

# Основные направления молекулярно-генетических исследований лесных видов растений и фитопатогенных микроорганизмов Беларуси и Литвы

*О.Ю. Баранов, В.М. Балюцкас, А.А. Захилько*  
*ГНУ «Институт леса НАН Беларуси»*  
*e-mail: [betula-belarus@mail.ru](mailto:betula-belarus@mail.ru)*

Интенсивное развитие молекулярно-генетических технологий за последние десятилетия обеспечило широкомасштабное внедрение инновационных методов ДНК-анализа в различные отрасли биологии и медицины. Исследования элементов лесных экосистем, как и других биологических объектов, также зачастую включают направления, успешная реализация которых требует применения технологий ДНК-маркирования. Среди основных областей приложения генетических методов при работе с лесными видами можно выделить: селекцию и семеноводство, популяционную биологию, тканевую и клеточную биотехнологию, таксономию, филогенетическую систематику, фитопатологию, генетическую экспертизу (в промышленных, юридических, археологических и других целях).

Спектр задач, решаемых с помощью молекулярно-генетических маркеров в указанных областях биологии леса, также является весьма существенным: типировка и паспортизация хозяйственно-ценных генов, генотипов, индивидов, включая анализ трансгенных растений; коммерческая сертификация; анализ генетического родства и происхождения особей, сортов, форм, насаждений; исследование генетической структуры популяций и ее динамики; изучение уровня генетического разнообразия видов; анализ филогенетических взаимоотношений видов; решение спорных вопросов таксономии; диагностика вирусных, бактериальных и грибных инфекций; построение генетических карт и др.

На протяжении десяти последних лет совместно Институтами леса НАН Беларуси и Центра аграрных и лесных наук Литвы на основании использования методов молекулярно-генетического анализа был проведен широкий круг исследований различных лесных видов деревьев, кустарников, грибов и бактерий. Так, например, на основании сравнительного анализа нуклеотидной структуры микросателлитных локусов хлДНК и яДНК, гена алкогольдегидрогеназы были изучены генетико-таксономические и филогенетические взаимоотношения различных видов берез и их вариететов, произрастающих на территории Беларуси и Литвы. Анализ генов, детерминирующих различные фенотипические признаки сосны обыкновенной и ели европейской позволил идентифицировать наиболее перспективные генотипы, для создания плантаций целевого назначения. Изучена взаимосвязь степени экологической пластичности морфологических признаков сосны обыкновенной и уровня генетического полиморфизма данного вида.

Кроме реализации различных селекционных аспектов, генетические маркеры, на основе нуклеотидной структуры фрагментов метаболических локусов, были использованы при проведении видовой идентификации растительных образцов в ходе археологической и лесохозяйственной экспертиз. На основании анализа повторяющихся последовательностей ДНК, была проведена работа по выявлению и оценке соматических мутаций, возникающих в ходе микроклонального размножения различных линий берез и осин. На основании результатов изучения генетической структуры гибридного потомства *Q. robur* × *petraea* различного типа происхождения изучены процессы межвидовой гибридизации симпатрических видов дуба черешчатого и дуба скального в смешанных насаждениях Литвы и Беларуси.

Наиболее широкий перечень вопросов, связанных с использованием метода ДНК-штрихкодирования для видовой идентификацией, был решен в области лесной микробиологии и фитопатологии. Установлен видовой состав, проведена генетическая паспортизация географических изолятов и создана коллекция диагностических локусов наиболее распространенных возбудителей заболеваний Беларуси и Литвы, разработан электронный молекулярно-генетический атлас-определитель фитопатогенных грибов. Идентифицированы фитозаболевания, распространяющиеся с помощью насекомых. Изучена структура и видоспецифические особенности ряда генов вирулентности и патогенности. Впервые диагностированы и генотипированы новые патогенные микромицеты, выявлены и изучены чужеродные инвазивные виды.

Новый этап развития совместных генетических исследований лесных видов начался в текущем году при выполнении совместных белорусско-литовских исследований в области генетико-селекционной оценки адаптационного потенциала насаждений сосны и ели в условиях изменяющегося климата. В ходе проекта планируется секвенирование экзома (совокупности всех структурных генов) плюсовых деревьев ели европейской и сосны обыкновенной с целью дальнейшего использования полученной информации в селекционных целях. Последующие геномные исследования будут направлены как на изучение вопросов фундаментального характера, так и решения ряда прикладных задач в области генетики, селекции и фитопатологии. На текущий момент ведется работа по созданию ДНК-библиотек различных видов микроорганизмов (включая вирусы), органелл и транскриптомов различных древесных видов.