

Научная статья
УДК 630.18+630.97
EDN TZBBRZ
DOI 10.24419/LHI.2304-3083.2024.4.10

Информационные инструменты в области лесных генетических ресурсов: от международного опыта к национальным решениям (обзор)

Мария Михайловна Паленова¹

кандидат биологических наук

Константин Валерьевич Крутовский²

кандидат биологических наук

Аннотация. В статье представлен обзор современных международных инструментов и подходов к управлению лесными генетическими ресурсами. Рассматриваются ключевые международные инициативы и инструменты, направленные на сбор, хранение и анализ данных о генетическом разнообразии лесов, а также оценку угроз для различных видов деревьев. Обсуждаются возможности адаптации и использования этих инструментов в России, принимая во внимание уникальные природные условия и масштабы лесных территорий. На основе проведенного анализа сформулированы рекомендации по созданию национальных инструментов, учитывающих международный опыт и адаптированных к российским условиям.

Ключевые слова: лесная генетика и селекция, информационные системы и инструменты, базы данных, видовое разнообразие, генетическое разнообразие

Для цитирования: Паленова М.М., Крутовский К.В. Информационные инструменты в области лесных генетических ресурсов: от международного опыта к национальным решениям (обзор). – Текст: электронный // Лесохозяйственная информация. 2024. № 4. С. 95–108. DOI 10.24419/LHI.2304-3083.2024.4.10. <https://elibrary.ru/tzbbbrz>.

¹ Всероссийский научно-исследовательский институт лесоводства и механизации лесного хозяйства, заведующий отделом (Пушкино, Московская обл., Российская Федерация), mvvr@mail.ru

² Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, ведущий научный сотрудник (Москва, Российская Федерация), krutovsky@vigg.ru; Сибирский федеральный университет, профессор (Красноярск, Российская Федерация), kkrutovskiy@sfu-kras.ru

Original article

EDN TZBBRZ

DOI 10.24419/LHI.2304-3083.2024.4.10

Information Tools in Forest Genetic Resources: From International Experience to National Solutions (Review)

Maria M. Palenova¹

Candidate of Biological Sciences

Konstantin V. Krutovsky²

Candidate of Biological Sciences

Abstract. *The article provides an overview of contemporary international tools and approaches to managing forest genetic resources. Key international initiatives and instruments aimed at collecting, storing, and analyzing data on forest genetic diversity are examined, as well as assessing threats to various tree species. The possibilities for adapting and applying these tools within the Russian context are discussed, taking into account Russia's unique natural conditions and vast forested territories. Based on the analysis conducted, recommendations are formulated for creating national tools that take into account international experience and are adapted to Russian specifics.*

Key words: *forest genetics and selection, information systems and tools, databases, species diversity, genetic diversity*

For citation: *Palenova M., Krutovsky K. Information Tools in Forest Genetic Resources: From International Experience to National Solutions (Review). – Text : electronic // Forestry Information. 2024. № 4. P. 95–108. DOI 10.24419/LHI.2304-3083.2024.4.10. <https://elibrary.ru/tzbbbrz>.*

¹ Russian Research Institute for Silviculture and Mechanization of Forestry, Head of Department (Pushkino, Moscow region, Russian Federation), mvvp@mail.ru

² The Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academy of Sciences, Leading Researcher (Moscow, Russian Federation), kkrutovsky@vigg.ru; Siberian Federal University, Professor (Krasnoyarsk, Russia), kkrutovskiy@sfu-kras.ru

Введение

Лесные генетические ресурсы (ЛГР) играют ключевую роль в поддержании биоразнообразия и обеспечении устойчивости лесных экосистем. В условиях глобального изменения климата и утраты биоразнообразия управление этими ресурсами становится одной из приоритетных задач мирового сообщества. В то же время важность лесных генетических ресурсов зачастую не находит должного признания в национальных мерах политики или стратегиях по вопросам лесов, сохранения биоразнообразия и адаптации к изменению климата. Международное сотрудничество, обмен данными и методическими разработками являются важным условием для разработки эффективной стратегии управления лесными ресурсами.

Цель исследования – проанализировать современные международные инициативы и инструменты, применяемые для оценки, анализа состояния и исследования лесных генетических ресурсов, а также возможности их адаптации и использования в российском контексте.

Методы и подходы к составлению обзора

Для составления данного обзора использованы следующие методы и подходы:

- ✓ осуществлен систематический анализ научной литературы, посвященной международным инструментам и инициативам в области лесных генетических ресурсов. Использованы базы данных Scopus, Web of Science, Google Scholar и другие специализированные источники;
- ✓ изучены официальные документы международных организаций, таких как ООН, ФАО, МСОП и других, касающиеся вопросов управления лесными генетическими ресурсами;
- ✓ сделан сравнительный анализ существующих международных инструментов

и проведена оценка их применимости в российском контексте.

Эти методы позволили собрать обширную информацию и сформировать комплексный взгляд на проблему.

В данном обзоре дано описание инструментов преимущественно для двух из четырех перспективных приоритетных направлений действий в области лесных генетических ресурсов, которые были сформулированы в соответствии со структурой Глобального плана действий по сохранению, устойчивому использованию и развитию ЛГР, утвержденного на 38-й сессии Конференции ФАО¹: 1) мониторинг и изучение состояния лесных генетических ресурсов и 2) сохранение лесных генетических ресурсов.

Международные инициативы и проекты

Информационные инструменты и платформы создают для сбора, хранения, обработки, анализа и визуализации данных, а также для облегчения доступа к этим данным и их совместного использования широким кругом пользователей, включая учёных, специалистов, управленцев и пр. Предваряя описание информационных инструментов, необходимо дать определение предметной области, т.е. тем объектам и процессам, для которых созданы описываемые ниже инструменты и платформы.

Лесные генетические ресурсы (ЛГР), по определению Продовольственной и сельскохозяйственной организации ООН (ФАО ООН), – это «наследственные материалы, содержащиеся как в отдельных видах, так и в совокупности видов деревьев и других древесных растений, представляющих фактическую или потенциальную экономическую, экологическую, научную и социальную ценность» [1]. В 2022 г. в новой Куньминско-Монреальской глобальной рамочной программе Конвенции о биологическом разнообразии (КБР) обозначено, что «необходимо

¹ <https://openknowledge.fao.org/items/80c362b5-5af1-45eb-99dc-b89af42bd809>.

принимать меры по сохранению и поддержанию генетического разнообразия не только домашних/сельскохозяйственных, но и диких видов». Генетическое разнообразие обычно рассматривают на видовом уровне (объем генетической информации, содержащейся в генах всех организмов) и популяционном уровне (разнообразие генов и их вариантов (аллелей) в популяциях). Отечественная популяционная генетика уточняет определение ФАО: под лесными генетическими ресурсами принято понимать «все разнообразие видов и внутривидовых форм древесных растений, с неперенным учетом сложившейся в результате их естественной истории нативной популяционной структуры, т.е. характерных для вида уровней внутривидовой популяционной генетической изменчивости на разных уровнях иерархической популяционной организации» [2].

Фундаментальной основой, которая позволяет четко обособлять ключевые элементы биоразнообразия при решении разных задач, является название вида (породы). Оно дает возможность активно использовать всю информацию о его биологии, распространении, практической ценности для человека, соотносить результаты исследований любого уровня с общемировыми. Ботаники мира в XXI в. продолжают каталогизировать видовое разнообразие и изучать филогенетические взаимоотношения между группами видов.

Стандартизация и каталогизация названий растений является критически важным шагом в различных областях биологии, в том числе при создании информационных систем. Во всем мире ведется большая работа, чтобы исключить необходимость повторного обращения к первоисточникам для получения базовой библиографической информации о названиях растений. Список растений портала World Flora Online / Мировая Флора Онлайн² (WFO) является наиболее полным и авторитетным списком растений мира. Он поддерживается мировым таксономическим сообществом как бесплатный

и открытый ресурс. Последние версии цитируемого статического списка генерируются 21 июня и 21 декабря каждого года из динамической таксономической основы. Список растений базы данных WFO содержит общепринятые научные названия для всех таксонов (семейств, родов, видов и т.д.) со ссылками на все синонимы, под которыми этот таксон был известен, и отражает положение каждого в классификации.

Тенденции цифровизации информации и формирования глобальных баз данных привели к созданию ботанических и других баз данных и информационных порталов, включая Plants of the World Online / Растения мира онлайн³ (POWO), который поддерживается Королевскими ботаническими садами Кью (Великобритания). POWO представляет собой результат деятельности международной программы. Ее основной целью является сбор оцифрованных данных о флоре мира, полученных за последние 250 лет ботанических исследований и изысканий. Портал предоставляет информацию о таксономии, идентификации, изображениях, распространении, признаках, статусе угрозы, молекулярной филогении и использовании сосудистых растений во всем мире. В POWO предусмотрена полная синонимия, поэтому легко найти данные под любым именем.

На основе POWO Международный совет ботанических садов по охране растений (BGCI) в 2017 г. разработал базу данных GlobalTreeSearch/ Глобальный поиск деревьев⁴ (GTS), которая сфокусирована на древесных породах мира. GlobalTreeSearch – первая глобальная база данных видов деревьев и информации об их естественном распространении по странам. Она не является статичной и постоянно обновляется по мере поступления новой информации, предоставляя наиболее полный список видов деревьев. GlobalTreeSearch может служить инструментом мониторинга и управления видовым разнообразием деревьев, оценки состояния лесов и запасов углерода на глобальном, региональном или национальном

² <https://wfoplantlist.org>.

³ <https://powo.science.kew.org>.

⁴ www.bgci.org/globaltreesearch.

уровне. GlobalTreeSearch используют в качестве основы для создания различных баз данных и информационных систем по конкретным аспектам биологии (продуктивность, свойства древесины и пр.) и экологии древесных растений.

Крупнейшим международным проектом по приоритизации действий в области охраны ЛГР является Global Tree Assessment/Глобальная оценка деревьев⁵ (GTA). Его цель – публикация оценок сохранения всех деревьев мира, включенных в Красный список угрожаемых видов Международного союза охраны природы⁶ (International Union for Conservation of Nature/IUCN). Global Tree Assessment – это глобальная инициатива BGCI, объединяющая таксономическую, географическую, экологическую и природоохранную информацию о древесных растениях в поддержку политики и действий по сохранению биоразнообразия. В соответствии с проектом GTA были связаны между собой существующие глобальные базы данных GlobalTreeSearch, ThreatSearch, PlantSearch и GardenSearch.

В базе данных ThreatSearch⁷ все имеющиеся в настоящее время оценки статуса сохранности растений объединены в единый список. Оценки проводятся с использованием множества различных систем, поэтому им присваивается интерпретируемый статус сохранности, чтобы можно было проводить сравнение между системами. Создатели базы данных продолжают добавлять новые оценки статуса сохранности, а также оценки из неоцифрованных источников. ThreatSearch можно использовать для измерения прогресса в достижении нескольких целей Глобальной стратегии сохранения растений ООН. Прежде всего список всех оценок сохранности видов помогает отслеживать прогресс в выполнении целевой задачи 2 (Оценка статуса сохранности всех известных видов растений, насколько это возможно, что необходимо для руководства действиями по сохранению). ThreatSearch также способствует

оценке выполнения целевой задачи 7 (не менее 75% известных видов растений, находящихся под угрозой исчезновения, сохранены *in situ*) и целевой задачи 8 (не менее 75% исчезающих видов растений находятся в коллекциях *ex situ*, предпочтительно в стране происхождения).

PlantSearch⁸ – уникальный инструмент для доступа и обмена информацией о живых коллекциях, поддерживаемых ботаническими садами и подобными организациями во всем мире. PlantSearch включает в себя данные на уровне таксона из более чем 1 100 коллекций живых растений, семян, пыльцы и тканей, расположенных по всему миру.

GardenSearch⁹ служит единственным глобальным источником информации о ботанических садах и дендрариях мира. GardenSearch также включает в себя информацию о банках генов и семян, коллекциях культур тканей и криоконсервации. Большинство полевых коллекций деревьев для сохранения *ex situ* хранятся в ботанических садах. GardenSearch включает информацию об около 800 хорошо зарекомендовавших себя ботанических садах, в которых насчитывается в общей сложности от 60 000 до 80 000 видов растений, из них 6 881 – древесные породы (они хранятся как семена и живые растения). Значительная часть этих древесных пород является эндемиками одной страны, что подчеркивает их уязвимость и настоятельную необходимость сохранения. Однако небольшие площади и недостаточное финансирование ботанических садов ограничивают количество высаживаемых деревьев каждого из происхождений (источников), сужая генетическое разнообразие и снижая их способность производить здоровое потомство. В то же время возможность вегетативного возобновления некоторых коллекций живых деревьев позволяет, по крайней мере, сохранить существующее разнообразие.

В 2021 г. BGCI запустила портал Global Tree¹⁰ (GT), который обеспечивает доступ к данным о почти 60 000 видах деревьев мира. Основу

⁵ <https://www.globaltreeassessment.org>.

⁶ <https://www.iucnredlist.org>.

⁷ <https://www.bgci.org/resources/bgci-databases/threatsearch/>

⁸ <https://www.bgci.org/resources/bgci-databases/plantsearch/>

⁹ <https://www.bgci.org/resources/bgci-databases/gardensearch/>

¹⁰ <https://www.bgci.org/resources/bgci-databases/globaltree-portal>

портала составляет объединенная информация глобальных баз данных GlobalTreeSearch, ThreatSearch, PlantSearch и GardenSearch, связанных между собой в рамках проекта Global Tree Assessment. Соответственно, портал имеет широкий аналитический инструментарий: на страницах конкретных видов можно получить сведения об их ареале, статусе охраны (на глобальном и национальном/региональном уровне) и действиях по сохранению. Доступ к данным возможен на видовом, страновом и глобальном уровнях. На страницах стран можно скачать контрольный список видов этих стран с соответствующей информацией об эндемизме и природоохранном статусе (пример визуализации данных приведен на рис. 1). GT позволяет просматривать сводную статистику по всем видам деревьев. В рамках портала GT можно отслеживать природоохранные действия с подробной информацией о том, кто и какие виды древесных растений охраняет. В целом функционал портала GT разработан для получения оценки угрозы исчезновения всех известных видов деревьев, включая анализ их генетического разнообразия. Результаты работы с данными GT помогают определить приоритеты по охране отдельных видов и популяций, разработать меры по предотвращению их вымирания.

Таким образом, портал GlobalTree – инструмент мониторинга распространения видов

деревьев, угроз и природоохранных действий, включая статус их сохранения *ex situ* и *in situ* [3, 4]. На портале можно найти также аналитические пакеты для статистического анализа и иного описания видового и генетического разнообразия. Приведем несколько примеров таких аналитических оценок. Были проанализированы различные аспекты сохранения ЛГР. Показано, что на май 2024 г. в коллекциях *ex situ* (живые коллекции ботанических садов, дендрарии и банки семян) в мире зарегистрировано 17 769 (31%) из 57 681 вида деревьев. Из них 12 132 вида охраняются *ex situ* в стране своего происхождения, а 13 571 вид – за пределами страны происхождения. В то же время 40 015 видов не представлены ни в одной коллекции *ex situ* в мире. Ситуация несколько лучше, когда речь идет о сохранении *in situ*: 34 029 (60%) из 57 681 вида деревьев представлены как минимум на одной охраняемой территории в мире [5]. Однако специальные программы сохранения *in situ* в мире включают только 1 283 вида, что составляет лишь около 2% видов древесных растений мира.

В качестве еще одного примера аналитической работы с базами данных GT можно привести полученную оценку степени угроз для всех видов деревьев в мире. Из 58 497 оцененных видов деревьев 142 (0,2%) были классифицированы как вымершие, а 17 510 (30%) – как находящиеся

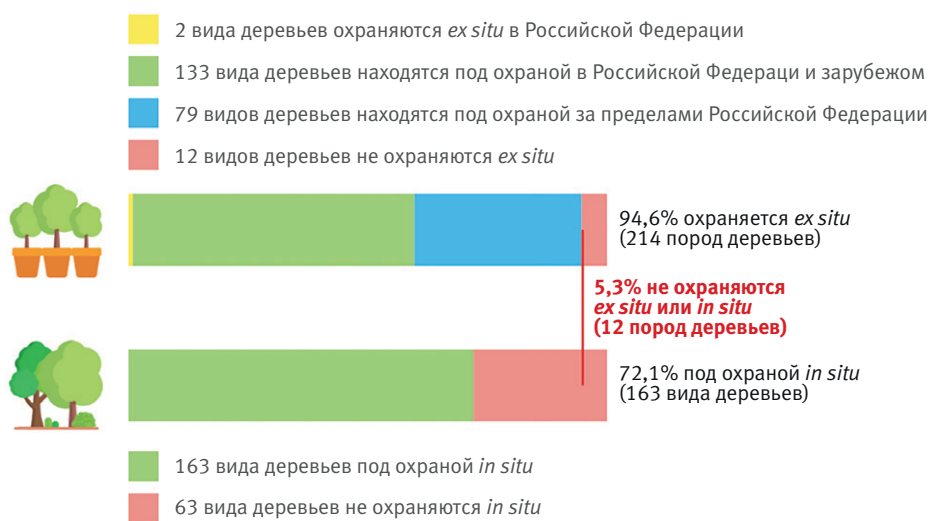


Рис. 1. ПРИМЕР ВИЗУАЛИЗАЦИИ ОЦЕНКИ ПРИРОДООХРАННОГО СТАТУСА ВИДОВ ДЕРЕВЬЕВ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ (ПО ДАННЫМ ПОРТАЛА GLOBAL TREE)

под угрозой исчезновения [4]. Это означает, что в мире в 2 раза больше видов деревьев, находящихся под угрозой исчезновения, чем млекопитающих, птиц, амфибий и рептилий вместе взятых.

Интересной международной инициативой является глобальная партнерская платформа для поддержки сотрудничества между дендрариями и ботаническими садами, ориентированными на сохранение деревьев. Платформа ArbNet¹¹ возглавляется Дендрарием Мортон и была основана в 2011 г. для установления стандартов, обмена навыками, ресурсами и опытом, выявления пробелов и укрепления глобального сообщества этих организаций.

Для формирования эффективных стратегий сохранения и восстановления ЛГР необходима подробная информация о распространении видов древесных растений, угрозах, особенностях их биологии и местном использовании, доступности источников семян и пр. Приведем два примера создания региональных информационных систем для решения некоторых из перечисленных задач. Для выполнения глобальных обязательств по восстановлению деградировавших лесов и ландшафтов, а также прекращению утраты биоразнообразия, сокращению нищеты и смягчению последствий изменения климата под эгидой Азиатско-Тихоокеанской программы по генетическим ресурсам лесов (APFORGEN) была собрана информация по сотням местных видов деревьев в Африке, Азии и Латинской Америке (база данных TreeDiversity¹²). На основе этой информации сформирована база данных, которая регулярно обновляется по мере поступления новых данных. В итоге были разработаны карты ареалов, угроз и приоритетных действий для 63 полезных видов деревьев. Созданная на основе базы данных TreeDiversity информационная система позволяет строить интерактивные карты разнообразия деревьев определенной территории, распространения конкретных видов и отображения угроз, с которыми они сталкиваются. Существует также возможность оценить, какие

виды деревьев соответствуют намеченным целям восстановления лесов и требованиям выбранной территории/участка.

Европейская программа по лесным генетическим ресурсам (EUFORGEN) продолжает поддерживать Европейскую информационную систему по лесным генетическим ресурсам¹³ (EUFGIS). За 15 лет (2010–2024 гг.) в EUFGIS собрана информация о более чем 3 400 генетических единицах сохранения 114 видов деревьев в 37 европейских странах. Данные предоставляются и обновляются национальными координационными центрами на основе общеевропейских минимальных требований и стандартов данных для указанных единиц сохранения. Информационная система EUFGIS позволяет пользователям создавать карты, отображающие ареалы распространения 45 европейских видов деревьев, которые доступны в различных форматах на страницах соответствующих видов. Пользователям также может быть представлена информация об охране ЛГР в Европе, в том числе подробные данные с пространственной привязкой о единицах сохранения генетического разнообразия лесных деревьев в разных странах. Такой единицей сохранения считается лесной массив или территория, которая содержит популяции деревьев, предназначенные для сохранения ЛГР на национальном уровне. Пример визуализации данных EUFGIS приведен на рис. 2.

EUFGIS также служит платформой для документации, связывающей национальные кадастры ЛГР стран Европы, что поддерживает их усилия по сохранению ЛГР в рамках устойчивого управления лесами. Страны используют EUFGIS при подготовке различных отчетов, выявлении пробелов в усилиях по сохранению ЛГР в пределах ареалов распространения деревьев, разработке стратегий сохранения генетического разнообразия конкретных видов деревьев на общеевропейском уровне, оценке числа и местоположения пробных площадей для популяционно-генетических исследований. В рамках EUFORGEN разрабатываются

¹¹ <http://arbnet.org/bgciarbnet-partnership-programme>

¹² <https://www.tree-diversity.org>.

¹³ <https://www.euforgen.org/forest-genetic-resources/eufgis-information-system>



Рис. 2. ПРИМЕР ОТОБРАЖЕНИЯ КАРТОГРАФИЧЕСКОЙ ИНФОРМАЦИИ О ГРАНИЦАХ АРЕАЛА (ГОЛУБОЙ ЦВЕТ) И ЕДИНИЦАХ СОХРАНЕНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ЕЛИ ЕВРОПЕЙСКОЙ (*PICEA ABIES*) В ИНФОРМАЦИОННОЙ СИСТЕМЕ EUFGIS

стандарты и руководства по управлению ЛГР, проводятся тренинги и семинары для специалистов, а также обмен опытом и знаниями между специалистами стран региона.

Еще одним примером прикладной базы данных является создание GlobalUsefulNativeTrees /База данных полезных древесных растений¹⁴ (GlobUNT). Она была разработана Всемирным центром агролесомелиорации CIFOR-ICRAF¹⁵ после объединения данных о распространении видов в 242 странах на онлайн-платформе GlobalTreeSearch [3, 4] с информацией о десяти категориях использования человеком, которые задокументированы во Всемирном контрольном списке полезных видов растений [6, 7]. База данных GlobUNT включает 14 014 полезных видов деревьев, что составляет примерно четверть от числа видов деревьев базы данных GlobalTreeSearch и треть от числа видов

растений из Всемирного контрольного списка полезных видов растений.

База данных GlobUNT выполняет задачу поддержки более широкого использования местных видов при посадке деревьев и учета задач сохранения видового разнообразия древесных растений, а также способствует формированию базы по созданию насаждений, обеспечивающих локальные общины средствами к существованию. GlobUNT была разработана для прямой поддержки принципов, пропагандируемых «золотыми правилами лесовосстановления» [8], в том числе тех принципов, согласно которым посадка не одного, а нескольких видов деревьев максимизирует выгоды для местных сообществ (различные продукты как источник существования) и способствует сохранению видового разнообразия лесных экосистем. Пользователи могут дополнительно проверить статус угрозы выбранным полезным видам

¹⁴ <https://worldagroforestry.org/output/globalusefulnativetrees> и <https://patspo.shinyapps.io/GlobalUsefulTrees>.

¹⁵ Всемирный центр агролесомелиорации CIFOR, его подразделение генетических ресурсов ICRAF выполняют глобальную роль по сбору, сохранению, документированию, описанию и распространению коллекции генетического разнообразия деревьев, предназначенных для создания агролесомелиоративных насаждений.

деревьев с помощью гиперссылок, предоставленных на портале базы данных GlobalTree. GlobUNT также связан ссылками с информационной платформой Agroforestry Species Switchboard¹⁶, что упрощает для пользователей обращение к другим базам данных для получения подробной информации о выбранных видах, в том числе для уточнения источников семян выбранных для посадки видов.

Интересным примером создания полезной для работы с ЛГР прикладной базы данных является Tree Globally Observed Environmental Ranges¹⁷ / Глобально наблюдаемые экологические диапазоны деревьев (TreeGOER), которая документирует экологические диапазоны произрастания (минимальный, максимальный, медианный, средний и 5%, 25%, 75% и 95% квантили) для 48 129 видов деревьев и для 51 переменной окружающей среды, включая 38 биоклиматических, 8 почвенных и 3 топографические переменные. TreeGOER можно использовать с целью изучения прогнозируемых последствий изменения климата для различных видов деревьев в разных пространственных и временных масштабах.

Поскольку многие виды деревьев имеют большой ареал распространения, включающий различные условия произрастания, то по мере адаптации отдельных популяций вида к различным условиям в них возникают генетические различия. Знания об особенностях генетической структуры важны для оценки продуктивности и устойчивости популяций к воздействиям окружающей среды.

Оценка генетического разнообразия может основываться на фенотипических признаках или вариациях на молекулярном уровне. Мировым трендом является улучшение, повышение эффективности, качества, информативности и доступности молекулярных методов изучения генетического разнообразия.

Исторически аллозимы были одними из первых и долгое время основными молекулярными маркерами, используемыми в генетических исследованиях. Разработка методов полимеразной

цепной реакции (ПЦР) и секвенирования ДНК первого поколения позволили быстро разработать более совершенные молекулярные методы и маркеры, такие как полиморфизм длин амплифицированных фрагментов (AFLPs), микросателлитные локусы и однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs). В настоящее время в этой области активно используются новые методы определения (прочтения) последовательностей нуклеотидов – так называемое секвенирование следующего поколения (NGS). Применение этих методов позволяет прочитать миллионы относительно коротких фрагментов ДНК одновременно, что значительно сокращает время, необходимое для секвенирования геномов или частей многих геномов. В последнее время активно развивается полногеномное секвенирование (WGS) с использованием методов прочтения длинных последовательностей нуклеотидов. Одновременно с увеличением объема сбора молекулярных и геномных данных по древесным видам возникает необходимость интеграции этой информации в доступные базы данных, поскольку найти нужную информацию сложно: опубликованные данные разбросаны по огромному количеству журналов, монографий и отчетов по проектам.

В качестве примера можно назвать базу данных TreeGenes Database¹⁸ (TreeGenesDB), которая включает данные о геноме, белках и РНК нескольких тысяч различных видов. База данных TreeGenesDB сопоставляет геномные данные, данные о белках и РНК почти по 2 500 видам деревьев, а также данные по литературным источникам и предоставляет доступ к отдельным инструментам для взаимодействия с этими данными и управления ими [9, 10]. Пользователи могут вносить свой вклад в наполнение TreeGenesDB, но информация также поступает из репозитория, таких как NCBI GenBank¹⁹. GenBank – аннотированная коллекция всех общедоступных последовательностей ДНК. База данных GenBank предназначена для обеспечения

¹⁶ <https://www.worldagroforestry.org/output/agroforestry-species-switchboard-30>.

¹⁷ <https://zenodo.org/records/13132613>.

¹⁸ <https://treegenesdb.org>.

¹⁹ <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>.

свободного доступа научного сообщества к самой современной и исчерпывающей информации о последовательностях ДНК. Создатель GenBank – Национальный центр биотехнологической информации США²⁰ – не ограничивает использование или распространение данных GenBank.

База данных TreeGenesDB предоставляет пользователям информационные инструменты для управления потоком данных, полученных в результате высокопроизводительных геномных проектов по лесным деревьям – от сбора образцов до анализа в нисходящем направлении. Этот ресурс обеспечен системами, которые связаны с национальными базами данных, автоматизированными потоками данных, анализом машинного обучения, стандартизированными аннотациями и процессами контроля качества. Сама база данных содержит несколько курируемых модулей, которые поддерживают хранение данных и обеспечивают основу для веб-поиска и инструментов визуализации.

Глобальная онлайн-платформа Genesys²¹, на которой можно найти информацию о генетических ресурсах растений для производства продовольствия и ведения сельского хозяйства, объединяет данные, хранящиеся в геномных банках по всему миру. Genesys предоставляет доступ к данным о генетических маркерах, последовательностях ДНК и пр.

Plant Genome DataBase²² (PGDB) – база данных, специализирующаяся на хранении и анализе геномных данных растений, включая деревья. Платформа предлагает инструменты для поиска и анализа последовательностей ДНК, а также информацию о функциях генов и их экспрессии.

Plant Genome And Resource Database²³ (GARDEN) – это портал, в котором собрана информация о геномах и маркерах различных видов растений. Plant GARDEN включает в себя полную базу данных геномов различных видов растений, принадлежащих к различным таксонам, включая покрытосеменные и голосеменные растения.

Формирование таких баз данных и информационных порталов, как вышеперечисленные, способствует стандартизации формата молекулярных и геномных данных, повышению их доступности. Кроме того, разработчики постоянно создают аналитические инструменты и рабочие процессы, помогающие анализировать эти данные [9–11].

Сегодня исследователи тратят огромное количество времени на сбор, форматирование, фильтрацию и визуализацию данных, собранных из разрозненных источников. Одним из инструментов их интеграции для аналитических исследований по ЛГР является, например, онлайн-сервис CartograTree²⁴, который обеспечивает анализ данных TreeGenesDB в контексте географического положения вида для филогенетических или популяционно-генетических исследований [12, 13]. Это веб-приложение позволяет исследователям идентифицировать, фильтровать, сравнивать и визуализировать географически привязанные биотические и абиотические данные, что способствует развитию междисциплинарных исследовательских проектов. Интегрированное рабочее веб-пространство связывает экологические, геномные и фенотипические данные через географически привязанные координаты. Разработчики объединили рабочее веб-пространство геномных запросов DiversiTree, новый географический интерфейс CartograTree и данные, размещенные в TreeGenesDB. Для достижения этой цели были реализованы простая архитектура и протокол семантической сети, что позволило основной базе данных геномики TreeGenesDB взаимодействовать с семантическими веб-сервисами независимо от платформы или внутренних технологий. Новизна CartograTree заключается в интерактивном рабочем пространстве, которое позволяет выполнять географическую визуализацию данных и задействовать ресурсы высокопроизводительных вычислений. Приложение предоставляет пользователям уникальный набор инструментов

²⁰ <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>.

²¹ <https://www.genesys-pgr.org>.

²² <http://pgdb.tc.cornell.edu>.

²³ <https://plantgarden.jp/en/index>.

²⁴ <https://treegenesdb.org>.

для проведения исследований в области экологии, физиологии и эволюции видов лесных деревьев.

Генетические базы данных, которые хранят информацию о древесных растениях, способствуют развитию исследований в области оценки роли генетических различий популяций древесных растений в адаптации к особенностям местных условий, включая климатические условия, а также скорости их адаптации к изменениям окружающей среды. Базы генетических данных необходимы также при решении задач в области лесной селекции, разрешении вопросов, связанных с правовыми нормами в области добычи и торговли древесиной и другими древесными продуктами, надзора за выполнением нормативов использования лесного репродуктивного материала. Создаваемые информационные системы и платформы и соответствующие аналитические инструменты могут быть полезны для исследователей, занимающихся изучением видового и генетического разнообразия деревьев. Выбор конкретной платформы зависит от целей и потребностей конкретного исследования.

Кратко опишем также некоторые информационные системы для существующих банков семян и живых коллекций древесных растений (ранее уже упоминалась база данных PlantSearch). Например, отдел генетических ресурсов Всемирной организации агролесоводства (The Genetic Resources Unit of World Agroforestry (CIFOR-ICRAF) совместно со своими партнерами поддерживает Генный банк деревьев и сеть полевых генбанков агролесомелиоративных древесных пород, в которых акцент делается на адекватном представлении внутривидового разнообразия²⁵. Генный банк деревьев CIFOR-ICRAF насчитывает 248 видов деревьев, пригодных для агролесоводства. Из них 197 видов (7 020 образцов) сохраняются в Семенном генном банке, 82 вида деревьев (19 008 образцов) – в живых полевых коллекциях, расположенных на 51 объекте в 19 странах Африки, Азии и Латинской Америки.

В целях долгосрочного сохранения и обеспечения резервного дублирования коллекции ICRAF сотрудничает с Банком семян тысячелетия в Кью (Великобритания), Глобальным хранилищем семян Шпицбергена (Норвегия) и генным банком Куньминского института ботаники (Китай). Вся зародышевая плазма контролируется с использованием специализированных стандартов генных банков Продовольственной и сельскохозяйственной организации Объединенных Наций. ICRAF разрабатывает документацию и инструменты, которые могут быть использованы всеми генными банками для более эффективного осуществления своей деятельности (например, инструмент поддержки принятия решений для категоризации и компиляции всех возможных затрат на генный банк, цифровые идентификаторы объектов хранения генных банков и пр.).

Примером базы данных, созданной для решения вопросов лесной селекции, может быть европейская база данных TreeBreedex²⁶, которая обеспечивает сотрудничество между европейскими исследовательскими группами в области лесной генетики и селекции. Особое внимание направлено на управление селекционным материалом, оптимизацию стратегии и распространение сортов. База данных TreeBreedex включает более 300 000 генотипов и 7 600 экспериментальных площадок по всем странам Европы для 117 таксонов, в том числе родов *Acer*, *Fraxinus*, *Populus*, *Prunus*, *Larix*, *Picea*, *Pinus*, *Pseudotsuga*. Происхождение и экспериментальные участки TreeBreedex подробно описаны с предоставлением экологических характеристик из баз данных по климату Worldclim²⁷ и почвам European Soil Data Centre²⁸.

Таким образом, все большее значение в мире приобретает использование информационных технологий при формировании виртуальных совместных исследовательских центров (примером может быть выше упомянутый European Soil Data Centre) и создании информационных платформ, которые объединяют работу заинтересованных

²⁵ <https://treegenebank.cifor-icraf.org/>

²⁶ <https://www.trees4future.eu/transnational-accesses/treebreedex/treebreedex-technical-information.html>

²⁷ <https://worldclim.org/>

²⁸ https://esdac.jrc.ec.europa.eu/ESDB_Archive/ESDB/Index.htm

сторон (например, в области лесной генетики и селекции – Trees4Future²⁹ и портал Global Tree³⁰ в области охраны видового разнообразия). Такие виртуальные совместные исследовательские центры и информационные платформы способствуют проведению сетевых мероприятий, формированию дискуссионных научных форумов, новых баз данных, обмену опытом и методологиями, созданию общих протоколов хранения данных и т.д. Они также могут послужить уникальным связующим звеном заинтересованных сторон: ученых, управленцев, политиков и общественности.

Заключение

Россия, обладая огромными лесными территориями и уникальным биоразнообразием, имеет все предпосылки для того, чтобы стать лидером в области изучения, мониторинга и управления ЛГР. Для достижения этой цели необходимо активно интегрировать российский и международный опыт, адаптировать лучшие зарубежные решения к особенностям созданных в стране национальных информационных инструментов, наработанных практик и баз данных. Многие российские компании и проекты активно используют международный опыт для своего развития и модернизации; сотрудничество с зарубежными партнёрами и внедрение передовых технологий позволяют им оставаться конкурентоспособными на мировом рынке.

Создание национальных инструментов, основанных на лучших мировых практиках, позволит не только сохранить биоразнообразие лесных экосистем России, но и внести значительный вклад в глобальную систему оценки и управления лесными генетическими ресурсами. Интеграция российских разработок в мировую систему будет способствовать укреплению международного сотрудничества и повышению эффективности мер по охране лесов.

Российские лесные генетики и селекционеры внесли большой вклад в исследование

и улучшение лесов страны. Созданы огромные коллекции деревьев для большинства приоритетных видов деревьев и обширные площади селекционных испытаний для экономически важных видов. Разработаны оригинальные методики и подходы, как в области изучения генетического разнообразия популяций российских видов древесных растений, так и в области лесного селекционного семеноводства. Современные информационные технологии дают возможность формирования ключевой научной, технической и учебной платформы для лесных генетиков и селекционеров, ориентированной на широкое научное сообщество и лесных практиков. Полученные в ходе исследований данные о видовом и популяционном разнообразии древесных растений, данные о созданных сортах, отобраных особях и популяциях и пр. необходимо интегрировать на национальной платформе по древесным растениям в целях углубления и развития исследований. Такая информационная платформа может способствовать: а) созданию национального реестра ЛГР, который позволит систематически актуализировать и анализировать данные о ЛГР, охватывая все области работы по ЛГР; б) оценке и определению приоритетов в природоохранных действиях в отношении ЛГР для максимально эффективного использования ограниченных ресурсов, направленных на их сохранение; в) созданию виртуального центра селекции деревьев для интеграции данных, обучения и распространения результатов НИОКР по улучшению лесных деревьев; г) разработке и сопровождению программ (региональных и национальных) селекции отдельных видов; д) изучению опыта созданной сети географических культур и внедрению результатов исследования объектов сети при формировании лесных климатических проектов и развитии концепции адаптивного менеджмента лесов; е) инициации и поддержке совместных многопрофильных исследовательских проектов в области лесной генетики и селекции, направленных на повышение продуктивности и устойчивости лесов России.

²⁹ <https://www.trees4future.eu/>

³⁰ <https://www.bgci.org/resources/bgci-databases/globaltree-portal>.

Список источников

1. The State of the World's Forest Genetic Resources. Commission on genetic resources for food and agriculture. – Текст : электронный. – Rome : Food and agriculture organization of the United Nations, 2014. – 304 p. – Режим доступа: URL <http://www.fao.org/3/a-i3825e.pdf>.
2. Динамика популяционных генофондов при антропогенных воздействиях / Ю.П. Алтухов [и др.] ; под ред. Ю.П. Алтухова. – Москва : Наука, 2004. – 619 с.
3. GlobalTreeSearch: The first complete global database of tree species and country distributions / E. Beech, M. Rivers, S. Oldfield & P.P. Smith // *Journal of Sustainable Forestry*. – 2017. – Vol. 36. – № 5. – P. 454–489. doi: 10.1080/10549811.2017.1310049.
4. BGCI (Botanic Gardens Conservation International). State of the world's trees. – Текст : электронный. – UK. Richmond, 2021. – Режим доступа: <https://www.bgci.org/wp/wp-content/uploads/2021/08/FINAL-GTAReportMedRes-1.pdf>.
5. GlobalTree Portal online database. – Текст : электронный. – UK. Richmond, Cited 30 May 2024. – Режим доступа: <https://www.bgci.org/resources/bgci-databases/globaltree-portal/>
6. World checklist of useful plant species / M. Diazgranados, B. Allkin, N. Black, R. Cámara-Leret, C. Canteiro, J. Carretero, R. Eastwood [et al.]. – Kew, UK, Royal Botanic Gardens. – 2020. – Режим доступа: <https://kew.iro.bl.uk/downloads/a595f76e-3dcc-48a5-94f4-1ab339ea11ec?locale=en>. DOI: 10.5063/f1cv4g34.
7. Agroforestry Species Switchboard: a synthesis of information sources to support tree research and development activities. Version 3.0 / R. Kindt, I. John, I.K. Dawson, L. Gaudal, J-P.B. Lillesø, J. Ordonez & R. Jamnadass. // CIFOR-ICRAF. – 2022. – Nairobi. – Режим доступа: <https://www.worldagroforestry.org/output/agroforestry-species-switchboard-30>.
8. Ten golden rules for reforestation to optimize carbon sequestration, biodiversity recovery and livelihood benefits. – Текст : электронный // A. Di Sacco, K.A. Hardwick, D. Blakesley, P.H.S. Brancalion, E. Breman, L. Cecilio Rebola [et al.] // *Journal of Sustainable Forestry*. – 2021. – Vol. 27. – № 7. – P. 1328–1348. – Режим доступа: <https://doi.org/10.1111/gcb.15498>.
9. Cyberinfrastructure and resources to enable an integrative approach to studying forest trees / J.L. Wegrzyn, T. Falk, E. Grau, S. Buehler, R. Ramnath & N. Herndon // *Evolutionary Applications*. – 2020. – Vol. 13. – P. 228–241. doi: 10.1111/eva.12860.
10. Growing and cultivating the forest genomics database, TreeGenes / T. Falk, N. Herndon, E. Grau, S. Buehler, P. Richter, S. Zaman, E.M. Baker [et al.] // *Database*. – 2019: baz043. doi: 10.1093/database/baz043.
11. Growing and cultivating the forest genomics database, TreeGenes / T. Falk, N. Herndon, E. Grau [et al.] // *Database*. – 2018. – P. 1–11. doi:10.1093/database/bay084.
12. Cyberinfrastructure to Improve Forest Health and Productivity: The Role of Tree Databases in Connecting Genomes, Phenomes, and the Environment / J.L. Wegrzyn, M.A. Staton, N.R. Street, D. Main, E. Grau [et al.] // *Frontiers in Plant Science*. – 2019. – Vol. 10. – № 813. doi:10.3389/fpls.2019.00813.
13. CartograTree: connecting tree genomes, phenotypes and environment / H.A. Vasquez-Gross, J.J. Yu, B. Figueroa, D.D. Gessler, D.B. Neale & J.L. Wegrzyn // *Molecular Ecology Resources*. – 2013. – Vol. 13. – № 3. – P. 528–537. DOI: 10.1111/1755-0998.12067.

References

1. The State of the World's Forest Genetic Resources. Commission on genetic resources for food and agriculture. – Tekst : elektronnyj. – Rome : Food and agriculture organization of the United Nations, 2014. – 304 p. – Rezhim dostupa: URL <http://www.fao.org/3/a-i3825e.pdf>.
2. Dinamika populyacionnyh genofondov pri antropogennyh vozdeystviyah / Yu.P. Altuhov [i dr.] ; pod red. Yu.P. Altuhova. – Moskva : Nauka, 2004. – 619 s.
3. GlobalTreeSearch: The first complete global database of tree species and country distributions / E. Beech, M. Rivers, S. Oldfield & R.R. Smith // *Journal of Sustainable Forestry*. – 2017. – Vol. 36. – № 5. – P. 454–489. doi: 10.1080/10549811.2017.1310049.
4. BGCI (Botanic Gardens Conservation International). State of the world's trees. – Tekst : elektronnyj. – UK. Richmond, 2021. – Rezhim dostupa: <https://www.bgci.org/wp/wp-content/uploads/2021/08/FINAL-GTAReportMedRes-1.pdf>.
5. GlobalTree Portal online database. – Tekst : elektronnyj. – UK. Richmond, Cited 30 May 2024. – Rezhim dostupa: <https://www.bgci.org/resources/bgci-databases/globaltree-portal/>
6. World checklist of useful plant species / M. Diazgranados, B. Allkin, N. Black, R. Cámara-Leret, C. Canteiro, J. Carretero, R. Eastwood [et al.]. – Kew, UK, Royal Botanic Gardens. – 2020. – Режим доступа: <https://kew.iro.bl.uk/downloads/a595f76e-3dcc-48a5-94f4-1ab339ea11ec?locale=en>. DOI: 10.5063/f1cv4g34.
7. Agroforestry Species Switchboard: a synthesis of information sources to support tree research and development activities. Version 3.0 / R. Kindt, I. John, I.K. Dawson, L. Graudal, J-P.B. Lillesø, J. Ordóñez & R. Jamnadass. // CIFOR-ICRAF. – 2022. – Nairobi. – Rezhim dostupa: <https://www.worldagroforestry.org/output/agroforestry-species-switchboard-30>.
8. Ten golden rules for reforestation to optimize carbon sequestration, biodiversity recovery and livelihood benefits. – Tekst : elektronnyj // A. Di Sacco, K.A. Hardwick, D. Blakesley, P.H.S. Brancalion, E. Breman, L. Cecilio Rebola [et al.] // *Journal of Sustainable Forestry*. – 2021. – Vol. 27. – № 7. – P. 1328–1348. <https://doi.org/10.1111/gcb.15498>.
9. Cyberinfrastructure and resources to enable an integrative approach to studying forest trees / J.L. Wegrzyn, T. Falk, E. Grau, S. Buehler, R. Ramnath & N. Herndon // *Evolutionary Applications*. – 2020. – Vol. 13. – P. 228–241. doi: 10.1111/eva.12860.
10. Growing and cultivating the forest genomics database, TreeGenes / T. Falk, N. Herndon, E. Grau, S. Buehler, R. Richter, S. Zaman, E.M. Baker [et al.] // Database. – 2019: baz043. doi: 10.1093/database/baz043.
11. Growing and cultivating the forest genomics database, TreeGenes. / T. Falk, N. Herndon, E. Grau [et al.] // Database. – 2018. – P. 1–11. doi:10.1093/database/bay084.
12. Cyberinfrastructure to Improve Forest Health and Productivity: The Role of Tree Databases in Connecting Genomes, Phenomes, and the Environment / J.L. Wegrzyn, M.A. Staton, N.R. Street, D. Main, E. Grau [et al.] // *Frontiers in Plant Science*. – 2019. – Vol. 10. – № 813. doi:10.3389/fpls.2019.00813.
13. CartograTree: connecting tree genomes, phenotypes and environment / N.A. Vasquez-Gross, J.J. Yu, V. Figueroa, D.D. Gessler, D.B. Neale & J.L. Wegrzyn // *Molecular Ecology Resources*. – 2013. – Vol. 13. – № 3. – P. 528–537. DOI: 10.1111/1755-0998.12067.