

ГЕНЕТИКА

УДК 575.17: 582.632.2

DOI: 10.17072/1994-9952-2020-3-198-203.

Б. Деген^а, Ю. А. Янбаев^б, Р. Ю. Янбаев^б, С. Ю. Бахтина^б, А. А. Тагирова^с

^а Институт лесной генетики, Гроссгансдорф, Германия

^б Башкирский государственный аграрный университет, Уфа, Россия

^с Башкирский государственный университет, Уфа, Россия

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ЛОКУСОВ SNP В ПОПУЛЯЦИЯХ ДУБА ЧЕРЕШЧАТОГО ЮГА ЛЕСОСТЕПНОЙ ЗОНЫ РОССИИ

В популяциях дуба черешчатого (*Quercus robur* L.) южной части лесостепной зоны России исследован уровень генетического разнообразия 79 локусов SNP, разработанных по технологии секвенирования ДНК нового поколения ddRAD. Несмотря на существенное сокращение площадей дубрав территории в агрикультурный период, в популяциях из Липецкой, Орловской и Пензенской обл. сохранился относительно высокий и сравнительно близкий уровень генетического разнообразия (наблюдаемая гетерозиготность $H_O = 0.319-0.344$, ожидаемая гетерозиготность $H_E = 0.317-0.342$, аллельное разнообразие $v_a = 1.537-1.561$). Наблюдаемое распределение генотипов соответствует частотам, ожидаемым по правилу Харди-Вайнберга, коэффициент инбридинга варьируется от $F = -0.019$ до $F = +0.011$. Генетические расстояния Грегориуса между орловской и пензенской выборками ($d_0 = 0.138$), географически наиболее удаленными друг от друга, оказались статистически достоверными. Полученные результаты обсуждаются в связи с динамикой площадей дубрав в историческом прошлом и с проблемами сохранения генофонда локальных популяций.

Ключевые слова: дуб черешчатый; генофонд; популяция; однонуклеотидный полиморфизм.

B. Degen^a, Y. A. Yanbaev^b, R. Y. Ianbaev^b, S. Y. Bakhtina^b, A. A. Tagirova^c

^a Institute of forest genetics, Grosshansdorf, Germany

^b Bashkir State Agrarian University, Ufa, Russian Federation

^c Bashkir State University, Ufa, Russian Federation

GENETIC DIVERSITY OF SNP LOCI IN POPULATIONS OF OAK IN THE SOUTHERN FOREST-STEPPE ZONE OF RUSSIA

The level of genetic diversity of populations of pedunculate oak (*Quercus robur* L.) of the southern part of the forest-steppe zone of Russia was studied using 79 SNP loci, developed on the base of the new generation DNA sequencing technology ddRAD. Despite the significant decrease of the area of oak forests in the agricultural period, populations from the Lipetsk, Orel and Penza regions maintain a comparatively high and relatively similar levels of genetic diversity (observed heterozygosity $H_O = 0.319-0.344$, expected heterozygosity $H_E = 0.317-0.342$, allelic diversity $v_a = 1.537-1.561$). The observed distribution of genotypes corresponds to the frequencies expected by the Hardy-Weinberg equilibrium, the inbreeding coefficient varies from $F = -0.019$ to $F = +0.011$. The genetic distance of Gregorius between the samples Orel and Penza ($d_0 = 0.138$), which are geographically the most distant from each other, were statistically significant. The results obtained are discussed in regard to the dynamics of oak forests in the historical past and to problems of conservation and rational use of the gene pool of local populations.

Key words: pedunculate oak; gene pool; population; single nucleotide polymorphism.

Введение

Исследования генетического разнообразия природных популяций относятся к актуальным и практически значимым задачам. Оно необходимо для изучения эволюционных изменений видов и адаптации к изменению условий существования [Легоу et al., 2019]. Антропогенная трансформация среды

обитания живых организмов представляет опасность для генетического разнообразия – из-за сокращения объемов популяций, уменьшения генетического потока между ними, эрозии генетического разнообразия, усиливающейся роли дрейфа генов и инбридинга [Aguilar et al., 2008]. Во многих частях планеты проблема проявляется не только в отношении редких и исчезающих видов, но затра-

гивает уже широко распространенные виды, имеющие ресурсное значение [Fallon, 2007]. К числу последних можно отнести дуб черешчатый (*Quercus robur* L.) – вид, являющийся ключевой компонентой продуктивности и устойчивости широколиственных лесов, имеющий важное экономическое значение из-за ценной древесины.

Широколиственные леса Русской равнины до агрикультурного периода занимали относительно широкую полосу от Приднепровской низменности до западного макросклона Уральских гор [Нейштадт, 1957; Кожаринов, Борисов, 2012]. К настоящему времени в результате хозяйственного освоения территории и климатических процессов она существенно сузилась, часто насаждения встречаются в виде изолированных фрагментов небольшой площади. У дуба черешчатого этот процесс усилился из-за наблюдающихся в последние два века процессов массовой деградации дубрав из-за чередующихся экстремально низких зимних температур, которые сопровождалась вспышками энтомофагов и болезнями. В результате только за вторую половину XX в. площади российских дубрав сократились почти на четверть [Царалунга, Фурменкова, Крюкова, 2015].

Цель работы – с использованием современных генетических маркеров оценить влияние фрагментации дубрав, уменьшения объемов и численности популяций дуба черешчатого на уровни их генетического разнообразия и дифференциации.

Материал и методы исследования

Материал

Для исследований выбраны юг лесостепной зоны России и насаждения, представляющие остатки дубрав в сельскохозяйственных ландшафтах на территориях Орловской, Липецкой и Пензенской обл. (рис. 1).

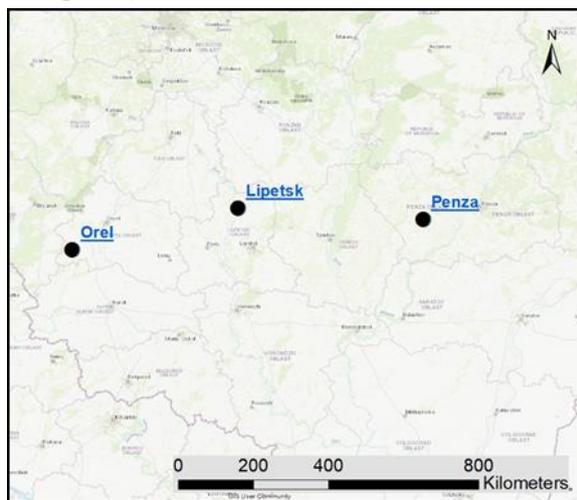


Рис. 1. Расположение исследованных выборок: Orel – ORL, Lipetsk – LPZ, Penza – PNZ

Пробные площади заложены в Орловском (вы-

борка с условным обозначением ORL, географические координаты 52°58'34"N 35°27'07"E), Данковском (LPZ, 53°18'00"N 39°02'33"E) и Белинском (PNZ, 53°00'28"N 43°06'06"E) лесничествах. В каждом древостое случайным образом отобраны по 10 деревьев репродуктивного возраста, разделенных между собой расстояниями не менее 50 м для уменьшения возможного влияния на результаты исследований эффекта семейной кластеризации. С каждого дерева собраны образцы камбия для выделения ДНК.

Методы исследования

Информация для характеристики дубрав Орловской, Липецкой и Пензенской обл. (площади, занятые дубом, их распределение по группам возраста, соотношение высоко- и низкоствольных насаждений, лесистость районов и др.) получена из находящихся в открытом доступе базы данных «Леса России» ФГБУ «РОСЛЕСИНФОРГ» (<http://178.176.30.40:8282/#/>), Лесных планов этих регионов, а также лесохозяйственных регламентов лесничеств. Для проведения генетического анализа нами использован набор локусов SNP (Single Nucleotide Polymorphism, однонуклеотидный полиморфизм), недавно разработанный [Blanc-Jolivet et al., 2020] на образцах 95 деревьев дубов черешчатого и скального (*Q. petraea* Liebl.). При этом, для повышения информативности маркеров (в том числе для выявления «географического сигнала» и диапазона генетического разнообразия) в природных насаждениях и географических культурах, были отобраны деревья, представляющие дубравы Австрии, Белоруссии, Бельгии, Венгрии, Великобритании, Германии, Дании, Польши, Словакии, Турции, Украины и России. Для проведения лабораторных экспериментов выделялась ДНК из камбия деревьев с применением модифицированного протокола [Dumolin, Demesure, Petit, 1995]. Для ее секвенирования, выполненного по нашему заказу компанией Floragenex (Портланд, США), применена технология ddRAD или Double Digest Restriction site associated DNA [Peterson et al., 2012]. Из выявленных 26 074 локусов для проведения настоящего исследования отобраны 79 наиболее информативных однонуклеотидных полиморфизмов дуба черешчатого.

Для определения генетического разнообразия и межпопуляционной генетической подразделенности выборок с использованием программы GDA_NT [Б. Деген, неопубл.] вычислялись показатели аллельного разнообразия (v_a) [Gregorius, 1987], наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность (H_o и H_e , соответственно, коэффициент инбридинга (F), генетическое расстояние Грегориуса [Gregorius, 1984]. При этом каждая выборка была представлена 10 генотипами. Выявлено [Willing,

Dreyer, van Oosterhout, 2012], что такая сравнительно малая численность дает, тем не менее, возможность корректного определения уровней генетического разнообразия и дифференциации популяций при условии использования сравнительно большого числа локусов SNP.

Результаты и их обсуждение

Установлено, что популяция из Орловской обл. генетически более изменчива (табл. 1), она по этому показателю отличается от двух других популяций на статистически значимом уровне ($p < 0.05$). В то же время область характеризуется наименьшей лесистостью по сравнению с двумя другими сравниваемыми регионами. По информации из его действующего Лесного плана, лесопокрытая площадь Орловской области составляет лишь 8.0% от всей территории. Леса региона, в которых дуб является основным лесобразователем, занимают всего 208.8 тыс. га, они располагаются главным образом небольшими урочищами. В Липецкой обл., где лесистость практически такая же (8.2%), уровень генетического разнообразия статистически значимо ниже. И, наконец, популяция из Пензенской обл., где лесистость в несколько раз выше (21.2%), показатели генетического разнообразия также ниже, чем в изученной дубраве из малолесной Орловской обл. Эти закономерности справедливы и при сравнении площадей, занимаемых дубом, в разрезе лесничеств, в которых заложены пробные площади. В Орловском (выборка ORL), Данковском (LPZ) и Белинском (PNZ) лесничествах лесопокрытая площадь, занимаемая дубом, составляет 5 507, 9 768 и 18 187 га, соответственно. Следовательно, размер популяций в настоящее время не является ведущим фактором, определяющим уровень аллельного разнообразия и гетерозиготности.

Таблица 1
Генетическое разнообразие выборок дуба черешчатого

Параметр	Выборки		
	ORL	LPZ	PNZ
v_a	1.599	1.561	1.537
H_o	0.344	0.320	0.319
H_E	0.342	0.327	0.317
F	-0.019	0.011	-0.016

Дополнительным свидетельством отсутствия деградации генофонда в исследованных популяциях является соответствие частот генотипов, ожидаемых по правилу Харди-Вайнберга, их наблюдаемым распределениям. В них не обнаружен существенный уровень инбридинга (дефицит гетерозигот) – коэффициент инбридинга варьируется от $F = -0.019$ до $F = +0.011$.

Различия сравнительно близко расположенных насаждений, оцениваемых через генетическую дистанцию расстояния Грегориуса, статистически недостоверны (в парах ORL/LPZ и LPZ/PNZ $p = 0.162$ и $p = 0.164$, соответственно). В то же время сравнение выборок из наиболее удаленных Пензенской и Орловской областей выявляет существование определенного «географического сигнала». С увеличением дистанции между этими насаждениями значения d_0 увеличиваются (табл. 2) – в разделенной расстоянием более чем 500 км паре ORL/PNZ генетические различия статистически высоко достоверны ($p < 0.001$). Наглядное представление об этой тенденции дает дендрограмма, построенная на основе генетических расстояний Грегориуса (рис. 2).

Таблица 2

Генетические расстояния Грегориуса (над диагональю) и географическая дистанция в км (под диагональю) между выборками

Выборки	ORL	LPZ	PNZ
ORL	x	0,116	0,138
LPZ	243	x	0,112
PNZ	509	271	x



Рис. 2. Кластеризация выборок дуба черешчатого из Орловской, Липецкой и Пензенской обл.

Анализ популяционной структуры дуба черешчатого с использованием фенотипических признаков [Семериков, 1986] позволил получить сведения в пользу сохранения вида в валдайскую ледниковую эпоху в некоторых районах Русской равнины. Создание базы данных “PALAEO” по результатам палеоботанических исследований [Кожаринов, Борисов, 2012] и выявление районов с локальными минимумами содержания пыльцы доказало постоянное произрастание дуба в последние 12 500 лет от запада Украины до Приволжской возвышенности, как минимум, в семи вторичных рефугиумах. Они в течение всего указанного периода стали источником волнообразного изменения границ ареала, встречи и смешивания фронтов расселения популяций из соседних голоценовых убежищ, в том числе локализованных на Среднерусской и Приволжской возвышенностях. Возможно, такой “сце-

нарий“ лежит в основе обнаруженного феномена статистически достоверных генетических различий дубрав из Орловской и Пензенской областей и относительной близости по генетическому расстоянию к каждой из них популяции из Липецкой области, географически расположенной между ними (рис. 1).

Выявленный тренд существования популяционных структур по типу «изоляции расстоянием» свидетельствует о возможности сохранения исторически сложившихся связей дубрав в агрикультурный период развития изученной территории. Фрагментация насаждений на изученной территории, уменьшение объемов популяций и численности особей в них, возможно, пока еще не являются факторами, приводящими к снижению уровня в них генетического разнообразия. Возможно, из-за долговечности дуба черешчатого и выраженной длительности смены поколений вида [Семериков, 1986], прошло слишком мало времени, чтобы раздробление ареала оказало влияние на генофонд популяций. Другой вероятной причиной, не противоречащей первому объяснению, является эффективное генетически реализованное распространение пыльцы на дальние расстояния. Ранее с использованием 9 микросателлитных локусов нами проведена [Bushbom, Yanbaev, Degen, 2011] реконструкция возможных «родительских» пар зародышей географически изолированной группы деревьев дуба черешчатого из Башкирского Зауралья, состоящей из 7 особей репродуктивного возраста. Несмотря на то, что ближайшее другое насаждение расположено в 30 км и основная часть ареала – в 80 км, в этой популяции крайне малого объема в зародышах имеются 2.57 ± 1.63 «чужеродных» аллелей (из всего пула зародышей в пересчете на один локус их 39%). Возможно, такой же «сценарий» поддержания генофонда популяций реализуется и на юге лесостепной зоны России.

Фрагментация дубрав и уменьшение площадей отдельных насаждений катастрофически усилились в XX в. [Царалунга, Фурменкова, Крюкова, 2015]. В результате такого развития событий, потенциал для воспроизводства генофондов локальных популяций может необратимо снижаться [Aguilar et al., 2008; Pohjanmies et al., 2015]. Проведенный нами анализ лесного фонда показал, что в некоторых регионах сложилась неравномерная возрастная структура насаждений. Если в Орловской обл. сравнительно велика доля средневозрастных насаждений, в Липецкой и Пензенской обл. доминируют спелые и перестойные насаждения (табл. 3). Молодняки 1- и 2-го классов возраста во всех трех регионах составляют считанные проценты. Проблема усугубляется тем, что насаждения дуба в исследованных регионах по отдельным лесничествам распределены крайне неравно-

мерно (табл. 4). В некоторых из них молодняков 1-го класса нет вообще, а площади молодняков 2-го класса существенно ниже площадей дубрав старших групп возраста. Это явление отражает картину, согласно которой во всех трех регионах леса и дубравы распределены по территории крайне неравномерно.

Таблица 3

Медиана доли дубрав различных групп возраста в исследованных регионах, %

Группы возраста	Регионы*		
	1	2	3
Молодняки 1 класса возраста	0.95	2.06	3.32
Молодняки 2 класса возраста	2.78	3.90	2.48
Средневозрастные	87.21	34.57	23.78
Приспевающие	5.36	9.31	18.48
Спелые	2.47	32.91	36.19
Перестойные	1.23	17.55	15.75

*1 - Орловская, 2 – Липецкая, 3 – Пензенская обл.

Таблица 4

Размеры площадей дубрав в лесничествах, га

Группы возраста	Регионы*		
	1	2	3
Молодняки 1 класса возраста	0–829	27–2560	26–848
Молодняки 2 класса возраста	1–2753	123–5870	12–810
Средневозрастные	149–6288	710–30210	395–7470
Приспевающие	0–2353	233–2153	165–7047
Спелые	0–865	489–8223	423–10628
Перестойные	0–795	309–4394	260–2172

*1 - Орловская, 2 – Липецкая, 3 – Пензенская обл.

Заключение

На юге лесостепной зоны России продолжающийся и усиливающийся распад дубрав на изолированные фрагменты сравнительно небольших размеров может привести к началу деградации генофонда популяций, который в настоящее время еще сохранил исторически сложившиеся популяционную структуру и уровень генетического разнообразия. Этот процесс может стать доминирующим уже в течение одного поколения дуба черешчатого после исчезновения спелых и перестойных насаждений, когда менее распространенные молодняки и средневозрастные насаждения займут их место. В этих условиях не вызывает сомнений необходимость принятия опережающих мер по восстановлению дубрав и увеличению их площадей – как путем содействия естественному возобновлению, так и за счет расширения объемов лесокультурных работ.

Исследование проведено за счет гранта Российского научного фонда № 19-16-00084.

Библиографический список

- Кожаринов А.В., Борисов П.В. Распространение дубовых лесов на территории Восточной Европы за последние 13 тысяч лет // Лесоведение. 2012. № 5. С. 22–28.
- Нейштадт М.И. История лесов и палеогеография СССР в голоцене. М.: Изд-во АН СССР, 1957. 403 с.
- Семериков Л.Ф. Популяционная структура древесных растений (на примере дуба Европейской части СССР и Кавказа). М.: Наука, 1986. 140 с.
- Царалунга В.В., Фурменкова Е.С., Крюкова А.А. Внешние признаки патологии дуба черешчатого. Воронеж, 2015. 231 с.
- Aguilar R. et al. Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant traits and methodological approaches // *Molecular Ecology*. 2008. Vol. 17, № 24. P. 5177–5188.
- Blanc-Jolivet C. et al. Development of new SNPs loci on *Quercus robur* and *Quercus petraea* for genetic studies covering the whole species' distribution range // *Conservation Genetics Resources*. Published online: 04 March 2020. doi.org/10.1007/s12686-020-01141-z.
- Bushbom J., Yanbaev Y., Degen B. Efficient long-distance gene flow into an isolated relict oak stand // *Journal of Heredity*. 2011. Vol. 102, № 4. P. 464–472.
- Dumolin S., Demesure B., Petit R.J. Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method // *Theoretical and Applied Genetics*. 1995. Vol. 91. P. 1253–1256.
- Fallon S.M. Genetic data and the listing of species under the U.S. Endangered Species Act // *Conservation Biology*. 2007. Vol. 21, № 5. P. 1186–1195.
- Gregorius H.R. A unique genetic distance // *Biometrical Journal*. 1984. Vol. 26, № 1. P. 13–18.
- Gregorius H.R. The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation // *Theoretical and Applied Genetics*. 1987. Vol. 74. P. 397–401.
- Leroy T. et al. Adaptive introgression as a driver of local adaptation to climate in European white oaks // *New Phytologist*. 2019. doi:10.1111/nph.16095.
- Peterson B.K. et al. Double Digest RADseq: An inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species // *Plos One*. 2012. Vol. 7, № 5. doi.org/10.1371/journal.pone.0037135.
- Pohjannies T. et al. Fragmentation-related patterns of genetic differentiation in pedunculate oak (*Quer-*

cus robur) at two hierarchical scales // *Silva Fennica*. 2015. Vol. 50, № 2. dx.doi.org/10.14214/sf.1510.

Willing E.-M., Dreyer C., van Oosterhout C. Estimates of genetic differentiation measured by FST do not necessarily require large sample sizes when using many SNP markers // *Plos One*, 2012. Vol. 7, № 8. doi:10.1371/journal.pone.0042649.

References

- Aguilar R., Quesada M., Ashworth L., Herrerias-Diego Y., Lobo J. Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant traits and methodological approaches. *Molecular Ecology*. V. 17, N 24 (2008): pp. 5177–5188.
- Blanc-Jolivet C., Bakhtina S., Yanbaev R., Yanbaev Y. Development of new SNPs loci on *Quercus robur* and *Quercus petraea* for genetic studies covering the whole species' distribution range. *Conservation Genetics Resources*. Published online: 04 March 2020: https://doi.org/10.1007/s12686-020-01141-z.
- Bushbom J., Yanbaev Y., Degen B. Long-distance gene flow into an isolated relict oak stand. *Journal of Heredity*. V. 102, N 4 (2011): pp. 464–472.
- Dumolin S., Demesure B., Petit R.J. Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculate oak investigated with an efficient PCR method. *Theoretical and Applied Genetics*. V. 91 (1995): pp. 1253–1256.
- Fallon S.M. Genetic data and the listing of species under the U.S. Endangered Species Act. *Conservation Biology*. V. 21, N 5 (2007): pp. 1186–1195.
- Gregorius H.R. A unique genetic distance. *Biometrical Journal*. V. 26, N 1 (1984): pp. 13–18.
- Gregorius H.R. The relationship between the concepts of genetic diversity and differentiation. *Theoretical and Applied Genetics*. V. 74 (1987): pp. 397–401.
- Kozharinov A.V., Borisov P.V. [Distribution of oak forests on the territory of the Eastern Europe for the last 13 thousand years]. *Lesovedenie*. N 5 (2012): pp. 22–28. (In Russ.).
- Leroy T., Louvet J.M., Lalanne C., Le Provost G., Labadie K., Aury J.-M., Delzon S., Plomion C., Kremer A. Adaptive introgression as a driver of local adaptation to climate in European white oaks. *New Phytologist*. V. 226, N 4 (2020): pp. 1171–1182.
- Neyshtadt M.I. *Istorija lesov i paleogeografija SSSR v golocene* [History of forests and paleogeography of USSR in Holocene]. Moscow, AN SSSR Publ., 1957. 403 p. (In Russ.).
- Peterson B.K., Weber J.N., Kay E.H., Fisher H.S., Hoekstra H.E. Double Digest RADseq: An inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *Plos*

- One*. V. 7 (2012). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0037135>.
- Pohjanmies T., Elshibli S., Pulkkinen P., Rusanen M., Vakkari P., Korpelainen H., Tomas R. Fragmentation-related patterns of genetic differentiation in pedunculate oak (*Quercus robur*) at two hierarchical scales. *Silva Fennica*. V. 50, N 2 (2015). <http://dx.doi.org/10.14214/sf.1510>.
- Semerikov L.F. *Populjacionnaja struktura drevesnyh rastenij* [Population structure of woody plants (on the example of oak in the European part of the USSR and the Caucasus)]. Moscow, Nauka Publ., 1986. 140 p. (In Russ.).
- Tsaralunga V.V., Furmenkova E.S., Kryukova A.A. *Vnešnie priznaki patalogii duba čereščatogo* [External signs of pathology of the pedunculate oak]. Voronezh, 2015. 231 p. (in Russ.).
- Willing E.-M., Dreyer C., van Oosterhout C. Estimates of genetic differentiation measured by FST do not necessarily require large sample sizes when using many SNP markers. *Plos One*. V. 7, N 8 (2012). doi: 10.1371/journal.pone.0042649.

Поступила в редакцию 20.08.2020

Об авторах

Деген Бернд, доктор, профессор, директор
Институт лесной генетики

ORCID: 0000-0001-9082-3163

23858, Германия, Рейнфельд, Аренсбекер
штрассе, д. 60; DegenBYY@gmail.com;
(49)0554331570

Янбаев Юлай Аглымович, доктор биологических
наук, заведующий научно-образовательным центром
ФГБОУ ВО «Башкирский государственный
аграрный университет»

ORCID: 0000-0003-1039-5344

450001, Уфа, 50-летия Октября, 34;
Yanbaev_ua@mail.ru; (347)228-07-19

Янбаев Руслан Юлаевич, кандидат
сельскохозяйственных наук, старший научный
сотрудник лаборатории генетических ресурсов
ФГБОУ ВО «Башкирский государственный
аграрный университет»

ORCID: 0000-0002-4538-6643

450001, Уфа, 50-летия Октября, 34;
ruslan.yanbaev@list.ru; (347)228-07-19

Бахтина Светлана Юрьевна, инженер
лаборатории генетических ресурсов
ФГБОУ ВО «Башкирский государственный
аграрный университет»

ORCID: 0000-0002-7593-855X

450001, Уфа, 50-летия Октября, 34;
svetlana.bakhtina@inbox.ru; (347)228-07-19

Тагирова Альбина Алековна, кандидат
биологических наук, доцент кафедры экологии и
безопасности жизнедеятельности
ФГБОУ ВО «Башкирский государственный
университет»

ORCID: 0000-0002-6446-4272

450076, Уфа, Заки Валиди, 32;
albom@inbox.ru; (347)272-63-70

About the authors

Degen Bernd, doctor, professor, director
Institute of forest genetics.

ORCID: 0000-0001-9082-3163

60, Ahrensbecker strasse, Reinfeld, Germany,
23858; DegenBYY@gmail.com; (49)0554331570

Yanbaev Yulay Aglyamovich, doctor of biological
sciences, head of scientific and educational center
Bashkir state agrarian university.

ORCID: 0000-0003-1039-5344

34, 50-letia Oktyabrya, Ufa, 450001;
Yanbaev_ua@mail.ru; (347)228-07-19

Ianbaev Ruslan Yulaevich, candidate of
agricultural sciences, senior reaeacher of
laboratory of genetic resurces
Bashkir state agrarian university.

ORCID: 0000-0002-4538-6643

34, 50-letia Oktyabrya, Ufa, 450001;
ruslan.yanbaev@list.ru; (347)228-07-19

Bakhtina Svetlana Yur'evna, engineer of the
laboratory of genetic resurces
Bashkir state agrarian university.

ORCID: 0000-0002-7593-855X

34, 50-letia Oktyabrya, Ufa, 450001;
svetlana.bakhtina@inbox.ru; (347)228-07-

Tagirova Albina Alekovna, candidate of biological
sciences, assistant professor of chair of ecology and
safety of life
Bashkir state university.

ORCID: 0000-0002-6446-4272

32, Zaki Validi, Ufa, 450076;
albom@inbox.ru; (347)272-63-70

Информация для цитирования:

Генетическое разнообразие локусов SNP в популяциях дуба черешчатого юга лесостепной зоны России / Б. Деген, Ю.А. Янбаев, Р.Ю. Янбаев, С.Ю. Бахтина, А.А. Тагирова // Вестник Пермского университета. Сер. Биология. 2020. Вып. 3. С. 198–203. DOI: 10.17072/1994-9952-2020-3-198-203.

Degen B., Yanbaev Y.A., Ianbaev R.Y., Bakhtina S.Y., Tagirova A.A. [Genetic diversity of SNP loci in populations of oak in the southern forest-steppe zone of Russia]. *Vestnik Permskogo universiteta. Biologija*. Iss. 3 (2020): pp. 198-203. (In Russ.). DOI: 10.17072/1994-9952-2020-3-198-203.

