

<https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.889-899>

УДК 575.86:631.61

Генетическое разнообразие популяций тамарикса ветвистого (*Tamarix ramosissima* Ledeb.) по данным ISSR-маркеров

© 2026. И. М. Романова, П. А. Кузьмин✉, Е. С. Лушникова

ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук», г. Волгоград, Российская Федерация

Тамарикс ветвистый – кустарник, широко используемый для агролесомелиорации аридных территорий. Цель исследований – определить генетическую изменчивость 8 популяций *T. ramosissima* Ledeb., произрастающих в засушливых условиях юга России. Всего для исследования было отобрано 138 растений. Географическое расстояние между популяциями внутри одного региона составляло: 23 км (Ставропольский край); 30 км (Астраханская область); 170 км (Республика Калмыкия). Анализ генетической структуры проводили с помощью 11 ISSR-маркеров. В общей сложности было амплифицировано 189 фрагментов ДНК. Полученные значения PIC (от 0,248 до 0,330) указывают на высокую диагностическую ценность задействованных в работе ISSR-праймеров. По всем исследуемым популяциям был выявлен высокий уровень полиморфизма, в среднем – 92,6 %. Наибольший процент полиморфных локусов наблюдался в популяции Tr_a2 (Астраханская область, 97,9 %), а наименьший – в Tr_k1 (Республика Калмыкия, 87,3 %). Показатели p_a и p_g варьировали в пределах 1,44–1,59 и 1,25–1,33 соответственно, при средних значениях $1,52 \pm 0,499$ и $1,28 \pm 0,346$. Значения индекса генетического разнообразия по Нею варьировали от 0,150 до 0,198, при среднем уровне $0,166 \pm 0,188$. Индекс Шеннона изменялся от 0,232 до 0,300, в среднем составляя $0,254 \pm 0,272$. Для оценки степени генетического расхождения популяций, произрастающих в разных регионах, был проведен расчет коэффициентов генетической дистанции по Нею. Построенная дендрограмма подтверждает высокий уровень генетического разнообразия популяций *T. ramosissima*. Отсутствие кластеризации по регионам показывает, что генетическая дифференциация исследуемого вида в значительной степени определяется не только текущим географическим расстоянием, но и другими факторами, такими как адаптивные особенности к условиям местобитания.

Ключевые слова: ДНК-маркеры, полиморфизм, генотипирование, генетическая изменчивость, засушливые условия, растения юга России

Благодарности: работа выполнена при поддержке Минобрнауки РФ в рамках Государственного задания ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук» (тема № NFPE-2025-0007).

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Романова И. М., Кузьмин П. А., Лушникова Е. С. Генетическое разнообразие популяций тамарикса ветвистого (*Tamarix ramosissima* Ledeb.) по данным ISSR-маркеров. Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2026;27(4):889–899. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.889-899>

Поступила: 23.12.2025

Принята к публикации: 14.08.2026

Доработана после рецензирования: 26.03.2026

Опубликована онлайн: 31.08.2026

Genetic diversity of *Tamarix ramosissima* populations according to ISSR markers

© 2026. Irina M. Romanova, Peter A. Kuzmin✉, Elizabeth S. Lushnikova

Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences, Volgograd, Russian Federation

Branched Tamarix (T. ramosissima Ledeb.) is a shrub widely used for agroforestry of arid territories. The aim of the research was to determine the genetic variability of 8 populations of *T. ramosissima* Ledeb., growing in the arid conditions of Southern Russia. A total of 138 plants were selected for the study. The geographical distance between populations within the same region was: 23 km (Stavropol region); 30 km (Astrakhan region); 170 km (Republic of Kalmykia). The analysis of the genetic structure was carried out using 11 ISSR markers. A total of 189 DNA fragments were amplified. The obtained PIC values (from 0.248 to 0.330) indicate the high diagnostic value of the ISSR primers involved in the work. A high level of polymorphism was found in all the studied populations, with an average of 92.6 %. The highest percentage of polymorphic loci was observed in the Tr_a2 population (Astrakhan region, 97.9 %), and the lowest in Tr_k1 (Republic of Kalmykia, 87.3 %).

The n_a and n_e values ranged from 1.44–1.59 and 1.25–1.33, respectively, with average values of 1.52 ± 0.499 and 1.28 ± 0.346 . The Nei's genetic diversity index ranged from 0.150 to 0.198, with an average level of 0.166 ± 0.188 . The Shannon's index varied from 0.232 to 0.300, averaging 0.254 ± 0.272 . To assess the degree of genetic divergence of populations growing in different regions, the coefficients of the Nei's genetic distance were calculated. The constructed dendrogram confirms the high level of genetic diversity of *T. ramosissima* populations. The absence of clustering by regions shows that the genetic differentiation of the studied species is largely determined not only by the current geographical distance, but also by other factors, such as adaptive features to habitat conditions.

Keywords: DNA-markers, polymorphism, genotyping, genetic variability, arid conditions, plants of the South of Russia

Acknowledgements: the research was carried under the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the state assignment of the Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences (theme no. FNFE-2025-0007).

The authors thank the reviewers for their contribution to the expert evaluation of this work.

Conflict of interest: the authors stated that there was no conflict of interest.

For citation: Romanova I. M., Kuzmin P. A., Lushnikova E. S. Genetic diversity of *Tamarix ramosissima* populations according to ISSR markers. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2026;27(4):889–899. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2026.27.4.889-899>

Received: 23.12.2025

Revised: 26.03.2026

Accepted for publication: 14.08.2026

Published online: 31.08.2026

Тамарикс или гребенщик (*Tamarix*) – это одноимённый и преобладающий род семейства Тамарисковые (*Tamaricaceae*), к которому относятся более 54 видов, широко распространенных в дикой природе [1]. Этот род является типичным обитателем аридных ландшафтов на территории Евразии в пределах умеренного и субтропического поясов [2].

Тамарикс ветвистый (*Tamarix ramosissima* Ledeb.) растёт в виде кустарника или небольшого дерева высотой 1–6 м, которое отличается многостольной жизненной формой с тонкими стволами и разветвленными ветвями, и является характерным компонентом пустынных и полупустынных фитоценозов [3]. Данное растение имеет мелкие, бледно-розовые, белые или пурпурные цветки, плоды в форме капсулы и мелкие игольчатые листья [4]. На поверхности листа имеются железы, через которые растение выводит избыток солей, благодаря чему поддерживается их устойчивость к засолённости и недостатку влаги [5]. Прочная корневая структура *T. ramosissima* повышает его способность эффективно использовать воду из разных источников, что делает его доминирующим видом в прибрежных лесах по всему миру [6, 7]. Представители этого вида играют важную роль в закреплении песка, стабилизации песчаных дюн и склонов, в борьбе с эрозией, используются в качестве корма для скота [8, 9]. *T. ramosissima* сформировал эффективные механизмы устойчивости к абиотическому стрессу, что обеспечивает его долгосрочное выживание [10]. Благодаря вышеупомянутым характеристикам данный вид представляет значительный интерес для изучения его генетического разнообразия. Оценка гене-

тического разнообразия *T. ramosissima* необходима для селекционных программ и сохранения генетических ресурсов.

Надёжным методом для оценки генетического разнообразия является использование молекулярных маркеров [11]. За последние несколько десятилетий ДНК-маркеры доказали свою ценность для различения морфологически или фитохимически схожих видов или сортов растений [12, 13]. В данном исследовании генетическое разнообразие селекционного материала анализируется с помощью ISSR-маркеров, которые амплифицируют вариативные участки между микросателлитными локусами, распределёнными по всему геному, в отличие от традиционных видоспецифичных праймеров, нацеленных на уникальные участки генома, характерные только для отдельных видов [14, 15]. В результате амплификации образуются полиморфные паттерны окрашивания, отражающие более широкие геномные различия [16].

Цель исследований – определить генетическую изменчивость популяций *T. ramosissima* по ISSR-маркерам на территории Ставропольского края, Республики Калмыкия, Астраханской и Волгоградской областях.

Научная новизна – несмотря на важность *T. ramosissima* для агролесомелиоративных мероприятий на аридных территориях южной части России, информация о его генетическом потенциале на сегодняшний день отсутствует в открытом доступе. Впервые проведен анализ генетической структуры экотопических популяций *T. ramosissima* с помощью ISSR-маркеров, произрастающих на территории юга России.

Материал и методы. Для изучения внутривидового генетического разнообразия *T. ramosissima* были отобраны 138 растений, произрастающих на участках в Ставропольском крае, Республики Калмыкия, Астраханской и Волгоградской областях (табл. 1, рис. 1). Сбор материала проводили в начале вегетативного периода в 2025 г.

Высота исследуемых растений составляла: 1,4–1,8 м в Ставропольском крае; 1,6–2,0 м – в Республике Калмыкия; 1,5–2,1 м – в Астраханской области и 1,6–2,1 м – в Волгоградской области. Годы формирования исследуемых насаждений – 2010–2015. Возраст посадочного материала составлял от 1 до 3 лет. Независимо от места произрастания *T. ramosissima* в период вегетации отмечалось обильное цветение

выбранных растений. Их жизненное состояние оценивалось как хорошее: сухие ветви в кроне дерева отсутствовали; не выявлены следы поражения болезнями и вредителями; признаки увядания отсутствовали. Все исследуемые популяции *T. ramosissima* в условиях засушливого климата имели хорошее жизненное состояние, которое определяли путем визуального анализа параметров кроны по методике В. А. Алексеева¹.

В каждой популяции было отобрано по 15–18 особей. Растения в каждой исследуемой популяции находилось на расстоянии от 15–30 м. Географическое расстояние между популяциями внутри одного региона составляло: 23 км (Ставропольский край); 30 км (Астраханская область); 170 км (Республика Калмыкия).

Таблица 1 – Местонахождение исследуемых популяций *T. ramosissima* /
Table 1 – Geographical location of the studied *T. ramosissima* populations

Название популяции / Population code	Регион произрастания / Geographic origin	Географические координаты / Geographic coordinates
Tr_s1	Ставропольский край / Stavropol region	44°32'53.5"N 44°50'26.9"E
Tr_s2		44°20'22.4"N 44°48'34.7"E
Tr_s3		44°28'58.2"N 45°09'33.5"E
Tr_k1	Республика Калмыкия / Republic of Kalmykia	47°35'19.1"N 44°35'58.5"E
Tr_k2		46°10'25.3"N 45°20'18.6"E
Tr_a1	Астраханская область / Astrakhan region	47°23'40.8"N 47°51'06.8"E
Tr_a2		47°23'33.4"N 47°19'21.8"E
Tr_v1	Волгоградская область / Volgograd region	48°14'58.3"N 44°38'04.7"E

Оценку генетической структуры проводили индивидуально для каждого исследуемого объекта. Геномную ДНК экстрагировали из листьев растения модифицированным методом СТАВ с добавлением 2%-го β-меркаптоэтанол [17]. Количественные и качественные показатели выделенной ДНК были оценены с помощью флуориметра Qubit 4.0. (Thermo Fisher Scientific Inc., США) и спектрофотометра SpectrostarNano (BMG Labtech, Германия). Чистоту выделенной ДНК оценивали по соотношениям показателей поглощения λ260/280 и λ260/230. Результаты измерений концентраций и спектральных характеристик выделенных образцов ДНК представлены в приложении 1.

ПЦР проводили с использованием маркерной системы из 11 неспецифичных межмикросателлитных локусов в реакционной смеси

объемом 25 мкл на основе готовой смеси для ПЦР 5X qPCRmix-HS («Евроген», Россия). Реакционная пробирка также содержала 50 нг матричной ДНК и 0,8 мМ ISSR-праймера. Амплификацию проводили в термоциклере для ДНК Applied Biosystems QuantStudio 5 (Thermo Fisher Scientific, США), оптимизировав процесс с помощью следующих параметров: первый цикл – начальная денатурация при 95 °C в течение 10 минут, затем 40 циклов, состоящих из денатурации в течение 30 секунд при 95 °C, отжига в течение 30 секунд и элонгации при 72 °C в течение 1 минуты. Температура отжига подбиралась экспериментально для каждого праймера (табл. 2). По завершении циклов проводили финальную элонгацию в течение 10 минут при 72 °C.

¹Глава 4. Некоторые вопросы диагностики и классификации поврежденных загрязнением лесных экосистем. В кн.: Лесные экосистемы и загрязнение атмосферы. Под ред. В. А. Алексеева. Л.: Наука (Ленингр. отд-ние), 1990. С. 38–53.



Рис. 1. Географическое расположение популяций *T. Ramosissima* /
Fig. 1. Geographical location of *T. ramosissima* populations

Таблица 2 – Последовательность и температура отжига используемых ISSR-праймеров /
Table 2 – Annealing sequences and temperatures of ISSR primers used

Праймер / Primer	Последовательность 5'-3' / Sequence 5'-3'	Температура отжига, °C / Annealing temperature, °C
UBC807	(AG)8T	50,0
UBC810	(GA)8T	50,0
UBC834	(AG)8Y	52,5
UBC841	(GA)8YC	56,5
UBC857	(AC)8YG	56,5
UBC873	(GACA)4	48,2
ISSR-1	(AC)8T	50,0
ISSR-3	(TG)8AA	51,4
ISSR- 10	(ATG)7C	56,5
AW77939	(AG)8TC	53,8
M9	(GAC)5AC	57,3

Разделение полученных ампликонов проводили с помощью горизонтального электрофореза в 1,8%-м агарозном геле. В качестве маркера молекулярных масс использовали коммерческий набор ДНК Step50 plus (Biolabmix,

Россия) концентрацией 0,1 мг/мл. Визуализацию результатов реакции после электрофореза использовали гель-документирующую систему iBright CL1500 (Thermo Fisher Scientific, США).

ISSR-анализ проводили в трехкратной повторности. На основе полученных ISSR-фрагментов, амплифицированных у популяций *T. ramosissima*, была создана бинарная матрица качественных данных, в которой оценивалось наличие (1) или отсутствие (0) полос для каждого праймера. Для оценки эффективности ISSR-маркеров и определения их пригодности для оценки генетического разнообразия рассчитывали информационный индекс полиморфизма (значение PIC). Расчет значения PIC производили по формуле:

$$PIC = 1 - (p^2 + q^2),$$

где p – частота присутствия полосы,

$q = 1 - p$ – частота её отсутствия.

Уровень полиморфизма популяций оценивали по доле полиморфных локусов (PPB), которую рассчитывали как отношение количества полиморфных фрагментов к их общему числу в каждой популяции. С использованием программы POPGENE 1.31 проводили оценку популяционного полиморфизма исследуемых

популяций². Рассчитывали показатели генетической изменчивости: количество аллелей на локус (n_a); эффективное число аллелей (n_e); генное разнообразие по Нею (H); индекс Шеннона (I). Генетическое сходство и различия между популяциями оценивали с использованием генетической идентичности Нея и генетической дистанции.

В программе Past v3.24 невзвешенным парно-групповым методом (UPGMA) была построена дендрограмма для оценки генетического родства популяций.

Результаты и их обсуждение. Для оценки генетического разнообразия *T. ramosissima* были выбраны 8 динуклеиновых, 2 тринуклеиновых и 1 тетра-нуклеиновый ISSR-праймеров. Все выбранные праймеры в ходе исследования показывали четкие и воспроизводимые результаты. Для каждой исследуемой особи был выявлен уникальный набор фрагментов ДНК. Примеры электрофореграмм продуктов ПЦР с праймерами UBC857 и AW77939 представлены на рисунке 2.

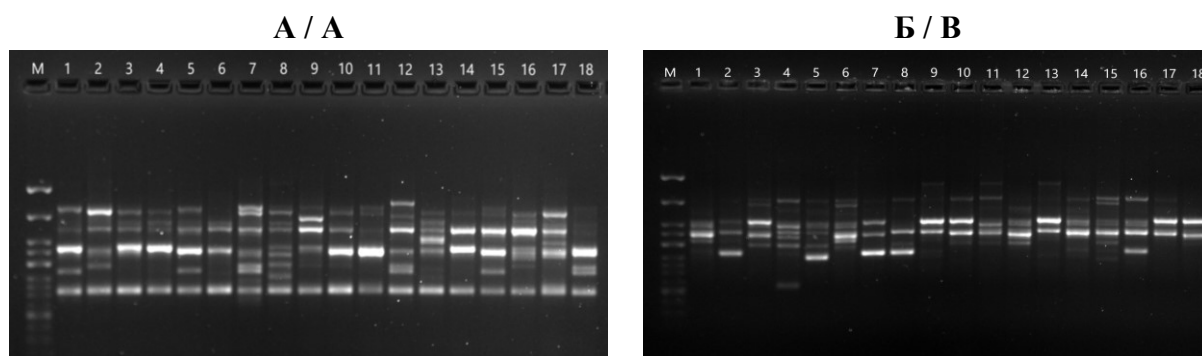


Рис. 2. Примеры электрофореграмм ампликонов *T. ramosissima*. Образцы ДНК растений популяции Tr_k2 при амплификации с праймером UBC857 (А) и популяции Tr_a1 при амплификации с праймером AW77939 (Б). М – маркер молекулярного веса ДНК Step50 plus; 1–18 – номера образцов /

Fig. 2. Examples of electropherograms of *T. ramosissima* amplicons. Plant DNA samples from the Tr_k2 population when amplified with primer UBC857 (A) and the Tr_a1 population when amplified with primer AW77939 (B). M – the Step50 plus DNA molecular weight marker; 1–18 are sample numbers, NC is the negative control

В общей сложности с использованием 11 ISSR-праймеров было амплифицировано 189 фрагментов ДНК. Количество определяемых ПЦР-фрагментов в спектре зависело от используемого праймера и варьировало от 11 (праймер UBC810) до 24 (праймер UBC857). Молекулярная масса ПЦР-фрагментов изменялась от 300 до 1750 п. н. В среднем каждый ISSR-праймер инициировал у *T. ramosissima* синтез 17,1 ампликона (табл. 3). Используемые в работе прай-

меры продемонстрировали 100%-ю полиморфность ДНК-фрагментов среди общей выборки исследуемых популяций.

Наибольшее количество ПЦР-фрагментов было амплифицировано с праймерами UBC841 и UBC857 – 21 и 24 ПЦР-фрагмента соответственно. Наименьшее число определяемых ПЦР-фрагментов в спектре наблюдали при использовании праймеров UBC811 (11), ISSR-3 (12) и ISSR-1 (15).

²Yeh F. PopGene Version 131: Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis. A joint Project Development by Francis C. E. and Rong-cai Yang, University of Alberta And Tim Boyle, Centre for International Forestry Research, 1999. 29 p. URL: <https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene.pdf>

Таблица 3 – Характеристики ISSR-праймеров, использованных для изучения генетического разнообразия популяций *T. ramosissima* /

Table 3 – Characteristics of ISSR primers used to study the genetic diversity of *T. ramosissima* populations

Праймер / Primer	Размер ампликонов, п. н. / Size of amplicons, bp	Количество полос / Total bands	PIC
UBC807	400–1000	18	0,330
UBC810	380–1400	11	0,303
UBC834	300–1000	17	0,310
UBC841	320–1500	21	0,284
UBC857	320–1750	24	0,321
UBC873	350–1400	18	0,298
ISSR-1	450–1250	15	0,316
ISSR-3	400–1400	12	0,295
ISSR-10	420–1400	18	0,302
AW77939	400–1400	18	0,308
M9	350–1300	17	0,319
Среднее / Mean		17,1	0,308

В настоящем исследовании значение PIC, которое считается одним из ключевых критериев в популяционно-генетических исследованиях, находилось в пределах от 0,248 до 0,330. Среднее значение PIC для всех ISSR-праймеров составило 0,308. Самые высокие значения PIC были выявлены при использовании праймеров ISSR-1 (0,316), M9 (0,319), UBC857 (0,321) и UBC807 (0,330). При оценке полиморфизма с помощью ISSR-маркеров информативным обычно считают значения PIC выше ~0,3 [12, 18], так как у многих древесных видов наблюдается высокое содержание tandemных повторов в геноме.

Полученные результаты указывают на высокую диагностическую ценность отобранных для исследования ISSR-праймеров и подтверждают их пригодность для проведения популяционно-генетических исследований *T. ramosissima*.

Частоты аллелей идентифицированных ISSR-локусов, рассчитанные на основе составленной бинарной матрицы, были использованы для вычисления основных показателей генетической изменчивости *T. ramosissima*. Результаты анализа генетического разнообразия исследуемых популяций *T. ramosissima* представлены в таблице 4.

Таблица 4 – Параметры генетического разнообразия исследуемых популяций *T. ramosissima*, основанные на данных ISSR-анализа /

Table 4 – Parameters of genetic diversity in the studied *T. ramosissima* populations based on ISSR analysis

Популяция / Population code	Количество полос / Total bands	Количество полиморфных полос / Polymorphic bands	PPB, %	n_a	n_e	H	I
Tr_s1	112	105	93,8	1,58±0,495	1,28±0,335	0,173±0,182	0,268±0,263
Tr_s2	90	83	92,2	1,44±0,498	1,29±0,380	0,167±0,204	0,246±0,292
Tr_s3	117	113	96,6	1,59±0,492	1,33±0,355	0,198±0,192	0,300±0,276
Tr_k1	102	89	87,3	1,49±0,501	1,25±0,333	0,150±0,182	0,232±0,265
Tr_k2	105	98	93,3	1,53±0,500	1,28±0,343	0,172±0,189	0,262±0,273
Tr_a1	106	95	89,6	1,50±0,501	1,25±0,332	0,153±0,182	0,235±0,264
Tr_a2	97	95	97,9	1,51±0,501	1,27±0,350	0,163±0,189	0,249±0,273
Tr_v1	91	85	93,4	1,49±0,501	1,26±0,337	0,158±0,186	0,241±0,270
Среднее / Mean	102,5	95,4	92,6	1,52±0,499	1,28±0,346	0,166±0,188	0,254±0,272

Примечания: PPB (percentage polymorphic band) – процент полиморфных полос; n_a – наблюдаемое число аллелей на локус; n_e – эффективное число аллелей; H – генное разнообразие по Нею; I – индекс Шеннона /

Notes: PPB (percentage polymorphic band) – percentage of polymorphic bands per population; n_a – observed number of alleles per locus; n_e – effective number of alleles per locus; H – Nei's gene diversity; I – Shannon's information index

Количество ПЦР-фрагментов, выявленных в каждой популяции, варьирует от 90 до 117, при среднем значении 102,5. По всем исследуемым популяциям был выявлен высокий уровень полиморфизма. Средний уровень полиморфизма составил 92,6 %, что указывает на высокое генетическое разнообразие исследованных выборок и их способность к адаптации к стрессовым условиям южнороссийских экосистем. Наибольший процент полиморфных локусов наблюдался в популяции Tr_a2 (97,9 %), а наименьший – в Tr_k1 (87,3 %).

Эти показатели также подтверждают, что выбранная система ISSR-маркеров обеспечивает высокую информативность как при анализе внутривидовой изменчивости *T. ramosissima*, так и при оценке общей генетической структуры вида.

Другие показатели генетической изменчивости исследуемых популяций *T. ramosissima* также свидетельствуют о высоком уровне генетического разнообразия.

Показатели p_a и p_e варьировали в пределах 1,44–1,59 и 1,25–1,33 соответственно, при средних значениях $1,52 \pm 0,499$ и $1,28 \pm 0,346$ (табл. 4). Значения этих двух параметров в совокупности

указывают на то, что в популяциях отсутствует выраженное доминирование отдельных генотипов и наблюдается сбалансированное распределение частот аллелей.

Индекс генетического разнообразия по Нею (H) характеризует вероятность различия генотипов двух случайно выбранных особей в популяции, а индекс Шеннона (I) отражает равномерность распределения аллелей в пределах популяции. Их можно считать прямыми показателями внутривидовой генетической изменчивости. Высокие значения индексов Нея (H) и Шеннона (I) подтверждают, что популяции *T. ramosissima* обладают высоким уровнем разнообразия (табл. 4).

Для оценки степени генетического расхождения популяций, произрастающих в разных регионах, был проведен расчет коэффициентов генетической дистанции по Нею (прил. 2). На основе полученных данных была построена дендрограмма, демонстрирующая степень генетической дифференциации популяций *T. ramosissima* в рассматриваемых регионах. Для построения дендрограммы был использован метод невзвешенных парных групп с арифметическим средним (UPGMA) (рис. 3).

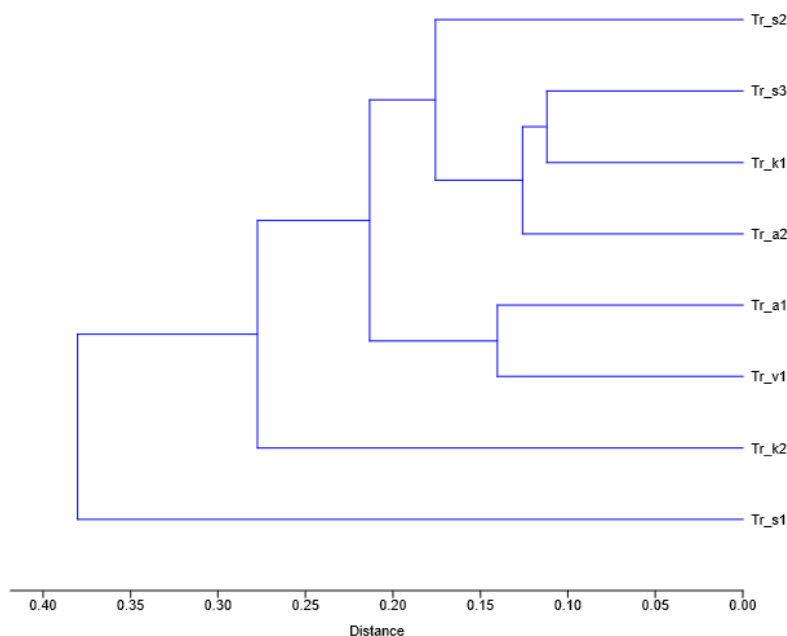


Рис. 3. Дендрограмма UPGMA генетического родства популяций *T. ramosissima*, построенная с использованием коэффициентов сходства на основе анализа ISSR-маркеров: Tr_s1, Tr_s2, Tr_s3 – популяции из Ставропольского края; Tr_a1, Tr_a2 – популяции из Астраханской области; Tr_k1, Tr_k2 – популяции из Республики Калмыкия; Tr_v1 – популяция из Волгоградской области /

Fig. 3. UPGMA dendrogram of genetic relationships among *T. ramosissima* populations based on ISSR marker similarity coefficients: Tr_s1, Tr_s2, Tr_s3 – populations from the Stavropol region; Tr_a1, Tr_a2 – populations from the Astrakhan region; Tr_k1, Tr_k2 – populations from the Republic of Kalmykia; Tr_v1 – a population from the Volgograd region

Анализ дендрограммы показал, что популяции из одного региона не формируют общие кластеры. Популяция из Ставропольского края (Tr_s1) оказалась генетически дистанцирована от двух других ставропольских популяций (Tr_s2 и Tr_s3), а популяция из Республики Калмыкия (Tr_k1) оказалась ближе к популяциям из Астраханской области (Tr_a1, Tr_a2).

Таким образом, полученные результаты демонстрируют отсутствие группировки исследуемых популяций на основе генетического расстояния по географическому происхождению. Это привело к формированию смешанных кластеров, куда вошли представители разных географических регионов. Подобная картина может быть обусловлена возможным сходством влияния условий произрастания в разных регионах. Это подтверждается тем, что в исследовании Х. Лян с соавт. (H. Liang et al.) выявили [19], что географическое расстояние не было основным фактором, влияющим на генетическую структуру популяций *Tamarix austromongolica* и *Tamarix chinensis*. В другой работе Ш. Цзян с соавт. (S. Jiang et al.) [20] также отмечали, что основным фактором, влияющим на дифференциацию популяций *Ammodramos mongolicus*, являются местные климатические различия, а не географическая удаленность.

Заключение. Впервые для кустарников вида *T. ramosissima*, произрастающих в южной части России, проведена комплексная оценка внутривидового генетического разнообразия с использованием ISSR-маркеров. Полученные данные заполняют существующий дефицит знаний о генетическом потенциале *T. ramosissima* – важного вида для агролесомелиорации аридных территорий России.

Подобранный набор из 11 ISSR-праймеров доказал свою высокую диагностическую ценность для изучения вида *T. ramosissima*. Маркеры показали 100%-й полиморфизм в общей

выборке, высокий информационный индекс полиморфизма (среднее значение PIC = 0,308) и обеспечили воспроизводимость результатов амплификации по всем локусам, что подтверждает их пригодность для популяционно-генетических и селекционных исследований данного вида.

По всем исследуемым популяциям *T. ramosissima* был выявлен высокий уровень полиморфизма 92,6 %. Наибольший процент полиморфных локусов наблюдался в популяции Tr_a2 (97,9 %), а наименьший – в Tr_k1 (87,3 %). Все ключевые параметры генетического разнообразия (p_a , p_e , H и I) продемонстрировали высокие значения, что служит прямым доказательством богатого генофонда, отсутствия выраженного доминирования отдельных генотипов и сбалансированной генетической структуры популяций.

Для оценки степени генетического расхождения популяций, произрастающих в разных регионах, был проведен расчет коэффициентов генетической дистанции по Нею. Дендрограмма, построенная по результатам отдельных популяций, указывает на высокий уровень генетического разнообразия и характер генетических связей *T. ramosissima*. Отсутствие кластеризации по регионам показывает, что генетическая дифференциация исследуемого вида в значительной степени определяется не только текущим географическим расстоянием, но и другими факторами, такими как адаптивные особенности к условиям местообитания.

Таким образом, проведенное исследование демонстрирует высокую генетическую вариабельность *T. ramosissima* и отражает высокий адаптивный потенциал вида к стрессовым условиям засушливых экосистем юга России. Полученные данные могут стать научной основой для использования *T. ramosissima* в мероприятиях по восстановлению деградированных земель и формированию устойчивых защитных насаждений на аридных территориях.

Приложение 1. Характеристики выделенных образцов ДНК

Таблица 1 – Результаты спектрофотометрического анализа ДНК /
Table 1 – Results of the spectrophotometric analysis of DNA

<i>Название популяции / Population code</i>	<i>Концентрация, мкг/мл / Concentration, ug/mL</i>	<i>Соотношение A260/A280 / Ratio A260/A280</i>	<i>Соотношение 260/230 / Ratio 260/230</i>
Tr_sl	1841±513	2,01±0,03	2,17±0,07
Tr_s2	1044±399	2,03±0,02	2,19±0,09
Tr_s3	295±112	1,93±0,06	1,74±0,16
Tr_k1	1502±616	1,98±0,06	2,16±0,10
Tr_k2	2096±287	2,01±0,02	2,24±0,03
Tr_al	929±302	1,96±0,01	2,09±0,07
Tr_a2	813±244	1,94±0,06	1,99±0,17
Tr_v1	1183±510	1,94±0,02	2,07±0,08

Таблица 2 – Результаты флуориметрического анализа ДНК /
Table 2 – Results of fluorimetric DNA analysis

<i>Название популяции / Population code</i>	<i>Концентрация, мкг/мл / Concentration, ug/mL</i>
Tr_sl	858±157
Tr_s2	506±138
Tr_s3	136±33
Tr_k1	814±176
Tr_k2	881±158
Tr_al	477±104
Tr_a2	342±140
Tr_v1	511±139

Приложение 2. Коэффициенты генетической дистанции по Нею

Таблица 1 – Генетическая идентичность по Нею (над диагональю) и генетическое расстояние (под диагональю) между парами популяций T. Ramosissima /
Table 1 – Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) between pairs of T. ramosissima populations

<i>pop ID</i>	<i>Tr_sl</i>	<i>Tr_s2</i>	<i>Tr_s3</i>	<i>Tr_k1</i>	<i>Tr_k2</i>	<i>Tr_al</i>	<i>Tr_a2</i>	<i>Tr_v1</i>
Tr_sl	-	0,8870	0,9082	0,8961	0,8396	0,8496	0,8891	0,8522
Tr_s2	0,1199	-	0,9189	0,9184	0,8426	0,8759	0,9139	0,8775
Tr_s3	0,0963	0,0846	-	0,9350	0,8636	0,8816	0,9309	0,9024
Tr_k1	0,1097	0,0852	0,0672	-	0,8532	0,8865	0,9132	0,9003
Tr_k2	0,1748	0,1713	0,1466	0,1588	-	0,8415	0,8763	0,8509
Tr_al	0,163	0,1325	0,126	0,1205	0,1726	-	0,9016	0,889
Tr_a2	0,1176	0,09	0,0717	0,0908	0,132	0,1036	-	0,9024
Tr_v1	0,1599	0,1307	0,1027	0,105	0,1614	0,1177	0,1026	-

References

1. Baz L., Shami A. Y., Baeshen N. N., Ashy R. A., Jalal R. S., Abulfaraj A. A., Baeshen M. N. Newly isolated plant-growth-promoting bacteria from the rhizosphere of *Tamarix aphylla*. Applied Ecology and Environmental Research. 2025;23(1):1589–1604. DOI: http://dx.doi.org/10.15666/aer/2301_15891604
2. Akhmedov A., Bobokandov N., Krehenwinkel H., Rzepecki A., Klein T., Villar J. L., Thomas F. M. Wood Anatomical and Hydraulic Traits of *Tamarix* Species Across a Large Eurasian Gradient Show a Stronger Climatic Than Phylogenetic Signal. Journal of Biogeography. 2025;52(5):e15096. DOI: <https://doi.org/10.1111/jbi.15096>
3. Fu A., Yang Y., Zhu C., Ye Z. Mutual Water Supply Existed Between the Root Systems of *Tamarix ramosissima* Ledeb. and *Alhagi sparsifolia* Shap. Under Extreme Drought Stress. Forests. 2025;16(3):482. DOI: <https://doi.org/10.3390/f16030482>
4. Erkinova Z. Yulg 'un (*Tamarix*) turkumining biologik xususiyatlari va xalq xo'jaligidagi ahamiyati. Models and Methods in Modern Science. 2025;4(4):17–19. DOI: <https://doi.org/10.5281/zenodo.15182498>
5. Шуйская Е. В., Лебедева М. П., Колесников А. В., Борисочкина Т. И., Тодерич К. Н. Химический состав солей, выделяемых тамариксом (*Tamarix ramosissima*), произрастающим в условиях различного засоления почв. Бюллетень Почвенного института имени В. В. Докучаева. 2016;(82):110–121. DOI: <https://doi.org/10.19047/0136-1694-2016-82-110-121> EDN: VLOHMT
6. Shuyskaya E. V., Lebedeva M. P., Kolesnikov A. V., Borisochkina T. I., Toderich K. N. The chemical composition in the salt excretion of *Tamarix ramosissima* under conditions of different soil salinity level. *Byulleten' Pochvennogo instituta imeni V. V. Dokuchaeva* = Dokuchaev Soil Bulletin. 2016;(82):110–121. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.19047/0136-1694-2016-82-110-121>
7. Dai Y., Zhang T., Abdureyim A., Shi Q., Huang W., Nijat M. Influence of fluctuation of groundwater depth on the water use characteristics of *Tamarix ramosissima* at the tail of the Kriya River. Journal of Hydrology Regional Studies. 2025;59:102445. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ejrh.2025.102445>
8. Liu F., Zhang L., You Q., Xue X., Liu G., Feng C. The response of the stem sap flow dynamics of *Tamarix ramosissima* to rainfall variability in the desert-oasis transition zone of Northwest China. Frontiers in Plant Science. 2025;16:1563166. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1563166>
9. Li G., Xu Y., Zhao H., Zhou B., Dong Z., Li S. Photochemical activity and carbon assimilation by *Tamarix ramosissima* in coppice dunes in the Gurbantunggut Desert, Northwest China. Journal of Plant Ecology. 2025;18(2):e004. DOI: <https://doi.org/10.1093/jpe/rtaf004>
10. Rahimi-Nia Z., Mohammadi H., Sohrabi M., Voglmayr H. Diversity and pathogenicity of Phaeoacremonium species infecting *Haloxylon* and *Tamarix* species in Iran. Plant Pathology. 2025;74(4):1024–1042. DOI: <https://doi.org/10.1111/ppa.14070>
11. Chen Y., Zhang S., Du S., Jiang J., Wang G. Transcriptome and metabonomic analysis of *Tamarix ramosissima* potassium (K⁺) Channels and transporters in response to NaCl Stress. Genes. 2022;13(8):e1313. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes13081313>
12. Çilesiz, Y. Genetic diversity assessment of walnut (*Juglans regia* L.) genotypes from inner Anatolia region Türkiye using ISSR and RAPD markers. Scientific Reports. 2025;15(1):30850. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-025-15184-5>
13. Mahgoub Y. A., Mahmoud H. A., El-Sebakhy N. A., Abdallah I. I. Unravelling Artemisia species genetic variation via DNA barcoding, ISSR and RAPD with the development of eco-specific SCAR markers. BMC Plant Biology. 2025;25(1):1034. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07058-9>
14. Kamali M., Samsampour D., Bagheri A., Mehrafarin A., Homaei A. Association analysis and evaluation of genetic diversity of *Teucrium stocksianum* Boiss. populations using ISSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution. 2023;70(3):691–709. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-022-01529-w>
15. Ganiger A. J., Hiremath C., Madhusudan K., Chandrasekaran M., Pragadheesh V. S. Induced genetic diversity through EMS mutagenesis in *Davana (Artemisia pallens Bess.)* and use of ISSR markers to underpin agronomical and chemical traits. BMC Plant Gene. 2025;44:100543. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.plgene.2025.100543>
16. Кузьмин П. А., Магомедова М. О., Молитвина Е. В. Генотипирование *Quercus robur* L. на территории Ставропольского края. Научно-агрономический журнал. 2025;(4(131)):81–90. DOI: <https://doi.org/10.34736/FNC.2025.131.4.009.81-90> EDN: ULWFPY
17. Kuz'min P. A., Magomedova M. O., Molitvina E. V. Genotyping of *Quercus robur* L. growing in the stavropol krai. *Nauchno-agronomicheskii zhurnal* = Scientific Agronomy Journal. 2025;(4(131)):81–90. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.34736/FNC.2025.131.4.009.81-90>
18. Hashemlou E., Tharreau D., Javan-Nikkhah M., Fotouhifar K. B., Mirzadi Gohari A., Saremi H. Re-evaluation of the specificity of *Pyricularia oryzae* diagnostic primers and introduction of a cost-effective, species-level screening method for *Pyricularia* isolates using an ISSR marker. Mycologia Iranica. 2025;12(2):31–45. DOI: <https://doi.org/10.22092/mi.2025.370318.1321>
19. Shestibratov K. A., Baranov O. Y., Mescherova E. N., Kiryanov P. S., Panteleev S. V., Mozharovskaya L. V. et al. Structure and phylogeny of the curly birch chloroplast genome. Frontiers in Genetics. 2021;12:625764. DOI: <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.625764>

18. Ramzan M., Sarwar S., Kauser N., Saba R., Hussain I., Shah A. A., Alwahibi M. S. Assessment of Inter simple sequence repeat (ISSR) and simple sequence repeat (SSR) markers to reveal genetic diversity among *Tamarix* ecotypes. Journal of King Saud University-Science. 2020;32(8):3437–3446.

DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2020.10.003>

19. Liang H., Liu C., Li Y., Wang Y., Kong Y., Quan J., Yang X. Low population genetic differentiation in two *Tamarix* species (*Tamarix austromongolica* and *Tamarix chinensis*) along the Yellow River. Genetica. 2019;147(1):13–22. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10709-018-0047-6>

20. Jiang S., Luo M. X., Gao R. H., Zhang W., Yang Y. Z., Li Y. J., Liao P. C. Isolation-by-environment as a driver of genetic differentiation among populations of the only broad-leaved evergreen shrub *Ammopiptanthus mongolicus* in Asian temperate deserts. Scientific Reports. 2019;9(1):12008.

DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-48472-y>

Вклад авторов: все авторы внесли эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Сведения об авторах

Романова Ирина Михайловна, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук», пр. Университетский, д. 97, г. Волгоград, Российская Федерация, 400062,

e-mail: info@vfanc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-8635-8529>

✉ **Кузьмин Петр Анатольевич**, кандидат с.-х. наук, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией молекулярной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук», пр. Университетский, д. 97, г. Волгоград, Российская Федерация, 400062, e-mail: info@vfanc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1303-765X>,

e-mail: kuzmin-p@vfanc.ru

Лушникова Елизавета Сергеевна, инженер-исследователь лаборатории молекулярной селекции, ФГБНУ «Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук», пр. Университетский, д. 97, г. Волгоград, Российская Федерация, 400062,

e-mail: info@vfanc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-3907-926X>

Author Contributions: all authors contributed equally to this article.

Information about the authors

Irina M. Romanova, junior researcher, the Laboratory of Molecular Breeding, Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences, Universitetsky Ave., 97, Volgograd, Russian Federation, 400062, e-mail: info@vfanc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-8635-8529>

✉ **Peter A. Kuzmin**, PhD in Agricultural Science, leading researcher, Head of the Laboratory of Molecular Breeding, Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences, Universitetsky Ave., 97, Volgograd, Russian Federation, 400062, e-mail: info@vfanc.ru, ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1303-765X>, e-mail: kuzmin-p@vfanc.ru

Elizabeth S. Lushnikova, research engineer, the Laboratory of Molecular Breeding, Federal Scientific Centre of Agroecology, Complex Melioration and Protective Afforestation of the Russian Academy of Sciences, Universitetsky Ave., 97, Volgograd, Russian Federation, 400062, e-mail: info@vfanc.ru,

ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-3907-926X>

✉ – Для контактов / Corresponding author