

## Генетический мониторинг природных популяций: первые результаты и дальнейшие перспективы сотрудничества Латвии и Беларуси

*Н.Н. Шкутэ<sup>1</sup>, В.Г. Костоусов<sup>2</sup>*

*<sup>1</sup>Даугавпилский университет*

*<sup>2</sup>РУП «Институт рыбного хозяйства» РУП "Научно-практический центр Национальной Академии Наук Беларуси по животноводству"*

*e-mail: [natalja.skute@du.lv](mailto:natalja.skute@du.lv), [belniirh@tut.by](mailto:belniirh@tut.by)*

Генетический мониторинг – представляет собой долговременное слежение за состоянием популяционных генофондов, оценка и прогнозирование их динамики во времени и в пространстве, определение пределов допустимых изменений. Такое прогнозирование возможно лишь на основе концепции нормального состояния или нормального процесса. Нормальный генетический процесс можно определить как такой тип воспроизводства видовых генофондов, при котором соотношение внутри- и межпопуляционной компонент генного разнообразия сохраняется на эволюционно сложившемся оптимальном уровне, специфичном для каждого вида. Это соотношение и должно быть фундаментальной точкой отсчета при генетическом мониторинге популяционных систем, испытывающих антропогенные воздействия. Такой подход дает необходимую точку отсчета и позволяет понять механизмы негативного влияния человеческой деятельности на популяции, виды и целые экосистемы. Изучение соотношения внутри- и межгрупповой наследственной изменчивости в условиях протекания процессов нормального воспроизводства или перед воздействием, дает возможность осуществить генетический мониторинг популяционной системы с учетом структуры ее генофонда

Для получения такой информации популяция, должна быть определена в историко-географическом плане, детально описаны особенности распределения субпопуляционной структуры системы, субпопуляционная структура была максимально полно охарактеризована по совокупности заранее отобранных признаков. Помимо равномерного распределения выборок в пространстве (времени), должны быть вовлечены в анализ: а) данные о демографической структуре каждой субпопуляции (пол, возраст, соотношение полов, численность, миграция и др.); б) данные о весе, размерах и пропорциях тела исследуемых особей; в) оценка генотипа особей по возможно большему числу полиморфных генных локусов, включая как системы полиморфизма ДНК (как ядерной, так и неядерной), так и белковых систем. Эта информация позволяет проанализировать распределения полигенных и моногенных признаков, исследовать их сопряженную изменчивость, оценить соотношение компонент генного разнообразия и понять состояние генетического процесса в той или иной популяции, вычлнить вклад случайного генетического дрейфа, миграции генов и отбора - порознь или в их взаимодействии.

В лаборатории молекулярной биологии и генетики успешно проводится:

- генетический мониторинг интродуцированных популяций рыб (например, европейская ряпушка),
- генетический мониторинг искусственно воспроизводимых популяций рыб (кумжа, лосось),
- генетический мониторинг некоторых природных популяций рыб,
- генетический мониторинг охраняемых популяций (амфибий и рептилий),
- генетический мониторинг популяций индикаторных водных организмов (моллюски, зоопланктон)
- генетический мониторинг популяций инвазивных видов (моллюски)

В начале прошлого века ряпушка (*Coregonus albula*) была успешно интродуцирована в некоторые латвийские и белорусские водоемы, а продуктивные показатели отдельных популяций ряпушки и корюшки позволяли успешно вести их промышленный лов. Однако в настоящее время в Латвии и Беларуси произошло сокращение численности и уменьшение ареала этих популяций лососеобразных. Проведен анализ популяций латвийской ряпушки по 18 морфологическим признакам, генетический анализ произведен по 10 аллозимных маркерам (20 локусов), по 10 RAPD маркерам (17 локусов), по 6 микросателлитным маркерам (6 локусов). В рамках совместного белорусско-латвийского проекта „Эколого-генетические аспекты сохранения симпатрических популяций лососеобразных гляциореликтов белорусско-латвийского поозерья” начат генетический мониторинг популяций не только европейской ряпушки (*Coregonus albula*), но и озерной корюшки (*Osmerus eperlanus*) белорусско-латвийского поозерья, в институт рыбного хозяйства проведен анализ популяций белорусской ряпушки по 36 морфологическим признакам, в Даугавпилском университете генетический анализ производится по 6 микросателлитным локусам.

Кумжа (*Salmotrutta* L.) и лосось (*Salmo salar* L.) вместе с другими лососеобразными представляет собой ценный биологический ресурс Латвии и на протяжении многих лет искусственно воспроизводятся. Нами начато исследование динамики соотношения полов, длины тела рыб и веса в ряду поколений искусственно воспроизводимых популяций; сопоставление генетических и биологических параметров в различных популяциях. На основании полиморфизма ДНК (микросателлитные локусы) оценивается перераспределение внутри- и межгрупповой компонента генного разнообразия. Латвия является северной границей ареала таких амфибий как краснобрюхая жерлянка (*Bombina bombina* L.) и некоторых видов рептилий, которые являются в Латвии охраняемыми видами. Произведен анализ полиморфизма ядерной и митохондриальной ДНК. Убыль гетерозиготности, так и ее чрезмерное нарастание в данных условиях одинаково неблагоприятны для нормального функционирования популяции. Важно отметить, что для генетического анализа охраняемых популяций нами используются неdestructивные методы получения образцов: чешуя, слизь. Многие виды зоопланктона и моллюсков являются индикаторными организмами водной среды и быстро реагируют на различного рода биотические и абиотические воздействия, поэтому крайне важно уловить тренды таких изменений на самых ранних стадиях.

Территории Латвии и севера Беларуси охватывают регион Южной Прибалтики, характеризуемый как Поозерье. В озерах на сопредельных территориях обитают нативные популяции, многие из которых развивались в последний геологический период в условиях репродуктивной изоляции. Популяции водных организмов испытывают сукцессионное воздействие, связанное с трансформацией озерных и речных экосистем как Латвии и севера Беларуси. Учитывая научный потенциал сторон и исследовательский задел прежних лет, крайне важно начать совместное долговременное слежение за состоянием популяционных генофондов, оценить их динамику во времени и в пространстве, определить пределы допустимых изменений на сопредельных территориях Беларуси и Латвии с целью разработки принципов сохранения и устойчивого функционирования популяций в зависимости от состояния экосистем и колебаний факторов среды.