

поколений развитие резистентности происходило медленно, а затем наблюдалось быстрое развитие устойчивости. Через 20 поколений устойчивость к фенвалерату возросла в 23 раза (у нас в 18-м поколении ПР=24). К дельтаметрину линия мухи, селектированная в нашей лаборатории, развивала резистентность медленнее. Показатель резистентности, равный 42, наблюдался в 30-м поколении, а в опытах Г.Малиновского - в 20-м поколении.

Несколько ближе наши данные по формированию резистентности к дельтаметрину с исследованиями N. Sales et al [3], которые проводили селекцию мухи *Lucilia cuprina* дельтаметрином в течение 20 поколений. При этом показатель резистентности увеличился до 25, и затем при дальнейшей селекции он не изменялся.

Таким образом, резистентность к пиретроидам в наших исследованиях формировалась значительно быстрее, чем к ФОС, причем наблюдалась корреляция не между интенсивностью селекции и ПР, а между токсичностью инсектицида и показателем резистентности: самый высокий уровень ПР был у мух, селектированных наиболее токсичным инсектицидом - дельтаметрином, самый низкий уровень ПР – у мух, селектированных наименее токсичным этофенпроксом.

1. Malinowski H. Rozwoj opornosci owadow na fotostabilne pyretroidy // Roczn. Nauk roln. Ser. E. - 1986. - T.14. - - z.1/2. - P.19-30.
2. Malinowski H. Spektrum opornosci krzyzowej owadow selekcjonowanych fotostabilnymi pyretroidami na przykladzie muchy domowej (*Musca domestica* L.) // Roczn. nauk rol.E.7. - 1988. – V.17. - N1. - P.119-132.
3. Sales N., Lewot G.W., Hughes P.B. Monitoring, selection and genetic analysis of resistance to pyrethroids in the australian sheep blowfly, *Lucilia cuprina* (Wiedemann) (Diptera: Calliphoridae) // Proc. 18th Int. Congr. Entomol., Vancouver, July 3rd-9th, 1988: Abstr. and Author Index.-[Vancouver],[1988]. - P.466.

ГЕННЫЙ ПОТОК В ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ У *D. LITTORALIS*

А.А. Сурков, Г.Г. Гончаренко

УО «Гомельский государственный университет им. Ф. Скорины», Гомель, Беларусь
GGoncharenko@gsu.by

Основным микроэволюционным фактором, сглаживающим действие естественного отбора, дрейфа генов и мутационного процесса, лежащих в основе генетической дифференциации природных популяций, является генный поток. Именно генный поток путем обмена наследственным материалом между популяциями выравнивает их генетическую структуру, позволяя виду сохранять единый генофонд. Величина генного потока зависит от сложного взаимодействия различных микроэволюционных сил и может серьезно различаться в изолированных или непрерывных популяциях одного вида. Только в последние десятилетия с появлением генетических маркеров у исследователей впервые возникла возможность точно оценивать величину генного потока [1, 2]. Однако исследований направленных на его измерение у видов *Drosophila* группы *virilis* в Восточной Евразии непосредственно в природных популяциях крайне мало.

Целью нашей работы было провести сравнительный анализ уровня генного потока в 14 природных популяциях у вида *Drosophila littoralis* Meigen в Восточной Евразии на основе использования в качестве молекулярно-генетических маркеров 14 генов кодирующих изоферменты.

Месторасположение проанализированных популяций показаны на рисунке.

Взрослые особи вида *D. littoralis* исследовались методом электрофореза, подробно описанном ранее [3]. Обозначение выявленных электрофоретических вариантов дано по общепринятой номенклатуре Пракаша с соавт. [4].

Величина генного потока ($N_e m$) рассчитывалась двумя методами предложенными американским исследователем Монтгомери Слаткиным. В одном случае количество мигрантов на поколение определялось из соотношения $N_e m(F) = (1 - F_{ST}) / 4F_{ST}$ [1], где F_{ST} -

коэффициент подразделенности популяций [5]. В другом случае генный поток вычислялся исходя из частот уникальных аллелей по формуле $\log_{10} N_e m = (\log_{10} \bar{p}(l) - b) / a$ [1, 2, 6], где $\bar{p}(l)$ - средняя условная частота уникального аллеля, а и b – коэффициенты. Для выборки, равной 10, 25 и 50 коэффициент а равен -0.489, -0.576 и -0.612 соответственно, а коэффициент b равен -0.951, -1.11 и -1.21 соответственно. [1, 2].

В ходе электрофоретического исследования особей вида *Drosophila* группы *virilis* обитающего на территории Восточной Евразии из 14 природных популяций удалось выявить 41 различный электрофоретический вариант. В результате проведенного нами всестороннего генетического анализа было установлено, что эти 41 электрофоретический варианты, выявленные по 11 ферментным системам у представителя *D. littoralis*, находятся под генетическим контролем 14 локусов. Следует подчеркнуть, что в популяционных исследованиях использованы только локусы с установленной нами генетической детерминацией. Для оценки генетической структуры были рассчитаны частоты встречаемости аллелей в каждой из 14 исследованных популяций и у *D. littoralis* в целом. Следует отметить, что исследования генетической структуры и некоторых параметров изменчивости с помощью метода изоферментов у *D. littoralis* для ряда белорусских природных популяций проводились ранее [10].

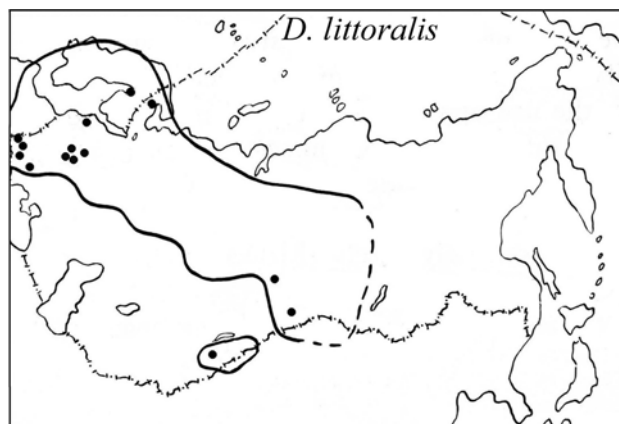


Рис. Места взятия выборок и распространение *D. littoralis* на территории Восточной Евразии [7-9].

Были определены частоты уникальных аллелей. Следует отметить, что как для всех исследованных популяций, так и для каждой характерно наличие семи уникальных аллелей: $Me^{0.30}$, $Hk-8^{1.05}$, $a-Est-3^{0.90}$, $B-Est-2^{1.36}$, $B-Est-2^{1.39}$, $Adh^{1.00}$, $Odh^{1.20}$.

Генный поток вычислялся как для всех 14 исследованных природных популяций *D. littoralis* Восточной Евразии, так и для европейско-сибирских, европейских, восточно-европейских и центрально-европейских популяций отдельно, результаты сведены в таблицу.

Используя полученное значение F_{ST} (таблица), мы рассчитали величину $N_e m(F)$, которая оказалась для европейско-сибирско-тянь-шаньских популяций равной 5.56. Это говорит о том, что изученные популяции *D. littoralis* обмениваются генетическим материалом в среднем с интенсивностью более 5.5 мигранта за поколение. При исключении популяции Тянь-Шаня величина $N_e m(F)$ увеличивается до 6.2 мигрантов за поколение. Значение генного потока для европейских популяций увеличивается до 6.9 мигрантов за поколение, для восточно-европейских составила 8.1 мигрантов за поколение и для центрально-европейских – 9.37 мигрантов за поколение (таблица).

Таблица

Показатели генного потока и уровня генетической изменчивости у *D. littoralis* в исследованных природных популяциях

Популяции	F_{ST}	$N_e m(F)$	$\bar{p}(l)$	$N_e m(p)$
Европейско-сибирско-тянь-шаньские	0.043	5.56	0.017	12.92
Европейско-сибирские	0.039	6.16	0.017	13.30
Европейские	0.035	6.89	0.031	4.06
Восточно-европейские	0.030	8.08	0.031	3.40
Центрально-европейские	0.026	9.37	0.030	3.26

Так как во всех изученных нами популяциях *D. littoralis* было найдено 7 уникальных аллелей, то, проведя расчет, мы получили величину $N_e m(p)$, равную 12.92. Вычисленное этим способом количество мигрантов указывает на несколько более интенсивный обмен генетическим материалом между исследованными популяциями. Наличие новых уникальных аллелей для европейских популяций снизило значение $N_e m(p)$ до 3.26 мигрантов за поколение. Полученные нами генетические данные однозначно указывают на то, что степень отличия в показателе $N_e m(F)$ напрямую связана с географической удаленностью популяций друг от друга. Так же об этом свидетельствует уменьшение величины частот уникальных аллелей для всех проанализированных природных популяций.

Значения генного потока, рассчитанные по уникальным аллелям, существенно отличаются от данных, полученных на основе коэффициента подразделенности (таблица). В этом смысле данные по коэффициенту F_{ST} , представляются более точными.

Авторы выражают благодарность генетикам Гомеля, Москвы, Украины, которые оказывали содействие в ходе генетических исследований.

1. M. Slatkin. Gene flow in natural populations // Ann. Rev. Ecol. Syst. - 1985a. - Vol. 16. - P. 393-430.
2. M. Slatkin. Rare alleles as indicators of gene flow // Evolution. - 1985b. - Vol. 39. - P. 53-65.
3. А.А. Сурков, Г.Г. Гончаренко, В.Г. Мутрофанов, Л.И. Корочкин. Методический подход к исследованию генофондов короткоусых двукрылых *Drosophila* группы *virilis* в природных популяциях Беларуси // Известия Гомельского государственного университета им. Ф. Скорины. – 2003. – № 5. – С. 50-54.
4. S. Prakash, R.C. Lewontin, J.L. Hubby. A molecular approach to the study of genic heterozygosity in natural populations. IV. Patterns of genic variation in central, marginal and isolated populations of *Drosophila pseudoobscura* // Genetics. - 1969. - Vol. 61. - P. 841–858.
5. S. Wright. The interpretation of population structure by F-statistics with special regards to systems of mating // Evolution. 1965. V. 19. P. 395-420.
6. N.H. Barton, M.A. Slatkin. Quasi-equilibrium theory of the distribution of rare alleles in a subdivided population // Heredity. - 1986. - Vol. 56. - P. 409-416.
7. S. Lakovaara, A. Saura, P. Lankinen, L. Pohjola, P. Lokki. The use of isoenzymes in tracing evolution and in classifying *Drosophilidae* // Zool. Scr. - 1976. - Vol. 5. - P. 173-179.
8. L.H. Throckmorton. The *virilis* species group / In M. Ashburner and E. Novitsky [eds], The genetics and biology of *Drosophila*, vol. 3B. – London: Academic, 1982. - P. 227-297.
9. G.G. Goncharenko, I.M. Emelianov. An electrophoretic key to adult members of the sibling species belonging to the *Drosophila virilis* group (*Diptera, Drosophilidae*) inhabiting Soviet Union and adjacent countries // Z. zool. Syst. Evolut.-forsch. - 1992. - Vol. 30. - P. 281-286.
10. Г.Г. Гончаренко, А.А. Сурков, В.Г. Мутрофанов, Л.И. Корочкин. Генетико-эволюционные и таксономические взаимоотношения у видов-двойников *Drosophila* группы *virilis* Палеарктики // Известия Гомельского государственного университета им. Ф. Скорины. – 2004. – №3. – С. 144-157.

ВЛИЯНИЕ СОЕДИНЕНИЙ НЕКОТОРЫХ ТЯЖЁЛЫХ МЕТАЛЛОВ НА ЧАСТОТУ КРОССИНГОВЕРА У ДРОЗОФИЛЫ

А. Н. Тарасюк

Брестский государственный университет им. А.С. Пушкина, Брест, Беларусь
tarasyuk@brsu.brest.by

В современном мире антропогенное загрязнение окружающей среды приобрело глобальный характер и поставило человечество на грань экологической катастрофы. В вопросе о влиянии загрязнения окружающей среды на живые организмы важное место отводится генетическим последствиям. Это связано с тем, что изменения генетического аппарата могут передаваться следующим поколениям и оказывать существенное влияние на будущее всего живого. Одними из самых распространённых и опасных загрязнителей окружающей среды являются тяжёлые металлы и их соединения [1]. К наиболее токсичным из них относятся ртуть и свинец, которые в больших количествах выбрасываются в окружающую среду в составе отходов производства предприятий чёрной и цветной