



DOI 10.21178/2079–6080.2022.3.4

УДК 575.174.015.3:582.475

## Изменчивость показателей молекулярных маркеров у клонов плюсовых деревьев *Pinus sylvestris* L.

© Р.М. Камалов, М.Ю. Петюренко, А.П. Дегтярева

---

### Variability of indicators of molecular markers in clones of plus trees *Pinus sylvestris* L.

R.M. Kamalov, M.Yu. Peturenko, A.P. Degtyareva (All-Russian Research Institute of Forest Genetics, Breeding and Biotechnology)

The article presents the results of studying the genetic variability of Scots pine (*Pinus sylvestris* L.) plus trees in 3 populations of the Ulyanovsk region for 14 EST-SSRs and 3 nSSRs -loci. The studied populations originated from the Kuzovatovsky, Nikolaevsky and Mainsky forestries located on the territory of the administrative districts of the same name. SSR loci were analyzed using the GenAEx program for expected ( $H_e$ ) and observed heterozygosity ( $H_o$ ), average number of alleles per locus ( $N_a$ ), number of effective alleles ( $N_e$ ), and polymorphism. As a result of the microsatellite analysis, it was revealed that one of the *lw\_isotig02842* loci, assigned to the EST-SSR type, did not reveal polymorphism between plus trees in the Kuzovatovskaya and Nikolaevsky populations and was monomorphic. Based on the variability by SSRs -loci, estimates of genetic variability in the studied populations of *Pinus sylvestris* L were given. The results of the study show that the population from the Mainsky forestry was characterized by the maximum values of most parameters of genetic variability:  $N_a = 4,353$ ,  $N_e = 3,274$ ,  $H_e = 0,651$ . At the same time, in all 3 *Pinus sylvestris* L. populations of the Ulyanovsk region, higher values of expected heterozygosity were found compared to the observed one, which indicates a deficit of heterozygotes. An analysis of the population structure using F-statistics showed that 87,9 % of the total genetic diversity is concentrated within populations, while about 12,1 % of all observed variability is accounted for by interpopulation. The most significant differences in the genetic structure for 17 SSR loci are observed between the pine populations growing in the Mainskoye and Nikolaevskoye forestries ( $D_N = 0,548$ ), while the least differentiated from each other according to the microsatellite analysis of the population from the Kuzovatovsky and Nikolaevskoye forestries ( $D_{N=0,159}$ ).

**Keywords:** *Pinus sylvestris* L., genetic structure, genetic diversity, populations, plus trees, SSR-markers, F-statistics

**Изменчивость показателей молекулярных маркеров у клонов плюсовых деревьев *Pinus sylvestris* L.**

**Р.М. Камалов, М.Ю. Петюренко, А.П. Дегтярева**

В статье представлены результаты изучения генетической изменчивости плюсовых деревьев сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.) в 3 популяциях Ульяновской области по 14 EST-SSRs и 3 nSSRs локусам. Исследованные популяции происходили из Кузоватовского, Николаевского и Майнского лесничеств, расположенных на территории одноименных административных районов. SSR-локусы были проанализированы с помощью программы GenAlEx для определения ожидаемой ( $H_e$ ) и наблюдаемой ( $H_o$ ) гетерозиготности, среднего количества аллелей на локус ( $N_a$ ), числа эффективных аллелей ( $N_e$ ), полиморфности. В результате проведенного микросателлитного анализа выявлено, что один из локусов lw\_isotig02842, отнесенный к типу EST-SSR не выявил полиморфизма между плюсовыми деревьями в Кузоватовской и Николаевской популяциях и был мономорфный. На основе изменчивости по SSRs-локусам даны оценки показателей генетической изменчивости в исследованных популяциях *Pinus sylvestris* L. Результаты исследования показывают, что популяция из Майнского лесничества характеризовалась максимальными значениями большинства параметров генетической изменчивости:  $N_a = 4,353$ ,  $N_e = 3,274$ ,  $H_e = 0,651$ . В то же время во всех 3 популяциях сосны на территории Ульяновской области выявлены более высокие значения ожидаемой гетерозиготности по сравнению с наблюдаемой, что свидетельствует о дефиците гетерозигот. Анализ популяционной структуры с помощью статистик Райта показал, что внутри популяций сосредоточено 87,9 % всего генетического разнообразия, в то время как около 12,1 % от всей наблюдаемой изменчивости приходится на межпопуляционную. Наиболее значительные различия в генетической структуре по 17 SSR-локусам выявлены между популяциями сосны, произрастающими в Николаевском и Майнском лесничествах ( $D_N = 0,548$ ), в то время как минимально дифференцированы друг от друга по данным микросателлитного анализа популяции из Кузоватовского и Николаевского лесничеств ( $D_N = 0,159$ ).

**Ключевые слова:** *Pinus sylvestris* L., генетическая структура, генетическое разнообразие, популяции, плюсовые деревья, SSR-маркеры, индекс фиксации Райта

Камалов Равиль Мингазович – канд. с.-х. наук, старший научный сотрудник, заведующий отделом селекции и семеноводства

E-mail: kamalov.r.m12@gmail.com

Петюренко Марта Юрьевна – канд. с.-х. наук, научный сотрудник лаборатории биохимии, молекулярной генетики и физиологии растений

E-mail: forestgenetic@mail.ru

Дегтярева Алина Петровна – младший научный сотрудник лаборатории экологической генетики

E-mail: ali.serdyukova@yandex.ru

ФГБУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лесной генетики, селекции и биотехнологии»

394087, Воронеж, ул. Ломоносова, 105

Тел.: 8 (473) 253–71–89

E-mail: ilgis@lesgen.vrn.ru