

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ISSR-МАРКЕРОВ ДЛЯ ГЕНОТИПИРОВАНИЯ ДЖУЗГУНА БЕЗЛИСТНОГО (*CALLIGONUM APHYLLUM* (PALL.) GUERKE), ПРОИЗРАСТАЮЩЕГО НА ТЕРРИТОРИИ АСТРАХАНСКОЙ ОБЛАСТИ И СТАВРОПОЛЬСКОГО КРАЯ

П.А. Кузьмин, Е.С. Лушникова, И.М. Романова

Федеральный научный центр агроэкологии, комплексных мелиораций и защитного лесоразведения Российской академии наук, Волгоград, Россия

E-mail: kuzmin-p@vfanc.ru

Для цитирования: Кузьмин П.А., Лушникова Е.С., Романова И.М. Использование ISSR-маркеров для генотипирования джужгуна безлистного (*Calligonum aphyllum* (Pall.) Guerke), произрастающего на территории Астраханской области и Ставропольского края // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). – 2025. – № 2(75). – С. 61–68. – DOI 10.31677/2072-6724-2025-75-2-61-68.

Ключевые слова: *Calligonum aphyllum* (Pall.) Guerke, ISSR-маркеры, генетическое разнообразие, генотипирование, полиморфизм.

Реферат. На сегодняшний день актуальными остаются вопросы по генотипированию различных групп древесных и кустарниковых растений, которые произрастают в засушливых условиях, для определения селекционноценных генотипов. В связи с этим целью исследования являлось тестирование ISSR-маркеров и использование их для последующего генотипирования различных экотопических популяций *C. aphyllum*, произрастающих на территории Астраханской области и Ставропольского края. Оценку эффективности используемых ISSR-праймеров проводили с помощью четырех основных параметров информативности праймеров: информационный индекс полиморфизма (PIC), коэффициент эффективного мультиплексирования (EMR), индекс маркера (MI) и разрешающая способность (Rp). При использовании девяти праймеров в общей сложности было амплифицировано 88 ДНК-фрагментов генома *C. aphyllum*, из которых 77 – полиморфные. Общее количество амплифицированных полос ДНК зависело от используемого праймера и варьировалось от 8 до 15. Среднее значение PIC при использовании девяти праймеров составило 0,381, а стандартное отклонение составило всего 0,0043. Значения MI варьировали от 1,293 до 2,371, в среднем – 1,723. Самые высокие значения MI были выявлены у праймеров UBC808, UBC856 и UBC891 – 1,850, 1,908 и 2,371 соответственно. Значения показателя разрешающей способности находились в диапазоне от 2,400 (UBC808) до 7,771 (UBC891). Среднее значение RP составило 4,508, что говорит о высокой эффективности исследуемых праймеров при выявлении генетических различий популяций *C. aphyllum*. У популяций в Астраханской области полиморфность выше на 8,2 %, чем у популяций в Ставропольском крае. Обе популяции из Астраханской области (Cal2 и Cal3) демонстрируют схожие значения всех параметров генетической изменчивости. Результаты исследований могут быть использованы в селекционной работе по созданию новых форм *C. aphyllum*.

USING ISSR MARKERS FOR GENOTYPING *CALLIGONUM APHYLLUM* (PALL.) GUERKE, GROWING IN THE ASTRAKHAN REGION AND STAVROPOL REGION

P.A. Kuzmin, E.S. Lushnikova, I.M. Romanova

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

E-mail: kuzmin-p@vfanc.ru

Keywords: *Calligonum aphyllum* (Pall.) Guerke, polymorphism, ISSR markers, genetic diversity, genotyping, polymorphism.

Abstract. To date, the issues of genotyping of various groups of woody and shrubby plants that grow in arid conditions remain relevant to determine breeding-valuable genotypes. In this regard, the purpose of the study was to test ISSR markers and use them for subsequent genotyping of various ecotopic populations of *C. aphyllum* native to the Astrakhan Region and Stavropol Territory. The effectiveness of the ISSR primers used was evaluated using four main parameters of the information content of primers: polymorphism information index (PIC), effective multiplexing coefficient (EMR), marker index (MI) and resolution (Rp). Using 9 primers, a total

of 88 DNA fragments of the *C. aphyllum* genome were amplified, of which 77 were polymorphic. The total number of amplified DNA bands depended on the primer used and ranged from 8 to 15. The average PIC value using nine primers was 0.381, while the standard deviation was only 0.0043. The MI values ranged from 1,293 to 2,371, with an average of 1,723. The highest MI values were found in primers UBC808, UBC856 and UBC891 – 1,850, 1,908 and 2,371, respectively. The resolution index values ranged from 2,400 (UBC808) to 7,771 (UBC891). The average RP value was 4,508, which indicates the high efficiency of the primers studied in detecting genetic differences in *C. aphyllum* populations. Populations in the Astrakhan region have 8.2% higher polymorphism than populations in the Stavropol Territory. Both populations from the Astrakhan region (Cal2 and Cal3) show similar values of all parameters of genetic variability. The research results can be used in breeding work to create new forms of *C. aphyllum*.

В настоящее время изменение климата вызвано накоплением парниковых газов в атмосфере из-за хозяйственной деятельности человека, что приводит к усилению парникового эффекта и глобальному потеплению. В результате этого происходят изменения в количестве осадков, рост опасности лесных пожаров и усиление засухи [1], которая является одним из наиболее значительных стрессовых факторов, ограничивающих рост и развитие растений [2]. Для уменьшения негативного последствия от изменения климата необходимо принимать природоохранные решения, которые включают в себя повышение устойчивости экосистем и сохранение генетического разнообразия ее компонентов, в том числе растений [3, 4]. В исследовании регионального генофонда древесных и кустарниковых растений активно применяются разнообразные методы молекулярной генетики, с помощью которых существует возможность определения генетической структуры и оценки уровня генетического разнообразия [5–7].

Для снижения негативного воздействия засухи необходимо выявлять и внедрять засухоустойчивые виды растений, способные сохранять продуктивность даже при дефиците воды [8]. Ксерофиты имеют ряд молекулярных адаптаций к засушливой среде, которые позволяют им выдерживать дефицит влаги [9].

Растения рода Джугун (*Calligonum* L.) семейства гречишных (*Polygonaceae*) представляют собой ксерофитные кустарники с ареалом обитания в Азии, Северной Африке и Юго-Восточной Европе, видовое разнообразие рода сосредоточено в Центральной Азии. Джугун безлистный (*Calligonum aphyllum*) — один из самых распространенных кустарников песчаной пустыни [10]. Данный сильно ветвящийся вид с гладкими побегами имеет высоту до 3 м, листья очень маленьких размеров, плоды в виде мелких твердых орешков. Адаптация к условиям жизни на подвижных песках осуществляется за счет активного образования придаточных корней [11]. *C. aphyllum* — это растение, которое хорошо при-

способлено к жизни на светло-каштановых почвах полупустынных пастбищ Юга России [12]. Также в исследованиях говорится о засухоустойчивости и высокой адаптации этого вида на супесчаных почвах [13].

Геном *C. aphyllum* не секвенирован, поэтому для определения его молекулярно-генетической структуры была выбрана ISSR-маркерная система [14–16]. ISSR-маркеры — это участки генома, фланкированные простыми повторяющимися или микросателлитными последовательностями, состоящие из простых повторяющихся последовательностей коротких фрагментов ДНК из ди-, три-, тетра- или пентануклеотидов, которые многократно повторяются в составе tandemно организованных кластеров [17]. Такие маркеры характеризуются широким распространением в геноме, высоким уровнем полиморфизма. Кроме того, при работе с ними не требуется сложное оборудование и предварительное знание генома [18, 19].

Цель исследования — провести подбор ISSR-праймеров, пригодных для генотипирования и оценки генетической структуры популяций *C. aphyllum*, произрастающих в засушливых условиях Астраханской области и Ставропольского края.

ОБЪЕКТЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Для выявления внутривидового генетического разнообразия *C. aphyllum* были отобраны три популяции, произрастающие в условиях жаркого аридного климата: популяция Cal1 — село Ачикулак, Ставропольский край (44.551902, 45.026262); популяция Cal2 — на территории заказника Астраханской области «Пески Берли» (47.561660, 47.289160); популяция Cal3 — на территории памятника природы «Урочище Кордон», Астраханская область (47.401996, 47.845036). Сбор образцов проводили во время вегетативного периода 2024 г.

Экстракцию геномной ДНК проводили из листовой пластинки с помощью модифицированного метода СТАВ [20].

Для исследования были выбраны неспецифичные ISSR-праймеры. Реакция ПЦР была проведена с использованием прибора Applied Biosystems QuantStudio 5 (Thermo Fisher Scientific, США). Реакционная смесь объемом 25 мкл содержала 50 нг геномной ДНК, 0,8 мМ ISSR-праймера, готовую смесь для ПЦР qPCRmix-HS (Евроген, Россия) и деионизированную воду, свободную от нуклеаз. Условия ПЦР: денатурация при 95 °С в течение 10 мин; 40 циклов, состоящих из 30 с денатурации при 95 °С, 30 с отжига праймера при 50,0–52,4 °С и 60 с элонгации при 72 °С. Заключительный этап пролонгирования нуклеотидной цепи проходил при температуре 72 °С в течение 10 мин.

Продукты полимеразной цепной реакции разделяли методом электрофореза в 1,8 % агарозном геле, содержащем 1X TAE буфера и бромистый этидий в качестве интеркалирующего красителя ДНК. Для оценки длин ДНК-фрагментов использовали маркер Step50 plus 0,1 мг/мл. Визуализацию и документирование результатов электрофореза проводили с помощью системы iBright CL1500 (Thermo Fisher Scientific, США). Для составления бинарной матрицы воспроизводимые ПЦР-фрагменты были оценены на наличие (1) или отсутствие (0) в составе спектров. Каждую из полос рассматривали как независимую.

Для каждого маркера были оценены следующие показатели: количество общих полос (ТВ), количество полиморфных полос (РВ), количество мономорфных полос (МВ) и процент полиморфных полос (РРВ).

Оценку эффективности используемых ISSR-праймеров проводили с помощью четырех основных параметров информативности праймеров: информационный индекс полиморфизма (PIC), коэффициент эффективного мультиплексирования (EMR), индекс маркера (MI) и разрешающая способность (Rp). Значение PIC для каждого праймера было рассчитано с использованием формулы $PIC_i = 2f_i(1 - f_i)$, где PIC_i – полиморфное информационное содержание праймера i , f_i – частота амплифицированных фрагментов и $1 - f_i$ – частота неамплифицированных фрагментов. Частота рассчитывалась как отношение количества амплифицированных фрагментов в каждом локусе к общему количеству присоединений (исключая отсутствующие данные). Эффективное мультиплексное отношение вычислялось с использованием формулы $EMR = n \times \beta$, где n – среднее количество фрагментов системного маркера (мультиплексное отношение), а β оценивается из количества полиморфных локусов (РВ) и количества неполоморфных локусов (МВ);

$\beta = РВ / (РВ + МВ)$. Значение MI для каждого праймера вычисляли по формуле $MI = EMR \times PIC$.

Анализ генетической изменчивости исследуемых популяций проводили с помощью программного обеспечения POPGENE версии 1.31 [21] путем оценки основных параметров генетической изменчивости: наблюдаемое число аллелей на локус (n_o), эффективное число аллелей (n_e), генное разнообразие по Нею (h), индекс Шенонна (I).

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

В ходе исследования были протестированы 15 динуклеотидных ISSR-праймеров. На основе четкости разделения границ ПЦР-полос и воспроизводимости результатов были отобраны 9 информативных ISSR-праймеров (табл. 1). Каждый анализируемый ISSR-праймер демонстрировал уникальный спектр продуктов амплификации у каждого растения в популяциях *C. aphyllum* (рисунок).

В общей сложности было амплифицировано 88 ДНК-фрагментов генома *C. aphyllum*, из которых 77 – полиморфные. Общее количество амплифицированных полос ДНК зависело от используемого праймера и варьировало от 8 до 15. Размер определяемых полос составлял от 250 до 1300 п. н. Число полиморфных локусов находилось в пределах от 4 до 14. Всего в среднем на каждый праймер приходилось 9,8 воспроизводимых полос, из них 8,6 – полиморфных. Наибольшее число ПЦР-фрагментов было выявлено при использовании праймеров UBC856 (11), UBC891 (12) и ISSR-1 (15). Количество полиморфных фрагментов при использовании указанных ISSR-праймеров также было самым высоким – 11, 14 и 11 соответственно. Наименьшее количество полиморфных полос было выявлено при использовании праймера UBC809 – из семи полученных фрагментов только четыре оказались полиморфными.

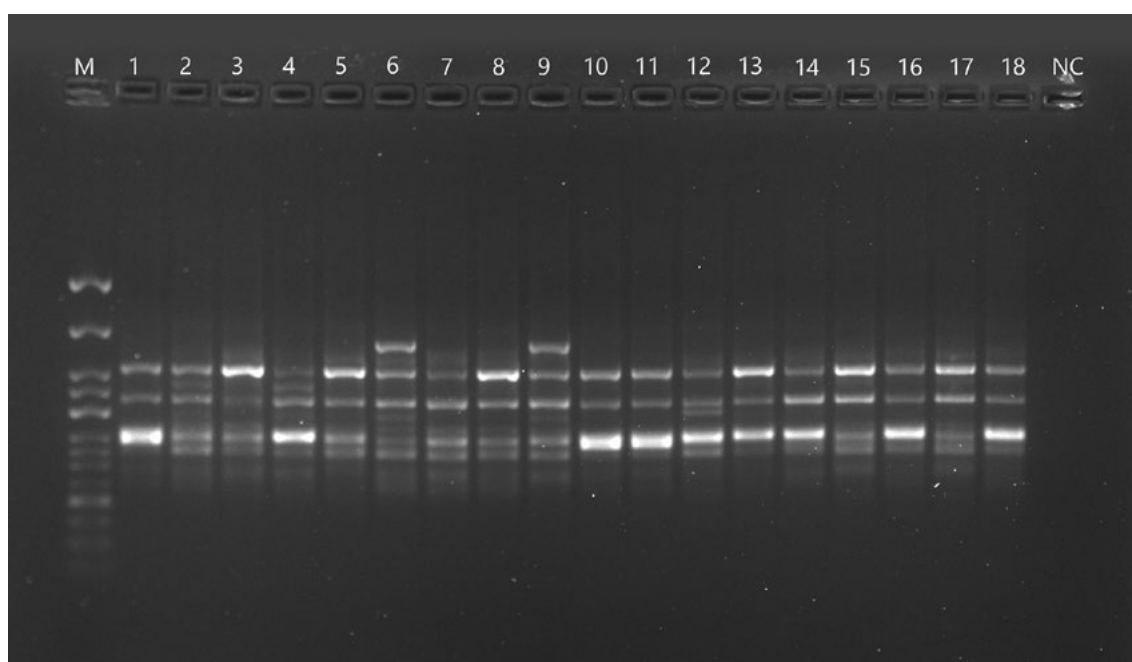
Доля полиморфных локусов для каждого из девяти праймеров варьировала от 57,1 до 100 %, а среднее значение выявляемого полиморфизма в пересчете на каждый праймер составило 86 %. Наибольший процент полиморфности фрагментов определялся при использовании праймеров UBC856 (100 %), UBC891 (93,3 %) и ISSR-1 (91,7 %), а наименьший при использовании праймера UBC809 (57,1 %).

Таблица 1

Анализ полиморфизма ДНК трех популяций *C. aphyllum*
DNA polymorphism analysis of three *C. aphyllum* populations

Primer	Nucleotide sequence	Ta, °C	Allele size range, bp	TB	PB	MP	PPB, %
UBC808	(AG) ₈ C	52,4	350-900	8	7	1	87,5
UBC809	(AG) ₈ G	52,4	350-920	7	4	3	57,1
UBC811	(GA) ₈ C	52,4	380-1150	8	7	1	87,5
UBC818	(CA) ₈ G	52,4	380-1200	9	8	1	88,9
UBC840	(GA) ₈ YT	52,4	280-750	8	7	1	87,5
UBC856	(AC) ₈ YA	52,4	300-1000	11	11	0	100,0
UBC860	(TG) ₈ RA	52,4	350-1300	10	8	2	80,0
UBC891	HVH(TG) ₇	50,0	250-950	15	14	1	93,3
ISSR-1	(AC) ₈ T	50,0	300-1000	12	11	1	91,7
Итого:				88	77	11	86

Примечание. Ta (annealing temperature), °C – температура отжига праймера; TB (total band) – общее количество амплифицированных фрагментов; PB (polymorphic band) – количество полиморфных фрагментов; MB (monomorphic band) – количество мономорфных фрагментов; PPB (percentage polymorphic band), % – процент полиморфности праймера для популяции.



Пример электрофореграммы ампликонов популяции *Cal3* с использованием ISSR-праймера UBC808. М – маркер молекулярного веса ДНК Step50 plus, 1–18 – номера образцов, NC – негативный контроль

An example of an electropherogram of *Cal3* population amplicons using the UBC808 ISSR primer. M is the Step50 plus DNA molecular weight marker, 1–18 are sample numbers, NC is the negative control

Ранее ISSR-праймеры были использованы для оценки генетического разнообразия близкородственного вида *Calligonum comosum* L., произрастающего на Юге Туниса [22]. Для исследования генетической структуры *C. comosum* использовался специфический набор праймеров,

представляющих собой динуклеотидные повторы с добавочными нуклеотидами на 5'- и 3'- концах. Gasmi A. с соавторами при использовании семи ISSR-праймеров удалось получить 50 ПЦР-полосы; среднее значение амплифицируемых ПЦР-полос на каждый праймер составило 6,25,

из них полиморфных – только четыре. Общая доля выявляемых полиморфных ПЦР-фрагментов составила всего 67 %, что на 19 % ниже, чем в нашем исследовании. В наших исследованиях было выявлено большее количество полос на каждый используемый праймер и получен более высокий уровень полиморфизма, который указывает на высокое генетическое разнообразие исследуемых нами популяций.

Для анализа эффективности применения ISSR-праймеров при генотипировании *C. aphyllum* были выбраны показатели, позволяющие оценить степень информационного полиморфизма праймеров по таким характеристикам, как информационный индекс полиморфизма (PIC), коэффициент эффективного мультиплексирования (EMR), индекс маркера (MI) и разрешающая способность (Rp) (табл. 2).

Значение PIC считается одним из ключевых критериев, отражающих способность праймера детектировать полиморфизм в популяции. Значение PIC определяется общим количеством аллелей и частотой их встречаемости в исследуемой выборке. Среднее значение PIC при ис-

пользовании девяти праймеров составило 0,381, а стандартное отклонение составило всего 0,0043. На основании этих данных можно сделать вывод о равнозначной дискриминирующей возможности исследуемых ISSR-праймеров.

Индекс маркера MI был определен для оценки способности каждого праймера обнаруживать полиморфные локусы в генотипе. Известно, что наилучшими значениями MI считаются наиболее высокие [23]. В данном исследовании значения MI варьировали от 1,293 до 2,371, в среднем – 1,723. Самые высокие значения MI были выявлены у праймеров UBC808, UBC856 и UBC891 – 1,850, 1,908 и 2,371 соответственно.

Для оценки способности ISSR-праймера устанавливать различия между большим числом генотипов был рассчитан показатель RP. Значения показателя разрешающей способности находились в диапазоне 2,400 (UBC808) до 7,771 (UBC891). Среднее значение RP составило 4,508, что говорит о высокой эффективности исследуемых праймеров при выявлении генетических различий популяций *C. aphyllum*.

Таблица 2

Параметры информативности праймеров для *C. aphyllum*
Information content parameters of primers for *C. aphyllum*

Праймер	PIC	EMR	MI	RP
UBC808	0,383	4,829	1,850	2,400
UBC809	0,385	4,314	1,661	2,857
UBC811	0,377	3,429	1,293	3,029
UBC818	0,386	3,429	1,324	4,571
UBC840	0,379	4,686	1,776	4,571
UBC856	0,373	5,114	1,908	5,543
UBC860	0,385	3,857	1,485	3,714
UBC891	0,379	6,257	2,371	7,771
ISSR-1	0,382	4,771	1,823	6,114
Среднее	0,381	4,521	1,723	4,508

Примечание. PIC (polymorphic information content) – информационный индекс полиморфизма; EMR (effective multiplex ratio) – коэффициент эффективного мультиплексирования; MI (marker index) – индекс маркера; RP (resolving power of primer) – разрешающая способность.

Параметры генетической изменчивости показали, что процент полиморфности у популяций, произрастающих в Астраханской области (*Cal2* и *Cal3*), в сравнении с популяцией из Ставрополь-

ского края (*Cal1*), оказался выше на 8,2 %, что указывает на более низкий уровень генетического разнообразия и полиморфизма в популяции из Ставропольского края.

Таблица 3

Значения основных параметров генетической изменчивости в популяциях *C. aphyllum*
The values of the main parameters of genetic variability in *C. aphyllum* populations

Популяция	n_a	n_e	h	I	Процент полиморфности
Cal1	1,602 ± 0,492	1,285 ± 0,345	0,173 ± 0,186	0,268 ± 0,265	60,2
Cal2	1,682 ± 0,468	1,405 ± 0,360	0,240 ± 0,192	0,360 ± 0,274	68,2
Cal3	1,682 ± 0,468	1,389 ± 0,348	0,234 ± 0,189	0,353 ± 0,271	68,2

Примечание. n_a – наблюдаемое число аллелей на локус; n_e – эффективное число аллелей; h – генное разнообразие по Нею; I – индекс Шеннона.

Обе популяции из Астраханской области (*Cal2* и *Cal3*) демонстрируют схожие значения всех параметров генетической изменчивости. Различия между ними минимальны и находятся в пределах статистической погрешности. Это может указывать на то, что популяции имеют схожую генетическую структуру и уровень генетического разнообразия.

ВЫВОДЫ

1. В общей сложности было амплифицировано 88 ДНК-фрагментов генома *C. aphyllum*, из которых 77 – полиморфные. Общее количество амплифицированных полос ДНК зависело от используемого праймера и варьировало от 8 до 15. Наибольшее число ПЦР-фрагментов было выявлено при использовании праймеров UBC856 (11), UBC891 (12) и ISSR-1 (15).

2. Среднее значение PIC при использовании девяти праймеров составило 0,381, а стандартное отклонение составило всего 0,0043. На основании этих данных можно сделать вывод о равнозначной дискриминирующей способности использованных ISSR-праймеров. Значения MI варьировали от 1,293 до 2,371, в среднем – 1,723. Самые высокие значения MI были выявлены у праймеров UBC808, UBC856 и UBC891 – 1,850, 1,908 и 2,371 соответственно. Значения показателя разрешающей способности находились в диапазоне от 2,400 (UBC808) до 7,771 (UBC891).

Среднее значение RP составило 4,508, что говорит о высокой эффективности исследуемых праймеров при выявлении генетических различий популяций *C. aphyllum*.

3. Исследуемые популяции *C. aphyllum* имели высокие значения полиморфности. Параметры генетической изменчивости показали, что процент полиморфности у популяций, произрастающих в Астраханской области (*Cal2* и *Cal3*), в сравнении с популяцией из Ставропольского края (*Cal1*), выше на 8,2 %.

4. Полученные данные по генотипированию *C. aphyllum* с использованием ISSR-маркеров будут полезны для дальнейшего изучения генетического разнообразия представителей данного родового комплекса и для проведения селекционной работы. Исследуемые популяции *C. aphyllum* можно рассматривать как источник потенциального материала для создания новых форм, обладающих повышенной устойчивостью к условиям длительной засухи. Полученные данные по генетической структуре исследуемых групп *C. aphyllum* будут использованы для связи выявленных полиморфных локусов с селекционно ценными признаками

Работа выполнена в рамках Государственного задания «Генотипирование древесных и кустарниковых пород, устойчивых к ограничивающим рост и развитие факторам внешней среды» (№ FNFE-2025-0007).

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. *Climate change challenges, plant science solutions* / N.A. Eckardt, E.A. Ainsworth, R.N. Bahuguna [et al.] // The Plant Cell. – 2023. – Vol. 35, N 1. – P. 24–66. – DOI: 10.1093/plcell/koac303.
2. *Deciphering the plant microbiome to improve drought tolerance: mechanisms and perspectives* / S. Ali, A. Tyagi, S. Park [et al.] // Environmental and Experimental Botany. – 2022. – Vol. 201. – Art. 104933. – DOI: 10.1016/j.envexpbot.2022.104933.
3. *Alikhanova S., Bull J.W.* Review of nature-based solutions in dryland ecosystems: the aral sea case study // Environmental Management. – 2023. – Vol. 72, N 3. – P. 457–472. – DOI: 10.1007/s00267-023-01822-z.
4. *Establishing a climate target within the post-2020 Global Biodiversity Framework* / E. Archer, D. Obura, P. Leadley [et al.] // PLOS Climate. – 2022. – Vol. 1, N 12. – Art. e0000106. – DOI: 10.1371/journal.pclm.0000106.

5. Молекулярно-генетический анализ популяций *Populus nigra* L. на Среднем и Южном Урале на основании полиморфизма ISSR-маркеров / Н.А. Никоношина, Н.А. Мартыненко, Ю.С. Нечаева [и др.] // Современные проблемы науки и образования. – 2016. – № 3. – С. 403–403.
6. *Rajora O.P., Zinck J.W.R.* Genetic diversity, structure and effective population size of old-growth vs. second-growth populations of keystone and long-lived conifer, eastern white pine (*Pinus strobus*): conservation value and climate adaptation potential // *Frontiers in genetics*. – 2021. – Vol. 12. – Art. 650299. – DOI: 10.3389/fgene.2021.650299.
7. *Stronger genetic differentiation among within-population genetic groups than among populations in Scots pine provides new insights into within-population genetic structuring* / D. Danusevičius, O.P. Rajora, D. Kavaliauskas [et al.] // *Scientific Reports*. – 2024. – Vol. 14, N 1. – Art. 2713. – DOI: 10.1038/s41598-024-52769-y.
8. *Comparative analysis and characterization of the chloroplast genome of Krascheninnikovia ceratoides (Amarathaceae): a xerophytic semi-shrub exhibiting drought resistance and high-quality traits* / Y. Liu, C. Zheng, X. Su [et al.] // *BMC Genomic Data*. – 2024. – Vol. 25, N 1. – Art. 10. – DOI: 10.1186/s12863-024-01197-y.
9. *Transcriptomic profiling identifies candidate genes involved in the salt tolerance of the xerophyte Pugionium cornutum* / Y.N. Cui, F.Z. Wang, C.H. Yang [et al.] // *Genes*. – 2019. – Vol. 10, N 12. – Art. 1039. – DOI: 10.3390/genes10121039.
10. *Complete plastome sequencing resolves taxonomic relationships among species of Calligonum L. (Polygonaceae) in China* / F. Song, T. Li, K.S. Burgess [et al.] // *BMC Plant Biology*. – 2020. – Vol. 20. – P. 1–15. – DOI: 10.1186/s12870-020-02466-5.
11. *Использование гуминовых препаратов для выращивания посадочного материала древесных растений в аридном регионе* / А.К. Романенко, А.В. Солонкин, А.С. Соломенцева [и др.] // *Аграрный вестник Урала*. – 2022. – № 6(221). – С. 2–15. – DOI: 10.32417/1997-4868-2022-221-06-2-15.
12. *Подопригоров Ю.Н., Хюпинин А.А.* Джужгун безлистный (*Calligonum aphyllum* (Pall.) Gürke) – эффективный фитомелиорант в засушливых условиях Северного Прикаспия // *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование*. – 2023. – № 2(70). – С. 288–298. – DOI: 10.32786/2071-9485-2023-02-33.
13. *Рыбашлыкова Л.П., Турко С.Ю., Маслова М.И.* Биологический потенциал природных растений в культуре // Пути повышения эффективности орошаемого земледелия. – 2024. – Т. 93, № 2. – С. 166–177.
14. *Изучение генетического разнообразия сортообразцов тополя (*Populus* L.) на основе SSR-маркеров* / Т.П. Федулова, А.М. Кондратьева, П.М. Евлаков [и др.] // *Лесотехнический журнал*. – 2016. – Т. 6, № 4(24). – С. 105–111. – DOI: 10.12737/23441.
15. *Genetic diversity using biochemical, physiological, karyological and molecular markers of Sesamum indicum L* / S. Mesfer ALshamrani, F.A. Safhi, D.S. Alshaya [et al.] // *Frontiers in Genetics*. – 2022. – Vol. 13. – Art. 1035977. – DOI: 10.3389/fgene.2022.1035977.
16. *Анализ наличия геномов древесно-кустарниковых растений, используемых в агролесомелиорации южных регионов России* / А.И. Беляев, П.А. Крылов, А.М. Пугачева [и др.] // *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: наука и высшее профессиональное образование*. – 2023. – № 2(70). – С. 30–42. – DOI: 10.32786/2071-9485-2023-02-03.
17. *Amiteye S.* Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding // *Heliyon*. – 2021. – Vol. 7, N 10. – DOI: 10.1016/j.heliyon.2021.e08093.
18. *Genetic diversity and population structure of cowpea mutant collection using SSR and ISSR molecular markers* / S. Diallo, F.A. Badiane, B.N. P.A. Kabkia [et al.] // *Scientific Reports*. – 2024. – Vol. 14, N 1. – Art. 31833. – DOI: 10.1038/s41598-024-83087-y.
19. *Assessment of genetic diversity in alfalfa using DNA polymorphism analysis and statistical tools* / C. Petolescu, I. Sarac, S. Popescu [et al.] // *Plants*. – 2024. – Vol. 13, N 20. – Art. 2853. – DOI: 10.3390/plants13202853.
20. *Structure and phylogeny of the curly birch chloroplast genome* / K.A. Shestibratov, O.Y. Baranov, E.N. Mescherova [et al.] // *Frontiers in Genetics*. – 2021. – Vol. 12. – Art. 625764. – DOI: 10.3389/fgene.2021.625764.
21. *POPGENE (version 1.3. 1).* Microsoft window-bases freeware for population genetic analysis / F.C. Yeh // <http://www.ualberta.ca/~fyeh/>. – 1999.
22. *Gasmi A., Triki T., Benabderrahim M.A.* Assessing phenolic and molecular diversity of arta (*Calligonum comosum* L.), a wild Tunisian desert plant // *South African Journal of Botany*. – 2022. – Vol. 151. – P. 166–174. – DOI: 10.1016/j.sajb.2022.09.044.
23. *Чесноков Ю.В., Артемьева А.М.* Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия // *Сельскохозяйственная биология*. – 2015. – № 5. – С. 571–578. – DOI: 10.15389/agrobiol.2015.5.571rus.

REFERENCES

1. Eckardt N.A., Ainsworth E.A., Bahuguna R.N. [et al.], Climate change challenges, plant science solutions, *The Plant Cell*, 2023, Vol. 35, No. 1, pp. 24–66, DOI: 10.1093/plcell/koac303.
2. Ali S., Tyagi A., Park S. [et al.], Deciphering the plant microbiome to improve drought tolerance: mechanisms and perspectives, *Environmental and Experimental Botany*, 2022, Vol. 201, Art. 104933, DOI: 10.1016/j.envexpbot.2022.104933.

3. Alikhanova S., Bull J.W., Review of nature-based solutions in dryland ecosystems: the aral sea case study, *Environmental Management*, 2023, Vol. 72, No. 3, pp. 457–472, DOI: 10.1007/s00267-023-01822-z.
4. Archer E., Obura D., Leadley P. [et al.], Establishing a climate target within the post-2020 Global Biodiversity Framework, *PLOS Climate*, 2022, Vol. 1, No. 12, Art. e0000106, DOI: 10.1371/journal.pclm.0000106.
5. Nikonoshina N.A., Martynenko N.A., Nechaeva Yu.S. [et al.], *Sovremennye problemy nauki i obrazovaniya*, 2016, No. 3, pp. 403–403. (In Russ.)
6. Rajora O.P., Zinck J.W.R., Genetic diversity, structure and effective population size of old-growth vs. second-growth populations of keystone and long-lived conifer, eastern white pine (*Pinus strobus*): conservation value and climate adaptation potential, *Frontiers in genetics*, 2021, Vol. 12., Art. 650299, DOI: 10.3389/fgene.2021.650299.
7. Danusevičius D., Rajora O.P., Kavaliauskas D. [et al.], Stronger genetic differentiation among within-population genetic groups than among populations in Scots pine provides new insights into within-population genetic structuring, *Scientific Reports*, 2024, Vol. 14, No. 1, Art. 2713, DOI: 10.1038/s41598-024-52769-y.
8. Liu Y., Zheng C., Su X. [et al.], Comparative analysis and characterization of the chloroplast genome of *Krascheninnikovia ceratoides* (Amaranthaceae): a xerophytic semi-shrub exhibiting drought resistance and high-quality traits, *BMC Genomic Data*, 2024, Vol. 25, No. 1, Art. 10, DOI: 10.1186/s12863-024-01197-y.
9. Cui Y.N., Wang F.Z., Yang C.H. [et al.], Transcriptomic profiling identifies candidate genes involved in the salt tolerance of the xerophyte *Pugionium cornutum*, *Genes*, 2019, Vol. 10, No. 12, Art. 1039, DOI: 10.3390/genes10121039.
10. Song F., Li T., Burgess K.S. [et al.], Complete plastome sequencing resolves taxonomic relationships among species of *Calligonum* L. (Polygonaceae) in China, *BMC Plant Biology*, 2020, Vol. 20, pp. 1–15, DOI: 10.1186/s12870-020-02466-5.
11. Romanenko A. K., Solonkin A.V., Solomentseva A. S. [et al.], *Agrarnyy vestnik Urala*, 2022, No. 6(221), pp. 2–15, DOI: 10.32417/1997-4868-2022-221-06-2-15. (In Russ.)
12. Podoprigorov Yu.N., Khyupinin A.A., *Izvestiya Nizhnevolzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: nauka i vysshee professional'noe obrazovanie*, 2023, No. 2(70), pp. 288–298, DOI: 10.32786/2071-9485-2023-02-33. (In Russ.)
13. Rybashlykova L.P., Turko S.Yu., Maslova M.I., *Puti povysheniya effektivnosti oroshaemogo zemledeliya*, 2024, Vol. 93, No. 2, pp. 166–177. (In Russ.)
14. Fedulova T.P., Kondratieva A.M., Yevlakov P.M. [et al.], *Lesotekhnicheskii zhurnal*, 2016, Vol. 6, No. 4(24), pp. 105–111, DOI: 10.12737/23441. (In Russ.)
15. Mesfer ALshamrani S., Safhi F.A., Alshaya D.S. [et al.], Genetic diversity using biochemical, physiological, karyological and molecular markers of *Sesamum indicum* L., *Frontiers in Genetics*, 2022, Vol. 13, Art. 1035977, DOI: 10.3389/fgene.2022.1035977.
16. Belyaev A.I., Krylov P.A., Pugacheva A.M. [et al.], *Izvestiya Nizhnevolzhskogo agrouniversitetskogo kompleksa: nauka i vysshee professional'noe obrazovanie*, 2023, No. 2(70), pp. 30–42, DOI: 10.32786/2071-9485-2023-02-03. (In Russ.)
17. Amiteye S., Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding, *Heliyon*, 2021, Vol. 7, No. 10, DOI: 10.1016/j.heliyon.2021.e08093.
18. Diallo S., Badiane F.A., Kabkia B.N.P.A. [et al.], Genetic diversity and population structure of cowpea mutant collection using SSR and ISSR molecular markers, *Scientific Reports*, 2024, Vol. 14, No. 1, Art. 31833, DOI: 10.1038/s41598-024-83087-y.
19. Petolescu C., Sarac I., Popescu S. [et al.], Assessment of genetic diversity in alfalfa using DNA polymorphism analysis and statistical tools, *Plants*, 2024, Vol. 13, No. 20, Art. 2853, DOI: 10.3390/plants13202853.
20. Shestibratov K.A., Baranov O.Y., Mescherova E.N. [et al.], Structure and phylogeny of the curly birch chloroplast genome, *Frontiers in Genetics*, 2021, Vol. 12, Art. 625764, DOI: 10.3389/fgene.2021.625764.
21. Yeh F.C., *POPGENE* (version 1.3. 1). Microsoft window-bases freeware for population genetic analysis, <http://www.ualberta.ca/~fyeh/>, 1999.
22. Gasmi A., Triki T., Benabderrahim M.A., Assessing phenolic and molecular diversity of *artia* (*Calligonum comosum* L.), a wild Tunisian desert plant, *South African Journal of Botany*, 2022, Vol. 151, pp. 166–174, DOI: 10.1016/j.sajb.2022.09.044.
23. Chesnokov Yu.V., Artemyeva A.M., *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya*, 2015, No. 5, pp. 571–578, DOI: 10.15389/agrobiology.2015.5.571rus. (In Russ.)

Информация об авторах:

П.А. Кузьмин, кандидат сельскохозяйственных наук
 Е.С. Лушникова, лаборант-исследователь
 И.М. Романова, инженер-исследователь

Contribution of the authors:

P.A. Kuzmin, Candidate of Agricultural Sciences
 E.S. Lushnikova, Laboratory researcher
 I.M. Romanova, Engineer researcher

Вклад авторов:

Все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.