

РОЛЬ ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ПОПУЛЯЦИЙ В ОПТИМИЗАЦИИ СЕТИ ОСОБО ОХРАНЯЕМЫХ ТЕРРИТОРИЙ (ПОСТАНОВКА ПРОБЛЕМЫ)*

Э.А. Снегин

Белгородский государственный университет, 308015 г. Белгород, ул. Победы, 85
E-mail: snegin@bsu.edu.ru

Работа посвящена проблеме изучения особенностей адаптации и оценки жизнеспособности популяций видов животных, находящихся под угрозой исчезновения или сокращающих свою численность. Предлагаются критерии распознавания уязвимых популяциями с учетом генетических данных. Рассматриваются особенности анализа совместного влияния эффективной численности и конкретных форм естественного отбора и частоты мутаций на уровень поддерживаемой генетической изменчивости и ее характер с одновременной оценкой, за какие характерные промежутки времени происходят различные процессы. Дается информация о методах сбора и обработки сведений о влиянии пространственной структуры популяций на поддержание ее генетической изменчивости. Приводятся рекомендации для поэтапного восстановления популяций уязвимых видов в элементах ландшафта с целью оптимизации особо охраняемых территорий.

Ключевые слова: популяции, исчезающие виды, оценка жизнеспособности, генетическая структура, эффективная численность, заповедные территории.

В последние годы на территории юга лесостепной зоны Русской равнины проводятся комплексные исследования экосистем с целью оптимизации здесь сети особо охраняемых территорий. Данная задача вытекает из реальной экологической ситуации, сложившейся в указанном районе, на фоне уничтожения лесостепи как природного явления. Антропогенный прессинг из-за тотального распахивания территорий (до 80%), приведшего к уничтожению естественных мест обитания и к чрезмерному дроблению ареалов, оказывает особо негативное влияние на выживаемость популяций диких видов животных (в Красную книгу России занесено здесь 80 видов, из которых 26 находятся на грани исчезновения). Одним из средств спасения таких животных является сохранение оставшихся естественных биотопов с приданием им охраняемого статуса, а также устранения негативного влияния человека на существующие заповедные участки.

К сожалению, оптимизация сети особо охраняемых территорий в настоящее время связана с определенными трудностями, в частности с отторжением территорий, являющихся частной или коллективной собственностью. Необходимо четкое и убедительное обоснование для такого рода действий. Весьма существенные аргументы в указанном аспекте может дать информация о степени и характере негативного влияния человека на исследуемые экосистемы.

Однако, осуществляя природоохранные мероприятия, нужно всегда помнить, что «помимо самоочевидных неблагоприятных воздействий, таких, как загрязнение среды и разрушение мест обитания, по крайней мере, есть еще один фактор, ответственный за сокращение биоразнообразия, – это нерациональная хозяйственная деятельность, игнорирующая генетическую подразделенность видов и структуру внутривидовой наследственной изменчивости» [1].

В этой связи следует подчеркнуть, что при оценке состояния существующих участков особо охраняемых территорий и территорий – претендентов на подобный статус, необходимо уделять особое внимание не только флористико-фаунистическому описанию биоты, включающему констатацию наличия или отсутствия тех или иных видов, но и анализу жизнеспособности популяций видов, составляющих эти сообщест-

* Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (грант № 06-04-96305 р_центр_а).

ва. Такой анализ включает наблюдение за рядом популяционных параметров, таких, как численность, плотность, размерный и возрастной состав, скорость полового созревания, частота генераций в сезон и т. д. Кроме того, весьма чувствительным методом, по которому можно оценить степень уязвимости популяций к различным негативным воздействиям, является анализ их генетической структуры.

Известно, что изучение генетики популяций занимает совершенно особое место в биологии, поскольку наблюдаемые изменения генотипов с течением времени в конечном итоге определяют изменения признаков и свойств организмов, обеспечивая так называемый микроэволюционный процесс, который происходит на наших глазах.

Причем особенности состояния популяционных генофондов в настоящий момент времени, с одной стороны, проливают свет на историю развития и формирования данного вида, а с другой – предопределяют эволюционную судьбу следующих поколений. Таким образом, анализируя наследственные признаки в популяциях и выясняя особенности их распределения в пространстве и во времени, можно предсказать, какие направления из всего многообразия эволюционных путей будут реализовываться в каждой конкретной ситуации. Такого рода информация, с одной стороны, позволит создать представления о характере взаимодействий организма и среды, о степени гетерогенности биотопов и о роли отдельных экологических факторов в динамике генотипического состава популяций. С другой стороны, получаемые результаты создают картину генетической целостности популяций и скоординированной работы генов в ходе онтогенеза, которая создается всей предысторией вида.

Очень важной проблемой, решаемой в ходе мониторинговых мероприятий, проводимых в указанном аспекте, является оценка эффективной численности популяций изучаемых видов – т.е. минимальной численности, необходимой для выживания вида. С генетической точки зрения под эффективной численностью понимают численность идеальной популяции, в которой имеет место такой же уровень дрейфа генов (оцениваемый по выборочной дисперсии частот аллелей на поколение или по скорости уменьшения селективно-нейтральной гетерозиготности), что и в реальной популяции [3]. Именно такое понимание эффективной численности позволяет более объективно подходить к разработке программ по сохранению видового разнообразия и очень полезно для анализа искусственного разведения, а также для изучения механизмов эволюции природных популяций.

В представлении об эффективной численности в рамках нашей работы можно выделить два основных момента.

Во-первых, мировой науке хорошо известно, что если в изолированной малочисленной популяции длительное время отсутствует обмен генетической информации с другими внутривидовыми группировками, то аллельное разнообразие такой популяции уменьшается вследствие инбридинга. А это, в свою очередь, значительно снижает жизнеспособность этой группы, т.к. определенный уровень генетической изменчивости является как бы страховкой вида от случайных изменений внешней обстановки в будущем. Следовательно, такое обеднение генофонда – это прямой путь к вымиранию.

Во-вторых, проблема эффективной численности связана с законом марковских цепей, согласно которому любая варьирующая совокупность, коими и являются естественные популяции, в условиях пониженной численности рискует «сварьировать до нуля» и тем самым прекратить свое существование в истории.

В природе существование популяций в оптимальных количественных рамках обеспечивается гомеостатическими механизмами, свойственными как самой популяции, так и сообществу, в котором она находится. Такие механизмы не допускают перенаселения или катастрофического снижения численности. Даже если популяция проходит через так называемый «эффект бутылочного горлышка» или через сходный с ним «принцип основателя», то численность такой группы в естественных условиях быстро восстанавливается и, что немаловажно, вместе с таким восстановлением приходит в

норму и уровень генетической изменчивости. Потому что, если снижение численности было кратковременным, например, в течение одного поколения, то из генофонда утрачиваются только редкие аллели. А дальнейшее увеличение числа особей усиливает действие естественного отбора, который устраняет вредные последствия инбридинга путем элиминации вредных мутаций. Кроме того, вредные мутации могут быть нейтрализованы генами – модификаторами [4].

С другой стороны, если понижение численности было длительным и в ходе этого ряд аллелей был потерян, то для восстановления исходной гетерозиготности даже по одному локусу могут потребоваться тысячи лет [3].

Поэтому центральное место в проектах долговременного управления популяциями, включающих поэтапное их восстановление, должно быть отведено поддержанию их численности и генетической изменчивости. Все эти представления становятся особенно актуальными в условиях выполнения работ по изучению и восстановлению популяций уязвимых видов (вымирающих или сокращающих свою численность). Выживание таких популяций в течение длительного времени зависит от уровня генетической изменчивости и географического распределения. В этой связи обычно рассматривают два случая. Первый – это когда отдельные субпопуляции относительно стабильны, но могут различаться по географической структуре и степени взаимосвязанности. Второй случай – когда популяции эфемерны и общая устойчивость системы обеспечивается благодаря частым повторным заселениям.

В первом случае, для изучения географической структуры популяций различной конфигурации были построены разные модели [6, 7]: 1) модель с изоляцией расстоянием – рассматривает популяции с непрерывным географическим распределением; 2) островная модель – когда поток генов между колониями не зависит от расстояния между ними; 3) ступенчатые модели – если поток генов обычно направлен к ближайшим колониям. Однако для построения и проверки прогнозов, сделанных на основе этих моделей, желательно проводить долговременный прямой контроль генетических параметров в подразделенных популяциях, т. к. результаты, которые дают эти уравнения (модели), оказываются неточными. Дело в том, что предугадать дрейф генов с помощью выборочных показателей и использования средних величин на длительную перспективу довольно сложно. Динамика численности популяций, дисперсия числа потомков, изменение соотношения полов и, наконец, естественный отбор могут значительно исказить прогнозируемую картину. Кроме того, оценки выборочных показателей справедливы, как правило, только для нейтральных генов [3].

К сожалению, в настоящее время в результате антропогенного пресса идет резкое сокращение популяционных ареалов, они становятся все более мозаичными. Как следствие, идет сокращение численности особей из-за изменения мест обитания. Наравне с этим наступает антропогенная территориально-механическая изоляция (инсуляризация), ведущая к дроблению ареала вида на ряд немногочисленных локальных совокупностей, которая еще в большей степени способствует обеднению генофонда. В отличие от естественных изолирующих препятствий, возникающих постепенно, антропогенные барьеры возникают внезапно, за короткие промежутки времени, что ведет к сильной изолированности, к случайному дрейфу генов и к уменьшению генотипического разнообразия популяций. Большое значение здесь имеет и подвижность индивидов. Известно, что если радиус индивидуальной активности невелик (как, например, у брюхоногих моллюсков), то степень территориально-механической изоляции довольно высока.

Уменьшение величины и одновременное увеличение степени изолированности популяций повышают в ней вероятность выщепления рецессивных мутаций (вследствие инбридинга) и ведут к увеличению средней степени гомозиготности и соответствующему снижению генетической гетерогенности, которая, является «мобилизационным резервом», обеспечивающим устойчивость популяции как системы. Безусловно, переход какого-либо аллеля в гомозиготное состояние для особи и популяции может стать физиологически оптимальным, но для каких-то узких условий среды. А сдвиг этих условий

может стать катастрофой в силу уменьшения приспособленности. В этом заключается полезное и, одновременно, опасное свойство огомозиготивания. Именно это грозит несбалансированным, внезапно сотворяемым «антропогенным» популяциям.

Таким образом, оценивая степень гомозиготности (или гетерозиготности), отражающей общие свойства генотипа и весь комплекс взаимодействий организма со средой, можно оценить степень устойчивости популяций в каждый данный момент времени (причем, по словам Серебровского [5], при изучении природных популяций достаточно зафиксировать гомозиготизацию по определенным локусам). А так как судьба каждого вида, включая и виды, используемые в качестве индикаторов, связана не только с физико-географическими условиями, но и с сообществом других видов, с которыми данный вид сосуществует, то его дальнейшая эволюционная судьба в значительной мере отражает судьбу всего этого биологического сообщества.

Все вышесказанное применимо и к популяциям, составляющим особо охраняемые сообщества. Данные экосистемы, так или иначе, испытывают негативное воздействие со стороны человека, особенно это касается небольших по площади заповедных участков. Такие природные резерваты вмещают сравнительно небольшую часть популяций природных видов, несущих ограниченное количество генетической информации и обладающих небольшим запасом генетической прочности. В связи с этим оптимизацию сети таких ООПТ с целью устранения негативного воздействия на них со стороны человека следует проводить при обязательном анализе генетической составляющей.

Такой генетический контроль популяций легче всего проводить с использованием нескольких классов полиморфных менделирующих признаков, затрагивающих различные морфологические, анатомические и физиологические свойства организмов, однако наилучший результат в такой работе дает изучение полиморфизма структурных генов, выявляемого с помощью электрофореза белков и ДНК.

В процессе выполнения работы по анализу жизнеспособности популяций с помощью вышеуказанного метода необходимо осуществить следующее. Во-первых, ввести критерии для контроля популяций с учетом генетических данных. При этом желательно для отдельно взятых популяций учитывать статистическую выборочность, а для группы популяций – генетическую выборочность [2]. Во-вторых, провести анализ совместного влияния эффективной численности и конкретных форм естественного отбора и частоты мутаций на уровень поддерживаемой генетической изменчивости и ее характер, а также оценить, за какие характерные промежутки времени происходят различные процессы. В-третьих, опробовать различные методы оценки эффективной численности популяций, связав это с оценкой скорости уменьшения генетической изменчивости, вызванного дрейфом генов в популяциях с ограниченной численностью. В-четвертых, провести сбор и обработку сведений о влиянии пространственной структуры популяций на поддержание ее генетической изменчивости. При этом важным моментом является определение естественных границ популяций (для этих целей, например, в настоящее время можно использовать JPS-навигаторы). И в заключение провести мероприятия для поэтапного восстановления популяций редких видов в элементах лесостепного ландшафта. Причем, в последнем случае при осуществлении мероприятий по интродукции редких видов на новые охраняемые территории необходимо уделять внимание не только числу вносимых особей, но и уровню их генетической гетерогенности, которая будет способствовать более успешной акклиматизации в новых условиях. При этом весьма сомнительный результат можно получить, если перед расселением на новые территории особи размножаются в искусственно созданных условиях (например, в лаборатории), когда на волю выпускается пусть даже большое количество особей, состоящих в очень близком родстве (т.е. потомки одних и тех же родителей). В дальнейшем в таких группах, несущих и без того лишь малую частичку популяционного генофонда, может начаться «эпидемия уродств» из-за выщепления в гомозиготных фенотипах рецессивных мутаций.

К сожалению, для изучения популяционных генофондов необходимо изъятие и умерщвление части особей (взятие пробы для биохимического анализа без ущерба для животного возможно только для крупных объектов либо при анализе ДНК с помощью

ПЦР-анализа). В этой связи встает очень важная проблема сохранения образцов тканей каждого экземпляра как для текущего анализа, так и для анализа в будущем, быть может, с применением более совершенных методик. Особенно это важно для популяций, находящихся в угнетенном состоянии. В этом случае необходимо создавать коллекцию криобразцов тканей животных редких и исчезающих видов для изучения генетической структуры их популяций. Подобного рода коллекция, с использованием низкотемпературных морозильников была создана нами на базе зоологического музея Белгородского государственного университета.

Конечно, нереально оценить жизнеспособность сотен и тысяч видов, входящих в охраняемые экосистемы. Приходится останавливаться на некотором ограниченном количестве «индикаторных» или ключевых видов. В качестве претендентов на роль таких могут выступать, например, виды-эдификаторы, создающие условия для жизни других видов, или хищники и паразиты, регулирующие численность своих жертв, а также редкие и исчезающие виды. Кроме того, для анализа на жизнеспособность можно использовать стенобионтные виды, чутко реагирующие изменением своих популяционных параметров в ответ на изменения, происходящие в экосистемах. Таковыми, в частности, являются наземные брюхоногие моллюски. В этом случае задача сводится к выяснению вопроса, в какой степени геоморфологические, геоботанические и климатические условия лесостепного ландшафта определяют популяционную структуру сравнительно малоподвижных видов животных, связанных своей биологией с определенными растительными комплексами и почвами.

В качестве претендентов для выполнения указанных задач нами предложены виды беспозвоночных животных, занесенные в Красную книгу МСОП и Красную книгу Российской Федерации (ККРФ). Кроме того, в число объектов включены виды, занесенные в региональные красные книги (РКК), еще не отнесенные к числу особо редких, но строго приуроченные к типам сообществ или специфичным местам обитания, распространность которых в лесостепной зоне Русской равнины устойчиво сокращается (данные за последние 50 лет). Список приведен ниже.

Тип Arthropoda – членистоногие; класс Arachnoidea – паукообразные: *Eresus niger* (РКК), класс Insecta – насекомые: *Lucanus cervus* – жук-олень (ККРФ), *Aeschna viridis* – коромысло зеленое (МСОП), *Saga pedo* – дыбка степная (МСОП), *Xylocopa valga* – пчела-плотник (ККРФ), *Poecilimon scythicus* – пилохвост скифский (РКК); *Celes variabilis* – кобылка изменчивая (РКК); *Papilio machaon* – махаон (ККРФ), *Deutoleon lineatus* – муравьиный лев линейчатый (РКК). Тип Mollusca – моллюски; класс Gastropoda – брюхоногие: *Cochlicopa nitens* – кохликопа блестящая (МСОП), *Helicopsis striata* – хеликопсис полосатый (РКК); *Serapea vindobonensis* – цепея австрийская (РКК), *Helix pomatia* – улитка виноградная (РКК). Кроме того, нами продолжены работы по анализу структуры расселения видов, выбранных ранее в качестве моделей популяционных процессов, – это наземные брюхоногие моллюски *Chondrula tridens* – хондрула трехзубая и *Bradybaena fruticum* – улитка кустарниковая.

Такого рода исследования, проводимые совместно с комплексным изучением уникальнейших особенностей лесостепного ландшафта, его зональных, интразональных и экстразональных компонентов, а также эндемичных и реликтовых сообществ, послужат основой для прогноза судьбы естественно сложившихся экосистем и позволят дать аргументированную оценку их биоценотической составляющей для планомерного расширения сети заповедных территорий.

Список литературы

1. Алтухов Ю.П. Внутривидовое генетическое разнообразие: мониторинг и принципы сохранения // Генетика. – 1995. – Т. 31, № 10. – С. 1333-1357.
2. Вейр Б. Анализ генетических данных. – М.: Мир, 1995. – 400 с.
3. Жизнеспособность популяций: природоохранные аспекты. – М.: Мир, 1989. – 224 с.

4. Левонтин Р. Генетические основы эволюции. – М.: Мир, 1978. – 351 с.
5. Серебровский А.С. Избранные труды по генетике кур. – М.: Наука, 1976. – 404 с.
6. Kimura M., Weiss G.H. The stepping stone model of population structure and the decrease of genetic correlation with distance // Genetics. – 1964. – Vol. 49. – P. 561-576.
7. Wright C.A. Isolation by distance // Genetics. – 1943. – Vol. 28. – P. 114-138.

**ROLE OF THE GENETIC ANALYSIS OF POPULATIONS IN OPTIMIZATION
OF THE NETWORK OF ESPECIALLY PROTECTED TERRITORIES
(STATEMENT OF THE PROBLEM)**

E. A. Snegin

Belgorod State University, Pobedy St., 85, Belgorod, 308015, Russia
E-mail: snegin@bsu.edu.ru

The work is dedicated to problem of the study of the particularities to adaptation and estimations to viability population species animal, residing under threat of the disappearance or shortening its numerosity. The criteria of recognition by vulnerable populations are offered in view of the genetic data. The features of the analysis of joint influence of effective number and concrete forms of natural selection and frequency mutation on a level of supported genetic variability and its character, with simultaneous estimation, for what typical gap of time occur the different processes. The information on methods of the collection and processing of the items of information about influence of spatial structure of populations on maintenance of its genetic variability is given. The recommendations for phased reconstruction population vulnerable species in element of a landscape are resulted with the purpose of optimization of especially protected territories.

Key words: populations, disappearing species, estimation to viability, genetic structure, efficient numerosity, reservation territories.

УДК 595.799:591.5

**ИСПЫТАНИЕ ПРОСТЕЙШИХ ПРИЁМОВ
ПРЕДУПРЕЖДЕНИЯ РОЕНИЯ И БОРЬБЫ С НИМ**

И.Ф. Седин

Белгородский государственный университет, 308015, Белгород, ул. Победы, 85

В работе приводятся данные, полученные в результате проведенных экспериментов по сравнительному испытанию простейших приёмов, предупреждающих роение пчелиных семей. Анализ их показывает, что постанковка в рои вторых корпусов снизу способствует росту и развитию семей, но способствует проявлению инстинкта роения у них. Постанковка вторых корпусов сверху сдерживает рост и развитие семей пчел, но снижает вероятность роения. Использование приёма борьбы с роением, основанного на слёте пчел на маточники, не гарантирует полностью прекращения роения, но снижает число роящихся основных семей на 85%, а отводков от них почти на 50%.

Ключевые слова: предупреждение роения, медоносная пчела.

Введение

Одна из основных задач, стоящих перед пчеловодом, состоит в создании наиболее сильных пчелиных семей к главному взятку и в поддержании лётной активности пчёл в период медосбора. На выполнение этой задачи сильное отрицательное влияние оказывает роение. Семьи, пришедшие в роевое состояние, отличаются пассивностью в работе, теряют при выходе роя большие резервы лётной пчелы, сильно ослабевают и значительно отстают от нероившихся семей по сбору мёда.

Роение как способ размножения пчелиных семей описан ещё в глубокой древности Гомером (IX-VIII вв. до нашей эры), Аристотелем (V век до нашей эры). Позже целый ряд исследователей пытались установить причины роения и предложить различные способы