

EDN TJIBJO

DOI 10.5281/zenodo.16563800

УДК 575.22:582.736

Кузьмин П. А., Магомедова М. О., Молитвина Е. В.

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ ЭКОТОПИЧЕСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ *ROBINIA PSEUDOACACIA* L. С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ISSR-МАРКЕРОВ

ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук»

Реферат. В настоящее время актуальными остаются вопросы по генотипированию различных экотопических популяций древесных пород и дальнейшее определение связи генетической структуры с хозяйственно ценными признаками. Поэтому целью работы являлось проведение генетического анализа различных экотопических популяций *Robinia pseudoacacia* L. на территории Волгоградской области и Ставропольского края с применением ISSR-маркеров. Для генотипирования *R. pseudoacacia* использовали ISSR-маркеры, обладающие высоким уровнем информативности. Использованы следующие методы исследования: выделение ДНК (ЦТАБ), стандартная ПЦР и электрофорез в 2 % агарозном геле. Оценка полиморфизма и расчет показателей генетической структуры проведены в программе POPGENE v 1.31. Рассчитаны показатели генетической структуры и полиморфизма исследуемых популяций, а также с использованием метода кластерного анализа UPGMA продемонстрирована их генетическая отдаленность. Маркирование ДНК популяций позволило определить 107 амплифицированных фрагментов, из которых полиморфными оказались 58. Для изученных локусов PIC варьирует от 0,29 до 0,33. Среднее значение индекса полиморфного информационного содержания для исследованных популяций составило 0,31. PIC зависит от определяемого числа аллелей, а его частотное распределение равно разнообразию генов. Установлены уникальные локусы у *R. pseudoacacia*: UBC807_{850,600,500,350}/UBC811_{500,350}/UBC815₃₅₀/UBC826_{1000,850,700,600,300}/UBC834_{850,350,300}/UBC835₃₅₀/UBC841_{1000,400}/UBC857_{500,400,300}. Доля полиморфных локусов исследуемых популяций *R. pseudoacacia* составила от 29 до 47 %, что указывает на некоторый уровень разнородности полученных данных среди представленных экотопов и вызывает практический интерес для использования данных особей в селекционной работе. Популяции на территории Волгоградской области имеют большую степень полиморфизма и уровень гетерозиготности по сравнению с популяцией Ставропольского края. Таким образом, рассчитанные показатели генетической структуры, полиморфности исследуемых популяций указывают на специфичность их генофонда для поиска генов, связанных с засухоустойчивостью. Результаты исследований могут быть использованы в селекции новых устойчивых форм *R. pseudoacacia*.

Ключевые слова: генотипирование, ISSR-маркеры, полиморфизм, *Robinia pseudoacacia* L.

Для цитирования: Кузьмин П. А., Магомедова М. О., Молитвина Е. В. Генотипирование экотопических популяций *Robinia pseudoacacia* L. с использованием ISSR-маркеров // Таврический вестник аграрной науки. 2025. № 2(42). С. 147–161. EDN: TJIBJO. DOI: 10.5281/zenodo.16563800.

For citation: Kuzmin P. A., Magomedova M. O., Molitvina E. V. Genotyping of ecotopic populations of *Robinia pseudoacacia* L. using ISSR markers // Taurida Herald of the Agrarian Sciences. 2025. No. 2 (42). P. 147–161. EDN: TJIBJO. DOI: 10.5281/zenodo.16563800.

Введение

Неблагоприятные факторы окружающей среды, к которым относится засуха и засоление почв, приводят к возникновению стресса, что может стать причиной снижения генетического разнообразия [1, 2].

В настоящее время в популяционной генетике актуальными остаются вопросы по определению внутривидовой генетической структуры, полиморфности исследуемой популяции и сохранению генетического разнообразия древесно-кустарниковых пород в засушливых условиях. Наиболее полиморфные популяции обладают повышенной устойчивостью к стресс-факторам и способны оказывать положительное влияние на весь биоценоз в целом [3–5].

Робиния псевдоакация (*Robinia pseudoacacia* L.) – инвазивный вид семейства бобовых, благодаря свойствам приспособления к засушливым условиям распространившийся по засушливым территориям Юга России, Монголии и Казахстана. Обладая особой выносливостью к высоким температурам и повышенному содержанию солей в почвах, *R. pseudoacacia* является хозяйственно важным видом, который широко используется на Юге России для создания различных функциональных насаждений [6–8].

Используется в качестве мелиоративных лесонасаждений, благодаря способности защиты от ветровой эрозии, а также в качестве индикатора содержания тяжелых металлов в почвах, исходя из способности их накопления в зеленых частях организма [9–12]. Изучение генетического разнообразия популяций данного вида актуально, так как изменения в геноме могут быть следствием адаптации к неблагоприятным условиям среды произрастания. Такие представители являются потенциальными объектами для использования в мелиоративных лесонасаждениях.

Для генотипирования популяций используют различные ДНК-маркерные системы [13–15]. Генотипирование с использованием ISSR-маркеров на сегодняшний день – технология, имеющая ряд преимуществ в сравнении с иными способами выявления полиморфизмов.

ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) – метод, основанный на межмикросателлитном праймировании. В данной технологии предполагается анализ многократно увеличенных участков ДНК, расположенных между их tandemными секвенциями. В нуклеотидном составе ISSR-праймера содержится фрагмент такого повтора и пара селективных нуклеотидов на одном из сайтов фланкирования [13, 16–18].

При помощи данного метода возможно выявление максимумов и минимумов значений полиморфизмов внутри популяций. После проведения ISSR-ПЦР и постановки гель-электрофореза на агарозном геле можно наблюдать фингерпринт на электрофореграмме в виде сочетания дискретных полос ДНК. Благодаря высокой специфичности ISSR-праймеры хорошо воспроизводимы и легко считываются при отжиге.

Важным отличием технологии ISSR-праймирования является необязательное предварительное знание нуклеотидной последовательности ДНК, что дает возможность работы с огромной библиотекой растительных организмов и придает технологии характер универсальности для решения широкого спектра задач генотипирования. Исходя из высокой степени воспроизводимости технологии, отсутствует потребность в подборе праймеров. Оценка генетического полиморфизма с использованием ISSR-метода позволяет раскрыть новые направления в изучении генетического разнообразия, что в настоящее время может быть использовано в мероприятиях по сохранению биоразнообразия растительных организмов [13, 19, 20].

Всестороннее изучение полиморфных локусов в генотипе растений, в данном случае засухоустойчивых, позволяет обозначить конкретные мишени генетического

редактирования организмов, то есть, обозначает интерес не только в теоретическом понимании вопроса, но и в практическом.

Цель исследований – проведение генетического анализа внутривидового разнообразия различных экотопических популяций *Robinia pseudoacacia* L. с применением ISSR-маркеров для выявления потенциальных видов, обладающих наилучшими адаптивными характеристиками.

Материалы и методы исследований

Молекулярно-генетические исследования проводили на базе лаборатории молекулярной селекции ФНЦ агроэкологии РАН (г. Волгоград) в 2023–2024 гг.

Объектами исследования являлись 30 растений каждой популяции *R. pseudoacacia*, произрастающих на следующих территориях: Нижневолжской станции по селекции древесных пород (г. Камышин) – далее RPK, парка Победы (Центральный район, г. Волгоград) – далее RPY, дендрария ФНЦ Агроэкологии РАН (г. Волгоград) – RPD, Северо-Кавказского филиала ФНЦ Агроэкологии РАН (с. Ачикулак Ставропольского края) – далее RPA, прилегающего экотипического участка ФНЦ Агроэкологии РАН – далее RPE.

На территории произрастания исследуемых популяций сложились сходные локальные условия произрастания, характеризующиеся повышенным температурным режимом атмосферного воздуха и почвы и недостаточной влагообеспеченностью.

Экстрагирование геномной ДНК из навески листьев массой 0,05 г. с использованием метода выделения на цетилтриметил аммония бромиде (ЦТАБ) с 0,2 % β-меркаптоэтанолом. Для измерения концентрации ДНК в образцах использовали спектрофотометр SpectrostarNano (BMG Labtech, Германия) и планшет для измерения микрообъемов (BMG Labtech, Германия). Для последующих манипуляций устанавливали концентрацию ДНК, равную 50 нг·мкл⁻¹ в ТЕ-буфере. Хранение ДНК осуществлялось при температуре –20 °С.

С целью определения полиморфизма генотипов *R. pseudoacacia* проведена реакция на основе ISSR-ПЦР с использованием праймеров, представленных в таблице 1, синтезированных ЗАО «Евроген», Россия.

Таблица 1 – Название и последовательности ISSR-праймеров, использованных при амплификации образцов

Название	Последовательность '5–3'	Температура отжига праймера, (T _m , °C)
UBC807	(AG)8T	49,9
UBC811	(GA)8C	52,4
UBC815	(CT)8G	52,4
UBC826	(AC)8C	52,4
UBC834	(AG)8Y	52,4
UBC835	(AG)8YC	55,0
UBC841	(GA)8YC	55,0
UBC857	(AC)8YG	55,0

Для реакции с праймерами на одну пробирку внесли: деионизированную воду – 16 мкл, праймер – 2 мкл, готовую смесь с красителем qPCRmix-HS (Евроген) – 5 мкл. В опытные пробирки внесли по 23 мкл полученной смеси. В каждую опытную пробирку поместили по 2 мкл исследуемого образца ДНК, предварительно разморозив пробу на термостате при 45 °С в течение 5 мин. После перемешивания убедились в отсутствии капель и пузырей на стенках пробирок и в реакционной смеси по всему объему, при наличии – использовали центрифугу. Провели амплификацию с помощью системы Applied Biosystems QuantStudio 5 (Thermo Fisher Scientific, США). Режим амплификации: предварительная денатурация при 95 °С (10 мин),

затем 40 циклов амплификации: денатурация при 95 °C (30 с), отжиг (30 с) при температуре 55,0 °C (UBC 835, UBC 841, UBC 857); 52,4 °C (UBC 811, UBC 815, UBC 826, UBC 834); 49,9 °C (UBC 807); элонгация при 72 °C (60 с) и финальная элонгация при 72 °C (10 мин).

Электрофорез полученных ампликонов проводили в агарозном геле (2 %) в буфере 1×TAE. Окрашивали гель бромистым этидием в объеме 6 мкл на 200 мл геля. Для определения длины фрагментов ДНК использовался ДНК маркер Step50 plus (0,1 мг/мл). Для визуализации результатов реакции после электрофореза использовали геледокументирующую систему iBright CL1500.

Частоту полиморфизмов и количество полос, образуемых каждым праймером, рассчитывали индивидуально. Данные получены на основе трехкратной амплификации каждого выбранного праймера с согласованными полосами. Локусы ПЦР на основе ISSR оценивали как присутствующие (1) или отсутствующие (0), каждый из которых рассматривался отдельно.

Полученные бинарные матрицы использовали для расчета характеристик связывания праймеров в программе POPGENE версии 1.31 (Louati et al. 2019). Параметры генетической изменчивости, по которым оценивали популяции: n_a = наблюдаемое число аллелей, n_e = эффективное число аллелей Kimura и Crow (1964), h = генное разнообразие Nei (1973), I = информационный индекс Shannon Lewontin (1972).

Результаты и их обсуждение

В ходе проведения исследования по генотипированию *R. pseudoacacia* испытано 30 праймеров (ISSR). Из них верифицированы восемь высокоинформативных, отличающихся большим количеством фрагментов ампликонов ДНК генома, отмеченных с помощью горизонтального электрофореза. В ходе анализа полиморфности локусов максимальные значения отмечены для праймеров UBC811 (60 %), UBC834 (75), UBC841 (60), UBC857 (66,7). В свою очередь, в работе зарубежных авторов по генотипированию *R. pseudoacacia* использовано всего 15 праймеров, девять из которых информативны (UBC811, UBC818, UBC820, UBC823, UBC827, UBC825, UBC849, UBC855, UBC842) [21].

Маркирование ДНК популяций обеспечило определение 107 фрагментов, 58 из них отмечены как полиморфные (таблица 2). В результатах этого же источника амплифицировано в общей сложности 100 ISSR-полос, в среднем по 11,1 на праймер. Все особи рассматривались как единая популяция и показали 100 % уровень полиморфизма [21].

Общее число фрагментов составило от одного до 10. Размер фрагментов находился в диапазоне от 150 до 1350 п. н. Наибольшее число фрагментов определено у праймера UBC807 и составило 35 зафиксированных локусов, семь из которых полиморфные. При этом, максимальное число (10) полиморфных локусов отмечено у праймера UBC835 (рисунок 1). Другие авторы отмечают, что девять информативных ISSR-праймеров дали видимые и различимые полосы размером от 200 до 1800 п. н. Количество локусов на праймер варьировало от восьми (UBC820) до 13 (UBC818 и UBC823) [21].

Для дополнительного подтверждения эффективности применённых ISSR-праймеров была осуществлена оценка частоты встречаемости по каждому локусу *R. pseudoacacia* полученных ампликонов с помощью горизонтального электрофореза в 2 % агарозном геле. Кроме этого, на основе двоичных матриц с помощью программы Marker Efficiency Calculator (iMEC) был рассчитан индекс полиморфного информационного содержания (PIC), характеризующий информативность локусов в изученных группах (таблица 3) [22]. Некоторые исследователи также демонстрируют в своих работах расчет PIC, где с помощью этого индекса определяют генетическую структуру пород и популяций. PIC помогает изучать происхождение и микроэволюцию пород, проводить генетический мониторинг [23, 24].

Таблица 2 – Результат анализа ISSR-спектров исследуемых экотипов
R. pseudoacacia

Праймер	Экотип	Диапазон длин локусов спектра, п.н.	Σ локусов в спектре, ед.	Σ полиморфных локусов, ед.	Полиморфизм, %
UBC807	RPK	300–1000	6	0	0
	RPV	300–1000	7	0	0
	RPE	300–1000	9	4	44,4
	RPD	350–1000	6	2	33,3
	RPA	300–1000	7	1	14,3
UBC811	RPK	300–900	7	1	14,3
	RPV	300–800	5	3	60,0
	RPE	300–950	8	3	37,5
	RPD	350–700	4	0	0
	RPA	300–700	5	1	20,0
UBC815	RPK	400–1000	4	0	0
	RPV	800–1000	3	1	33,3
	RPE	500–1000	6	3	50,0
	RPD	350–1000	3	1	33,3
	RPA	250–1000	4	2	50,0
UBC826	RPK	300–1000	8	0	0
	RPV	400–1000	4	0	0
	RPE	500–800	2	0	0
	RPD	300–1000	5	2	40,0
	RPA	500–1000	4	1	25,0
UBC834	RPK	300–400	2	0	0
	RPV	300–500	3	0	0
	RPE	250–800	4	3	75
	RPD	300–850	4	2	50
	RPA	200–700	5	2	40
UBC835	RPK	300–1000	5	1	20
	RPV	300–1000	5	1	20
	RPE	270–1000	9	3	33,3
	RPD	300–850	6	1	16,7
	RPA	150–1000	6	4	66,7
UBC841	RPK	300–1000	4	0	0
	RPV	300–600	3	0	0
	RPE	200–800	10	6	60
	RPD	350–1000	5	0	0
	RPA	250–500	3	1	33,3
UBC857	RPK	300–1000	6	2	33,3
	RPV	400–800	3	2	66,7
	RPE	250–700	6	3	50,0
	RPD	300–700	6	0	0
	RPA	200–700	4	2	50,0

Для изученных локусов PIC варьирует от 0,29 до 0,33. Среднее значение индекса полиморфного информационного содержания для исследованных популяций составило 0,31. PIC зависит от определяемого числа аллелей, а его частотное распределение равно разнообразию генов. Маркеры, которые были равномерно распределены в популяции, имели более высокий PIC [25]. Кроме того, у других авторов PIC был рассчитан как самый высокий (0,447) для праймера UBC820 и самый низкий (0,272) для праймера UBC855 [21]. В аналогичных исследованиях по изучению внутривидового генетического разнообразия у рода *Jasminum* L. (Oleaceae) [26, 27], был отмечен PIC на уровне 0,5, что является показателем доминирующих маркеров, равномерно распределенных в популяции. Значение PIC зависит от общего числа аллелей и частот их распределения в анализируемой выборке. Локусы со значением PIC больше 0,5 считаются высокополиморфными, в пределах 0,250–0,500 – умеренно полиморфными, а если PIC меньше 0,250, то маркеры низкополиморфные.

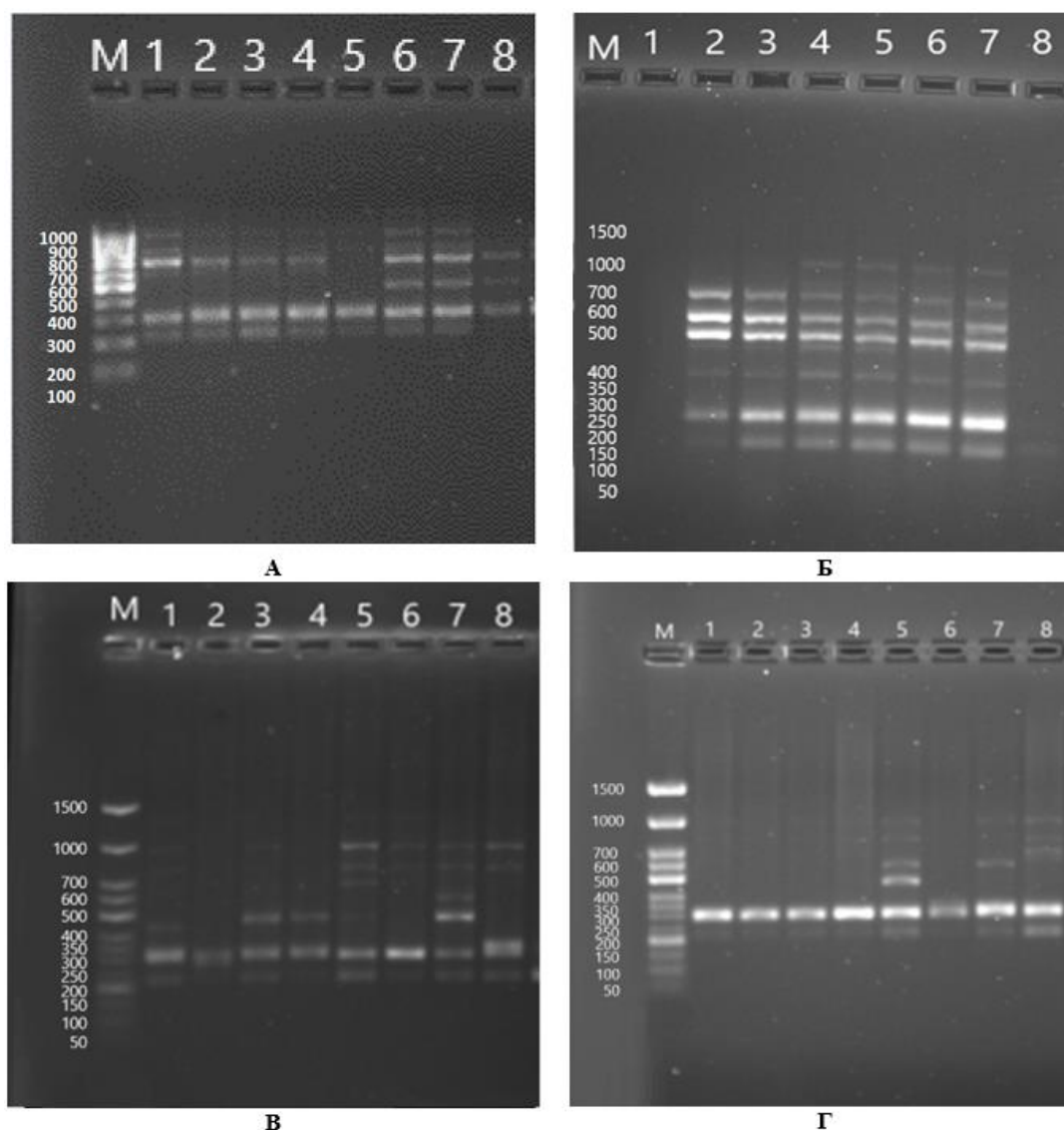


Рисунок 1 – Пример электрофореграмм продуктов амплификации популяций *R. pseudoacacia* (RPK – А, RPV – Б, RPE – В, RPD – Г) с ISSR-праймером UBC835

Таблица 3 – Характеристика изученных межмикросателлитных локусов ДНК популяций *R. pseudoacacia*

Название праймера	Длины фрагментов (п.н.)	Фрагменты					PIC
		RPK	RPV	RPE	RPD	RPA	
1	2	3	4	5	6	7	8
UBC807	300	0,9	0,8	1,0	0	1,0	0,29
	350	0	0	0	0,6	1,0	
	370	0	0	0,8	0	0	
	400	0,1	0,8	1,0	0,2	1,0	
	500	1,0	0,8	0	0,4	1,0	
	550	0	0	0,4	0	0	
	600	1,0	0,8	0,4	0,1	0,4	
	700	0	0,1	0,7	0	0,9	
	750	0	0	0,3	0	0	
	800	0,2	0,2	0	0	0	
	850	0	0	0	0,2	0	
	950	0	0	0,1	0	0	
	1000	0,3	0,2	0,7	0,1	1,0	

Продолжение таблицы 3

1	2	3	4	5	6	7	8
UBC811	300	0,7	0,7	0,3	0	0,5	0,31
	350	0	0	0	0,4	0,8	
	370	0	0	0,3	0	0	
	400	0,9	0,7	0,4	0	0,2	
	500	0,3	0,7	0	0,1	0,8	
	600	0,1	0,6	0,2	0,5	0	
	700	0,3	0	0,6	0,2	1,0	
	800	0,9	0,7	0,2	0	0	
	850	0	0	0,3	0	0	
	900	0,9	0	0	0	0	
	950	0	0	0,2	0	0	
UBC815	250	0	0	0	0	0,9	0,33
	350	0	0	0	0,9	0	
	400	0,3	0	0	0	0	
	500	0	0	0,1	0	1,0	
	530	0	0	0,1	0	0	
	600	0	0	0,3	0	0	
	700	0	0	1,0	0,9	0,7	
	800	1,0	0,8	0	0	0	
	850	0	0	0,4	0	0	
	900	0,6	0,5	0	0	0	
	1000	0,8	0,8	0,6	0,3	0,6	
UBC826	300	0,2	0	0	0,9	0	0,30
	400	0,6	0,8	0	0	0	
	500	0,5	0	1,0	0	0,8	
	600	1,0	0	0	0,2	0,8	
	700	0,6	0,9	0	0,5	0,3	
	800	0,4	0,8	0,1	0	0	
	850	0	0	0	0,3	0	
	900	1,0	0	0	0	0	
UBC834	1000	0,8	0,4	0	0,1	0,8	0,30
	200	0	0	0	0	1,0	
	250	0	0	1,0	0	0	
	300	0,8	0,9	0	1,0	1,0	
	330	0	0	1,0	0	0	
	350	0	0	0	1,0	0	
	400	0,8	0,9	1,0	0,9	1,0	
	500	0	0,2	0	0	0,2	
	700	0	0	0	0	0,7	
	800	0	0	1,0	0	0	
UBC835	850	0	0	0	0,4	0	0,33
	150	0	0	0	0	0,1	
	250	0	0	0	0	1,0	
	270	0	0	0,8	0	0	
	300	1,0	0,6	1,0	0,8	0	
	350	0	0	0	0,1	0	
	400	0	0	0	0	0,5	
	450	0	0	0,1	0	0	
	500	0,3	0,5	0,5	0	0	
	600	0	0	0,1	0,1	0,8	
	700	0,9	0,6	0,2	0,2	0,9	
	800	0,5	0	0	0	0	
	850	0	0	0,6	0,2	0	
	900	0	0,6	0	0	0	
	1000	0,5	0,5	0,7	0	0,9	
	1350	0	0	0,4	0	0	

Продолжение таблицы 3

1	2	3	4	5	6	7	8
UBC841	200	0	0	0,1	0	0	0,31
	250	0	0	0,5	0	0,1	
	270	0	0	0,5	0	0	
	300	1,0	0,7	0,1	0	0	
	350	0	0	0,3	0,8	0	
	400	0	0	0	0,1	1,0	
	480	0	0	0,5	0	0	
	500	1,0	0,7	0,5	0,8	1,0	
	600	1,0	0,7	0,9	1,0	0	
	800	0	0	0,5	0	0	
	1000	0,3	0	0	0,3	0	
	1100	0	0	0,2	0	0	
UBC857	200	0	0	0	0	0,6	0,33
	250	0	0	0,9	0	0	
	300	0,3	0	0	0	0	
	350	0	0	0,4	0,5	0	
	400	0,8	0,2	0	0,4	0,2	
	480	0	0	0,4	0	0	
	500	1,0	0,2	0	0,5	0,4	
	600	1,0	0	0,1	0,4	0	
	700	0	0	0,1	0,4	0,9	
	800	1,0	0,4	0	0	0	
	1000	0,7	0	0	0	0	
	1250	0	0	0,2	0	0	

Примечание. Общий PIC составил 0,31.

Установлены уникальные локусы у *R. pseudoacacia*: UBC807_{850,600,500,350}/UBC811_{500,350}/UBC815₃₅₀/UBC826_{1000,850,700,600,300}/UBC834_{850,350,300}/UBC835₃₅₀/UBC841_{1000,400}/UBC857_{500,400,300}, произрастающей в условиях засухи на территориях Юга России. В литературных источниках не были обозначены уникальные локусы при генотипировании популяций изучаемого вида, однако в научной работе журнала генной инженерии и биотехнологии представлена сравнительная таблица по уникальности локусов для *Eleusine coracana* L. [23].

Число отмеченных полиморфизмов анализируемых экотипов робинии псевдоакасии составило 29–47 %. Полученные данные свидетельствуют о том, что среди представленных популяций наблюдается разнородность. Поэтому использование этих объектов может послужить базой для создания новых форм, приспособленных к неблагоприятным условиям произрастания. В вышеупомянутом исследовании был отмечен 100 % уровень полиморфизма у всех особей *R. pseudoacacia* [21].

При помощи программы POPGENE произведен анализ двоичных матриц, полученных на основе спектров ампликонов, и проведена оценка генетического разнообразия различных групп робинии и генетической изменчивости (таблица 4).

Самые высокие значения процента полиморфизма эффективного числа аллелей наблюдались у популяции RPE, в то время как самые низкие – у популяции RPA.

Исходя из степени генетического родства изученных генотипов получена дендрограмма, построенная с помощью метода UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean – метод невзвешенного попарного среднего, используемый в филогенетике), основываясь на коэффициенте генетического сходства Nei и Li (рисунок 2). В иных исследованиях для подтверждения уровня расхождения генотипов используется тот же метод [28].

Таблица 4 – Параметры оценки генетического разнообразия популяций *R. pseudoacacia*

Популяция	n_a	n_e	h	I	% полиморфных локусов
RPV	$1,38 \pm 0,49$	$1,28 \pm 0,40$	$0,15 \pm 0,20$	$0,22 \pm 0,31$	37,78
RPK	$1,36 \pm 0,49$	$1,22 \pm 0,35$	$0,13 \pm 0,19$	$0,19 \pm 0,28$	35,56
RPE	$1,47 \pm 0,50$	$1,23 \pm 0,32$	$0,14 \pm 0,18$	$0,22 \pm 0,26$	46,67
RPD	$1,38 \pm 0,49$	$1,18 \pm 0,30$	$0,11 \pm 0,17$	$0,17 \pm 0,25$	37,78
RPA	$1,29 \pm 0,46$	$1,18 \pm 0,35$	$0,11 \pm 0,19$	$0,16 \pm 0,26$	28,89

Примечание: n_a – абсолютное число аллелей на локус; n_e – эффективное число аллелей на локус; h – разнообразие генов; I – информационный индекс Шеннона; у всех вышеуказанных параметров приведены стандартные отклонения.

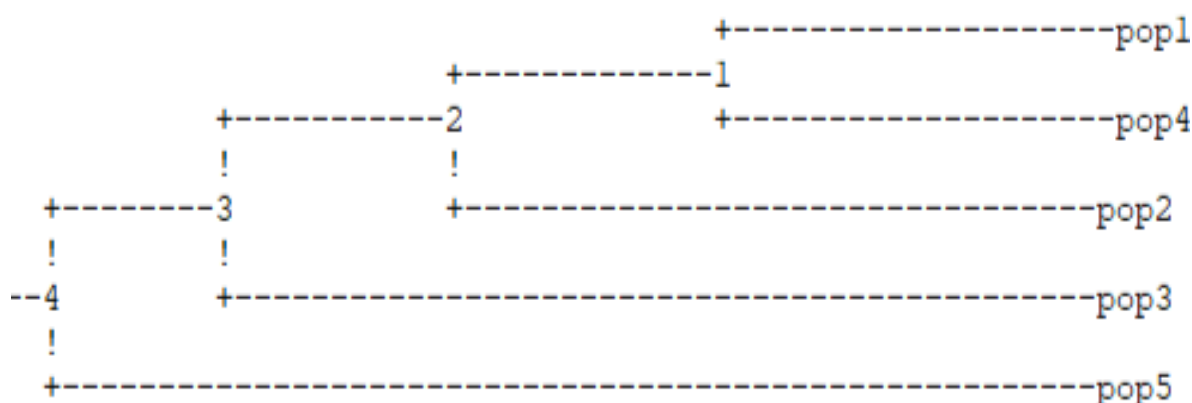


Рисунок 2 – Дендрограмма генетических различий между исследуемыми популяциями *R. pseudoacacia* (pop1 – RPV, pop2 – RPK, pop3 – RPE, pop4 – RPD, pop5 – RPA)

Полученная дендрограмма демонстрирует наибольшую генетическую отдаленность популяции RPA от других исследуемых групп, что обосновано коэффициентами Нея и географией расположения популяции (таблица 5). В других исследованиях связи между местами произрастания и уровнем полиморфизма генотипов не прослеживается [21].

Таблица 5 – Генетическая идентичность Нея (над диагональю), генетическая дистанция (под диагональю) для исследуемых популяций *R. pseudoacacia*

pop ID	RPV	RPK	RPE	RPD	RPA
RPV		0,8875	0,8464	0,9055	0,8186
RPK	0,1194		0,7472	0,8192	0,7356
RPE	0,1667	0,2914		0,8371	0,7669
RPD	0,0992	0,1994	0,1778		0,7928
RPA	0,2002	0,3071	0,2653	0,2321	

Основываясь на несмещенной попарной популяционной матрице генетической идентичности Нея, максимальную идентичность (0,9055) наблюдали между RPV и RPD, что подтверждается генетической дистанцией (0,0992). Минимальная идентичность установлена между популяциями RPK и RPA (0,7356), а генетическая дистанция составила (0,3071).

Таким образом, рассчитанные показатели генетической структуры, полиморфности исследуемых популяций указывают на специфичность их генофонда для поиска генов, связанных с засухоустойчивостью [29, 30].

Выводы

В результате проведенной работы установлена доля полиморфизма среди локусов популяций, подкрепленная отчетливыми различиями по параметрам маркера – 38 %. Число фрагментов на электрофореграммах (с использованием представленных маркеров) варьирует в пределах от одного до шести, а их размер – от 150 до 1350 п. н.

Максимальное число фрагментов определяется при использовании праймера UBC807 – 35 определенных локусов на семь полиморфных. При использовании UBC835 определено наибольшее число полиморфных локусов – 10. Потенциал изученной маркерной системы достаточно высок для идентификации генетического сходства. В результате проведенной работы идентифицированы 50 генотипов *R. pseudoacacia*.

Доля полиморфных локусов в изучаемых популяциях *R. pseudoacacia* варьировала от 29 % до 47 %, что свидетельствует о некотором уровне разнообразия данных между представленными экотопами. Эти результаты представляют практический интерес для использования данных объектов в селекционных программах. Установлено, что показатели полиморфизма и гетерозиготности популяций *R. pseudoacacia*, произрастающих на территории Волгоградской области, оказались выше аналогичных показателей популяции Ставропольского края. Полученные данные могут найти применение в селекции новых устойчивых форм *R. pseudoacacia*.

Литература

1. Хозеева Е. В., Зимина Ю. А., Срослова Г. А. Окислительный стресс растений: химия, физиология, способы защиты // Природные системы и ресурсы. 2020. Т. 10. № 4. С. 30–43. DOI: 10.15688/nsr.jvolsu.2020.4.4.
2. Поливанова О. Б., Егорова А. С., Сиволапова А. Б., Горюнова С. В. Технология протопластов и соматическая гибридизация картофеля – современное состояние и перспективы (обзор) // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2023. № 24 (1). С. 7–19. DOI: 10.30766/2072-9081,2023-24.1.7-19.
3. Трусов Н. А. Робиния лжеакация // Большая российская энциклопедия: научно-образовательный портал. [Электронный ресурс]. Режим доступа: <https://bigenc.ru/c/robinia-lzheakatsia-919070/?v=8926744> (дата обращения 13.12.2024).
4. Евдокимова М. В. Прогноз экологического состояния земель субъектов Российской Федерации в целях устойчивого развития // Вестник Московского университета. Серия 17. Почвоведение. 2023. Т. 78. № 2. С. 63–74. DOI: 10.55959/MSU0137-0944-17-2023-78-2-63-74.
5. Харченко В. Е., Черская Н. А., Жуковский К. С., Жуковская В. В., Ганшин А. Н. Динамика видового разнообразия сорных растений в агрофитоценозах // Вестник ОрелГАУ. 2024. № 5 (110). С. 41–50. DOI: 10.17238/issn2587-666X.2024.5.41.
6. Кузьмина Н. М. Роль и особенности произрастания декоративных древесных растений в городских зонах рекреации // Известия вузов. Северо-Кавказский регион. Серия: Естественные науки. 2024. № 4-1. С. 125–133. DOI: 10.18522/1026-2237-2024-4-1-125-133.
7. Снегин Э. А., Сычев А. А., Снегина Е. А. Оценка генетических дистанций между различными формами *Chondrula Tridens* (Gastropoda, Pulmonata) на основе маркеров ДНК // Зоологический журнал. 2017. Т. 96. С. 997–1005. DOI: 10.7868/S0044513417070157.
8. Грибачева О. В., Черская Н. А., Сотников Д. В. Видовое описание растительности ползащитных лесных полос в хозяйстве УНПАК ЛНАУ «Колос» // Вестник ОрелГАУ. 2023. № 3 (102). С. 46–54. DOI: 10.17238/issn2587-666X.2023.3.46.
9. Ковтонюк Н. К., Юданова С. Т., Нуждина Н. С. Таксономический статус и генетическая вариабельность *primula mazurenkoae* (primulaceae), выявленная методом ISSR-анализа и секвенированием региона ITS // Бюллетень МОИП. Отделение биологии. 2023. Т. 128. Вып. 5. С. 72–84. DOI: 10.55959/MSU0027-1403-BB-2023-128-5-72-84.
10. Климов А. В., Прошкин Б. В. Морфология *Populus suaveolens* Fisch. в популяциях Северо-Востока России // Вестник Томского государственного университета. Биология. 2021. № 55. С. 19–41. DOI: 10.17223/19988591/55/2.
11. Шеллер М. А., Татаринцев А. И., Сухих Т. В., Ибе А. А., Михайлов П. В. Видовая идентификация *heterobasidion annosum* (fr.) Bref. в очагах усыхания сосны обыкновенной на

территории национального парка «Шушенский бор» // Биосфера. 2023. Т. 15. № 2. С. 107–110. DOI: 10.24855/biosfera.v15i2.805.

12. Tzvetkova N., Petkova K. Bioaccumulation of heavy metals by the leaves of *Robinia pseudoacacia* as a bioindicator tree in industrial zones // Journal of Environmental Biology. 2015. Vol. 36. P. 59–63.

13. Нигматуллина Н. В., Кулуев А. Р., Кулуев Б. Р. Молекулярные маркеры, применяемые для определения генетического разнообразия и видоидентификации дикорастущих растений // Биомика. 2018. Т. 10 (3). С. 290–318. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2018-39.

14. Васильева О. Ю., Вышегуров С. Х., Козлова М. В., Агафонов А. В., Дорогина О. В. Паспортизация объектов биоресурсной коллекции USU 44053 ЦСБС СО РАН с использованием цифровой семенотеки и цитолого-генетических методов // Журнал СФУ. Биология. 2023. Т. 16 (1). С. 24–40.

15. Гродецкая Т. А., Баранов О. Ю., Ржевский С. Г., Федулова Т. П., Шабанова Е. А., Константинов А. В., Машкина О. С. Молекулярно-генетический анализ размноженных *in vitro* клонов *Populus alba* L. и *Populus tremula* L. с использованием микросателлитных маркеров // Лесотехнический журнал. 2021. Т. 11. № 3 (43). С. 16–30. DOI: 10.34220/issn.2222-7962/2021.3/2.

16. Гучетль С. З., Головатская А. В., Рамазанова С. А., Волошко А. А. Генетическое разнообразие линий подсолнечника российской селекции, выявленное с помощью анализа микросателлитных локусов. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2023. Т. 24 (2). С. 173–186. DOI: 10.30766/2072-9081.2023.24.2.173-186.

17. Бирюкова В. А., Жарова В. А., Чалая Н. А., Шмыгля И. В., Рогозина Е. В. Молекулярные маркеры как инструмент в селекции на устойчивость к у-вирусу картофеля // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2022. Т. 23 (6). С. 777–787. DOI: 10.30766/2072-9081.2022.23.6.777-787.

18. Криворучко А. Ю., Скокова А. В., Яцык О. А., Каниболоцкая А. А. Современные подходы генетической идентификации породной принадлежности сельскохозяйственных животных (обзор) // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2021. Т. 22(3). С. 317–328. DOI: 10.30766/2072-9081.2021.22.3.317-328.

19. Кузнецов В. М. Оценка генетической дифференциации популяций молекулярным дисперсионным анализом (аналитический обзор) // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2021. Т. 22 (2). С. 167–187. DOI: 10.30766/2072-9081.2020.21.2.167-187.

20. Gemmill C.E.C., Grierson E.R.P. Inter-simple sequence repeats (ISSR), microsatellite-primed genomic profiling using universal primers // In book: Molecular Plant Taxonomy. Part of the book series: Methods in Molecular Biology (MIMB, Vol 2222) // Ed. by Besse P. NY: Humana, 2021. P. 249–262. DOI: 10.1007/978-1-0716-0997-2_14.

21. Uras M. E., Filiz E., Sen U., Ozyigit I. I. Genetic diversity and phylogenetic analysis of *Robinia pseudoacacia* L. populations using ISSR markers, ITS1 and trnL-F intergenic spacer sequences // Journal of Forest Science. 2024. Vol. 70. Iss. 1. P. 1–13. DOI: 10.17221/95/2023-JFS.

22. Amiryousefi A., Hyvönen J., Pocza P. iMEC: online marker efficiency calculator // Applications in Plant Sciences. 2018. Vol. 6. Iss. 6. Art. No. e01159. DOI: 10.1002/aps3.1159.

23. Venkatesan, J., Ramu, V., Sethuraman, T. Molecular marker for characterization of traditional and hybrid derivatives of *Eleusine coracana* (L.) using ISSR marker // Journal of Genetic Engineering and Biotechnology. 2021. No. 19. Art. No. 178. DOI: 10.1186/s43141-021-00277-1.

24. Садыков Р. Т. Генетический полиморфизм популяций и филогения видов рода *Polygonum aviculare* (Polygonaceae). Дисс. к.б.н. Красноярск: СФУ, 2022. С. 3–31.

25. Чесноков Ю. В., Артемьева А. М. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия // Сельскохозяйственная биология. 2015. Т. 50 (5). С. 571–578. DOI: 10.15389/agrobiol.2015.5.571rus.

26. Гудная Н. В., Мялик А. Н., Шлапакова Т. Г., Титок В. В. Формирование резервного генофонда исчезающих видов растений на основе оценки генетического разнообразия популяций // Hortus botanicus. 2023. Т. 18. С. 199–218. DOI: 10.15393/j4.art.2023.8905.

27. Akhtar N., Hafiz I. A., Hayat M. Q., Potter D., Abbasi N. A., Habib U., Hussain A., Hafeez H., Bashir M.A., Malik S. I. ISSR-based genetic diversity assessment of *Genus Jasminum* L. (Oleaceae) from Pakistan // Plants. 2021. Vol. 10. Iss. 7. Art. No. 1270. DOI: 10.3390/plants10071270.

28. Волков Ю. П., Ерошенко Г. А. Анализ эффективности некоторых методов построения филогенетических деревьев, используемых при оценке эволюционного родства микроорганизмов // Проблемы особо опасных инфекций. 2009. № 1 (99). С. 35–41. DOI: 10.21055/0370-1069-2009-1(99)-35-41.

29. Беляев А. И., Крылов П. А., Пугачева А. М., Деревщикова Л. В. Анализ наличия древесно-кустарниковых растений, используемых в агролесомелиорации южных регионов России // Известия нижеволжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование. 2023. № 2 (70). С. 30–42. DOI: 10.32786/2071-9485-2023-02-03.

30. Иванисова Н. В., Седой Р. Г., Бабошко О. И., Куринская Л. В. Особенности роста робинии псевдоакация в условиях степной зоны // Лесоведение. 2021. № 3. С. 240–249. DOI: 10.31857/S0024114821030062.

References

1. Khozeeva E. V., Zimina Yu. A., Sroslova G. A. Oxidative stress of plants: chemistry, physiology, methods of protection // Prirodnye sistemy i resursy [Natural Systems and Resources]. 2020. Vol. 10. No. 4. P. 30–43. DOI: 10.15688/nsr.jvolsu.2020.4.4.
2. Polivanova O. B., Egorova A. S., Sivolapova A. B., Goryunova S. V. Current state and prospects of protoplast technology and potato somatic hybridization (review) // Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka = Agricultural Science EuroNorth-East. 2023. No. 24 (1). P. 7–19. DOI: 10.30766/2072-9081.2023-24.1.7-19.
3. Trusov N. A. *Robinia pseudoacacia* // Great Russian Encyclopedia: scientific and educational portal. [Electronic resource]. Access point: <https://bigenc.ru/c/robinia-lzheakatsia-919070/?v=8926744> (reference's date 13.12.2024).
4. Evdokimova M. V. Forecasting the ecological state of lands in regions of the Russian Federation for sustainable development // Lomonosov Soil Science Journal. 2023. Vol. 78. No. 2. P. 63–74. DOI: 10.55959/MSU0137-0944-17-2023-78-2-63-74.
5. Kharchenko V. E., Cherskaya N. A., Zhukovsky K. S., Zhukovskaya V. V., Ganshin A. N. Dynamics of species diversity of weeds in agrophytocenoses // Bulletin of Agrarian Science. 2024. No. 5 (110). P. 41–50. DOI: 10.17238/issn2587-666X.2024.5.41.
6. Kuzmina N. M. Role and features of growing ornamental woody plants in urban recreation areas // Bulletin of Higher Educational Institutions. North Caucasus Region. Natural Science. 2024. No. 4-1. P. 125–133. DOI: 10.18522/1026-2237-2024-4-1-125-133.
7. Snegin E. A., Sychev A. A., Snegina E. A. Assessment of genetic distances between different forms of *Chondrula Tridens* (Gastropoda, Pulmonata) based on DNA markers // Zoologicheskii Zhurnal. 2017. Vol. 96. P. 997–1005. DOI: 10.7868/S0044513417070157.
8. Gribacheva O. V., Cherskaya N. A., Sotnikov D. V. Species description of vegetation of protective forest strips on the farm of UNPAK LNAU “Kolos” // Bulletin of Agrarian Science. 2023. No. 3 (102). P. 46–54. DOI: 10.17238/issn2587-666X.2023.3.46.
9. Kovtonyuk N. K., Yudanov S. T., Nuzhdina N. S. Taxonomic status and genetic variation in *Primula mazurenkoae* (Primulaceae): evidence from ISSR analysis and ITS sequencing // Bull. Moscow Society of Naturalists. Biological Ser. 2023. Vol. 128. Iss. 5. P. 72–84. DOI: 10.55959/MSU0027-1403-BB-2023-128-5-72-84.
10. Klimov A. V., Proshkin B. V. *Populus suaveolens* Fisch. morphology in the populations of the North-East of Russia // Vestnik Tomskogo gosudarstvennogo universiteta. Biologiya = Tomsk State University Journal of Biology. 2021. No. 55. P. 19–41. DOI: 10.17223/19988591/55/2.
11. Sheller M. A., Tatarintsev A. I., Sukhikh T. V., Ibe A. A., Mikhailov P. V. Identification of the fungal species *Heterobasidion annosum* (Fr.) Bref. in the foci of drying of *Pinus sylvestris* pines in Shushenskiy Bor national park // Biosfera. 2023. Vol. 15. No. 2. P. 107–110. DOI: 10.24855/biosfera.v15i2.805.
12. Tzvetkova N., Petkova K. Bioaccumulation of heavy metals by the leaves of *Robinia pseudoacacia* as a bioindicator tree in industrial zones // Journal of Environmental Biology. 2015. Vol. 36. P. 59–63.
13. Nigmatullina N. V., Kuluyev A. R., Kuluyev B. R. Molecular markers used to determine the genetic diversity and species identification of wild plants // Biomcs. 2018. Vol. 10 (3). P. 290–318. DOI: 10.31301/2221-6197.bmcs.2018-39.
14. Vasilyeva O. Yu., Vyshegurov S. Kh., Kozlova M. V., Agafonov A. V., Dorogina O. V. Certification of samples in the bioresource collection USU 44053 CSBS SB RAS using digital seed library and cytological and genetic methods // J. Sib. Fed. Univ. Biol. 2023. Vol. 16 (1). P. 24–40.
15. Grodetzkaya T. A., Baranov O. Yu., Rzhavsky S. G., Fedulova T. P., Shabanova E. A., Konstantinov A. V., Mashkina O. S. Molecular-genetic analysis of propagated in vitro clones of *Populus alba* L. and *Populus tremula* L. using microsatellite markers // Lesotekhnicheskii zhurnal [Forest Engineering journal]. 2021. Vol. 11. No. 3 (43). P. 16–30. DOI: 10.34220/issn.2222-7962/2021.3/2.
16. Guchetl S. Z., Golovatskaya A. V., Ramazanov S. A., Voloshko A. A. Genetic diversity of the Russian sunflower breeding lines revealed by microsatellite loci analysis // Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka = Agricultural Science Euro-North-East. 2023. Vol. 24 (2). P. 173–186. DOI: 10.30766/2072-9081.2023.24.2.173-186.
17. Biryukova V. A., Zharova V. A., Chalaya N. A., Shmyglya I. V., Rogozina E. V. Molecular markers as tools in breeding for resistance to Potato Virus Y // Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka = Agricultural Science Euro-North-East. 2022. Vol. 23 (6). P. 777–787. DOI: 10.30766/2072-9081.2022.23.6.777-787.
18. Krivoruchko A. Yu., Skokova A. V., Yatsyk O. A., Kanibolotskaya A. A. Modern approaches to the genetic identification of farm animal breeds (review) // Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka =

Agricultural Science Euro-North-East. 2021. Vol. 22 (3). P. 317–328. DOI: 10.30766/2072-9081.2021.22.3.317-328.

19. Kuznetsov V. M. Assessment of genetic differentiation of populations by analysis of molecular variance (analytical review) // Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka = Agricultural Science Euro-North-East. 2021. Vol. 22 (2). P. 167–187. DOI: 10.30766/2072-9081.2020.21.2.167-187.

20. Gemmill C.E.C., Grierson E.R.P. Inter-simple sequence repeats (ISSR), microsatellite-primed genomic profiling using universal primers // In book: Molecular Plant Taxonomy. Part of the book series: Methods in Molecular Biology (MIMB, Vol 2222) / Ed. by Besse P. NY: Humana, 2021. P. 249–262. DOI: 10.1007/978-1-0716-0997-2_14.

21. Uras M.E., Filiz E., Sen U., Ozyigit I.I. Genetic diversity and phylogenetic analysis of *Robinia pseudoacacia* L. populations using ISSR markers, ITS1 and trnL-F intergenic spacer sequences // Journal of Forest Science. 2024. Vol. 70. Iss. 1. P. 1–13. DOI: 10.17221/95/2023-JFS.

22. Amiryousefi A., Hyvönen J., Pocza P. iMEC: online marker efficiency calculator // Applications in Plant Sciences. 2018. Vol. 6. Iss. 6. Art. No. e01159. DOI: 10.1002/aps3.1159.

23. Venkatesan J., Ramu V., Sethuraman T., Sivagnanam C., Doss G. Molecular marker for characterization of traditional and hybrid derivatives of *Eleusine coracana* (L.) using ISSR marker // Journal of Genetic Engineering and Biotechnology. 2021. No. 19. Art. No. 178. DOI: 10.1186/s43141-021-00277-1.

24. Sadykov R. T. Genetic polymorphism of populations and phylogeny of species of the *Polygonum aviculare* (Polygonaceae) family. Diss. ... Cand. Sc. (Biol.). Krasnoyarsk: Siberian Federal University, 2022. P. 3–31.

25. Chesnokov Yu. V., Artemyeva A.M. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity // Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]. 2015. Vol. 50 (5). P. 571–578. DOI: 10.15389/agrobiology.2015.5.571rus.

26. Gudnaya N. V., Myalik A. N., Shlapakova T. G., Titok V. V. Formation of a reserve gene pool of endangered plant species based on an assessment of the genetic diversity of populations // Hortus botanicus. 2023. Vol. 18. P. 199–218. DOI: 10.15393/j4.art.2023.8905.

27. Akhtar N., Hafiz I.A., Hayat M.Q., Potter D., Abbasi N.A., Habib U., Hussain A., Hafeez H., Bashir M.A., Malik S.I. ISSR-based genetic diversity assessment of *Genus Jasminum* L. (Oleaceae) from Pakistan // Plants. 2021. Vol. 10. Iss. 7. Art. No. 1270. DOI: 10.3390/plants10071270.

28. Volkov Yu. P., Eroshenko G. A. Analysis of the efficiency of some methods of construction of phylogenetic trees used in evaluation of microorganisms evolutionary relations // Problems of Particularly Dangerous Infections. 2009. No. 1 (99). P. 35–41. DOI: 10.21055/0370-1069-2009-1(99)-35-41.

29. Belyaev A. I., Krylov P. A., Pugacheva A.M., Derevshchikova L. V. Analysis of the presence of the genomes of wood and shrubs plants used in agro-forest-melioration in the southern regions of Russia // Proc. of the Lower Volga Agro-University Comp. 2023. No. 2 (70). P. 30–42. DOI: 10.32786/2071-9485-2023-02-03.

30. Ivanisova N. V., Sedoy R. G., Baboshko O. I., Kurinskaya L. V. Features of *Robinia pseudoacacia* growth in steppe zone conditions // Lesovedenie. 2021. No. 3. P. 240–249. DOI: 10.31857/S0024114821030062.

UDC 575.22:582.736

Kuzmin P. A., Magomedova M. O., Molitvina E. V.

GENOTYPING OF ECOTOPIC POPULATIONS OF *ROBINIA PSEUDOACACIA* L. USING ISSR MARKERS

Summary. Currently, the issues of genotyping various ecotopic populations of tree species and further determination of the relationship of the genetic structure with economically valuable traits remain relevant. Therefore, the aim of the work was to conduct a genetic analysis of various ecotopic populations of *Robinia pseudoacacia* L. in the Volgograd and Stavropol regions using ISSR markers. ISSR markers with a high level of informativeness were used for the genotyping of *R. pseudoacacia*. As research methods, DNA isolation (CTAB), standard PCR and electrophoresis in 2%-agarose gel were used. The evaluation of polymorphism and the calculation of its genetic structure were carried out in the POPGENE v 1.31 program. As a result of the research, the indicators of the genetic structure and polymorphism of the studied populations were calculated, their genetic remoteness was demonstrated using the UPGMA cluster analysis method. DNA labeling of the populations allowed us to identify 107 amplified fragments, of which 58 were

polymorphic. PIC varied from 0.29 to 0.33 for the studied loci. The average value of the polymorphic information content index for the studied populations was 0.31. PIC depended on the determined number of alleles; its frequency distribution was equal to the diversity of genes. Unique loci have been identified in *R. pseudoacacia*: UBC807_{850,600,500,350}/UBC811_{500,350}/UBC815₃₅₀/UBC826_{1000,850,700,600,300}/UBC834_{850,350,300}/UBC835₃₅₀/UBC841_{1000,400}/UBC857_{500,400,300}. The proportion of polymorphic loci of the studied populations of *R. pseudoacacia* ranged from 29 to 47%, which indicates a certain level of heterogeneity of the data obtained among the presented ecotopes. This is of practical interest for the use of these samples in breeding work. Populations from the Volgograd region exhibited a higher degree of both polymorphism and level of heterozygosity, compared with the population from the Stavropol region. Thus, the calculated indicators of the genetic structure and polymorphism of the studied populations indicate the specificity of their gene pools for the search for genes related to drought resistance. The research results can be used in breeding new resistant forms of *R. pseudoacacia*.

Keywords: genotyping, ISSR markers, polymorphism, *Robinia pseudoacacia* L.

Кузьмин Петр Анатольевич, кандидат сельскохозяйственных наук, заведующий лабораторией молекулярной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения РАН»; 400062, Россия, г. Волгоград, Университетский пр., 97; e-mail: kuzmin-p@vfanc.ru.

Магомедова Милана Олеговна, лаборант-исследователь лаборатории молекулярной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения РАН»; 400062, Россия, г. Волгоград, Университетский пр., 97; e-mail: magomedova-m@vfanc.ru.

Молитвина Екатерина Владимировна, лаборант-исследователь лаборатории молекулярной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения РАН»; 400062, Россия, г. Волгоград, Университетский пр., 97; e-mail: molitvina-e@vfanc.ru.

Kuzmin Pyotr Anatolyevich, Cand. Sc. (Agr.), head of the Laboratory of molecular breeding, FSBSI "Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences"; 97, Universitetskiy ave., Volgograd, 400062, Russia; e-mail: kuzmin-p@vfanc.ru.

Magomedova Milana Olegovna, research assistant at the Laboratory of molecular breeding, FSBSI "Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences"; 97, Universitetskiy ave., Volgograd, 400062, Russia; e-mail: magomedova-m@vfanc.ru.

Molitvina Ekaterina Vladimirovna, research assistant at the Laboratory of molecular breeding, FSBSI "Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences"; 97, Universitetskiy ave., Volgograd, 400062, Russia; e-mail: molitvina-e@vfanc.ru.

Работа выполнена в рамках Государственного задания «Генотипирование древесных и кустарниковых пород, устойчивых к ограничивающим рост и развитие факторам внешней среды» (FNFE-2025-0007).

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с участием людей и животных в качестве объектов исследований.

Дата поступления в редакцию – 04.03.2025.

Дата принятия к печати – 01.04.2025.