

О.А. МУДРИК

Донецький ботанічний сад НАН України
пр. Ілліча, 110, м. Донецьк, 83059

СПАДКУВАННЯ ГЕНЕТИЧНОЇ СТРУКТУРИ ПОПУЛЯЦІЇ *PINUS SYLVESTRIS* VAR. *CRETACEA* KALENISZ. EX KOM. ЇЇ НАСІННЄВИМ ПОТОМСТВОМ

O.A. MUDRYK

INHERITANCE OF GENETIC STRUCTURE OF *PINUS SYLVESTRIS* VAR. *CRETACEA* KALENISZ. EX KOM. BY SEED POSTERITY

Donetsk Botanical Garden, N.A.S. of Ukraine
110 Illich av., Donetsk, 83059, Ukraine

Стабільне існування популяцій живих організмів досягається упродовж їх еволюції за рахунок встановлення оптимуму генетичної різноманітності, що забезпечує адаптивну спроможність виду. Дослідження характеру спадкування генетичної структури популяцій у їх наступних поколіннях є необхідною умовою для здійснення прогностичної оцінки стану та відтворення генотипу видів, особливо тих, що знаходяться під загрозою зникнення. В Україні до таких видів належить сосна крейдяна (*Pinus sylvestris* var. *cretacea* Kalenicz. ex Kom.), популяція якої збереглася на крейдяних відслоненнях баєйну р. Сіверський Донець.

Метою роботи було дослідження спадкування генетичної структури насіннєвим потомством середньовікової частини популяції *P. cretacea* у національному природному парку "Святі гори".

Насіння було зібране з 29 дерев сосни крейдяної середнього віку (40-80 років), загальна вибірка зародків насіння, що становлять ембріональний етап онтогенезу рослини й вважаються наступним поколінням популяції, становила 267 одиниць. З'ясування популяційно-генетичних параметрів материнського дерева та його потомства здійснювали методом електрофоретичного аналізу ізоферментів, як генетичні маркери використовували 9 поліморфних локусів 6 ферментних систем (GDH, GOT, ACP, LAP, MDH, SOD). Для цих локусів виявлено 28 алелів, з яких два рідкісних алелі були присутніми в одному локусі лише в зародках, тобто були привнесені до їх генотипів чоловічими гаметами.

Аналіз аельної гетерогенності між материнськими деревами *P. cretacea* та їх потомством не виявив вірогідних різниць. Достовірна генотипічна неоднорідність між рослинами та зародками була встановлена лише за одним локусом, що зумовлено появою у насіннєвому потомстві сосни крейдяної рідкісного гомозиготного генотипу. Зазначимо, що тільки в цьому локусі серед материнських дерев виявили істотне відхилення фактичного розподілу генотипів від очікуваного за Харді-Вайнбергом, що пов'язане з вірогідним надлишком частоти трапляння одного з гомозиготних генотипів. Серед зародків насіння істотні відхилення наявного розподілу генотипів від

очікуваного спостерігали за 8 з 9 досліджуваних локусів, що також зумовлено вірогідною нестачею гетерозиготних генотипів і надлишком гомозигот у потомстві *P. cretacea*.

У найстаршому демографічному елементі популяції хвойних, як правило, присутній невеликий надлишок гетерозигот, що пов'язують з елімінацією гомозиготного, менш адаптованого до умов існування потомства, яке домінує на початкових етапах онтогенезу рослин (Крутовський та ін., 1989). Але у випадку з *P. cretacea* материнські рослини середнього віку мають невелику нестачу гетерозигот, тоді як у зародків вона істотна. Підвищена гомозиготація потомства хвойних є наслідком домінування процесу самозапилення материнських дерев над перехрестним запиленням. Слід зазначити, що для найстаріших дерев *P. cretacea* у цій популяції характерна ще більша, ніж у середньовікових рослин, нестача гетерозигот (Коршиков, Тунда, 2003).

Таким чином, насінневе потомство *P. cretacea* успадковує алельну та генотипічну різноманітність материнських рослин середнього віку, але несприятливий розвиток генетичних процесів, які відбуваються у найстаршій частині популяції завдяки високому рівню самозапилення рослин, також присутній і серед середньовікових дерев, що може негативно вплинути на процеси збереження генетичної різноманітності та відтворення видового генофонду сосни крейдяної.