

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ И ДИНАМИКА РАДИАЛЬНОГО ГОДИЧНОГО ПРИРОСТА ДУБА ЧЕРЕШЧАТОГО НА ЮЖНОМ УРАЛЕ

Янбаев Руслан Юлаевич, Бахтина Светлана Юрьевна,
Садыков Айдар Харисович

*Башкирский государственный аграрный университет
Россия, г. Уфа, 50-летия Октября-34
Ruslan.Yanbaev@list.ru*

В условиях глобального изменения климата усиливается деградация лесных экосистем, ускоряется сдвиг на север ареалов древесных растений, являющихся основным источником поглощения углерода. «Выгодоприобретателем» данного процесса может стать дуб черешчатый *Quercus robur* L. – один из наиболее засухоустойчивых видов древесных растений лесной зоны. По этой причине представляет интерес сравнение генетического разнообразия популяций, определяющего адаптивный потенциал, и величины ежегодного радиального прироста древесины (РП) – показателя, являющегося информативным индикатором жизненного состояния деревьев.

Нами для проведения такого исследования на горнолесной зоне Башкортостана и в Башкирском Предуралье отобраны 7 выборок. Они представляют чистые семенные дубравы 4 класса возраста с полнотой не более 0,5. Величина РП определялась у 70 деревьев (по 10 особей на выборку) при помощи возрастного бурава. Для выделения ДНК использован камбий. Показатели генетического разнообразия популяций вычислялись после генотипирования путем секвенирования (GBS) в Германии в компании LGC Genomics GmbH в программе GDA-NT 2021 (www.thuenen.de/en/fg/software/GDA-NT/).

Генетический полиморфизм популяций, расположенных на практически всей восточной границе ареала вида (от степной зоны до района хвойно-широколиственных лесов, более 450 км в меридиональном направлении) оказался очень близким. В 327 локусах однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) ядерной ДНК обнаружены $610,25 \pm 1,86$ аллелей. Эффективное число аллелей составило в среднем значение $1,367 \pm 0,003$ (изменения в пределах 1,315–1,381, коэффициент вариации 0,99 %), наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность – $0,2305 \pm 0,001$ (0,2181–0,2441, 3,07 %) и $0,2165 \pm 0,002$ (0,1877–0,2256, 3,51 %), соответственно. Иная картина наблюдается при сопоставлении выборок по величине РП в 2004–2021 гг. (показатель изменяется от $2,28 \pm 0,15$ до $3,63 \pm 0,20$ мм). Статистически достоверные различия обнаружены в 14 из 21 возможных случаев (66,7 %). Из их числа достоверность на уровнях $p < 0,05$, $p < 0,01$ и $p < 0,001$ выявлена между 5, 3 и 6 парами, соответственно. Так же существенно выражена вариабельность особей в пределах местообитаний – коэффициент вариации, в зависимости от дерева, доходил до 43,4 %.

Сходство генофондов популяций на фоне выраженных различий по РП доказывает перспективность продолжения исследований на генотипическом, а не только популяционном, уровне.

Исследование проведено при поддержке гранта Президента Российской Федерации для поддержки молодых ученых № МК-3699.2022.5.

Ключевые слова: дуб черешчатый, генетический полиморфизм, радиальный прирост.

GENETIC POLYMORPHISM AND DYNAMICS OF ANNUAL RADIAL INCREMENT OF THE PEDUNCULATE OAK IN THE SOUTHERN URALS

Ianbaev Ruslan, Bakhtina Svetlana, Sadykov Aidar

*Bashkir State Agrarian University
Russia, Ufa, 50-letiya Otyabrya-34
Ruslan.Yanbaev@list.ru*

Degradation of forest ecosystems is increasing in the context of global climate change, and the shift of distribution ranges of the trees, which are the main source of carbon uptake, is accelerating to the north. A "winner" of this process may be the pedunculate oak *Quercus robur* L., which is one of the most drought-resistant species in the forest zone. Comparison of the population genetic diversity, the basis of adaptive potential, and the value of the annual radial increment of wood (AI), an informative indicator of the vital condition of trees, is important for this reason.

To conduct such a study, we sampled 7 localities in the mountainous-forest zone of Bashkortostan and in the Bashkir Cis-Urals. They represent pure seed oak forests of the 4th age class with a density less than 0.5. We determined AI in 70 trees (10 individuals per locality) using an age drill. Cambium was used to isolate DNA. Indicators of population genetic diversity were calculated after genotyping by sequencing (GBS) in Germany at LGC Genomics GmbH using the GDA-NT 2021 program (www.thuenen.de/en/fg/software/GDA-NT/).

The genetic polymorphism of populations that are located on almost the entire eastern border of the species' range (from the steppe zone to the area of coniferous-deciduous forests, more than 450 km in the meridional direction) was very similar. 610.25 ± 1.86 alleles were found in 327 single nucleotide polymorphisms (SNP) loci of nuclear DNA. The average effective number of alleles was 1.367 ± 0.003 (changes were in the range of 1.315–1.381, coefficient of variation was 0.99%), observed and expected heterozygosity were 0.2305 ± 0.001 (0.2181–0.2441, 3.07 %) and 0.2165 ± 0.002 (0.1877–0.2256, 3.51 %), accordingly. The opposite pattern was observed when comparing samples by AI values in 2004-2021 (it varied from 2.28 ± 0.15 to 3.63 ± 0.20 mm). Statistically significant differences were found in 14 out of 21 possible cases (66.7 %). Among them, the significance at the levels of $p < 0.05$, $p < 0.01$ and $p < 0.001$ was revealed between 5, 3 and 6 pairs, respectively. Within the localities, the variability of individuals was also expressed greatly – the coefficient of variation, depending on a tree, reached 43.4 %. The similarity of the of population gene pools against the pronounced differences in AI proves the prospects for continuing research at the genotypic, and not only population, level.

The study was supported by the grant of the President of the Russian Federation for encouraging young scientists No. MK-3699.2022.5.

Keywords: pedunculate oak, genetic polymorphism radial increment.