

МЕТОДИЧЕСКИЕ ПОДХОДЫ ПО ФОРМИРОВАНИЮ БАНКА ГЕНЕТИЧЕСКИХ ДАННЫХ ДЕРЕВЬЕВ ОСНОВНЫХ ЛЕСООБРАЗУЮЩИХ ПОРОД НА ТЕРРИТОРИИ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

А. А. Раздымахо^{1*}, А. А. Слипец², М. А. Арефьева^{2**}, В. А. Савченкова^{1***}

¹Отдел лесной пирологии и охраны лесов от пожаров –

Центр развития приоритетных беспилотных технологий в лесной отрасли ФБУ ВНИИЛМ
Российская Федерация, 141200, г. Пушкино, Московская обл., ул. Институтская, 15

²Российский центр защиты леса

Российская Федерация, 141207, Московская область, г. Пушкино, ул. Надсоновская, 13
E-mail: *razdymakho00@mail.ru, **arefevama@rcfh.rosleshoz.gov.ru, ***9651658826@yandex.ru

Аннотация. Статья посвящена вопросу методологии генетической паспортизации основных лесобразующих пород, который в настоящее время приобрел особую актуальность и требует регулирования в правовом поле. Единственный регламентированный подход к материально-техническому оснащению лабораторий и методикам выполнения работ по применению молекулярно-генетических методов диагностики в лесной отрасли – это залог формирования надежного фундамента для объективной и научно-обоснованной оценки единого массива достоверных данных по генетической устойчивости или внутривидовой изменчивости той или иной лесной популяции.

В связи с социально-политической обстановкой в стране совершенствование подходов при формировании базы данных особо актуально, из-за возможного изолирования Российской Федерации от мировых баз данных. Обеспечение суверенитета страны в вопросах комплексного решения задач ускоренного развития генетических технологий, в частности в лесной отрасли, является необходимым шагом, в том числе для обеспечения национальной экологической и экономической безопасности.

Анализ 9-ти существующих баз данных генетических ресурсов растений, размещенных на общедоступных платформах в сети «интернет», а также отраслевой автоматизированной аналитической системы – ААС «Лесная генетика», созданной в ФБУ «Рослесозащита» в рамках реализации Комплексной программы развития биотехнологий в Российской Федерации на период до 2020 года, утвержденной Правительством РФ 24.04.2012 № 1853н-П, позволил сформулировать ряд предложений по совершенствованию подходов к организации референсной базы генетических данных основных лесобразующих пород. Для повышения эффективности работы с системой «Лесная генетика», планируется расширить географическую сеть сбора образцов, внедрить лесосеменное районирование и растровый слой карт, реализовать функцию визуализации проводимых обследований и получаемых результатов, расширить базу болезней и вредителей леса (включая микроорганизмы). При этом в целом концептуальный подход к формированию данной аналитической системы близок к существующему международному.

Ключевые слова: лесная генетика, база данных, ДНК, генетические технологии.

Conifers of the boreal area. 2025, Vol. XLIII, No. 2, P. 7–13

METHODOLOGICAL APPROACHES TO THE FORMATION OF A BANK OF GENETIC DATA OF TREES OF THE MAIN FOREST-FORMING SPECIES IN THE TERRITORY OF THE RUSSIAN FEDERATION

A. A. Razdymaho^{1*}, A. A. Slipets², M. A. Arefeva^{2**}, V. A. Savchenkova^{1***}

¹Department of Forest Pyrology and Forest Protection from Fires –

Center for the Development of Priority Unmanned Technologies in the Forestry Industry FBI ARRISMF
15, Institutskaya str., Pushkino, Moscow region, 141200, Russian Federation

²Russian Centre of Forest Health

13, Nadsonovskaya str., Pushkino, Moscow region, 141207, Russian Federation
E-mail: *razdymakho00@mail.ru, **arefevama@rcfh.rosleshoz.gov.ru, ***9651658826@yandex.ru

Annotation. *The article is devoted to the issue of the methodology of genetic certification of the main forest-forming species, which has now acquired particular relevance and requires regulation in the legal field. A uniform regulated approach to the logistical equipment of laboratories and methods of performing work on the use of molecular genetic diagnostic methods in the forest industry is the key to forming a reliable foundation for an objective and scientifically sound assessment of a single set of reliable data on the genetic stability or intraspecific variability of a particular forest population. Due to the socio-political situation in the country, improving approaches to database formation is particularly important, as the Russian Federation may be isolated from the world databases. Ensuring the sovereignty of the country in the complex solution of the tasks of accelerated development of genetic technologies, in particular in the forest industry, is a necessary step, including the ensuring of national environmental and economic security. Analysis of nine existing databases of plant genetic resources hosted on publicly available platforms on the Internet, as well as the industry – specific automated analytical system AAS “Forest Genetics”, created at the Federal State Budgetary Institution Roslesozashchita as part of the implementation of the Integrated Biotechnology Development Program in the Russian Federation for the period up to 2020, approved by the Government of the Russian Federation on 04.24.2012 No. 1853p-P, allowed us to formulate a number of proposals for improving approaches to organizing a reference database of genetic data on the main forest-forming species. To improve the efficiency of working with the Forest Genetics system, it is planned to expand the geographical network of sample collection, introduce forest-seed zoning and a raster layer of maps, implement the function of visualizing surveys and results, expand the database of forest diseases and pests (including microorganisms). At the same time, in general, the conceptual approach to the formation of this analytical system is close to the existing international one.*

Keywords: *forest genetics, database, DNA, genetic technologies.*

В лесном хозяйстве в настоящее время особенно востребованы технологии, которые позволяют проводить генетический контроль круглого леса и посадочного материала, а также определять болезни и вредителей на ранних стадиях.

Стратегия развития лесной отрасли России предусматривает приоритетность применения генетических технологий. Это решение соответствует положениям государственной политики по обеспечению научно-технологического развития Российской Федерации [15–19].

Генетические методы по сравнению с традиционными методами исследования, гораздо более информативны и сокращают сроки получения результатов, что позволяет принять своевременные меры наиболее эффективно [11; 12; 14].

Сведения о генетической структуре популяций основных лесобразующих пород позволяет уточнить границы их ареалов, подвидов, форм, экотипов, что позволяет обеспечить устойчивость лесных экосистем за счет разделения подходов к ведению лесного хозяйства, а также поможет сохранить лесные генетические ресурсы, что обеспечит биоразнообразие лесов Российской Федерации [1; 2; 7; 13; 21–23].

Обширная, систематизированная генетическая база данных, содержащая сведения о паспортизации насаждений лесобразующих пород, объектов лесного семеноводства и репродуктивного материала, а также информацию о фитосанитарном состоянии посадочного материала и насаждений, в лесной отрасли по всей стране стимулирует рациональное управление лесами, ускорение социально-экономического развития регионов Российской Федерации.

Кроме того, содержащаяся в ней информация может стать эффективным инструментом контроля за незаконным оборотом древесины, а также контроля за оборотом репродуктивного материала лесных растений в соответствии с лесосеменным районированием при воспроизводстве лесов [5; 9; 20; 24].

Цифровые технологии продолжают развиваться и проникать во все сферы жизни, включая лесное хозяй-

ство [3; 6; 8]. Формируемая в Российском центре защиты леса (ФБУ «Рослесозащита») генетическая база данных по основным лесобразующим породам, территории лесного фонда – автоматизированная аналитическая система (ААС) «Лесная генетика», – на сегодняшний день является единственной в своем роде генетической базой данных по основным лесобразующим породам, произрастающим на территории лесного фонда Российской Федерации. В настоящее время разработчиками ФБУ «Рослесозащита» подготовлена документация для передачи ее в Роспатент.

В ходе настоящего исследования установлено, что продолжается систематическая работа отраслевых учреждений Рослесхоза по лесной генетике, результаты которых в настоящее время используются только для служебного пользования и могут лечь в основу, в том числе при формировании референсной генетической базы данных популяций, для оценки места происхождения древесины, и/или при кластеризации основных лесобразующих пород.

В связи с социально-политической обстановкой в стране совершенствование существующей базы данных особо актуально, из-за возможного изолирования Российской Федерации от мировых информационных систем.

Актуальность ее создания заключилась в необходимости многократного обращения к тем или иным сведениям для решения множества рабочих задач, что нельзя было сделать быстро в разрозненных напечатанных и оцифрованных документах, оценить общую картину по географическому распределению аллельной изменчивости видов лесобразующих пород на их ареалах в масштабах Российской Федерации, выявить устойчивые к вредителям и болезням виды и формы, подтвердить достоверность происхождения семян, сеянцев, саженцев и древесины и т. д.

Проекты по созданию банков генетической информации реализуют все страны-лидеры мировой экономики, вкладывая в эту работу огромные средства.

Проект «3 миллиона геномов» (3-Million Genomes Project), Кумай. О запуске проекта объявлено в 2015

году. Его задача – собрать и расшифровать геномы одного миллиона человек, одного миллиона растений и животных и одного миллиона бактерий, необходимых для жизнедеятельности человеческого организма (микробиоты).

В 2016 году в США на исследование геномов выделено 215 млн долларов.

В конце 2015 года президент США Барак Обама заявил о беспрецедентных инвестициях в исследования генома человека. Поставлена задача – расшифровка геномов миллиона человек. 130 млн долларов уйдет на фундаментальные исследования: ученые будут искать связи между генетическими особенностями, влиянием среды, образа жизни с различными показателями здоровья.

Проект GNC (German National Cohort), запустила Германия, UK Biobank, Великобритания, 200 биобанков Нидерландов

Россия – белое пятно на «генетической карте мира» генетических банков данных.

Однако создание подобного международным примерам банков данных – это необходимый шаг, в том числе для обеспечения национальной экологической и экономической безопасности. При этом, по мнению ряда экспертов, в этой области огромное число задач для IT-индустрии, которая традиционно сильна в России. Мало собрать данные, нужно обеспечить условия, чтобы эти данные активно использовались, чтобы их можно было легко и быстро обрабатывать, чтобы к ним был доступ у всех заинтересованных ученых.

В рамках настоящего исследования проанализировано 9 существующих баз данных генетических ресурсов растений, размещенных на общедоступных платформах в сети «интернет», а также отраслевой автоматизированной аналитической системы – ААС «Лесная генетика», созданной в ФБУ «Рослесозащита», созданной в рамках реализации Комплексной программы развития биотехнологий в Российской Федерации на период до 2020 года, утвержденной Правительством РФ 24.04.2012 № 1853п-П.

База данных по внутривидовой изменчивости хвойных растений Сибири [10]. Данная база данных была создана в Институте леса им. В. Н. Сукачева СО РАН, г. Красноярск. Основной задачей базы данных является сбор и систематизация огромного количества информации о внутривидовых таксонах, полиморфизме и изменчивости видов хвойных растений Сибири, которая получена как методами морфологического анализа, так и методами биохимической генетики и кариологического анализа.

NCBI (National Center for Biotechnology Information) [4; 28; 29]. NCBI организована в 1988 г. как отделение National Library of Medicine (NLM) в National Institutes of Health (NIH). В настоящее время это крупнейшая биологическая база данных (молекулярная биология, биохимия и генетика). NCBI имеет мощные системы обработки данных и представления этих данных.

NCBI предоставляет информацию о базах данных белковых доменов, ДНК (GenBank) и РНК, по своей сути NCBI является их основой, а также статей научной литературы (PubMed) и таксономичной информа-

ции (TaxBrowser), обеспечивает поиск сведений о конкретном биологическом виде (Taxonomy), содержит различные стандартные программы биоинформатики (BLAST). Доступ обеспечивается через поисковую систему Entrez.

Список «Genes» представляет собой ресурс для поиска последовательности генов и аннотаций, используемых в качестве справочных материалов для изучения структуры, экспрессии и эволюции ортологов (общих генов от одного предка).

Ресурс «BLAST» – алгоритм для сравнения первичной информации о биологических последовательностях, таких как аминокислотные последовательности белков или нуклеотидов ДНК и / или последовательностей РНК. BLAST позволяет сравнивать последовательности нуклеотидов или белков с базами данных последовательностей, и вычислять статистические показатели [25].

GenBank – база данных ДНК и РНК, а также последовательности закодированных в них белков [27]. Основная информация, представленная в GenBank, включает в себя:

1. Лocus: номер, длина, молекулярный тип, тип гена, тип топологии.
2. Краткое описание гена.
3. Ключевые слова: могут использоваться для поиска в базе данных.
4. Общее название вида, к которому принадлежит Исходная последовательность.
5. Организм – подробное знакомство с видами.
6. Ссылка – Источник научной литературы по видам.
7. Комментарии.
8. Экспорт последовательности генов и его краткого описания.

Структура записи базы «Nucleotide» выглядит следующим образом: наименование локуса, длина последовательности, ее тип, описание, организм, а также авторы и выходные авторы публикации, где впервые появилась данная последовательность. Далее следует перевод нуклеотидной последовательности в аминокислотную и сама последовательность кодирующей цепи ДНК. Нуклеотиды расположены в строку по 60 штук и сгруппированы 10 штук в блоке.

База данных UniProt – открытый ресурс, содержащий информацию о последовательности протеинов и данные по их функциям. База данных предназначена для сбора всех общедоступных данных о последовательностях белков, содержит все последовательности белков из основных общедоступных баз данных последовательностей белков: EMBL-Bank, Ensembl, European Patent Office, FlyBase, H-Invitational Database, Protein Data Bank (PDB), Protein Research Foundation (PRF) и др. [32].

Структура выходной информации в UniProt включает в себя аннотацию, взятую из научной литературы: название белков и генов;

их функции;

субклеточное расположение;

формы вариантов белка, полученные в результате естественной генетической изменчивости, редактирования РНК, альтернативного сплайсинга, протеолити-

ческого процессинга и посттрансляционной модификации и др.

База данных TreeGenes, создана в 1990-х годах, сопровождается организациями США: кафедра экологии и эволюционной биологии университета Коннектикута, факультет садоводства университета штата Вашингтон, факультет энтомологии и патологии растений университета Теннесси, отделение генетики и биохимии, университета Клемсона [30; 31].

Она представляет собой веб-хранилище, в котором содержатся сведения о 1790 видах деревьев. Для доступа к всему функционалу базы данных требуется авторизация пользователя. Геномная информация сочетается с обширной фенотипической характеристикой и данными об окружающей среде. Tree Genes имеет возможность взаимодействовать с базами данных партнеров: Hardwood Genomics Web, Genome Data base for Rosaceae и Citrus Genome Database. Это дает преимущество в развитии мировой генетики.

Успешно разрабатываются референсные библиотеки для многих таксонов отдельных регионов мира, такие как онлайн база данных открытого доступа BOLD [26] содержащая на данный момент информацию по более чем 72 тысячам видов растений с инструментарием для получения, хранения, анализа и публикации ДНК-штрихкодов.

BOLD предназначена для поддержки генерации и применения данных штрих-кодов ДНК. Штрихкодирование ДНК – это таксономический метод, который использует один или несколько стандартизированных коротких генетических маркеров в ДНК организма для идентификации его принадлежности к определенному виду. С помощью этого метода неизвестные образцы ДНК идентифицируются как зарегистрированные виды на основе сравнения со справочной библиотекой.

Сравнение баз генетических данных представлено в табл. 1.

Учитывая изложенное, а также тот факт, что работу по созданию отечественной базы данных основных лесобразующих пород ведет только одно отраслевое учреждение, можно сказать, что концептуальный подход к формированию этой базы близок к существ-

ующему международному подходу. В будущем, при наличии ресурсов, было бы целесообразно реализовать функцию, которая позволит исследователям, специализирующимся на генетике древесных растений, вносить данные в ААС «Лесная генетика» (после предварительной проверки полученных результатов), а также постепенно расширять географическую сеть сбора образцов для генетического анализа в естественных насаждениях Российской Федерации по сетке со стороны ее квадратных ячеек 50 км, непосредственно в узловых точках или вблизи них, предусмотреть возможность внесения новых локусов, внедрить лесосеменное районирование, добавить растровый слой спутниковых карт для удобства планирования работ по сбору образцов растительного материала, в подсистеме визуализации расширить набор инструментов для отображения геопривязанной информации.

В ходе исследования сформулирован следующий ряд предложений по улучшению работы ААС «Лесная генетика»:

1. Динамическое обновление таблиц отчетных форм с вновь поставленными задачами.
2. Возможность внесения новых локусов.
3. Корректировка типов исследования, согласно измененным ФТ.
4. Редактирование списка субъектов: добавление новых субъектов Российской Федерации.
5. Добавление лесосеменного районирования: полезно (несмотря на несовершенство лесосеменного районирования 2015 г. по сравнению с 1982 г.) при расширенном использовании ААС «Лесная генетика» (при внебюджетных работах по контролю за оборотом репродуктивного материала).
6. Добавление расширенных вариантов поиска: поиск точек сбора не только исходя из данных координат, местности, но и по данным размерности локусов.
7. Структурирование внутренней организации системы: выделить в отдельную подсистему с самостоятельным набором требований «Подсистему визуализации» (ареалы пород, видов микроорганизмов по зонам распространения, зон деятельности отделов по типу слоев).

Таблица 1

Сравнение формирования банка данных ААС «Лесная генетика» ФБУ «Рослесозащита» и других баз данных

ААС «Лесная генетика»	Другие базы данных
1. Порода.	1. Организм.
2. Кем и где собран образец биоматериала (координаты места сбора образцов в соответствии с географически привязанной сетью, 100 км x 100 км, тип материала (хвоя, древесина и т.д.).	2. Лocus и его характеристика.
3. Тип анализа, кем выполнен.	3. Белок, ген или нуклеотидная последовательность.
4. Лocus (наименование, мотив, молекулярный вес ампликона, молекулярный тип, и т. д.).	4. Функции и структура, а также описание.
5. Результаты анализа.	5. Литература (первое упоминание в публикациях и публикации, связанные с данной темой).
6. Электрофоретический спектр ампликонов (фореграммы полученных результатов).	6. Дополнительная информация (есть не во всех базах данных, это может быть карта сбора материала, гербарные образцы и т. п.).
7. Нуклеотидная последовательность микроорганизмов.	7. Выходная информация
8. Род/ вид выявленного патогена в пробе и его таксономическая принадлежность.	
9. Карта сбора образцов биоматериала.	
10. Выходные данные (отчет)	

8. Документирование программного обеспечения: разработка ПО обязательно включает в себя этап документирования как его внутреннего устройства, так и пользовательских возможностей.

9. В подсистеме визуализации реализовать управление видами: предусмотреть наличие предопределенных видов карты (настроек отображения карты), в которых редактором заранее заданы значения параметров. Например, сводный обзор фитопатогенов ЦФО должен включать масштаб и фрагмент карты на ЦФО и выводить отметки всех случаев выявления патогенов. При этом одной кнопкой должен включаться необходимый фрагмент карты в нужном масштабе с отображением на нем определенной выборки данных из подсистемы хранения (сохраненный запрос).

10. В подсистеме визуализации расширить набор инструментов для отображения геопривязанной информации: реализовать возможность отображения на карте областей по данным из базы подсистемы хранения или результатам работы подсистемы обчета и обработки данных (например, ареалов распространения видов патогенов, пород) с различными способами их выделения – оконтуривание, заливка цветом, текстурой.

11. В подсистеме визуализации реализовать использование динамических маркеров на основе информации из БД: предусмотреть нанесение точек на карте не только предопределенными маркерами, но и геопривязанными текстово-графическими метками из базы подсистемы хранения.

12. Добавить возможность перехода от карты к таблицам.

13. Возможность отображения зоны, закреплённой за филиалом.

14. При заполнении места сбора, а именно (регион, лесничество, уч. лесничество и т. д.), партия и анализы необходимо предусмотреть реализацию поиска внутри справочника по первым буквам.

15. Возможность отменить действие при составлении данных на партию.

16. Создание собственной базы микроорганизмов, выявленных на территориях обследования.

17. Автоматизация адресации партии: до учебного лесничества, в идеале до выдела.

18. Автоматизация и обработка многопараметрических табличных числовых данных математической обработки по заданным параметрам и их визуализация.

Повысится точность и актуальность информации о генетическом разнообразии главных лесобразующих видов, их способности адаптироваться к изменениям окружающей среды и резерве генетической изменчивости, также станет возможной количественная оценка параметров генетической структуры популяций отдельных видов и видовых сообществ. Кроме того, это может стать основой для научно-технологического развития биотехнологий в одном из сырьевых секторов экономики.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЕ ССЫЛКИ

1. Амяга Е. Н., Исаев С. П. Определение видовой принадлежности лиственницы в Еврейской автономной области и оценка ее фитосанитарного состояния // Региональные проблемы. 2021. Т. 24, № 1. С. 3–9.

2. Подбор ядерных микросателлитных локусов для видовой идентификации лиственницы даурской (Гмелина) и лиственницы сибирской, а также сравнение их генетических профилей для решения задач лесного хозяйства / Е. Н. Амяга, С. В. Нифонтов, А. Н. Гриднев, Н. М. Макрушин // Бюллетень Государственного Никитского ботанического сада. 2019. № 132. С. 72–79.

3. Беспалова В. В., Полянская О. А. Внедрение цифровых технологий на предприятиях лесного комплекса // Журнал прикладных исследований, 2021. № 2–4. С. 66–70.

4. Бутвиловский А. В., Барковский Е. В., Бутвиловский В. Э. Сравнительная характеристика вариантов NCBI blast-анализа ряда митохондриальных ферментов различных животных // Медицинский журнал. 2006. № 3(17). С. 34–36.

5. Гагарин Ю. Н., Добровольский А. А., Смирнов А. П. Состояние и перспективы охраны лесов от незаконных рубок в Российской Федерации // Вопросы лесной науки. 2019. Т. 2, № 4. С. 22.

6. Необходимость внедрения цифровых технологий в лесное хозяйство России как главного механизма устойчивого лесопользования / С. А. Гальченко, О. Б. Бородин, А. А. Рассказова, И. В. Чуксин // Московский экономический журнал. 2021. № 2. С. 50–61.

7. Камалов Р. М. Генетическая изменчивость популяции внутри лесосеменных районов и семеноводство *Quercus Robur L.* // Бюллетень Государственного Никитского ботанического сада. 2022. № 144. С. 19–24.

8. Карасева О. А., Малкова Т. В. Информационные технологии в лесном бизнесе // Леса России и хозяйство в них, 2020. № 1(72). С. 71–77.

9. Кнаус О. А., Прудникова А. Ю., Никеров Д. М. Эффективность использования экспертиз при расследовании преступлений, связанных с незаконными рубками лесных насаждений // Криминалистика: вчера, сегодня, завтра. 2019. № 3. С. 57–65.

10. База данных по внутривидовой изменчивости хвойных растений Сибири / С. Г. Князева, Л. И. Милютин, Е. Н. Муратова [и др.] // Хвойные бореальной зоны. 2007. Т. 24. № 2–3. С. 201–206.

11. Развитие генетико-селекционных методов повышения продуктивности лесов / О. М. Корчагин, М. А. Семенов, И. Н. Вариводина [и др.] // Лесохозяйственная информация, 2020. № 4. С. 5–22.

12. Постгеномные технологии в практическом лесном хозяйстве: разработка полногеномных маркеров для идентификации происхождения древесины и других задач / К. В. Крутовский, Ю. А. Путинцева, Н. В. Орешкова [и др.] // Лесотехнический журнал. 2019. № 1. С. 9–16.

13. Мельчакова Е. В., Малеева Н. А. Генетическое разнообразие естественных популяций сосны обыкновенной в северной части Республики Карелии // Лесохозяйственная информация. 2023. № 1. С. 85–96.

14. Состояние и задачи совершенствования учета видового разнообразия древесных и кустарниковых растений в лесном хозяйстве / М. М. Паленова, В. Н. Коротков, А. А. Нотов [и др.] // Лесохозяйственная информация. 2022. № 4. С. 58–84.

15. О государственной информационной системе в области генетической информации «Национальная

база генетической информации» : Постановление Правительства Российской Федерации от 31.01.2024 № 87. URL: <http://pravo.gov.ru/>.

16. Об утверждении Стратегии развития лесного комплекса Российской Федерации до 2030 года : Распоряжение Правительства РФ от 11.02.2021 № 312-р. URL: <https://www.consultant.ru/>.

17. О Стратегии научно-технологического развития Российской Федерации : Указ Президента Российской Федерации от 01.12.2016 № 642. URL: <http://pravo.gov.ru/>.

18. О Национальном центре генетических ресурсов растений : Указ Президента Российской Федерации от 08.02.2022 № 44. URL: <http://pravo.gov.ru/>.

19. О развитии генетических технологий в Российской Федерации : Указ Президента Российской Федерации от 28.11.2018 № 680. URL: <http://pravo.gov.ru/>.

20. Фиськов И. А. Состояние и динамика преступлений, связанных с незаконным использованием лесов // *Аграрное и земельное право*. 2019. № 3. С. 121–127.

21. Современное состояние лесной селекции в Российской Федерации: тренд последних десятилетий / А. П. Царев, Н. В. Лаур, В. А. Царев, Р. П. Царева // *Известие вузов. Лесной журнал*. 2022. № 6. С. 38–55.

22. Шейкина О. В., Гладков Ю. Ф. Генетическое разнообразие и дифференциация ценопопуляций сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.) сформированных на болотных и суходольных экотипах // *Вестник Томского государственного университета*. 2020. № 50. С. 101–118.

23. Шейкина О. В. Применение молекулярных маркеров в лесном селекционном семеноводстве в России: опыт и перспективы // *Вестник Поволжского государственного технологического университета*. Серия: Лес. Экология. Природопользование. 2022. № 2. С. 64–79.

24. Яценко А. М. Совершенствование систем оперативного мониторинга за состоянием лесов как один из перспективных способов борьбы с нелегальными лесозаготовками // *Вопросы Российской юстиции*. 2020. № 10. С. 281–284.

25. Bairoch A., Apweiler R. The SWISS-PROT protein sequence data bank and its new supplement TREMBL. (англ.) // *Nucleic acids research*. 1996. Vol. 24, no. 1. P. 21–25. PMID 8594581.

26. BOLD. Электрон. дан. Режим доступа: <http://www.boldsystems.org/>, свободный. Загл. с экрана. Язык англ.

27. Bruno J. Strasser. GenBank--Natural History in the 21st Century? (англ.) // *Science*. 2008-10-24. Vol. 322, iss. 5901. P. 537–538. ISSN 1095-9203. DOI 10.1126/science.1163399.

28. MolBiol.ru. Электрон. дан. Режим доступа: <http://molbiol.ru/ol.ru/>, свободный. Загл. с экрана. Язык рус., лат.

29. NCBI. Электрон. дан. Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>, свободный. Загл. с экрана. Язык англ.

30. Taylor Falk, Nic Herndon, Emily Grau, Sean Buehler, Peter Richter, Sumaira Zaman, Eliza M. Baker, Risharde Ramnath, Stephen Ficklin, Margaret taton, Frank A. Feltus, Sook Jung, Doreen Main and Jil L. We-

grzyn. Growing and cultivating the forest genomics database, TreeGenes. Database, 2018, 1–11 doi: 10.1093/database/bay084.

31. TreeGenes. Электрон. дан. Режим доступа: <https://treegenesdb.org/>, свободный. Загл. с экрана. Язык англ.

32. UniProt. Электрон. дан. Режим доступа: <https://www.uniprot.org/>, свободный. Загл. с экрана. Язык англ.

REFERENCES

1. Amyaga E. N., Isaev S. P. Opredelenie vidovoj prinadlezhnosti listvennicy v Evrejskoj avtonomnoj oblasti i ocenka ee fitosanitarnogo sostoyaniya // *Regional'nye problemy*, 2021. T. 24, No. 1. S. 3–9.

2. Podbor yadernyh mikrosatellitnyh lokusov dlya vidovoj identifikacii listvennicy daurskoj (Gmelina) i listvennicy sibirskoj, a takzhe sravnenie ih geneticheskikh profilej dlya resheniya zadach lesnogo hozyajstva / E. N. Amyaga, S. V. Nifontov, A. N. Gridnev, N. M. Makrushin // *Byulleten' Gosudarstvennogo Nikitskogo botanicheskogo sada*, 2019. No. 132. S. 72–79.

3. Bessalova V. V., Polyanskaya O. A. Vnedrenie cifrovyyh tekhnologij na predpriyatiyah lesnogo kompleksa // *Zhurnal prikladnyh issledovanij*, 2021. No. 2-4. S. 66–70.

4. Butvilovskij A. V., Barkovskij E. V., Butvilovskij V. E. Sravnitel'naya harakteristika variantov NCBI blast-analiza ryada mitohondrial'nyh fermentov razlichnyh zhivotnyh // *Medicinskij zhurnal*. 2006. No. 3(17). S. 34–36.

5. Gagarin Yu. N., Dobrovol'skij A. A., Smirnov A. P. Sostoyanie i perspektivy ohrany lesov ot nezakonnyh rubok v Rossijskoj Federacii // *Voprosy lesnoj nauki*, 2019. T. 2, No. 4. S. 22.

6. Neobhodimost' vnedreniya cifrovyyh tekhnologij v lesnoe hozyajstvo Rossii kak glavnogo mekhanizma ustojchivogo lesoupravleniya / S. A. Gal'chenko, O. B. Borodina, A. A. Rasskazova, I. V. Chuksin // *Moskovskij ekonomicheskij zhurnal*, 2021. No. 2. S. 50–61.

7. Kamalov R. M. Geneticheskaya izmenchivost' populyacii vntri lesosemennyyh rajonov i semenovodstvo Quercus Robur L. // *Byulleten' Gosudarstvennogo Nikitskogo botanicheskogo sada*, 2022. № 144. S. 19–24.

8. Karaseva O. A., Malkova T. V. Informacionnye tekhnologii v lesnom biznese // *Lesa Rossi i hozyajstvo v nih*, 2020. No.1(72). S. 71–77.

9. Knaus O. A., Prudnikova A. Yu., Nikerov D. M. Effektivnost' ispol'zovaniya ekspertiz pri rassledovanii prestuplenij, svyazannyh s nezakonnyimi rubkami lesnyh nasazhdenij // *Kriminalistika: vchera, segodnya, zavtra*, 2019. No. 3. S. 57–65.

10. Baza dannyh po vntrividovoj izmenchivosti hvoynyh rastenij Sibiri / S. G. Knyazeva, L. I. Milyutin, E. N. Muratova [et al.] // *Hvoynye boreal'noj zony*. 2007. T. 24. No. 2-3. S. 201–206.

11. Razvitie genetiko-selekcionnyh metodov povysheniya produktivnosti lesov / O. M. Korchagin, M. A. Semenov, I. N. Varivodina [et al.] // *Lesohozyajstvennaya informaciya*, 2020. No. 4. S. 5–22.

12. Postgenomnye tekhnologii v prakticheskom lesnom hozyajstve: razrabotka polnogenomnyh markerov dlya

идентификации происхождения древесины и других задач / K. V. Krutovskij, Yu. A. Putinceva, N. V. Oreshkova [et al.] // *Lesotekhnicheskij zhurnal*, 2019. No. 1. S. 9–16.

13. Mel'chakova E. V., Maleeva N. A. Geneticheskoe raznoobrazie estestvennyh populyacij sosny obyknovennyj v severnoj chasti Respubliki Karelii // *Lesohozyajstvennaya informacija*, 2023. No. 1. S. 85–96.

14. Sostoyanie i zadachi sovershenstvovaniya ucheta vidovogo raznoobraziya drevesnyh i kustarnikovyh rastenij v lesnom hozyajstve / M. M. Palenova, V. N. Korotkov, A. A. Notov [et al.] // *Lesohozyajstvennaya informacija*, 2022. No. 4. S. 58–84.

15. O gosudarstvennoj informacionnoj sisteme v oblasti geneticheskoy informacii "Nacional'naya baza geneticheskoy informacii" : Postanovlenie Pravitel'stva Rossijskoj Federacii ot 31.01.2024 No. 87. URL: <http://pravo.gov.ru/>.

16. Ob utverzhdenii Strategii razvitiya lesnogo kompleksa Rossijskoj Federacii do 2030 goda : Rasporjazhenie Pravitel'stva RF ot 11.02.2021 No. 312-r. URL: <https://www.consultant.ru/>.

17. O Strategii nauchnotekhnologicheskogo razvitiya Rossijskoj Federacii : Ukaz Prezidenta Rossijskoj Federacii ot 01.12.2016 No. 642. URL: <http://pravo.gov.ru/>.

18. O Nacional'nom centre geneticheskikh resursov rastenij : Ukaz Prezidenta Rossijskoj Federacii ot 08.02.2022 No. 44. URL: <http://pravo.gov.ru/>.

19. O razvitii geneticheskikh tekhnologij v Rossijskoj Federacii : Ukaz Prezidenta Rossijskoj Federacii ot 28.11.2018 No. 680. URL: <http://pravo.gov.ru/>.

20. Fis'kov I. A. Sostoyanie i dinamika prestuplenij, svyazannyh s nezakonnym ispol'zovaniem lesov // *Agrarnoe i zemel'noe pravo*, 2019. No. 3. S. 121–127.

21. Sovremennoe sostoyanie lesnoj selekcii v Rossijskoj Federacii: trend poslednih desyatiletij / A. P. Carev, N. V. Laur, V. A. Carev, R. P. Careva // *Izvestie vuzov. Lesnoj zhurnal*, 2022. No. 6. S. 38–55.

22. Shejkina O. V., Gladkov Yu. F. Geneticheskoe raznoobrazie i differenciaciya cenopopulyacij sosny obyknovennyj (*Pinus sylvestris* L.) sformirovannyh na bolotnyh i suhodol'nyh ekotipah // *Vestnik Tomskogo gosudarstvennogo universiteta*, 2020. No. 50. S. 101–118.

23. Shejkina O. V. Primenenie molekulyarnyh markerov v lesnom selekcionnom semenovodstve v Rossii: opyt i perspektivy // *Vestnik Povolzhskogo gosudarstvennogo tekhnologicheskogo universiteta. Seriya: Les. Ekologiya. Prirodopol'zovanie*, 2022. No. 2. S. 64–79.

24. Yacenko A. M. Sovershenstvovanie sistem operativnogo monitoringa za sostoyaniem lesov kak odin iz perspektivnyh sposobov bor'by s nelegal'nymi lesozagotovkami // *Voprosy Rossijskoj yusticii*, 2020. No. 10. S. 281–284.

25. Bairoch A., Apweiler R. The SWISS-PROT protein sequence data bank and its new supplement TREMBL. (angl.) // *Nucleic acids research*. 1996. Vol. 24, No. 1. P. 21–25. PMID 8594581.

26. BOLD. Elektron. dan. Rezhim dostupa: <http://www.boldsystems.org>, svobodnyj. Zagl. s ekrana. Yazyk angl.

27. Bruno J. Strasser. GenBank--Natural History in the 21st Century? (angl.) // *Science*. 2008-10-24. Vol. 322, iss. 5901. P. 537–538. ISSN 1095-9203. DOI 10.1126/science.1163399.

28. MolBiol.ru. Elektron. dan. Rezhim dostupa: <http://molbiol.ru/ol.ru>, svobodnyj. Zagl. s ekrana. Yazyk rus., lat.

29. NCBI. Elektron. dan. Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>, svobodnyj. Zagl. s ekrana. Yazyk angl.

30. Taylor Falk, Nic Herndon, Emily Grau, Sean Buehler, Peter Richter, Sumaira Zaman, Eliza M. Baker, Risharde Ramnath, Stephen Ficklin, Margaret taton, Frank A. Feltus, Sook Jung, Doreen Main and Jil L. Wegrzyn. Growing and cultivating the forest genomics database, TreeGenes. Database, 2018, 1–11 doi: 10.1093/database/bay084.

31. TreeGenes. Elektron. dan. Rezhim dostupa: <https://treegenesdb.org/>, svobodnyj. Zagl. s ekrana. Yazyk angl.

32. UniProt. Elektron. dan. Rezhim dostupa: <https://www.uniprot.org/>, svobodnyj. Zagl. s ekrana. Yazyk angl.

© Раздымахо А. А., Слипец А. А.,
Арефьева М. А., Савченкова В. А., 2025

Поступила в редакцию 13.12.2024

Принята к печати 25.04.2025