**Тема: Понятия популяции и генофонда.**

**Основные вопросы, выносимые на обсуждение семинара.**

1. Панмиксия и подразделенность.
2. Основные параметры распределения количественных признаков в популяциях.
3. Концепция генетического полиморфизма.

**Краткое содержание занятия:**

Популяцио́нная гене́тика, или генетика популяций — раздел генетики, изучающий распределение частот аллелей и их изменение под влиянием движущих сил эволюции: мутагенеза, естественного отбора, дрейфа генов и потока генов. Также принимаются во внимание пространственная структура популяции и субпопуляционные структуры. Популяционная генетика пытается объяснить процессы адаптации и видообразования и является одной из основных составляющих синтетической теории эволюции.

Возможно, наиболее значимым «формальным» достижением современной синтетической теории эволюции является формирование математической основы популяционной генетики. Некоторые авторы (Beatty, 1986) даже считают, что математическое объяснение динамики популяций является основой синтетической теории эволюции.

Ричард Левонтин (1974) сформулировал теоретические задачи популяционной генетики. Он обрисовал два аспекта популяционной генетики: генетический и фенотипический. Основная цель завершённой теории популяционной генетики — это сформулировать набор законов, отображающий переход от набора генотипов (*G*1) к серии возможных фенотипов (*P*1), с учётом действия естественного отбора, а также набора законов, которые бы позволяли по набору фенотипов (*P*2) в полученной популяции охарактеризовать представленные в ней генотипы (*G*2); так как менделевская генетика может предсказать следующее поколение генотипов по набору фенотипов, кольцо замыкается. Вот схематическая визуализация этой трансформации



(По Lewontin 1974, p. 12).

Даже оставив в стороне тот момент, что в ходе классических работ на уровне изучения наследования и молекулярно-генетических исследований обнаружены многие отклонения от менделевского наследования, это представляется колоссальной задачей.

*T*1 представляет генетические и эпигенетические законы, аспекты функциональной биологии или биологии развития, которые описывают переход от генотипа к фенотипу. Обозначим это как «отображение генотип-фенотип». *T*² — это изменения, связанные с действием естественного отбора, *T*³ — эпигенетические связи, которые определяют генотипы на основе избранных фенотипов и, наконец, *T*4 — закономерности менделевской генетики.

Практически, есть две ветви эволюционной теории, которые существуют параллельно: традиционная популяционная генетика, оперирующая наборами генотипов, и биометрическая теория, оперирующая наборами фенотипов изучаемых объектов, которая используется в селекции растений и животных. Определённая часть системы, переход от фенотипа к генотипу, как правило, теряется. Это приводит к тому, что изменчивость в системе, описываемая с помощью одних подходов, характеризуется как стабильная, или постоянная, при использовании других подходов или в других условиях — характеризуется как закономерно эволюционно изменяющаяся. Следовательно, для адекватной постановки какого-либо популяционного исследования требуется иметь определённые знания об изучаемой системе. В частности, если фенотип почти полностью определяется генотипом (например, в случае серповидно-клеточной анемии), или временной промежуток при исследовании достаточно мал, выявленные параметры могут рассматриваться как постоянные, однако во многих случаях это некорректно.

Этапы развития генетики популяций

Вторая половина 20-х — конец 30-х годов XX века. В это время происходило накопление данных о генетической гетерогенности популяций. Он завершился выработкой представлений о полиморфизме популяций.

40-е -середина 60-х годов XX века. Изучение механизмов поддержания генетического полиморфизма популяций. Появление и развитие представлений о важной роли гетерозиса в формировании генетического полиморфизма.

Вторая половина 60-х — конец 1970-х годов XX века. Этот этап характеризуется широким применением белкового электрофореза для изучения полиморфизма популяций. Формируются представления о нейтральном характере эволюции.

С конца 1970-х годов. Этот период характеризуется методическим смещением в сторону применения ДНК-технологий для изучения особенностей процессов происходящих в популяциях. Важным моментом этого этапа (примерно с начала 1990-х годов) является широкое применение вычислительной техники и специализированных программ (например, PHYLIP, Clustal, Popgene) для анализа разнообразных типов генетических данных.