

Московский Государственный Университет им. М.В. Ломоносова  
Биологический факультет

# Динамика генофондов популяций при антропогенных воздействиях

Студент II курса кафедры Генетики  
Фрейдин Григорий

# Задача мониторинга генофондов и теоретические подходы к ее решению

Задача генетического мониторинга - долговременное слежение за состоянием популяционных генофондов, оценка и прогнозирование их динамики во времени и в пространстве, определение пределов допустимых изменений.

Из теоретической популяционной генетики известны основных четыре процесса, порознь или во взаимодействии друг с другом определяющие эволюцию популяций, вызывая различные их состояния: 1) случайный генетический дрейф; 2) миграция генов; 3) мутации генов; 4) естественный отбор.

Случайный генетический дрейф - стохастические изменения частот генов в последовательных поколениях в силу ограниченной численности любой реальной популяции. Особенно важно то, что генетически эффективная численность ( $N_e$ ) практически всегда и существенно ниже ее общей ( $N_t$ ) и репродуктивной ( $N_r$ ) численности (Алтухов, 2003).

Последствия дрейфа - убыль гетерозиготности и, как результат, - инбридинг ( $F$ ), нара-

стающий в поколениях в пропорции  $(1/2N_e)^t$ , где  $t$  - число поколений, прошедшее с момента времени  $t_0$ , когда гетерозиготность оценивалась величиной  $H_0$ :  $F_t = 1 - (1 - 1/2N_e)^t$ . Соответственно  $H_t = H_0(1 - 1/2N_e)^t$ .

Дрейф генов уравнивается миграциями, такое равновесие для островной модели подразделенной популяции оценивается величиной структурного инбридинга субпопуляции  $S$  относительно всей подразделенной популяции  $T$ , так что  $F_{ST} = 1/(4 N_e m + 1)$

Этот коэффициент локальной генетической дифференциации, ожидаемой в условиях стационарного селективно-нейтрального процесса, можно обозначить как  $F_e$  и сравнить с фактически наблюдаемой стандартизованной генетической дисперсией ( $F_0$ ), оцениваемой из частот аллелей как отдельных полиморфных локусов, так и их совокупностей.

$$\bar{F}_0 = 1/k \sum F_i = 1/k \sum \sigma_p^2 / \bar{p}_i(1 - \bar{p}_i),$$

где  $k$  - число локусов,  $p_i$  и  $(1 - p_i)$  - соответствующие средние аллельные частоты в тотальной подразделенной популяции, состоящей из  $n$  субпопуляций, а  $\sigma_p^2 = 1/n \sum (p_i - p)^2$  - дисперсия Валунда.

Если локус селективно-нейтрален, то  $F_0 \approx F_e$ . Если имеет место балансирующий отбор, то  $F_0 < F_e$ , а при дизруптивном или разнонаправленном локальном отборе  $F_0 > F_e$ . Как показано для популяций человека, протекающий в них генетический процесс, оцениваемый в среднем по совокупности независимых

полиморфных локусов, действительно соответствует селективно-нейтральному, так что  $F_0 \approx F_e$ .

$$G_{ST} = (H_T - \bar{H}_S) / H_T.$$

Здесь

$$H_T = 1 - \sum \bar{p}_i^2; \quad \bar{H}_S = 1/n \sum H_S;$$

$$H_S = 1 - \sum p_{is}^2.$$

Где  $p_{is}$  - частота  $i$ -го аллеля в субпопуляции  $S$ ,  $p_i$  - средняя частота аллеля во всей подразделенной популяции, состоящей из  $n$  субпопуляций. Таким образом,  $H_S$  есть средняя гетерозиготность субпопуляции, а  $H_T$  - гетерозиготность всей подразделенной популяции как если бы она представляла единое панмиктическое сообщество.

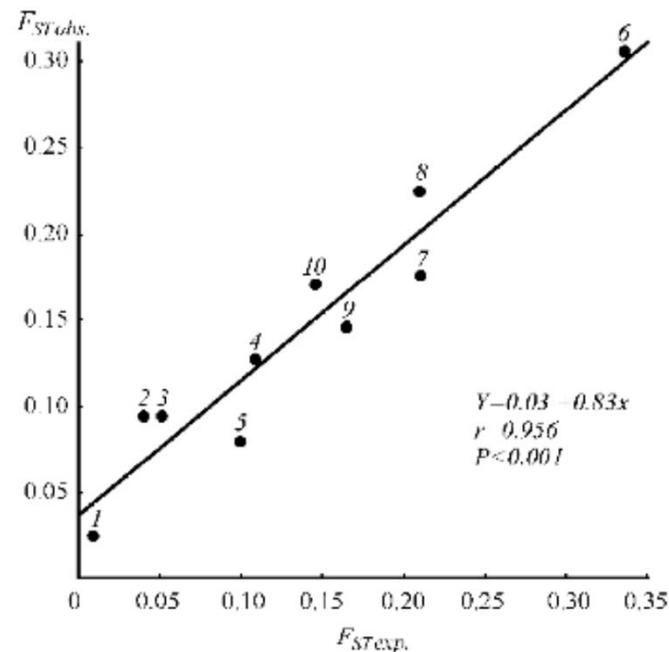
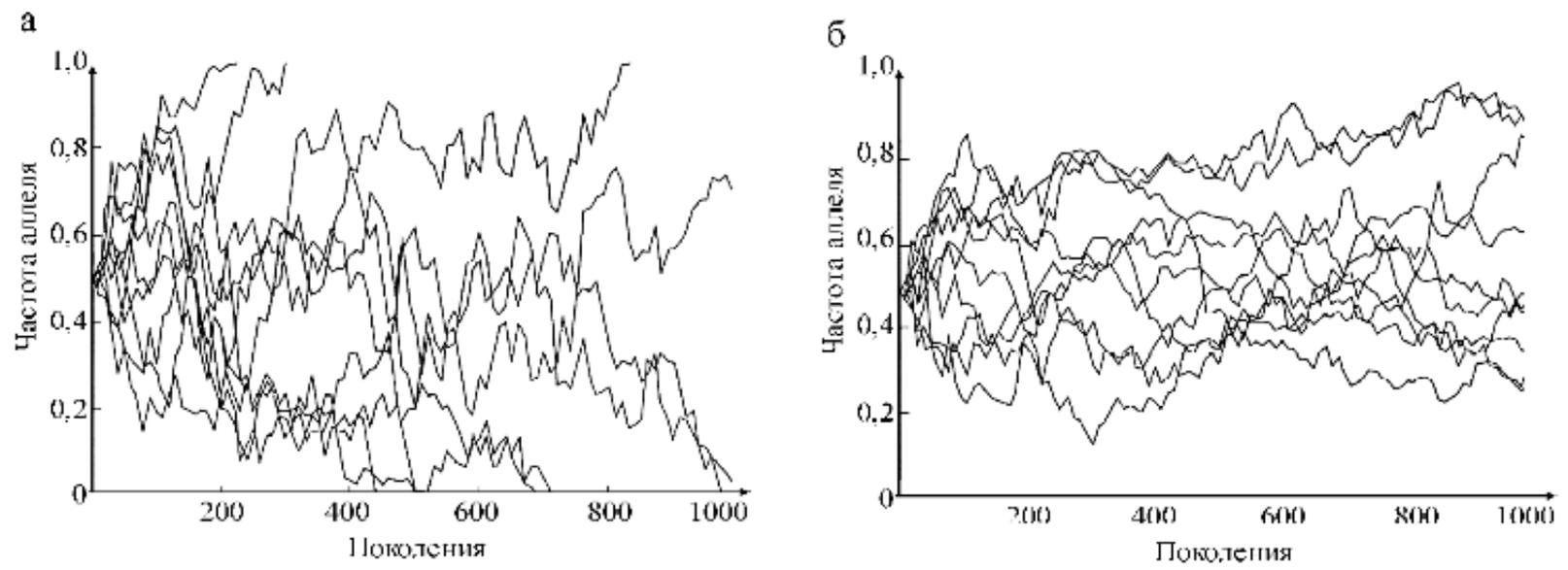


Рис. 1. Соотношение наблюдаемого ( $F_{ST\obs}$ ) и ожидаемого ( $F_{ST\exp}$ ) уровней пространственной генетической дифференциации у различных видов.

1 – горбуша, *Oncorhynchus gorbuscha*; 2 – нерка, *O. nerka*; 3 – чавыча *O. tshawytscha*; 4 – семга, *Salmo salar*; 5 – *Homo sapiens*, сибирский изолят; 6 – суслик, *Thomomys bottae*; 7 – мышь *Mus musculus*; 8 – обезьяна, *Alouatta seniculus*; 10 – морская черепаха, *Chelonia mydas* (По: Алтухов, 2003).

# Динамика генофондов популяционных систем, самовоспроизводящихся в условиях нормально колеблющейся природной среды

Рис. 2. Динамика частоты гена в поколениях 10 панмиктических (а) и 10 подразделенных (б) модельных популяций численностью 500 гаплоидных особей каждая. Подразделенная популяция соответствует известной кольцевой циркулярной модели со ступенчатой структурой генных миграций (М. Кимура). Структура циркулярной модели: число субпопуляций  $k = 25$ , эффективная численность субпопуляции  $N = 20$ , коэффициент миграции генов  $m = 0,03$  (По: Алтухов, 2003).



"Время жизни" (в поколениях) панмиктических и подразделенных популяций, тождественных в отношении численности, до момента утраты 95–99 % исходной гетерозиготности

Индивидуальная численность ( $N_i$ )	Количество субпопуляций ( $k$ )	Подразделенность с коэффициентом генных миграций						Панмиксия
		0,0005	0,001	0,005	0,010	0,030	0,000	
10	10	33/1119	40/1997	440/957	440/957	364/628	20/44	299/459
20	25	81/4977	314/8251	1731/5341	1772/3801	1437/2464	59/90	1497/2301

# Динамика генофондов, испытывающих антропогенные воздействия

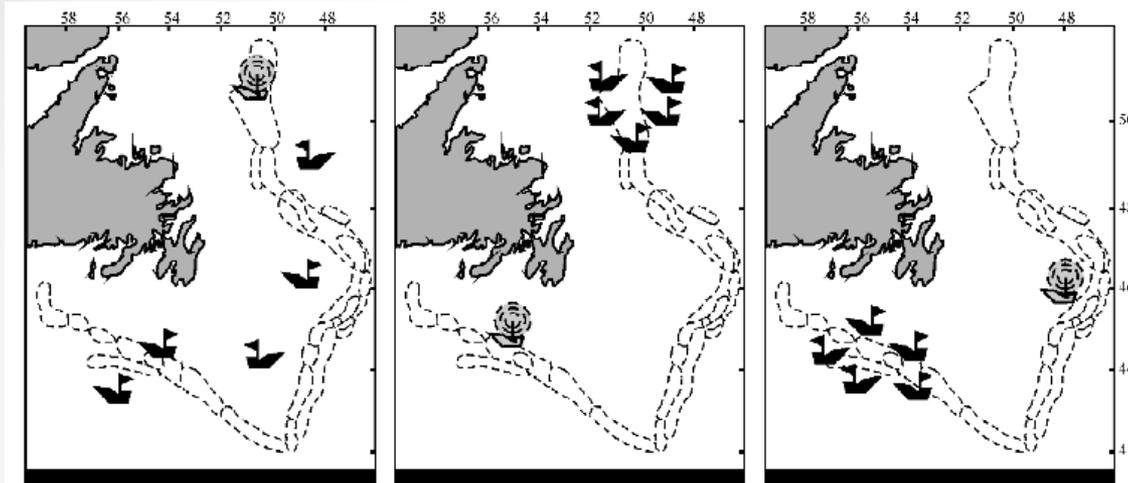


Рис. 3. Примерная схема промысла морского окуня на Ньюфаундлендских банках. Флотилия траулеров перемещается по ареалу в районы максимальных концентраций рыб, обнаруживаемых поисковым судном. Это приводит к неравномерному облову стада, субпопуляционная структура которого околтурена прерывистой линией (По: Алтухов, 1989).

## Генетическое разнообразие природных и искусственно поддерживаемых популяций лососей (по: Алтухов, 1995)

Вид, регион	Природные			Искусственно поддерживаемые			Источник
	$H_T$	$H_S$	$G_{ST}$	$H_T$	$H_S$	$G_{ST}$	
<i>Salmo salar</i> Западная и Восточная Атлантика	0,041	0,038	0,064 (29 популяций)	0,037	0,030	0,196 (24 популяции)	Stahl, 1987
<i>Salmo trutta</i> Испания	0,069	0,027	0,610 (4 популяции)	0,092	0,083	0,028 (4 популяции)	Garcia-Marin et al., 1991
Франция	0,111	0,050	0,550 (8 популяций)	0,077	0,072	0,063 (7 популяций)	Kreig, Guyomard, 1985

# Заключение

Антропогенное давление испытывает биосфера в целом, но только популяции - исторически сложившиеся, самовоспроизводящиеся внутривидовые группировки особей - являются объектом непосредственных внешних воздействий. Важнейшее условие стабильности любой экосистемы то же самое, что и популяционной системы отдельного вида, - саморегуляция через взаимодействие относительно независимых структурных компонентов.

Если мы хотим достигнуть концепции устойчивого развития, то взаимодействие человека с природой должно строиться таким образом, чтобы не разрушалась системная организация популяций, а внутри- и межпопуляционное генное разнообразие удерживалось на оптимальном уровне. Такой подход предполагает: 1) сохранение генетического разнообразия еще уцелевших популяционных систем в процессе их промысла и искусственного воспроизводства (неистощительное природопользование); 2) восстановление тех систем, чья структура уже нарушена; 3) создание новых систем популяций в тех регионах, где существуют необходимые естественноисторические и экономические условия.

# Спасибо за внимание!

## Литература

- Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: Наука, 1983. 280 с.
- Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: Наука, 1989. 328 с.
- Алтухов Ю.П. Генетические процессы в популяциях. М.: ИКЦ "Академкнига", 2003. 431 с.