-исследовательских лабораторий и центров. Компания подбирает и доставляет необходимые материалы и оборудование для экспериментов в области секвенирования NGS, CRISPR-CAS, ПЦР и выделения нуклеиновых кислот мировых life-science брендов с 2012 г.

129085, Москва, ул. Годовикова, д.9, стр. 9, БЦ Калибр
Тел.: +7 (495) 215 02 22 E-mail: info@skygen.com www.skygen.com

ООО «Биолабмикс» работает на биотехнологическом рынке с 2010 года. Компания создает комфортные условия для российских исследователей. Продукция компании – это реагенты для исследовательских работ в области молекулярной биологии, геной инженерии, биохимии и фундаментальных исследований.

630090, Новосибирск, ул. Инженерная, 28
Тел.: +7 (383) 363 22 40
E-mail: sales@biolabmix.ru www.biolabmix.ru

В Москве: Рождественский бульвар, 9
+7 (906) 195 00 35
moscow@biolabmix.ru

ООО «Квадрос-Био» – компания является поставщиком комплексных решений для национальных медицинских исследовательских центров, федеральных и региональных научно-исследовательских институтов, университетов, R&D лабораторий и медицинских организаций. Портфель компании включает современное лабораторное оборудование и расходные материалы от ведущих производителей

127287, Москва, Петровско-Разумовский пр., д.29, стр.4 (Бизнес-центр "Прокон")
Тел.: +7 (495) 22 800 80 E-mail: info@qquadrosbio.ru www.qquadrosbio.ru

ООО «Сесана» – представляет холдинг Геномед, в который входит дистрибьюторское подразделение, производство научной и медицинской продукции, а также сервисная и клиническая лаборатории. Компания Sesana предлагает профессиональную поддержку, консультации по выбору оборудования и реагентов, внедрение и сопровождение методов и технологий.

107014, Москва, ул. Короленко, д. 8
Тел.: +7 (495) 128 82 74 E-mail: sales@sesana.ru www.sesana.ru

ООО «Диаэм» – крупнейший поставщик современного оборудования, реагентов и расходных материалов для лабораторий, работающих в области клеточной биологии, медицинской исследовательской и прикладной генетики и геномики. Каталог компании насчитывает более 500 000 наименований приборов, реагентов и расходных материалов для медицинских и научно-исследовательских лабораторий.

129345, Москва, ул. Магаданская, д. 7, корп. 3
Тел.: +7 (495) 745 05 08 E-mail: info@dia-m.ru www.dia-m.ru

ЗАО «Евроген» – основные направления деятельности: выполнение сервисных работ и производство наборов и реактивов, широко используемых для рутинных задач в научных лабораториях, биотехнологических и фармацевтических компаниях.

117997, Москва, ул. Миклухо-Маклая 16/10, корпус 15
Тел.: +7 (495) 784 70 84 E-mail: order@evrogen.ru www.evrogen.ru

Подписано в печать 03.10.2022 г.

Усл.п.л. 14,44

Тираж 170 экз.

Отпечатано в типографии «Ваш Формат»

г. Москва, ул. Донская, 32.

www.kniga-premium.ru

ОРГАНИЗАЦИОННЫЙ КОМИТЕТ ВЫРАЖАЕТ ГЛУБОКУЮ
БЛАГОДАРНОСТЬ ПАРТНЕРАМ КОНФЕРЕНЦИИ
ЗА СПОНСОРСКУЮ ПОДДЕРЖКУ



SkyGen



Biolabmix®

QVADROS  Bio

SEANA



 евроген

