

мян первой и второй ротации. Для РЛССЦ высев необходимо осуществлять в течение третьей декады марта или первой декады апреля. Для Гомельского района оптимальным сроком является вторая–третья декада марта, для Глубокского – первая–вторая декада апреля.

Оптимальным сроком выноса на поля доращивания сеянцев сосны обыкновенной и ели европейской с закрытой корневой системой является первая–вторая декада июня, однако вынос на поля доращивания может осуществляться в условиях Гомельской области уже с третьей декады апреля, в условиях Минской области – с начала мая, в условиях Витебской области – в течение первой декады мая.

УДК 630*165.3

¹А.В. Падутов, мл. науч. сотр., асп.;

²В.М. Балюцкас, зав. отделом, канд. биол. наук;

¹О.Ю. Баранов, зав. сектором, канд. биол. наук, доц.

¹(Институт леса НАН Беларуси, г. Гомель)

²(Институт леса ЦАЛН Литвы, н.п. Гирионис)

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОЛУСИБСОВОГО ПОТОМСТВА ПЛЮСОВЫХ ДЕРЕВЬЕВ СОСНЫ ОБЫКНОВЕННОЙ

Сосна обыкновенная является главной лесообразующей породой Беларуси, выполняя в лесном секторе страны важную экономическую, экологическую и социальную функции. Однако в условиях наблюдающегося в последние годы и прогнозируемого в дальнейшем потепления климата происходит снижение биологической продуктивности и устойчивости насаждений, что обуславливает высокую актуальность исследований в данной области.

Одним из путей решения указанной проблемы является искусственное лесовосстановление и лесоразведение. Однако, значительная географическая изменчивость сосны обыкновенной, ареал которой занимает огромные территории в разных лесорастительных зонах, и неоднородность сосняков по росту в испытательных культурах, установленная различными исследователями, не позволяют без проведения селекционно-генетической оценки древостоев, в том числе с использованием ДНК-маркеров, выявить и отобрать генотипы, которые в условиях изменяющегося климата будут характеризоваться высоким адаптивным и репродуктивным потенциалом и будут наиболее генетически сходными с коренными насаждениями.

Целью работы являлось проведение оценки генетической структуры полусибсового потомства плюсовых деревьев сосны обыкновенной, как результата процессов естественного отбора и адаптации, про-

текающих в древостоях лесобразующих пород. В ходе микросателлитного анализа ядерной ДНК деревьев сосны обыкновенной – полусибсового потомства (с высокой (1-1541) и низкой (1-1453) степенью дисперсии селективируемых признаков) двух плюсовых деревьев, по шести локусам было выявлено 35 аллельных вариантов. Для описания генетической структуры семей были рассчитаны частоты встречаемости аллельных вариантов. Для большинства локусов (кроме P_{sy}117) существенная разница в частотах встречаемости аллельных вариантов выявлена не была, что, по всей видимости, связано со сходной структурой генотипов материнских растений – уровень генотипических различий D_N составил 0,75 (по локусу P_{sy}117 различия были качественными по спектру выявленных аллельных вариантов). Уровень генетических различий между выборками составил $D_N = 0,1360$, что соответствовало диапазону значений, полученному нами ранее для различных полусибсовых семей. Показатели аллельного разнообразия среди потомства различных семей были сходными. В то же время, распределение индивидуальных генотипов показало отсутствие бинаминального распределения генотипов в семье с низким уровнем дисперсии.

Исходя из особенностей распределения гетерозиготных генотипов, в последующих исследованиях были рассчитаны значения коэффициента инбридинга F_{is} , отражающего соответствие данных наблюдаемой гетерозиготности от теоретически рассчитанных. По локусу P_{sy}144 в семье с низким уровнем дисперсии выявлен существенный (32%) избыток гетерозигот. При этом для оставшихся локусов популяционная структура находилась в равновесии по Харди-Вайнбергу, что указывает на их нейтральность. Основная доля изменчивости была ассоциирована с генотипическими различиями внутри каждой из групп, что выражалось в низком значении параметров подразделенности.

Генетическая структура пыльцевого пула для обеих групп семей была сходной, как по частотам встречаемости аллельных вариантов, так и по уровню генетического разнообразия, что указывает на ведущую роль материнских растений в формировании гетерогенности значений морфологических параметров. Уровень генетической дифференциации D_N составил 0,0629, что ниже по сравнению со значениями, полученными при анализе генетической структуры потомства.

Исходя из полученных данных, нами был сделан вывод, что наибольший вклад в формирование генетической структуры полусибсового потомства эврибионтных видов вносит исходный генотип материнского растения, а не экологические условия произрастания.