

ISSN 1561-8323 (Print)  
ISSN 2524-2431 (Online)

УДК 575.13:575.17:630\*165  
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-1-87-95>

Поступило в редакцию 25.01.2021  
Received 25.01.2021

Член-корреспондент В. Е. Падутов, Д. И. Каган, С. И. Ивановская,  
О. Ю. Баранов, О. А. Разумова

*Институт леса Национальной академии наук Беларуси, Гомель, Республика Беларусь*

## ТЕРРИТОРИАЛЬНОЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЕ АЛЛЕЛЕЙ SSR-ЛОКУСОВ ХЛОРОПЛАСТНОЙ ДНК СОСНЫ ОБЫКНОВЕННОЙ (*PINUS SYLVESTRIS* L.) В БЕЛАРУСИ

**Аннотация.** Сосна обыкновенная (*Pinus sylvestris* L.) является одним из основных лесообразующих видов Беларуси, древостой которой занимают 49,2 % лесопокрытой площади страны. Целью исследования являлось выявление на основе изучения территориального распределения аллелей микросателлитных (SSR) локусов хлоропластной ДНК особенностей генетической структуры и географической дифференциации популяций *P. sylvestris* в Беларуси. Проведен молекулярно-генетический анализ шести SSR-локусов хлДНК сосны обыкновенной в 73 древостоях естественного происхождения. Выявлено 35 аллельных вариантов локусов PCP1289, PCP4507, PCP83314, PCP71987, PCP26106, PCP30277. Анализ географического распространения аллельных вариантов показал, что по доминирующим вариантам популяционная структура сосновой формации достаточно однородна. Определенные региональные отличия в ряде случаев обнаружены по менее встречающимся, но также широко распространенным вариантам. Одна группа аллелей характеризуется увеличением или уменьшением частоты встречаемости в направлении с юго-запада на северо-восток. Другая группа включает аллельные варианты, долевое участие которых максимально в зоне, охватывающей Гродненскую область, юго-западную часть Минской области и Гомельскую область, в то время как юго-западнее или северо-восточнее от этой зоны отмечается снижение их частоты встречаемости или отсутствие. Ряд аллелей встречался только в одном из проанализированных древостоев или же на ограниченной территории, что может свидетельствовать об их местном происхождении в результате спонтанных мутаций. Полученные результаты важны как с общебиологической точки зрения при изучении эволюции и процессов формирования генетической структуры *P. sylvestris* в Беларуси, так и с практической, поскольку позволяют совершенствовать лесосеменное районирование вида.

**Ключевые слова:** сосна обыкновенная, *Pinus sylvestris*, *Pinetum*, SSR-локус, микросателлитный анализ, хлоропластная ДНК

**Для цитирования.** Территориальное распределение аллелей SSR-локусов хлоропластной ДНК сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.) в Беларуси / В. Е. Падутов [и др.] // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2021. – Т. 65, № 1. – С. 87–95. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-1-87-95>

Corresponding Member Vladimir E. Padutov, Dmitry I. Kagan, Svetlana I. Ivanovskaya,  
Oleg Yu. Baranov, Olga A. Razumova

*Institute of Forest of the National Academy of Sciences of Belarus, Gomel, Republic of Belarus*

## TERRITORIAL DISTRIBUTION ALLELES OF SSR-LOCI OF CHLOROPLAST DNA OF SCOTS PINE (*PINUS SYLVESTRIS* L.) IN BELARUS

**Abstract.** Scotch pine (*Pinus sylvestris* L.) is one of the main forest forming species in Belarus, which cover 49.2 % of the country's forested area. The aim of the study was to investigate spatial distribution of microsatellite (SSR) alleles (chloroplast DNA) and identify the features of the genetic structure and geogeographic differentiation of *P. sylvestris* populations in Belarus. Molecular genetic analysis of six SSR loci of Scotch pine cpDNA in samples from 73 naturally originated stands was carried out. 35 allelic variants of loci PCP1289, PCP4507, PCP83314, PCP71987, PCP26106, PCP30277 were identified. The analysis of the geographic distribution of the dominant allelic variants showed that the population structure of the pine forest is rather homogeneous. Certain regional differences in a number of cases were found for less common, but also widespread variants. One group of alleles is characterized by an increase or decrease in the frequency of occurrence in the direction from the southwest to the northeast. Another group includes allelic variants which share is maximal in the zone covering the Grodno region, the southwestern part of the Minsk region and the Gomel region, while to southwest and to northeast from this zone their frequency of occurrence decreases or is absent. A number of alleles were found only in one of the analyzed stands or in a limited area, which may indicate their local origin as a result of spontaneous mutations. The obtained results are important both from a general biological point of view in studying the evolution and formation of the genetic structure of *P. sylvestris* in Belarus, and from a practical point of view, since they allow to improve the forest seed zoning of the species.

**Keywords:** Scots pine, *Pinus sylvestris*, *Pinetum*, SSR-locus, microsatellite analysis, chloroplast DNA

**For citation.** Padutov V. E., Kagan D. I., Ivanovskaya S. I., Baranov O. Yu., Razumova O. A. Territorial distribution alleles of SSR-loci of chloroplast DNA of scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Belarus. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2021, vol. 65, no. 1, pp. 87–95 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2021-65-1-87-95>

**Введение.** Современный состав растительности в Беларуси сформировался относительно недавно, лишь в голоцене, при этом палеоботанические данные свидетельствуют о том, что трансформация флоры на протяжении плейстоцена проходила неоднократно [1–4]. В периоды потеплений широколиственные и темнохвойные виды деревьев-эдификаторов, а также сопутствующие растения распространялись из рефугиумов на остальные территории, поэтому структуру живого покрова этого периода можно назвать мозаично-пульсирующей [5].

Современная популяционная структура является, в определенной степени, отражением истории вида, включая и миграционные волны. Поэтому в отношении любого растительного вида, особенно распространенного повсеместно, закономерно встает вопрос о том, насколько однородна его популяционная структура на определенных территориях или же существуют региональные особенности. В настоящее время для ответа на подобные вопросы широко используются методы анализа ДНК (как ядерной, так и цитоплазматической), которые позволяют решать различные проблемы геогеографии, филогеографии и филогении [6–13]. Геогеографические исследования дают возможность изучать генетические характеристики популяций из разных районов, выявлять степень их генетического родства и проводить оценку региональных особенностей видового генофонда.

Особый интерес в этом плане вызывают лесообразующие древесные растения, которые являются видами-доминантами лесных экосистем. К ним относится сосна обыкновенная (*Pinus sylvestris* L.), древостой которой занимают 49,2 % лесопокрытой площади Республики Беларусь. Независимо от наличия или отсутствия региональных различий, полученные результаты важны не только с общебиологической точки зрения (особенно, если возможно вычленить вклады отцовского и материнского пулов в эволюцию и современное становление популяций), но и с практической, поскольку позволяют совершенствовать лесосеменное районирование вида и, соответственно, повышать эффективность лесовосстановления, продуктивность, качество и адаптивную способность вновь создаваемых насаждений.

Цель исследования – выявление на основе изучения территориального распределения аллелей микросателлитных (SSR) локусов хлоропластной ДНК, передающейся у хвойных по наследству по отцовской линии, особенностей генетической структуры и геогеографической дифференциации популяций сосны обыкновенной в Беларуси.

**Материалы и методы исследования.** Объектами исследования являлись 73 древостоя естественного происхождения сосны обыкновенной Беларуси в возрасте от 40 лет и старше, в том числе на территории Брестской области – 12 сосняков, Витебской – 14, Гомельской – 15, Гродненской – 9, Минской – 15, Могилевской – 8. Всего проанализировано 636 деревьев *P. sylvestris*, произрастающих в насаждениях на расстоянии 20–25 м друг от друга. Экспериментальным материалом для выделения ДНК являлись хвоя или почки без признаков повреждения. В случае невозможности сбора хвои или почек отбирали образцы наружного слоя древесины (до 7 мм) путем сверления шнековым сверлом ( $d = 10$  мм) при скорости вращения ротора не более 300–350 об/мин. Отобранный материал ( $\approx 100$  мг) помещали в микропробирки с 70 %-ным этанолом. Выделение ДНК из растительных тканей основывалось на принципах, описанных в [14]. Полученные препараты ДНК растворяли в 100 мкл бидистиллированной воды для последующего хранения при  $-4$  °C.

Полимеразную цепную реакцию [15] проводили по следующей программе: длительная денатурация – 3 мин, 94 °C; 30 циклов – денатурация 15 с, 94 °C, отжиг 15 с, 60 °C, элонгация 30 с, 72 °C; длительная элонгация – 5 мин, 72 °C. Для генетического анализа хлоропластной ДНК сосны обыкновенной использовали следующие праймеры: PCP1289 (F: 5'-TCCTGGTTCCAGAAATGGAG-3', R: 5'-TAATTTGGTTCCAGAATTGCG-3'), PCP4507 (F: 5'-AATCCGACAAAAAAGATTCCGG-3',

R: 5'-GCTCCATTTTCACGTGGTTG-3'), PCP83314 (F: 5'-TGTTGATGTCGTAGCGGAAG-3', R: 5'-ATGAAATGAATCACTTCCCCC-3'), PCP71987 (F: 5'-ACTGGTCTGATCGACCCAAT-3', R: 5'-TTCTACACTTGCGGAAACCC-3'), PCP26106 (F: 5'-ACGTTGGACCAGAGCAGG-3', R: 5'-CGAATTTTTTTCGAAGAAGACTAGCG-3'), PCP30277 (F: 5'-TCCAGGATAGCCCAGCTG-3', R: 5'-TATATCCCCCGTACTTGGACC-3').

Электрофоретическое фракционирование и детекцию меченых продуктов амплификации проводили в генетических анализаторах ABI Prism 310 или ABI 3500 (Applied Biosystems) в соответствии с прилагаемой инструкцией. Анализ полученных результатов проводился на основании использования программного пакета GeneMapper 4.0 (Applied Biosystems).

Математическая обработка данных проведена с использованием пакета программ GenAlEx 6.5 и Microsoft Excel.

**Результаты и их обсуждение.** В ходе анализа шести микросателлитных локусов хлоропластной ДНК *P. sylvestris* всего было выявлено 35 аллелей: локус PCP1289 – пять (104 нуклеотидных основания (н. о.), 105, 106 (доминирующий), 107, 108 н. о.); PCP4507 – пять (113, 114 (доминирующий), 115, 116, 117 н. о.); PCP83314 – семь (149, 150, 151, 152, 153 (доминирующий), 154, 155 н. о.); PCP71987 – семь (110, 111, 112, 113 (доминирующий), 114, 115, 116 н. о.); PCP26106 – семь (131, 134, 135, 136 (доминирующий), 137, 138, 139 н. о.); PCP30277 – четыре (149, 150, 151 (доминирующий), 152 н. о.). Для каждого локуса были рассчитаны частоты встречаемости выявленных аллелей (таблица).

Практически все аллели по всем локусам встречались в двух и более проанализированных насаждениях сосны обыкновенной. В то же время некоторые аллели являлись уникальными и могли встречаться на территории одного административного района (PCP1289<sup>104</sup> – Каменецкий район Брестской области, PCP1289<sup>108</sup> – Оршанский район Витебской области, PCP71987<sup>110</sup> – Климовичский район и PCP71987<sup>116</sup> – Бельничский район Могилевской области, PCP26106<sup>131</sup> – Борисовский район Минской области, PCP26106<sup>139</sup> – Ивьевский район Гродненской области).

Наибольшее количество аллельных вариантов (по 27 ед.) выявлено в центральной и юго-восточной частях Беларуси (Минская, Гомельская и Могилевская области), на севере страны (Витебская область) – 25 аллелей, а на западе (Брестская и Гродненская области) – по 24. Необходимо отметить, что даже в случае доминирующих в целом по Беларуси аллелей в отдельных древостоях они могут иметь меньшую частоту встречаемости, чем альтернативные аллели: например, вариант PCP30277<sup>151</sup> в одной популяции может иметь частоту 0,200, а в другой – 1,000, PCP83314<sup>153</sup> варьирует от 0,250 до 1,000 и т. д. Сравнительный анализ частот встречаемости аллелей SSR-локусов хлоропластной ДНК *P. sylvestris* на территории отдельных областей и по Беларуси в целом выявил сходные их значения. Наибольшие отклонения в основном не превышали 15 %. Так, отмечается некоторое повышение частот встречаемости на 9–13 % от среднего по стране аллельных вариантов PCP83314<sup>153</sup> в Могилевской области, PCP71987<sup>114</sup> и PCP26106<sup>135</sup> – в Брестской, PCP26106<sup>138</sup> – Гродненской. На территории Гомельской области частота встречаемости аллельного варианта PCP83314<sup>153</sup> на 12 % ниже, чем в среднем по Беларуси. Аналогичная ситуация наблюдается с аллелем PCP26106<sup>136</sup> в сосновых лесах Гродненской области. Полученные результаты вполне ожидаемы, поскольку на территории Беларуси отсутствуют существенные географические преграды для успешного распространения пыльцы и семян сосны обыкновенной, а сосновые леса повсеместно представлены на территории всей страны.

Таким образом, по доминирующим аллелям существенных различий выявлено не было. Определенные региональные отличия в ряде случаев обнаружены по менее встречающимся, но также широко распространенным вариантам.

По локусу PCP1289 (рис. 1, а) наиболее часто встречающиеся аллели (PCP1289<sup>105</sup>, PCP1289<sup>106</sup> и PCP1289<sup>107</sup>) достаточно равномерно распределены по всей изученной территории, хотя можно выделить зону, пересекающую Беларусь по диагонали – от Гродненской до Гомельской областей, включая северо-восток Брестской области, и юго-запад Минской и Могилевской областей, где наблюдается некоторое снижение частоты встречаемости вариантов PCP1289<sup>105</sup> и PCP1289<sup>107</sup>, при повышении частоты PCP1289<sup>106</sup>, вплоть до 100 % присутствия в ряде популяций. Что касается

Распределение аллелей SSR-локусов хлоропластной ДНК *P. sylvestris* L. на территории БеларусиDistribution alleles of SSR-loci of chloroplast DNA of *P. sylvestris* L. in Belarus

Локус, аллель Locus, allele	Область Region						Среднее по Беларуси Average for Belarus
	Брестская Brest	Витебская Vitebsk	Гомельская Gomel	Гродненская Grodno	Минская Minsk	Могилевская Mogilev	
PCP1289							
104	0,006	–	–	–	–	–	0,001
105	0,163	0,143	0,114	0,150	0,098	0,137	0,134
106	0,689	0,738	0,786	0,787	0,832	0,757	0,765
107	0,142	0,114	0,100	0,063	0,070	0,106	0,099
108	–	0,005	–	–	–	–	0,001
PCP4507							
113	0,050	0,044	0,051	0,092	0,025	0,017	0,046
114	0,840	0,744	0,835	0,712	0,807	0,895	0,805
115	0,096	0,201	0,089	0,175	0,143	0,097	0,133
116	0,014	0,011	0,017	0,021	0,017	–	0,013
117	–	–	0,008	–	0,008	–	0,003
PCP83314							
149	–	0,010	0,007	–	0,008	–	0,004
150	–	0,008	–	–	–	0,008	0,003
151	–	–	0,028	0,050	0,033	0,008	0,020
152	0,227	0,116	0,156	0,108	0,156	0,089	0,142
153	0,692	0,765	0,607	0,758	0,702	0,860	0,731
154	0,081	0,101	0,164	0,084	0,101	0,035	0,094
155	–	–	0,038	–	–	–	0,006
PCP71987							
110	–	–	–	–	–	0,009	0,002
111	–	0,006	0,019	–	0,020	0,009	0,009
112	0,070	0,168	0,152	0,129	0,175	0,082	0,129
113	0,479	0,552	0,498	0,600	0,558	0,523	0,535
114	0,373	0,238	0,254	0,208	0,213	0,298	0,264
115	0,078	0,036	0,077	0,063	0,035	0,064	0,059
116	–	–	–	–	–	0,015	0,002
PCP26106							
131	–	–	–	–	0,008	–	0,001
134	0,017	0,058	0,041	0,067	0,071	0,045	0,050
135	0,348	0,272	0,197	0,204	0,322	0,195	0,256
136	0,382	0,425	0,467	0,279	0,364	0,398	0,387
137	0,188	0,245	0,259	0,279	0,162	0,338	0,245
138	0,065	–	0,036	0,150	0,073	0,024	0,058
139	–	–	–	0,021	–	–	0,003
PCP30277							
149	0,012	–	–	–	–	0,018	0,005
150	0,148	0,207	0,157	0,129	0,238	0,166	0,174
151	0,734	0,754	0,806	0,787	0,736	0,774	0,765
152	0,106	0,039	0,037	0,084	0,026	0,042	0,056



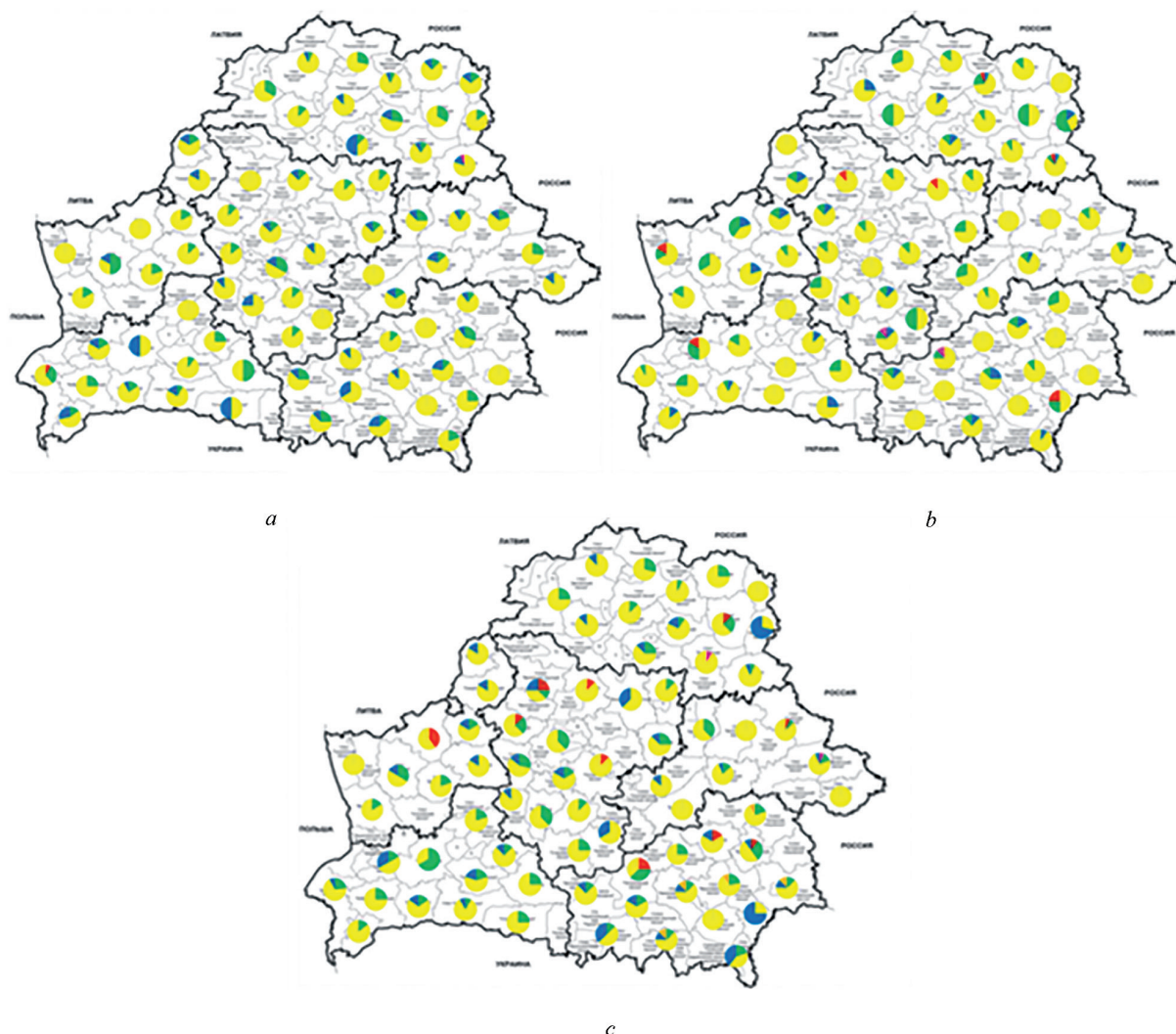


Рис. 1. Распределение аллелей SSR-локусов хлоропластной ДНК *P. sylvestris* L. на территории Беларуси: *a* – PCR1289 (красный – 104 н. о.; зеленый – 105 н. о.; желтый – 106 н. о.; синий – 107 н. о.; фиолетовый – 108 н. о.); *b* – PCR4507 (синий – 113 н. о.; желтый – 114 н. о.; зеленый – 115 н. о.; красный – 116 н. о.; фиолетовый – 117 н. о.); *c* – PCR83314 (бордовый – 149 н. о.; фиолетовый – 150 н. о.; красный – 151 н. о.; зеленый – 152 н. о.; желтый – 153 н. о.; синий – 154 н. о.; оранжевый – 155 н. о.)

Fig. 1. Distribution alleles of SSR-loci of chloroplast DNA of *P. sylvestris* L. in Belarus: *a* – PCR1289 (red – 104 bp; green – 105 bp; yellow – 106 bp; blue – 107 bp; purple – 108 bp); *b* – PCR4507 (blue – 113 bp; yellow – 114 bp; green – 115 bp; red – 116 bp; purple – 117 bp); *c* – PCR83314 (dark red – 149 bp; purple – 150 bp; red – 151 bp; green – 152 bp; yellow – 153 bp; blue – 154 bp; orange – 155 bp)

еще двух аллелей данного локуса, то они, по-видимому, представляют собой местные мутации и встречаются либо на юго-западе (PCR1289<sup>104</sup> – в Брестском районе), либо на северо-востоке (PCR1289<sup>108</sup> – в Оршанском районе) страны.

При анализе распределения вариантов сосны обыкновенной по локусу PCR4507 (рис. 1, *b*) обращает на себя внимание снижение встречаемости PCR4507<sup>113</sup> в Могилевской и Минской областях (этот аллель присутствовал на данной территории только в 20 % популяций с максимальным долевым участием в древостое 1,7 и 2,5 % соответственно), а PCR4507<sup>115</sup> – в Гомельской, Брестской и Могилевской областях (8,9, 9,6 и 9,7 % соответственно).

Особенностью распределения вариантов по локусу PCR83314, как и в случае локуса PCR1289, является наличие по одному из аллельных вариантов (PCR83314<sup>151</sup>) зоны, включающей Гродненскую, Минскую и Гомельскую области (рис. 1, *c*). Наблюдается постепенное снижение

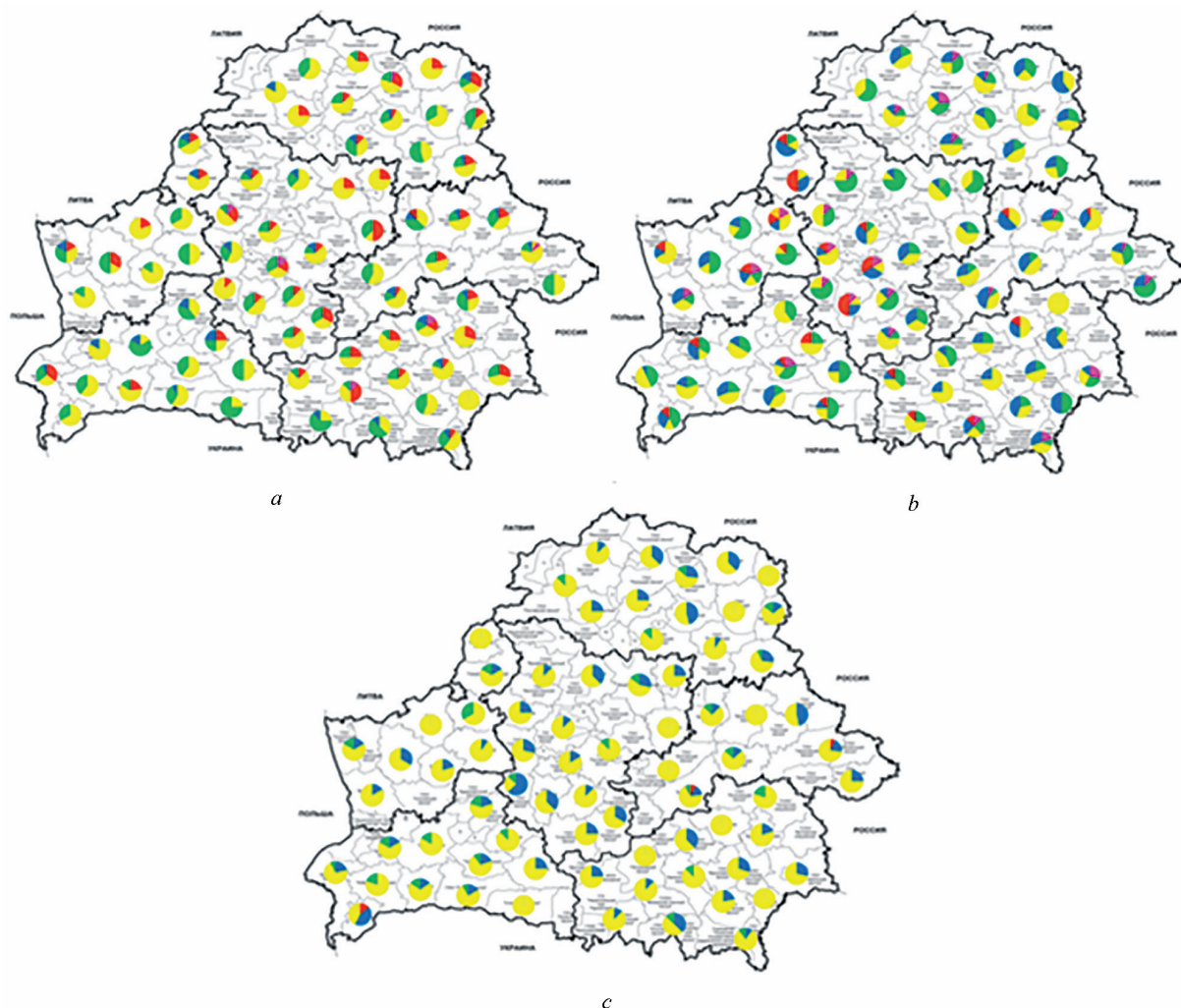


Рис. 2. Распределение аллелей SSR-локусов хлоропластной ДНК *P. sylvestris* L. на территории Беларуси: *a* – PCP71987 (оранжевый – 110 н. о.; фиолетовый – 111 н. о.; красный – 112 н. о.; желтый – 113 н. о.; зеленый – 114 н. о.; синий – 115 н. о.; бордовый – 116 н. о.); *b* – PCP26106 (салатовый – 131 н. о.; фиолетовый – 134 н. о.; зеленый – 135 н. о.; желтый – 136 н. о.; синий – 137 н. о.; красный – 138 н. о.; оранжевый – 139 н. о.); *c* – PCP30277 (красный – 149 н. о.; синий – 150 н. о.; желтый – 151 н. о.; зеленый – 152 н. о.)

Fig. 2. Distribution alleles of SSR-loci of chloroplast DNA of *P. sylvestris* L. in Belarus: *a* – PCP71987 (orange – 110 bp; purple – 111 bp; red – 112 bp; yellow – 113 bp; green – 114 bp; blue – 115 bp; dark red – 116 bp); *b* – PCP26106 (light green – 131 bp; purple – 134 bp; green – 135 bp; yellow – 136 bp; blue – 137 bp; red – 138 bp; orange – 139 bp); *c* – PCP30277 (red – 149 bp; blue – 150 bp; yellow – 151 bp; green – 152 bp)

частоты встречаемости аллеля PCP83314<sup>152</sup> в направлении с юго-запада на северо-восток. Интересной особенностью сосняков Гомельской области является присутствие варианта PCP83314<sup>155</sup> (Гомельский, Ельский, Калинковичский, Речицкий и Рогачевский районы), который больше в составе сосновой формации Беларуси встречен не был. Также в этой области наблюдается некоторое повышение частоты аллеля PCP83314<sup>154</sup>.

По локусу PCP71987 обнаружено увеличение частоты встречаемости варианта PCP71987<sup>112</sup> и снижение долевого участия варианта PCP71987<sup>114</sup> в направлении с юго-запада на северо-восток (рис. 2, *a*). В зоне распространения аллеля ранее рассмотренного локуса (PCP83314<sup>151</sup>) выявлен вариант PCP71987<sup>111</sup> (с частотой встречаемости 0,125–0,167 в зависимости от популяции), хотя он встречается и севернее – с частотой 0,071 в популяции Могилевской области (Климовичский район) и частотой 0,067 в популяции Витебской области (Шумилинский район).

При анализе географического распространения аллельных вариантов локуса RCP26106 выделяется, как и в случае некоторых ранее рассмотренных локусов, зона от Гродненской до Гомельской областей, где обнаружена высокая частота встречаемости RCP26106<sup>134</sup> и RCP26106<sup>138</sup> (рис. 2, *b*). При этом наибольшая концентрация аллелей выявлена в восточной части Гродненской и западной части Минской областей. В данном случае, в отличие от предыдущих, RCP26106<sup>134</sup> за пределами установленной зоны присутствует также в западной части Витебской области, RCP26106<sup>138</sup> – в Брестской области. Также необходимо отметить обнаруженный только на территории Минской области вариант RCP26106<sup>131</sup> (Борисовский район).

Для локуса RCP30277 характерно увеличение частоты встречаемости аллеля RCP30277<sup>150</sup> и уменьшение долевого участия аллеля RCP30277<sup>152</sup> в направлении с юго-запада на северо-восток (рис. 2, *c*). Аллельный вариант RCP30277<sup>149</sup> обнаружен только в трех проанализированных древостоях (Малоритский район Брестской области, Бобруйский и Климовичский районы Могилевской области).

**Заключение.** На основе изучения территориального распределения аллелей микросателлитных (SSR) локусов хлоропластной ДНК выявлены особенности генетической структуры и географической дифференциации популяций *P. sylvestris* в Беларуси. Выявлено 35 аллельных вариантов локусов RCP1289, RCP4507, RCP83314, RCP71987, RCP26106, RCP30277. Наибольшее количество из них (по 27 ед.) выявлено в центральной и юго-восточной частях Беларуси (Минская, Гомельская и Могилевская области), на севере страны (Витебская область) – 25 аллелей, а на западе (Брестская и Гродненская области) – по 24. Анализ географического распространения аллельных вариантов показал, что по доминирующим вариантам популяционная структура сосновой формации достаточно однородна. Определенные региональные отличия в ряде случаев обнаружены по менее встречающимся, но также широко распространенным вариантам. Одна группа аллелей (RCP4507<sup>113</sup>, RCP83314<sup>152</sup>, RCP71987<sup>112</sup>, RCP30277<sup>150</sup>, RCP30277<sup>152</sup>) характеризуется увеличением или уменьшением частоты встречаемости в направлении от юго-запада на северо-восток. Другая группа включает аллельные варианты RCP1289<sup>105</sup>, RCP1289<sup>106</sup>, RCP1289<sup>107</sup>, RCP83314<sup>151</sup>, RCP26106<sup>134</sup>, RCP26106<sup>138</sup>, долевого участия которых максимально в зоне, охватывающей Гродненскую область, юго-западную часть Минской области и Гомельскую область, в то время как юго-западнее или северо-восточнее от этой зоны отмечается снижение их частоты встречаемости или отсутствие. Ряд аллелей встречался только в одном из проанализированных древостоев (RCP1289<sup>104</sup>, RCP1289<sup>108</sup>, RCP71987<sup>110</sup>, RCP71987<sup>116</sup>, RCP26106<sup>131</sup>, RCP26106<sup>139</sup>) или же на ограниченной территории (RCP83314<sup>155</sup>), что может свидетельствовать об их местном происхождении в результате спонтанных мутаций. Полученные результаты важны как с общебиологической точки зрения при изучении эволюции и процессов формирования генетической структуры *P. sylvestris* в Беларуси, так и с практической, поскольку позволяют совершенствовать лесосеменное районирование вида и, соответственно, повышать эффективность лесовосстановления, продуктивность, качество и адаптивную способность вновь создаваемых насаждений.

### Список использованных источников

1. Нейштадт, М. И. История лесов и палеогеография СССР в голоцене / М. И. Нейштадт. – М., 1957. – 404 с.
2. Кинд, Н. В. Палеоклиматы и природная среда голоцена / Н. В. Кинд // История биогеоценозов СССР в голоцене. – М., 1976. – С. 5–14.
3. Зубаков, В. А. Глобальные климатические события плейстоцена / В. А. Зубаков. – Л., 1986. – 288 с.
4. Зерницкая, В. П. Реконструкция хозяйственной деятельности человека в голоцене / В. П. Зерницкая // Наука и инновации. – 2011. – № 9 (103). – С. 16–19.
5. Хотинский, Н. А. Голоцен Северной Евразии / Н. А. Хотинский. – М., 1977. – 200 с.
6. Абрамсон, Н. И. Филогеография: итоги, проблемы, перспективы / Н. И. Абрамсон // Информ. вестн. ВОГиС. – 2007. – Т. 11, № 2. – С. 307–331.
7. Sinclair, W. T. Multiple origins for Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Scotland: evidence from mitochondrial DNA variation / W. T. Sinclair, J. D. Morman, R. A. Ennos // Heredity. – 1998. – Vol. 809, N 2. – P. 233–240. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2540.1998.00287.x>



8. Patterns of variation at a mitochondrial sequence-tagged site locus provides new insights into the postglacial history of European *Pinus sylvestris* populations / N. Soranzo [et al.] // *Mol. Ecol.* – 2000. – Vol. 9, N 9. – P. 1205–1211. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2000.00994.x>
9. Phylogeny and classification of *Pinus* / D. S. Gernandt [et al.] // *Taxon.* – 2005. – Vol. 54, N 1. – P. 29–42. <https://doi.org/10.2307/25065300>
10. Imprints of Glacial Refugia in the Modern Genetic Diversity of *Pinus sylvestris* / R. Cheddadi [et al.] // *Global Ecol. Biogeogr.* – 2006. – Vol. 15, N 3. – P. 271–282. <https://doi.org/10.1111/j.1466-822x.2006.00226.x>
11. Pyhäjärvi, T. Colonization Routes of *Pinus sylvestris* Inferred from Distribution of Mitochondrial DNA Variation / T. Pyhäjärvi, M. J. Salmela, O. Savolainen // *Tree Genet. Genomes.* – 2008. – Vol. 4, N 2. – P. 247–254. <https://doi.org/10.1007/s11295-007-0105-1>
12. Phylogenetic Relationships and Species Delimitation in *Pinus* Section *Trifoliae* Inferred from Plastid DNA / S. Hernandez-Leon [et al.] // *PLOS ONE.* – 2013. – Vol. 8, N 7. – Art. e70501. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0070501>
13. Genetic Diversity and Population Structure of Natural *Pinus koraiensis* Populations / Y. W. Tong [et al.] // *Forests.* – 2020. – Vol. 11, N 1. – P. 39. <https://doi.org/10.3390/f11010039>
14. Maniatis, T. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* / T. Maniatis, J. Sambrook, E. F. Fritsch. – Cold Spring Harbor: Laboratory Press, 1989. – 324 p.
15. Падутов, В. Е. Методы молекулярно-генетического анализа / В. Е. Падутов, О. Ю. Баранов, Е. В. Воропаев. – Минск, 2007. – 176 с.

## References

1. Nejshtadt M. I. *History of forests and paleogeography of the USSR in the Holocene.* Moscow, 1957. 404 p. (in Russian).
2. Kind N. V. Paleoclimates and the natural environment of the Holocene. *Istoriya biogeocenozov SSSR v golocene* [History of biogeocenoses of the USSR in the Holocene]. Moscow, 1976, pp. 5–14 (in Russian).
3. Zubakov V. A. *Global climatic events of the Pleistocene.* Leningrad, 1986. 288 p. (in Russian).
4. Zernickaya V. P. Reconstruction of human economic activity in the Holocene. *Nauka i innovacii = Science and Innovations*, 2011, no. 9 (103), pp. 16–19 (in Russian).
5. Hotinskij N. A. *Holocene of Northern Eurasia.* Moscow, 1977. 200 p. (in Russian).
6. Abramson N. I. Phylogeography: results, issues and perspectives. *Informatsionnyi Vestnik VOGiS = Information Bulletin VOGiS*, 2007, vol. 11, no. 2, pp. 307–331 (in Russian).
7. Sinclair W. T., Morman J. D., Ennos R. A. Multiple origins for Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) in Scotland: evidence from mitochondrial DNA variation. *Heredity*, 1998, vol. 80, no. 2, pp. 233–240. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2540.1998.00287.x>
8. Soranzo N., Alia R., Provan J., Powell W. Patterns of variation at a mitochondrial sequence-tagged-site locus provides new insights into the postglacial history of European *Pinus sylvestris* populations. *Molecular Ecology*, 2000, vol. 9, no. 9, pp. 1205–1211. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2000.00994.x>
9. Gernandt D. S., López G. G., García S. O., Liston A. Phylogeny and classification of *Pinus*. *Taxon*, 2005, vol. 54, no. 1, pp. 29–42. <https://doi.org/10.2307/25065300>
10. Cheddadi R., Vendramin G. G., Litt T., François L., Kageyama M., Lorentz S., Laurent J.-M., de Beaulieu J.-L., Sadori L., Jost A., Lunt D. Imprints of Glacial Refugia in the Modern Genetic Diversity of *Pinus sylvestris*. *Global Ecology and Biogeography*, 2006, vol. 15, no. 3, pp. 271–282. <https://doi.org/10.1111/j.1466-822x.2006.00226.x>
11. Pyhäjärvi T., Salmela M. J., Savolainen O. Colonization Routes of *Pinus sylvestris* Inferred from Distribution of Mitochondrial DNA Variation. *Tree Genetics and Genomes*, 2008, vol. 4, no. 2, pp. 247–254. <https://doi.org/10.1007/s11295-007-0105-1>
12. Hernandez-Leon S., Gernandt D. S., Rosa J. A., Jardon-Barbolla L. Phylogenetic Relationships and Species Delimitation in *Pinus* Section *Trifoliae* Inferred from Plastid DNA. *PLOS ONE*, 2013, vol. 8, no. 7, art. e70501. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0070501>
13. Tong Y. W., Lewis B. J., Zhou W. M., Mao C. R., Wang Y., Zhou L., Yu D. P., Dai L. M., Qi L. Genetic Diversity and Population Structure of Natural *Pinus koraiensis* Populations. *Forests*, 2020, vol. 11, no. 1, pp. 39. <https://doi.org/10.3390/f11010039>
14. Maniatis T., Sambrook J., Fritsch E. F. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual.* Cold Spring Harbor, Laboratory Press Publ., 1989. 324 p.
15. Padutov V. E., Baranov O. Yu., Voropaev E. V. *Methods of molecular genetic analysis.* Minsk, 2007. 176 p. (in Russian).



**Информация об авторах**

*Падутов Владимир Евгеньевич* – член-корреспондент, д-р биол. наук, доцент, заведующий отделом. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: forestgen@mail.ru.

*Каган Дмитрий Ильич* – канд. биол. наук, заведующий лабораторией. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: quercus-belarus@mail.ru.

*Ивановская Светлана Ивановна* – канд. биол. наук, ст. науч. сотрудник. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: isozyme@mail.ru.

*Баранов Олег Юрьевич* – д-р биол. наук, доцент, заведующий лабораторией. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: betula-belarus@mail.ru.

*Разумова Ольга Александровна* – канд. биол. наук, вед. науч. сотрудник. Институт леса НАН Беларуси (ул. Пролетарская, 71, 246050, Гомель, Республика Беларусь). E-mail: o-kovalevich@mail.ru.

**Information about the authors**

*Padutov Vladimir E.* – Corresponding Member, D. Sc. (Biology), Associated professor, Head of the Department. Institute of Forest of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: forestgen@mail.ru.

*Kagan Dmitry I.* – Ph. D. (Biology), Head of the Laboratory. Institute of Forest of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: quercus-belarus@mail.ru.

*Ivanovskaya Svetlana I.* – Ph. D. (Biology), Senior Researcher. Institute of Forest of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: isozyme@mail.ru.

*Baranov Oleg Yu.* – D. Sc. (Biology), Associated professor, Head of the Laboratory. Institute of Forest of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: betula-belarus@mail.ru.

*Razumova Olga A.* – Ph. D. (Biology), Leading Researcher. Institute of Forest of the National Academy of Sciences of Belarus (71, Proletarskaya Str., 246050, Gomel, Republic of Belarus). E-mail: o-kovalevich@mail.ru.