



Александр Кильчевский,
главный научный сотрудник
лаборатории экологической
генетики и биотехнологии
Института генетики и
цитологии НАН Беларуси,
академик, профессор



Наталья Савина,
научный сотрудник
лаборатории
экологической генетики и
биотехнологии Института
генетики и цитологии
НАН Беларуси



Светлана Кубрак,
ведущий научный
сотрудник лаборатории
экологической генетики и
биотехнологии Института
генетики и цитологии
НАН Беларуси, кандидат
биологических наук



Елена Макеева,
руководитель Национального
координационного центра по
вопросам доступа к генетическим
ресурсам и совместного
использования выгод Института
генетики и цитологии НАН Беларуси,
кандидат биологических наук, доцент

Генетические исследования в деле биологического разнообразия

В Национальной стратегии устойчивого развития Республики Беларусь на период до 2030 г. подчеркивается особое значение биологического и ландшафтного разнообразия. Животный и растительный мир – неотъемлемые составляющие сельского и лесного хозяйства, рыболовства, туризма, здравоохранения и пр. [1]. На территории нашей страны зарегистрировано около 27 100 видов живых организмов, из них – 4450 видов растений, 16 тыс. – животных, 2 тыс. – протистов (одноклеточных) и 4800 – грибов [2].

В 1993 г. Беларусь ратифицировала Конвенцию ООН о биологическом разнообразии, в 2014 г. присоединилась к Нагойскому протоколу регулирования доступа к генетическим ресурсам и совместного использования на справедливой и равной основе выгод от их применения и проводит политику в области охраны окружающей среды в соответствии с их целями. Основную деятельность в данной области осуществляет Национальный координационный центр по вопросам

доступа к генетическим ресурсам и совместного использования выгод (НКЦГР), созданный на базе Института генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси [3].

Его сотрудники в составе рабочей группы, созданной по приказу министра природных ресурсов и охраны окружающей среды Республики Беларусь, в 2021–2022 гг. принимали участие в разработке концепции и проекта Закона «Об обращении с генетическими ресурсами», который 19 февраля 2024 г. был одобрен на заседании Совета Национального собрания Республики Беларусь. Он направлен на регулирование доступа к генетическим ресурсам и их сохранение как национального богатства страны, получение на справедливой и равной основе выгод от их использования зарубежными исследователями и иными заинтересованными лицами. Его принятие актуально и своевременно именно сейчас, когда в результате комплексного влияния различных факторов, особенно антропогенных, за последние 200 лет из состава флоры Беларуси исчезло около 70 ранее встречавшихся аборигенных видов растений. В стране 303 вида дикорастущих растений и 202 вида диких животных включены в Красную книгу как редкие и находящиеся под угрозой исчезновения [4].

Важность правового регулирования в данном сегменте отражена также в главе 8 Концепции национальной системы обеспечения биологической безопасности, утвержденной в марте 2022 г. Советом Министров Республики Беларусь, где обозначена необходимость принятия комплекса мер «для защиты населения, животных и охраны окружающей среды

от воздействия опасных биологических факторов и предотвращения биологических угроз, в том числе совершенствование законодательства в области регулирования доступа к генетическим ресурсам и информации о нуклеотидных последовательностях, механизмов мониторинга их использования, а также надзора и мер ответственности за нарушение суверенных прав страны на выгоды, полученные от их применения» [5].

Антропогенное вмешательство в природные системы привело к кризису разнообразия видов живых организмов на глобальном уровне. Это стало причиной формирования мультидисциплинарной науки – природоохранной биологии (conservation biology), цель которой – поддержание видового состава современных биологических сообществ. Она сочетает в себе как фундаментальные дисциплины (ботанику, зоологию, популяционную биологию, генетику и ряд других), так и сугубо прикладные, изучающие управление природными ресурсами и их использование. В деле сохранения биоразнообразия необходимо объединить узкоспециализированные навыки для изучения экосистемы целиком, чтобы ученые разных направлений работали совместно для решения общих задач, поэтому междисциплинарный подход к этой проблеме эффективнее редуccionистского.

В 6-м Национальном докладе, посвященном выполнению Конвенции о биологическом разнообразии в Республике Беларусь, была озвучена следующая задача: «Поддержание генетического разнообразия природной флоры и фауны, культивируемых растений, сельскохозяйственных и домашних животных, создание

и пополнение банка генетических ресурсов человека, животных, растений, микроорганизмов Республики Беларусь...» [2]. Это подчеркивает важность сохранения и расширения биоресурсных (генетических) коллекций – необходимого инструмента изучения растительного и животного мира. Именно коллекции представляют собой долговременные хранилища биоматериалов любых организмов, которые дают возможность исследователю выбирать для работы интересующие его объекты.

Обязательное условие работы ботанических учреждений – создание и поддержание набора растений, представляющих различные уровни организации, – от организменного до молекулярного (коллекции живых растений, семян, культуры клеток, гербарии, криоколлекции и др.). Такие депозитарии становятся важным источником знаний и дают возможность применять их на практике, решая проблемы экологии и рационального природопользования. Современные научные подходы требуют от ученых не ограничиваться изучением одного типа биологического материала (клеток, семян, гербарных образцов), а проводить комплексные исследования всего растительного организма, в том числе и на генетическом уровне. В Институте генетики и цитологии НАН Беларуси с 2013 г. функционирует Республиканский банк ДНК человека, животных, растений и микроорганизмов, в котором собраны, каталогизированы и находятся на хранении образцы ДНК и биологического материала различных организмов. Научная деятельность банка носит многоплановый характер, одно из ее направлений – изучение и инвентариза-



Ятрышник
клопоносный



Тайник
яйцевидный



Венерин башмачок
настоящий



Любка
зеленоцветковая

ция растительных генетических ресурсов на основе современных методов молекулярной биологии. Так, в составе секции «Банк ДНК растений» начиная с 2017 г. создана и ежегодно пополняется коллекция дикорастущей флоры, включающая образцы редких и находящихся под угрозой исчезновения видов, вошедших в 4-е издание Красной книги, с целью сбора, сохранения и изучения уникальной генетической информации генотипов растений с низкой адаптационной способностью. При этом сбор материала осуществляется без изъятия объектов из мест произрастания, то есть численность природных популяций охраняемых видов не нарушается. В связи с этим Республиканский банк ДНК может выступать в роли ресурсного центра, аккумулирующего материал для экологических и популяционных исследований, тем самым внося свой вклад в сохранение биоразнообразия флоры нашей страны.

К настоящему времени Коллекция ДНК редких видов растений насчитывает почти 800 образцов ДНК и биологического материала. Депонированы представители 101 вида I–IV категорий национальной природоохранной значимости из основного списка и

списка профилактической охраны Красной книги.

Коллекция цветковых растений (*Angiospermae*) включает 81 вид из 34 семейств, среди которых наиболее широко представлены лютиковые (*Ranunculaceae*) и орхидные (*Orchidaceae*). Кроме таксономического деления образцы разделены по географическому принципу: выделены коллекции, включающие охраняемые растения из Национальных парков «Нарочанский», «Беловежская пуща», «Браславские озера», «Полесский государственный радиационно-экологический заповедник», а также редкие виды, произрастающие на охраняемых и неохраняемых территориях Гомельской, Гродненской, Витебской и Минской областей. Республиканский банк ДНК тесно сотрудничает с лабораторией флоры и систематики растений Института экспериментальной ботаники имени В.Ф. Купревича НАН Беларуси, биологическим факультетом Брестского государственного университета им А.С. Пушкина, научными отделами природоохранных учреждений Беларуси.

Первым и важным шагом в разработке стратегии сохранения растительного генофонда является инвентаризация ресур-

сов, проводимая с целью учета и сбора данных о количественных и качественных характеристиках популяций. При этом собирается информация о видовом составе природных объектов, их жизнедеятельности, степени морфологической и генетической изменчивости. В результате оценивается существующее биоразнообразие и выявляются объекты, нуждающиеся в особом внимании и изучении.

Основным способом видовой идентификации растений по-прежнему остается морфологический метод, однако как надежный дополнительный подход, а в отдельных случаях и единственно возможный, используется молекулярно-генетический анализ. Благодаря достижениям в области секвенирования и программных технологий последовательности ДНК стали источником новой информации для лучшего понимания эволюционных и генетических взаимоотношений живых организмов. Для подтверждения принадлежности на видовом уровне наиболее удобен метод ДНК-штрихкодирования (ДНК-баркодинг), позволяющий определять нуклеотидные последовательности переменных таксономически

образцов по генетически дивергентным группам [8]. Кроме того, метод является важным подспорьем в открытии новых видов, которые можно обнаружить в результате массового скрининга генетическими методами. Если выявлен неизвестный образец, не имеющий точного соответствия в библиотеке ДНК-штрихкодов, это еще не основание интерпретировать его как новый вид. Такой образец рассматривают в контексте традиционного таксономического анализа, который обычно выполняется намного медленнее, но дает более надежные результаты, особенно с учетом предварительно полученной генетической информации [6]. С помощью ДНК-штрихкодирования можно находить уникальные с генетической точки зрения микропопуляции, редкие биотипы и формы, проводить таксономическую ревизию разных систематических групп [8].

Современная таксономия – это активная область исследования, так как гипотезы разграничения видов постоянно пересматриваются и уточняются. В этом контексте целесообразны молекулярно-генетические исследования не только с целью достоверной идентификации видов, но и для решения некоторых спорных вопросов взаимоотношений между ними в пределах семейств. Сотрудниками Республиканского банка ДНК на примере анализа изменчивости ядерного маркера ITS уточнен таксономический статус 16 видов орхидных – представителей флоры Беларуси, из которых 13 включены в Красную книгу. Показано, что их филогенетические взаимоотношения полностью согласуются с существующей таксономией этого семейства, основанной на данных классической систематики [9].

Кроме того, 11 редких видов семейства лютиковых, относящихся к 2 подсемействам и 7 родам, оказались хорошо различимы на основании сравнения нуклеотидных последовательностей ITS-региона. Семейство лютиковых – одно из самых крупных по количеству и разнообразию видов, что создает трудности при выяснении родственных отношений среди подсемейств и их филогении. Вариативность ITS-региона оказалась полностью согласованной с существующей таксономией и позволила эффективно установить статус отдельных таксономических групп внутри семейства [10]. С помощью ДНК-штрихкода ITS2 дана оценка генетического полиморфизма образцов водяного ореха – спорного таксона, который рассматривается либо как один полиморфный вид, либо в соответствии с морфологией плодов как 10 и более отдельных видов. Анализ трех морфологически различающихся групп водяного ореха не выявил генетических различий между этими типами по ДНК-штрихкоду ITS2, что можно рассматривать как факт принадлежности всех образцов растения из разных популяций Беларуси к одному виду или как свидетельство того, что они произошли от общего предка за короткий промежуток времени и являются филогенетически близкими родственниками [11].

Таким образом, ДНК-штрихкодирование зарекомендовало себя как зрелая область науки о биоразнообразии, заполняющая концептуальный разрыв между традиционными ботаническими дисциплинами и новыми исследованиями в молекулярной генетике. А широкая специализация и возможность привлекать

специалистов из разных областей знаний – идеальное сочетание для достижения реальных результатов в биологии охраны природы. ■

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ

1. Организация Объединенных наций. Беларусь // <https://www.undp.org/ru/belarus/press-releases>.
2. Вагна. Общественная охрана дикой природы // <https://www.undp.org/ru/belarus/press-releases>.
3. О создании Национального координационного центра по вопросам доступа к генетическим ресурсам и совместного использования выгод: постановление Совета Министров Республики Беларусь, 01.10.2014 г. №933, Национальный правовой Интернет-портал Республики Беларусь 04.10.2014, 5/39520. – Минск, 2014.
4. Красная книга Республики Беларусь. Растения: редкие и находящиеся под угрозой исчезновения виды дикорастущих растений. – Минск, 2015.
5. О концепции национальной системы обеспечения биологической безопасности: постановление Совета Министров Республики Беларусь, 22.03.2022 г. №161, Национальный правовой Интернет-портал Республики Беларусь 25.03.2022, 5/50052. – Минск, 2022.
6. M. Hajibabaei DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics // *Trends in Genetics*. 2007. Vol. 23. № 4. P.167–172. doi: 10.1016/j.tig.2007.02.001.
7. N. Hubert DNA Barcoding, species delineation and taxonomy: a historical perspective / Hubert N., Hanner R. // *DNA Barcodes*. 2015. Vol. 3. P. 44–58.
8. Савчук С.С. Стратегия сохранения генофонда семейства орхидных (*Orchidaceae* Juss.) в Беларуси / С.С. Савчук // *Охрана и культивирование орхидей: материалы X Междунар. науч.-практич. конф.* – Минск, 2015. С. 209–213.
9. Н.В. Савина. Молекулярно-генетический анализ видов семейства орхидные (*Orchidaceae*) флоры Беларуси // *Молекулярная и прикладная генетика*. 2023. Т. 35. С. 7–18.
10. Н.В. Савина. Анализ последовательностей ITS-района рибосомной ДНК для идентификации редких видов семейства *Ranunculaceae* // *Молекулярная и прикладная генетика*. 2022. Т. 33. С. 7–17.
11. Савина Н.В. Изменчивость водяного ореха (*Trapa natans* L. s.l.) флоры Беларуси по маркеру ITS2 / Савина Н.В. [и др.] // *Материалы V Междунар. конф. «Генетика и биотехнология XXI века: проблемы, достижения, перспективы»*. – Минск, 2022. С. 72.