



Государственный Дарвиновский музей
Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН
Кафедра биологической эволюции МГУ

Материалы конференции
Современные проблемы
биологической эволюции
к 100-летию Государственного Дарвиновского музея

17—20 сентября 2007
Москва

ББК 28.02
С 568

С 568 Современные проблемы биологической эволюции: материалы конференции. К 100-летию Государственного Дарвиновского музея. 17—20 сентября 2007, г. Москва. — М.: Изд-во ГДМ, 2007. — 325 с.

ББК 28.02

Редакторы: Рубцов А.С., Самохина И.Ю.
Корректор: Янова А.С.
Компьютерная вёрстка: Цветков В.Э.
Дизайн обложки: Ольшанский Д.В.

©ГДМ, 2007

Генетическая структура природных популяций редкого реликтового вида *Aristolochia manshuriensis* (Aristolochiaceae)

Наконечная О.В., Корень О.Г., Холина А.Б., Журавлев Ю.Н.

Биолого-почвенный институт ДВО РАН, Владивосток 690022, Россия
e-mail: markelova@biosoil.ru

Кирказон маньчжурский (*Aristolochia manshuriensis* Kom.) — это реликтовая древесная лиана, эндемик Маньчжурского флористического района. *A. manshuriensis* — редкий вид, занесенный в Красную книгу РСФСР. Ареал вида ограничен (Северная Корея, северо-восток Китая, юго-запад Приморского края). Известные местонахождения в пределах Приморья: бассейны рек Нежинка, Ананьевка, Борисовка.

Генетического описания популяций *A. manshuriensis*, также как и популяций других представителей сем. *Aristolochiaceae*, до сих пор не приведено. Ранее нами при использовании аллозимного метода были подобраны маркеры и описаны популяционно-генетические параметры вида *A. manshuriensis* на территории России. Поскольку кирказон маньчжурский произрастает плотными монодоминантными группами (субпопуляциями), каждая из которых сокращается под антропогенным воздействием, важно выявить его популяционно-генетическую структуру для разработки стратегии сохранения его популяций. Цель настоящей работы — описание популяционно-генетической структуры *A. manshuriensis* с использованием аллозимных маркеров.

Были собраны образцы листьев растений в 13 выборках из трех природных популяций. Для электрофоретического анализа использовали пять полиморфных локусов: *Acp-2*, *Gpt*, *Gpi-2*, *Pgm*, *Fe-2*. Изученные выборки *A. manshuriensis* отличаются по частотам встречаемости аллелей. Статистически значимые различия в частотах аллелей между выборками обнаружены во всех популяциях по разным локусам и по виду в целом.

Распределение изменчивости внутри популяций было изучено с помощью F-статистик Райта. Анализ внутрипопуляционной структуры выявил избыток гетерозигот в выборках ($F_{IT} = -0,0277, -0,0842, -0,0620$ в трех популяциях) на фоне небольшого дефицита гетерозигот относительно вида в целом ($F_{ST} = 2,7\%$). Это может быть следствием эффекта Валунда, когда подразделенность популяции на отдельные скрещивающиеся группы эквивалентна наличию инбридинга во всей популяции. Такой подразделенности способствуют сложности при осуществлении перекрестного опыления *A. manshuriensis*, связанные с составом и активностью мух-опылителей (Наконечная и др., 2005). Кроме того, важную роль играет обмен генами между выборками. Рассчитанные для каждой популяции *A. manshuriensis* из показателя F_{ST} величины генного потока (N_{Em}) между выборками составляют 1,82, 4,08 и 6,10 мигранта на поколение в популяциях р. Нежинка, р. Ананьевка и р. Малая Борисовка,

соответственно. Очевидно, что поток генов недостаточно высок, чтобы предотвратить последствия генетического дрейфа, особенно в популяции р. Нежинка.

Снижение интенсивности потока генов между выборками в подразделенной популяции ведет к усилению стохастических процессов, особенно при сокращении эффективного размера популяций. Для кирказона маньчжурского сокращение репродуктивных особей, следовательно, и эффективного размера популяций наблюдается в последние годы в связи с увеличением антропогенных нагрузок. Возможное влияние дрейфа генов, связанное с недавним сокращением численности, на структуру популяций *A. manshuriensis*, было изучено с помощью программы «Bottleneck». Два из трех тестов, а также качественный показатель, отразили смещение от состояния равновесия в популяциях р. Нежинка и р. Ананьевка, действие антропогенного фактора в которых наиболее сильно, демонстрируя генетические последствия сокращения численности. Только в популяции р. Малая Борисовка обмен генами способен, видимо, предотвратить неблагоприятные последствия генетического дрейфа.

Степень дифференциации популяций кирказона маньчжурского была изучена с помощью анализа показателей дистанции Неи D_N (1978). При анализе генетической близости выборок оказалось, что наиболее близки между собой выборки из популяции р. М. Борисовка (0,0089), тогда как выборки двух других популяций характеризуются более высокими значениями D_N (0,0200 для Нежинки и 0,0176 для Ананьевки). Низкая дифференциация самих популяций и генетическая близость некоторых выборок из разных популяций показывает общность генофонда во всех популяциях и их относительно недавнее разделение.

Таким образом, реликтовые популяции *A. manshuriensis* характеризуются невысоким уровнем генетического разнообразия в пределах ареала вида на территории России. Популяционно-генетический анализ выявил выраженную субпопуляционную структуру вида. Анализ генетических взаимоотношений выборок позволяет предположить, что основной вклад в формирование популяционно-генетической структуры вида вносит генетический дрейф, связанный с сокращением репродуктивного и эффективного размера популяций, в том числе обусловленный интенсивным антропогенным воздействием. С одной стороны, система субпопуляций, связанных потоком генов, позволяет виду оставаться генетически более устойчивым в последовательных поколениях, чем неструктурированная популяция, что особенно важно для выживания редкого вида. С другой стороны, при наличии подобной структуры исчезновение даже одной субпопуляции может драматически сказаться на генетическом разнообразии и выживаемости всей популяции. В подразделенных популяциях, которыми представлен *A. manshuriensis*, действуют разрозненные микроэволюционные процессы: усиливается влияние инбридинга и дрейфа генов, эффективно противостоять их неблагоприятным последствиям может только достаточно интенсивный поток

генов, который наблюдается только в популяции р. Малой Борисовки. В двух других популяциях выборки чётче подразделены, наблюдаемая «пятнистая» структура популяций более выражена, а поток генов между «пятнами» все более ослабевает.

Биаллельный полиморфизм M129V-гена прионового белка человека PRNP

Чубукова О.В., Никоноров Ю.М., Мустафина О.Е., Чемерис А.В.

Институт биохимии и генетики УНЦ РАН, Уфа 450054, Россия
e-mail: nikonorov@anrb.ru

Прионы представляют собой беспрецедентный класс инфекционных агентов, не содержащих нуклеиновых кислот и состоящих только из измененных белковых молекул хозяина. Доказано, что патогенные прионы, способные к трансмиссии, являются мутантными изоформами клеточных белков. К настоящему времени установлено более 25 различных мутаций гена PrP человека, связанных с прионовыми болезнями, наиболее известными из которых являются болезнь Крейтцфельда-Якоба (БКЯ), синдром Хертсмана-Штройсслера и синдром «фатальной семейной бессонницы» (Pruisiner, 1998).

Протеин-прион (PrP^{Sc}) представляет собой сиалогликопротеид с молекулярной массой 33–35 kDa, кодируемый единственным геном протяженностью около 16 т.п.н., состоящий из двух экзонов и расположенный у человека в дистальном участке короткого плеча 20-й хромосомы (Lee et al., 1998). PrP^{Sc} входит в состав наружных клеточных мембран, связан с внешней поверхностью клеток якорем гликолипида и участвует в эндоцитозе и катаболизме клеток. Наиболее высокая концентрация PrP^{Sc} выявлена в нейронах, но его могут синтезировать и другие клетки организма. Роль клеточного белка PrP^C в организме здоровых индивидуумов в полной мере не установлена, однако известно, что он необходим для осуществления нормальной синаптической функции. Предполагается, что прионовый белок принимает участие в межклеточном узнавании и клеточной активации, а поскольку прионовые болезни сходны по своим характеристикам с геронтологическими, то возможной его функцией является подавление возрастных процессов.

Прионизация клеточного белка (PrP^C), или превращение в инфекционную форму (PrP^{Sc}), сопровождается изменением характера укладки его полипептидной цепи. Наиболее примечательным является увеличение представленности β -слоев и уменьшение количества α -спиралей. Сходные явления наблюдаются и при неинфекционных процессах амилоидоза, сопровождающего такие заболевания, как паркинсонизм, болезнь Альцгеймера, хорея Хантингтона. Первичная структура белка в большой степени определяет скорость его прионизации, поэтому наличие полиморфизма в некоторых