

УДК 575:582.475

**ГЕННЫЙ ПОТОК У *DROSOPHILA LITTORALIS*
(DIPTERA: DROSOPHILIDAE)
В ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ ПАЛЕАРКТИКИ***

Г.Г. Гончаренко¹, А.А. Сурков¹, В.Г. Митрофанов²

¹Гомельский государственный университет им. Ф. Скорины,

²Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН

На основании проведенного генетического анализа 17 природных популяций *Drosophila littoralis* Meigen в Палеарктике, с использованием 14 генов, кодирующих изоферменты, были установлены основные показатели генетической подразделенности (F_{ST} , G_{ST}) и генного потока ($N_e m$). Показатель генного потока, для всех исследованных популяций, включая кавказские, составил 1,7. Для остальных групп популяций $N_e m$ был выше 4,2, указывая на наличие генетического обмена более 4 мигрантами за поколение. Показана связь величины генного потока с географической удаленностью популяций друг от друга.

Ключевые слова: генный поток, *Drosophila littoralis*, природные популяции, Палеарктика, молекулярно-генетические маркеры, гены кодирующие изоферменты.

Введение. 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.

Точная оценка величины генного потока впервые стала возможной только с появлением данных о генетических маркерах. Однако исследования направленные на его измерение у высших насекомых Палеарктики непосредственно в природных популяциях практически отсутствуют. Удобной моделью для оценки генного потока в природных популяциях насекомых является *Drosophila littoralis* Meigen – палеарктический представитель двойниковых видов, входящих в группу *virilis*. Виды-двойники *Drosophila* группы *virilis* хорошо генетически изучены и успешно использовались в

* Работа выполнена в рамках Российско-Белорусского научного сотрудничества между «Институтом биологии развития Н.К. Кольцова» РАН (Москва, Россия) и УО «Гомельский государственный университет им. Ф. Скорины» (Гомель, Республика Беларусь). Исследование поддержано грантами Национальной Академии наук Беларуси № 2003865 и Министерства Образования Республики Беларусь № 2005562.

качестве модельной системы для изучения процессов видообразования [4; 7; 14], генетики развития [6; 10], молекулярной эволюции [12; 16; 17], а также таксономии и систематики [2; 9].

Цель работы – провести оценку уровня генного потока в 17 природных популяциях у вида *D. littoralis* в Палеарктике на основе использования в качестве молекулярно-генетических маркеров 14 генов кодирующих изоферменты.

Материал и методика. Представители *D. littoralis* обитают вблизи незагрязненных лесных водоемов. Взрослые особи данного вида были отловлены в 17 природных популяциях (рис. 1), которые находятся в восточной части ареала данного вида на территории Палеарктики [9; 11; 17].

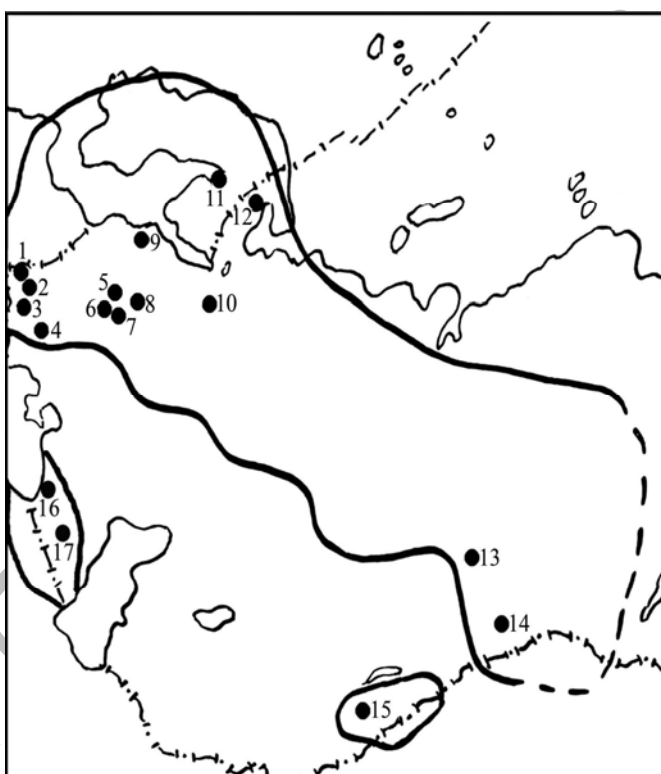


Рис. 1. Месторасположение изученных популяций *D. littoralis*:

● – популяции, — — граница распространения вида

На карте дана схема расположения популяций (рис. 1). Ниже приведены данные о названии, месторасположении популяций *D. littoralis*, указан год отлова исследованных особей: 1) Мукачево (Мук) – вблизи

г. Мукачево (Украина), 1986; 2) Латорица (Лт) – р. Латорица в 10 км восточнее Мукачево (Украина), 1985; 3) Воловец (Вол) – г. Воловец (Украина), 1986; 4) Черновцы (Чер) – вблизи г. Черновцы (Украина), 1985; 5) Днепровская (Дн) – вблизи г. Речица (Белоруссия), 1985, 2003 – 2005; 6) Гомель ручейная (Г-р) – ручей в 10 км южнее г. Гомель (Белоруссия), 1984 – 1987, 2003 – 2005; 7) Гомель болотная (Г-б) – Галые болота восточнее г. Гомель (Белоруссия), 1981 – 1984, 2003 – 2005; 8) Орша (Орш) – вблизи г. Орша (Белоруссия), 1985; 9) Латвия (Лат) – вблизи г. Цесие (Латвия), 1989; 10) Кропотово (Кр) – вблизи пос. Кропотово, Московская обл. (Россия), 1980; 11) Финляндия (Фин) – вблизи г. Оулу (Финляндия), 1980; 12) Карелия (Кар) – Карельское побережье Белого моря, (Россия), 1985; 13) Новосибирск (Нов) – р. Обь в 100 км южнее г. Новосибирск (Новосибирская обл., Россия), 1887 – 1989; 14) Алтай (Алт) – р. Катунь в 80 км южнее г. Бийск, (Россия, Алтайский край), 1989; 15) Тянь-Шань (Тян) – вблизи г. Талас (Кыргызстан), 1986 – 1987; 16) Геленджик (Гел) – вблизи г. Геленджик (Россия, Краснодарский край), 1982; 17) Убинка (Уб) – вблизи пос. Убинка (Россия, Краснодарский край), 1982.

Популяции были подразделены на группы: европейская группа – популяции 1 – 12, сибирская – 13 – 14, тянь-шаньская – 15, кавказская 16 – 17. В свою очередь 12 чисто европейских популяций подразделяются на: южно-европейские – 1 – 4 (Украина), восточно-европейские – 5 – 10 (Белоруссия, Россия, Латвия) и северо-европейские – 11 – 12 (Финляндия, Карелия).

Взрослые особи вида *D. littoralis* исследовались методом электрофореза, который был описан нами ранее [3; 4; 8]. Обозначение выявленных электрофоретических вариантов дано по общепринятой номенклатуре Пракаша с соавторами [15]. Для выявления значения параметров генетической подразделённости популяций использовали показатели F_{ST} [18] и G_{ST} [13]. Величина генного потока ($N_e m$) определялась из соотношения $N_e m = (1 - F_{ST}) / 4F_{ST}$, где F_{ST} – коэффициент подразделённости популяций [18].

Результаты и обсуждение. В ходе электрофоретического исследования особей вида *D. littoralis* обитающего на территории Палеарктики из 17 природных популяций по 11 ферментным системам удалось выявить 46 различных электрофоретических вариантов, находящихся, как было показано ранее [1; 5] под генетическим контролем 14 локусов (табл. 1).

При анализе оказалось, что локусы *Fum*, α -*Gpdh*, *c-Mdh*, *m-Mdh* являются мономорфными поскольку по этим генам найден только один аллель. Наибольшая изменчивость обнаружена по генам, кодирующим α -эстеразу-3, β -эстеразу-2, кислую фосфатазу-1, октанолдегидрогеназу и отчасти малик-энзим.

Для оценки генетической структуры были рассчитаны частоты встречаемости аллелей в каждой из 17 исследованных популяций *D. littoralis*. Аллельные частоты по 14 проанализированным генам представлены в табл. 1.

Используя F-статистики Райта (F_{ST}) и G-статистики Неи (G_{ST}), мы предприняли попытку определить состояние равновесия и степень подразделённости в 17 исследованных природных популяциях *D. littoralis*.

Аллельные частоты в исследованных природных популяциях *D. littoralis*

Локус, аллели	Популяции																
	Мук*	Лт	Вол	Чер	Дн	Г-р	Г-б	Орш	Лат	Кр	Фин	Кар	Нов	Алт	Тян	Гел	Уб
PGM																	
n	101	18	10	36	62	106	156	4	8	4	3	10	4	12	36	132	350
0,40	0,029	0,000	0,000	0,027	0,032	0,009	0,006	0,000	0,000	0,250	0,000	0,000	0,000	0,000	0,027	0,007	0,005
0,80	0,971	1,000	1,000	0,918	0,952	0,973	0,969	0,750	1,000	0,750	1,000	1,000	0,750	0,750	0,973	0,895	0,905
0,85	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,000
0,95	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,008
1,00	0,000	0,000	0,000	0,055	0,016	0,009	0,019	0,250	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250	0,167	0,000	0,084	0,074
1,20	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,009	0,006	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,083	0,000	0,000	0,005
1,22	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,003
ME																	
n	136	18	10	36	62	106	156	4	8	4	3	10	4	12	36	132	350
1,10	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,006	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,985	0,991
1,20	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,994	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,015	0,009
HK-1																	
n	90	18	10	36	62	106	136	4	8	4	3	10	4	12	36	132	350
1,00	0,011	0,055	0,000	0,000	0,032	0,000	0,014	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,003
1,40	0,989	0,945	1,000	1,000	0,919	0,982	0,979	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,978	0,991
1,80	0,000	0,000	0,000	0,000	0,032	0,009	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,003
2,00	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,009	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,015	0,003
HK-8																	
n	90	18	10	36	62	106	136	4	8	4	3	10	4	12	36	132	350
1,00	1,000	1,000	1,000	1,000	0,968	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
1,05	0,000	0,000	0,000	0,000	0,032	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000

Локус, аллели	Популяции																
	Мук*	Лт	Вол	Чер	Дн	Г-р	Г-б	Орш	Лат	Кр	Фин	Кар	Нов	Алт	Тян	Гел	Уб
FUM																	
n	90	20	10	36	62	106	144	4	0	4	3	10	0	0	36	132	350
1,00	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,000	1,000	1,000	1,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000
α-EST-3																	
n	132	25	10	36	68	116	149	4	0	4	4	10	0	0	36	133	352
0,85	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,075	0,068
0,90	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,008	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,233	0,237
0,95	0,190	0,200	0,100	0,194	0,132	0,155	0,255	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,083	0,482	0,466
1,00	0,023	0,040	0,100	0,166	0,059	0,086	0,042	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
1,02	0,257	0,320	0,400	0,306	0,324	0,302	0,315	0,250	0,000	0,250	0,250	0,700	0,000	0,000	0,734	0,075	0,102
1,10	0,333	0,200	0,300	0,223	0,324	0,379	0,248	0,500	0,000	0,250	0,750	0,200	0,000	0,000	0,128	0,135	0,127
1,14	0,197	0,240	0,100	0,111	0,162	0,069	0,140	0,250	0,000	0,500	0,000	0,100	0,000	0,000	0,055	0,000	0,000
β-EST-2																	
n	134	22	10	35	63	112	154	4	8	4	3	10	4	10	36	133	352
1,36	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
1,39	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
1,44	0,045	0,000	0,200	0,000	0,111	0,125	0,104	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
1,46	0,023	0,000	0,000	0,000	0,016	0,000	0,032	0,000	0,000	0,500	0,000	0,200	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
1,48	0,701	0,454	0,600	0,886	0,587	0,572	0,565	0,500	0,750	0,500	1,000	0,700	0,500	0,600	0,083	0,015	0,012
1,51	0,231	0,545	0,200	0,114	0,270	0,303	0,292	0,500	0,250	0,000	0,000	0,100	0,500	0,400	0,917	0,985	0,988
ACPH-1																	
n	135	22	10	36	62	106	152	4	9	4	3	8	4	12	36	132	350
1,03	0,007	0,000	0,000	0,000	0,000	0,038	0,040	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,003
1,08	0,918	0,955	1,000	0,805	0,823	0,840	0,809	1,000	0,556	1,000	1,000	0,750	0,750	0,500	1,000	0,979	0,984
1,14	0,053	0,000	0,000	0,056	0,064	0,094	0,092	0,000	0,333	0,000	0,000	0,125	0,000	0,250	0,000	0,007	0,008
1,20	0,023	0,045	0,000	0,139	0,113	0,028	0,059	0,000	0,111	0,000	0,000	0,125	0,250	0,250	0,000	0,007	0,005

Локус, аллели	Популяции																
	Мук*	Лт	Вол	Чер	Дн	Г-р	Г-б	Орш	Лат	Кр	Фин	Кар	Нов	Алт	Тян	Гел	Уб
ADH																	
n	136	22	10	36	62	80	112	4	8	4	3	6	4	12	36	132	322
1,00	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
1,40	1,000	1,000	1,000	1,000	0,984	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,993	1,000
1,80	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,007	0,000
ODH																	
n	28	4	4	0	30	52	12	0	0	2	1	0	0	0	0	66	114
0,95	0,035	0,000	0,000	0,000	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,008
1,00	0,895	1,000	1,000	0,000	0,901	0,943	0,917	0,000	0,000	0,500	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,940	0,950
1,05	0,035	0,000	0,000	0,000	0,000	0,038	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,015	0,017
1,10	0,035	0,000	0,000	0,000	0,066	0,000	0,083	0,000	0,000	0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,030	0,035
1,20	0,000	0,000	0,000	0,000	0,033	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,015	0,000
α-GPDH																	
n	2	0	0	0	0	0	2	0	8	0	0	0	4	12	6	20	38
1,00	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
c-MDH																	
n	2	0	0	0	0	0	2	0	8	0	0	0	4	12	6	2	2
1,91	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
m-MDH																	
n	2	0	0	0	0	0	2	0	8	0	0	0	4	12	6	2	2
1,00	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
IDH																	
n	2	0	0	0	0	0	2	0	8	0	0	0	4	12	6	0	0
0,98	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,000	0,875	0,000	0,000	0,000	1,000	0,833	1,000	0,000	0,000
1,00	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,125	0,000	0,000	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000

Примечание. n – число проанализированных геномов. Сокращения названий популяций приведены в тексте.

Показатель подразделенности (F_{ST}) для всех множественных аллелей подсчитывался как средневзвешенный по всем исследованным популяциям и варьировал в полиморфных локусах от 0,118 (Odh) до 0,983 (Me) (табл. 2). Среднее значение F_{ST} составило 0,128. Это говорит о том, что 87,2% всей изменчивости находится внутри популяций *D. littoralis*, а 12,8% приходится на межпопуляционную изменчивость. Относительно близкое среднее значение, равное 0,153 (табл. 2), было установлено и по другому показателю, определяющему подразделенность – G_{ST} , который, как было показано в работе Неи [13], эквивалентен параметру F_{ST} . Полученные значения F_{ST} и G_{ST} , приведенные в табл. 2, позволяют говорить о четкой неоднородности генетической структуры, по крайней мере, в изученной нами части ареала *D. littoralis* (рис. 1).

Таблица 2

Значения показателей F- и G-статистик по 14 локусам в исследованных природных популяциях *D. littoralis*

Локус	F_{ST}	G_{ST}
PGM	0,069	0,126
ME	0,983	0,983
HK-1	0,025	0,031
HK-8	0,030	0,030
FUM	0,000	0,000
α -EST-3	0,131	0,142
β -EST-2	0,194	0,328
ACPH-1	0,119	0,157
ADH	0,011	0,012
ODH	0,118	0,232
α -GPDH	0,000	0,000
c-MDH	0,000	0,000
m-MDH	0,000	0,000
IDH	0,105	0,105
Среднее	0,128	0,153

Генный поток вычислялся для всех исследованных групп популяций *D. littoralis* Палеарктики. Результаты сведены в табл. 3. Рассчитав значение F_{ST} для каждой группы популяций (табл. 3), мы определили величину генного потока ($N_e m$), которая оказалась для всех европейско-сибирско-тяньшаньско-кавказских равной только 1,7. Это говорит о том, что изученные популяции *D. littoralis* обмениваются генетическим материалом в среднем с интенсивностью менее 2 мигрантов за поколение. При исключении двух кавказских популяций величина $N_e m$ для 15 европейско-сибирско-тяньшаньских популяций резко увеличивается до 4,2 мигрантов за поколение. После исключения Тянь-Шаньской популяции величина $N_e m$ для остальных европейско-сибирских популяций увеличивается незначительно только до 4,5

мигрантов за поколение. Значение генного потока для 12 популяций составляющих европейскую группу при исключении популяций Алтая и Новосибирска увеличивается до 4,8 мигрантов за поколение. И, наконец, для юго–восточно–европейских (при исключении популяций Карелии и Финляндии) и для восточно-европейских (при исключении Карпатских популяций) величина генного потока составила 5,2 и 5,4 мигрантов за поколение соответственно (табл. 3).

Таблица 3
Показатели коэффициента генетической подразделенности и генного потока в группах популяций *D. littoralis*

Группы	F_{ST}	$N_e m$
Европейско-сибирско-тянь-шаньско-кавказские	0,128	1,70
Европейско-сибирско-тянь-шаньские	0,056	4,21
Европейско-сибирские	0,053	4,47
Европейские	0,050	4,75
Юго-восточно-европейские	0,046	5,18
Восточно-европейские	0,044	5,43

Полученные данные однозначно указывают на генетическую обособленность кавказских популяций и достаточно интенсивный обмен генетическим материалом между остальными 15 евро-азиатскими популяциями *D. littoralis*. Не смотря на наличие между последними географических преград, таких как Карпатские, Уральские, Алтайские и Тянь-шаньские горы, степень отличия в показателе $N_e m$ между ними незначительна и связана с их географической удаленностью друг от друга.

Заключение. На основании проведенного генетического анализа 17 природных популяций *D. littoralis* Палеарктики, с использованием 14 генов, были установлены основные показатели генетической подразделенности и генного потока. Величина генного потока ($N_e m$) для проанализированных нами популяций, включая кавказские, составила 1,7. Для остальных 15 популяций $N_e m$ был значительно выше, всегда превышал 4,2 мигранта на поколение, достигая 5,4 для восточно-европейских популяций. Полученные нами генетические данные однозначно указывают на зависимость величины генного потока от географической удаленности популяций друг от друга.

Авторы выражают благодарность генетикам городов Гомеля, Москвы и Новосибирска, которые оказывали содействие в сборе экспериментального материала и генетических исследованиях.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Гончаренко Г.Г. Аллозимная диагностика видов-двойников *Drosophila* группы *virilis* // Докл. АН СССР. 1987. Т. 295, №4. С. 976 – 980.
2. Гончаренко Г.Г., Емельянов И.М. Электрофоретический ключ для типирования взрослых особей двойниковых видов *Drosophila* группы *virilis*,

- обитающих в Палеарктике // Докл. АН СССР. 1990. Т. 313, №2. С. 448.
3. Гончаренко Г.Г., Митрофанов В.Г., Катохин А.Н. Изучение биохимического полиморфизма у *Drosophila imeretensis* в природных популяциях Краснодарского края // Генетика. 1984. Т. 20, №4. С. 620.
 4. Гончаренко Г.Г., Митрофанов В.Г., Корочкин Л.И., Савицкий Б.П. Первый этап видообразования у двух подвидов *Drosophila* группы *virilis* // Докл. АН СССР. 1989. Т. 304, №2. С. 448.
 5. Гончаренко Г.Г., Сурков А.А., Митрофанов В.Г., Корочкин Л.И. Генетико-эволюционные и таксономические взаимоотношения у видов-двойников *Drosophila* группы *virilis* Палеарктики // Изв. ГГУ им. Ф. Скорины. 2004. №3. С. 144.
 6. Корочкин Л.И. Биология индивидуального развития: генетический аспект. М., 2002.
 7. Майр Э. Зоологический вид и эволюция. М., 1968.
 8. Сурков А.А., Гончаренко Г.Г., Митрофанов В.Г., Корочкин Л.И. Методический подход к исследованию генофондов короткоусых двукрылых *Drosophila* группы *virilis* в природных популяциях Беларуси // Изв. ГГУ им. Ф. Скорины. 2003. №5. С. 50.
 9. Goncharenko G.G., Emelianov I.M., 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. V. 30. P. 281.
 10. Korochkin L.I. Genetic control and development expression of esterase isozymes in *Drosophila* of the *virilis* group // Developmental biology. London, 1975. P. 99 – 117.
 11. Lakovaara S., Saura A., Lankinen P., Pohjola L., Lokki P. The use of isoenzymes in tracing evolution and in classifying Drosophilidae // Zool. Scr. 1976. V. 5. P. 173.
 12. Nei M. Interspecific gene differences and evolutionary time estimated from electrophoretic data on protein identity // Amer. Natur. 1971. V. 105. P. 385.
 13. Nei M. Molecular Population Genetics and Evolution. Amsterdam, 1975.
 14. Patterson S.T., Stone W.S. Evolution in the genus *Drosophila*. NY, 1952.
 15. Prakash S., Lewontin R.C., Hubby J.L. 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. V. 61. P. 841.
 16. Spicer G.S., Bell C.D. Molecular phylogeny of the *Drosophila virilis* species group (Diptera: Drosophilidae) inferred from mitochondrial 12S and 16S ribosomal RNA gene // Genes Ann. Entomol. Soc. Am. 2002. V. 95. P. 156.
 17. Throckmorton L.H. The *virilis* species group // The genetics and biology of *Drosophila* / Eds. M. Ashburner, E. Novitsky. London, 1982. V. 3B. P. 227 – 297.
 18. Wright S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regards to systems of mating // Evolution. 1965. V. 19. P. 395.

**GENE FLOW BY *DROSOPHILA LITTORALIS*
(DIPTERA: DROSOPHILIDAE)
IN NATURAL POPULATIONS PALAEARCTIC**

G.G. Goncharenko¹, A.A. Surkov¹, V.G. Mitrophanov²

¹Francisk Skorina Gomel State University,
²Koltsov Institute of Developmental Biology

*Seventeen natural populations of *Drosophila littoralis* Meigen from Palaeartic, were investigated by starch-gel electrophoresis. Interpopulations genetic diversity (F_{ST} , G_{ST}) was 12,8 – 13,3% of the total genetic diversity. The level of gene flow ($N_e m$) was more then 4,2 migrants per generation. The genetic data obtained suggest that the level gene flow it is connected with geographical distance of populations of *D. littoralis* from each other.*

*Key words: gene flow, *Drosophila littoralis*, natural populations, Palearctic, molecular-genetic markers, gens coding isoenzymes.*