

Kochergina Marina Vladimirovna – Associate Professor of Department of Landscape Architecture and Soil Science Federal State Budget Education Institution of Higher Education «Voronezh State University of Forestry and Technologies named after G.F. Morozov», PhD in Biology, Associate Professor, Voronezh, Russian Federation; e-mail: diamond-kmv@yandex.ru

Furmenkova Evgeniya Sergeevna – Associate Professor of Department of Landscape Architecture and Soil Science, Federal State Budget Educational Institution of Higher Education «Voronezh State University of Forestry and Technologies named after G.F. Morozov», PhD in Agriculture, Voronezh, Russian Federation; e-mail: furmenkova.eu@yandex.ru.

DOI:

УДК (577:21): (630*228)

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ СОРТООБРАЗЦОВ ТОПОЛЯ (*POPULUS L.*) НА ОСНОВЕ SSR-МАРКЕРОВ

доктор биологических наук **Т. П. Федулова**¹

кандидат биологических наук **А. М. Кондратьева**¹

кандидат биологических наук **П. М. Евлаков**¹

И. И. Марчук²

1 – ФГБУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лесной генетики, селекции и биотехнологии», г. Воронеж, Российская Федерация

2 – ФГБОУ ВО «Воронежский государственный лесотехнический университет имени Г. Ф. Морозова», г. Воронеж, Российская Федерация

Объектом исследований являлись растения 28 – ми селекционно-ценных исходных генотипов 40-летних сортоиспытательных культур тополя белого (*Populus alba L.*), тополя сереющего (*P. canescens Sm.*), представленных сортообразцами различного происхождения. Цель исследований заключалась в подборе наиболее эффективных микросателлитных праймеров для генетической идентификации селекционно-ценных генотипов тополя. Подбор высокополиморфных маркеров проводился путем тестирования группы 12 специфических SSR праймеров. Молекулярный анализ представленных образцов тополя с использованием комбинаций праймеров позволил выявить для каждого исследованного генотипа определенную комбинацию ДНК – фрагментов, отличающий его от других форм. Наибольшую эффективность в выявлении сортового полиморфизма тополя белого и сереющего показали праймерные комбинации (PMGC 2060, PMGC 2163, PMGC 2571, PMGC 2679). Процент полиморфных фрагментов, детектированных с их помощью, составил 100. По результатам микросателлитного анализа построена бинарная матрица наличия (1) / отсутствия (0) ДНК – ампликонов. По данной комбинации микросателлитных локусов на электрофореграмме обнаружено всего 106 полиморфных ДНК – фрагментов длиной от 60 до 550 п.н., по которым в дальнейшем оценивали генетические различия между сортами, видами и гибридами тополя. Наиболее полиморфными оказались образцы №№ 10 (Робуста), 17 (Ведуга), 25 (Бробантика). У них на электрофореграмме проявляется по 7 ДНК – фрагментов. Всего одна полоса (80 п.н.) обнаружена у образца №3 (вид Максимовича), что свидетельствует о его фундаментальном генетическом отличии от других генотипов. Определен уровень дивергенции между исследованными генотипами методом кластеризации. Рассчитаны генетические (евклидовы) расстояния, которые варьировали от 1,0 до 4,7. Используемые олигонуклеотидные праймеры обладают специфичностью, высоким уровнем полиморфизма и позволяют эффективно проводить идентификацию и паспортизацию образцов тополя.

Ключевые слова: тополь белый, тополь сереющий, генетический полиморфизм, генетические дистанции, SSR-маркеры, паспортизация

INVESTIGATION OF GENETIC DIVERSITY OF POPLAR VARIETY SAMPLES (*POPULUS L.*) BASED ON SSR MARKERS

DSc in Biology **T. P. Fedulova**¹

PhD in Biology **A. M. Kondratyeva**¹

PhD in Biology **P. M. Evlakov**¹

I. I. Marchuk²

1 – Federal State Budget Institution «All-Russian Research Institute of Forest Genetics, Breeding and Biotechnology», Voronezh, Russian Federation

2 – Federal State Budget Education Institution of Higher Education «Voronezh State University of Forestry and Technologies named after G.F. Morozov», Voronezh, Russian Federation

Abstract

The object of the research were 28 plants with valuable breeding genotypes of the initial 40-year-old variety-testing cultures of white poplar (*Populus alba* L.), gray poplar (*P. canescens* Sm.), presented by variety of samples of different origins. The purpose of the research was the selection of the most effective microsatellite primers for genetic identification of valuable breeding genotypes of poplar. The selection of high-polymorphic markers was conducted by testing a group of 12 SSR primers. Molecular analysis of presented poplar samples using the primer combinations allowed to reveal a particular set of DNA – fragments for every researched genotype that distinguishes it from other forms. Primer combinations (PMGC 2060, PMGC 2163, PMGC 2571, PMGC 2679) showed the highest efficiency in identifying the varietal polymorphism of white and gray poplars. The percentage of polymorphic fragments detected with their help comprised 100. Based on the results of the microsatellite analysis the binary matrix of presence (1)/ absence (0) of DNA-amplicons was plotted. For this combination of microsatellite loci in electropherogram, only 106 polymorphic DNA fragments with length from 60 to 550 BP were found, according to which the genetic differences between varieties, species and hybrids of poplar were further evaluated. The most polymorphic one were samples No. 10 (Robusta), 17 (Veduga), 25 (Brobantika). They have 7 DNA fragments, appeared on electropherogram. Only one band (80 BP) was detected in sample No. 3 (Maksimovic poplar), indicating a fundamental genetic difference from the other genotypes. The level of divergence between the studied genotypes was defined by clustering method. Genetic (Euclidian) distances are calculated, which ranged from 1.0 to 4.7. Used oligonucleotide primers have the specificity, high level of polymorphism and allow you to effectively conduct identification and certification of samples of poplar.

Keywords: white poplar, gray poplar, genetic polymorphism, genetic distances, SSR-marker, certification

Представители рода Тополь (*Populus* L.) занимают одно из первых мест среди хозяйственно-ценных древесных растений, которые широко используются для закладки плантаций целевого назначения. Плантационное лесовыращивание ориентированно на ускоренное производство древесины. Особое значение приобретает внедрение гибридных сортов и форм тополей, характеризующихся повышенной продуктивностью и устойчивостью в лесорастительных ресурсах РФ [3, 4].

Для изучения популяционных генофондов лесных древесных растений широко используются различные молекулярно-генетические методы, позволяющие оценить уровень генетического разнообразия, степень дифференциации, определить генетическую структуру популяций и др. [6]. В на-

стоящее время методы молекулярной генетики и биотехнологии все шире применяются в лесном хозяйстве для оценки и мониторинга состояния лесных генетических ресурсов, управления процессами лесовосстановления, фитосанитарного мониторинга лесных насаждений и питомников, получения селекционного посадочного материала [2].

Одним из основных методов изучения динамики состояния лесных древесных генофондов является молекулярно-генетический анализ полиморфизма ДНК. С введением молекулярных маркеров в практику биологических исследований появились новые возможности изучения генетического разнообразия, определения родства на внутривидовом и внутривидовом уровнях. Особый интерес представляют молекулярно-генетические маркеры,

информативные для установления спектра генетической изменчивости видов с сетчатым способом видообразования. Признанное лидерство принадлежит SSR-маркерам (Simple Sequence Repeats) [1, 7]. Несомненными достоинствами микросателлитного анализа являются: высокий индивидуальный полиморфизм, кодоминантный тип наследования, высокая воспроизводимость метода. Таким образом, проблема подбора высоко полиморфных микросателлитных маркеров для исследования генетического разнообразия сортов и гибридов тополя с использованием микросателлитного анализа является важной и своевременной.

Цель исследований заключалась в подборе наиболее эффективных праймеров для разработки технологии генетической идентификации селекционно-ценных генотипов тополя с использованием SSR-маркеров.

На 40-летних сортоиспытательных культурах, произрастающих в Семилукском лесопитомнике Воронежской области, нами были отобраны растения различных видов, сортов и гибридов тополя, характеризующиеся высокой сохранностью. Материалом для исследований служили растения 28 –ми селекционно-ценных сортообразцов тополя белого (*Populus alba* L.) и сереющего (*P. canescens* Sm.) различного происхождения, предоставленные к. с.-х. н. Р.П. Царёвой. Экстракция ДНК из молодых листьев распускающихся почек выполнялась с использованием разработанной методики [9]. Подбор высокополиморфных маркеров проводился

путем тестирования группы 12 специфических для тополя SSR-праймеров (ORPM 127, ORPM 344, PMGC 433, PMGC 2060, PMGC 2163, PMGC 2571, PMGC 2679, PMGC 2852, WPMS 5, WPMS 12, WPMS 14, WPMS 20), рекомендованных в работах [5, 8, 10, 11, 12].

Полимеразную цепную реакцию проводили, используя Multiplex PCR 5x Master Mix на амплификаторе ТП4-ПЦР-01-«Терцик». Праймеры были объединены по 4 в группы. Режим амплификации следующий: 95 °С – 1 минута; 40 циклов: денатурация при 95 °С – 20 секунд, отжиг при 60 °С – 1 минута, элонгация при 68 °С – 2 минуты; окончательная элонгация при 68 °С – 5 минут. Выявление продуктов ПЦР проводилось при помощи электрофореза в 3 %-ном агарозном геле.

Генетические расстояния и кластерный анализ рассчитывали с использованием программы *Statistica 6.0*.

Молекулярный анализ представленных образцов тополя с использованием трех комбинаций праймеров позволил выявить для каждого исследованного генотипа специфический набор ДНК-фрагментов, отличающий его от других форм (рис. 1-3).

По результатам микросателлитного анализа построена бинарная матрица наличия (1) / отсутствия (0) ДНК-ампликонов. Суммарный спектр продуктов амплификации, полученных в результате ПЦР-анализа сортообразцов тополя с 12 микросателлитными праймерами, состоял из 266 фрагмен-

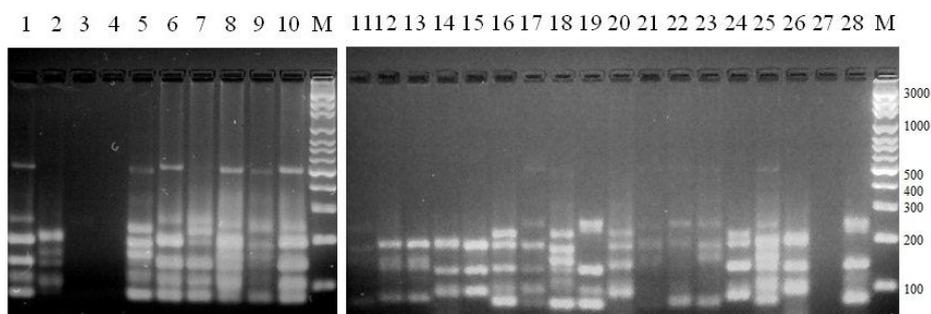


Рис. 1. Амплификация геномной ДНК тополя с праймерами PMGC 2060, PMGC 2163, PMGC 2571, PMGC 2679: 1 – Версия; 2 – Мариландика; 3 – Бриз; 4 – Стройн; 5 – Робуста; 6 – Брабантика-175; 7 – Борей; 8 – Элитный сеянец-38, обработанный мутагеном; 9 – Регенерата; 10 – Передел; 11 – Бахельери; 12 – Ведуга; 13 – Болид; 14 – Московский; 15 – Ивантеевский; 16 – Серотина; 17 – Черный э.д.-120; 18 – Робуста-195; 19 – Пионер; 20 – Волосистоплодный; 21 – Сакрау-59; 22 – Брабантика-176; 23 – Регенерата; 24 – Максимовича; 25 – Элитный сеянец-38; 26 – Душистый; 27 – Сюрприз; 28 – Степная лада, М – маркер молекулярных масс

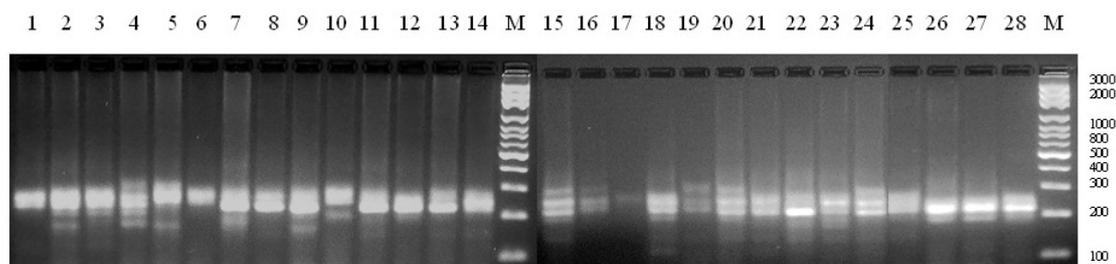


Рис. 2. Амплификация геномной ДНК тополя с праймерами WPMS 12, WPMS 14, WPMS 20, PMGC 433: дорожки 1–28 – номера исследованных сортов тополя, М – маркер молекулярных масс

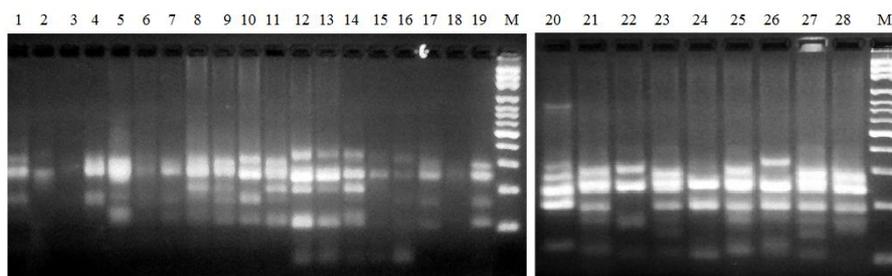


Рис. 3. Амплификация геномной ДНК тополя с праймерами PMGC 2852, WPMS 5, ORPM 127, ORPM 344: дорожки 1–28 – номера исследованных сортов тополя, М – маркер молекулярных масс

тов длиной от 60 до 750 п. н. Наибольшую эффективность в выявлении сортового полиморфизма тополя белого и сереющего показали праймерные комбинации: PMGC 2060, PMGC 2163, PMGC 2571, PMGC 2679.

Анализ 12 полиморфных микросателлитных локусов показывает отличие 28 образцов тополя друг от друга по многолокусным генотипам, что свидетельствует о надёжности применения данного набора микросателлитных маркеров для генотипирования лесосеменных плантаций и отобранного для закладки нового посадочного материала. Используемые ядерные микросателлитные локусы показали высокий уровень изменчивости для изученных видов, сортов, гибридов тополя и хорошую воспроизводимость результатов исследований.

Результаты экспериментов использованы для определения уровня дивергенции между исследованными генотипами методом кластеризации, были рассчитаны генетические (эвклидовы) расстояния, которые варьировали от 1,0 до 4,7.

В основном, у всех исследованных генотипов по 12 SSR-локусам выявлены значительные генетические расстояния D больше 2,00, что свидетельствует о том, что данные олигонуклеотидные праймеры обладают специфичностью, высоким

уровнем полиморфизма и позволяют эффективно проводить идентификацию и паспортизацию образцов тополя.

Результаты ПЦР-анализа с 12 SSR-праймерами позволили нам разделить образцы тополя на 5 дивергентных классов в соответствии с алгоритмом *Statistica 6.0* (рис. 4).

В целом, полученные нами данные согласуются с генетическим происхождением данных сортообразцов. Следует отметить, что при мультиплексном ПЦР-анализе нескольких локусов нами были получены уникальные микросателлитные профили с набором фрагментов, специфичных для каждого генотипа тополя.

Отобранные нами SSR-локусы рекомендованы для генетической паспортизации и идентификации взрослых деревьев и посадочного материала тополя. При дальнейшем массовом анализе предлагается расширение набора ядерных микросателлитных маркеров в комплексе с другими типами генетических и морфологических маркеров. С помощью подобранных микросателлитных праймеров и проведенного ПЦР-анализа установлены уникальные многолокусные генотипы исследованных образцов тополя, что позволило осуществить их идентификацию и паспортизацию.

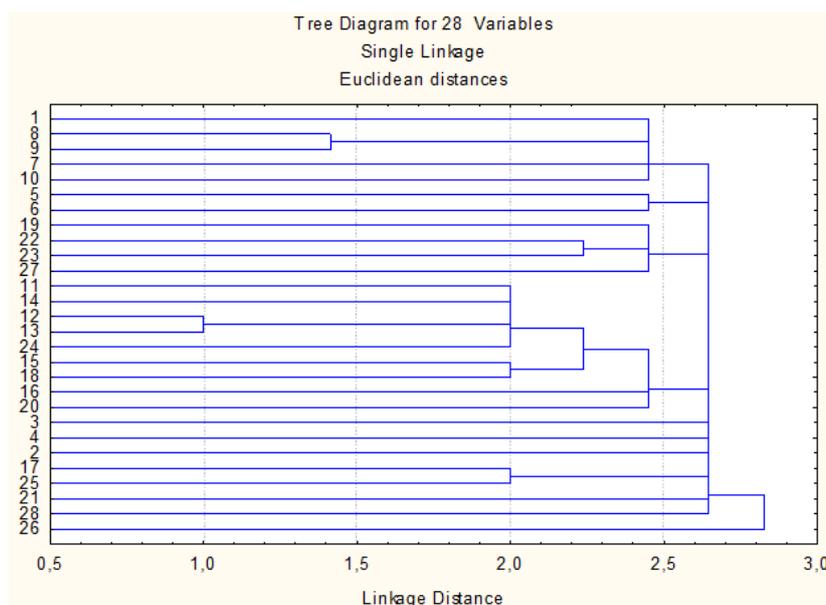


Рис. 4. Дендрограмма генетических дистанций между образцами тополя по данным SSR-анализа: 1-28 – номера образцов тополя

Библиографический список

- 1 Каган, Д.И. Популяционно-генетический анализ насаждений дуба черешчатого (*Quercus robur*: L.) юга Беларуси на основе использования RAPD-маркеров [Текст] / Д.И. Каган, О.А. Ковалевич, А.В. Матвеев // Современное состояние, проблемы и перспективы лесовосстановления и лесоразведения на генетико-селекционной основе: Материалы международ. научно-практич. конф., 10 сентября 2009 г., Гомель. – Гомель, 2009. – С. 59–63.
- 2 Падутов, В.Е. Молекулярная генетика в практике лесного хозяйства Беларуси [Текст] / В.Е. Падутов, О.Ю. Баранов, Д.И. Каган, О.А. Ковалевич, М.Я. Острикова, С.В. Пантелеев, С.И. Ивановская, Д.В. Кулагин // Молекулярная генетика в практике лесного хозяйства: состояние, проблемы и перспективы применения: Сб. докладов первого Международ. совещания-семинара Москва, 28–29 мая 2014 года. – М., 2014. – С. 4–7.
- 3 Светлакова, Т.Н. Генетическая дифференциация популяций *Populus tremula* в Пермском крае на основе ISSR-маркеров [Текст] / Т.Н. Светлакова, И.В. Бобошина, Ю.С. Нечаева, С.В. Боронникова // Аграрный вестник Урала. – 2012. – № 3 (95). – С. 11-13.
- 4 Сиволапов, А.И. Тополь сереющий, генетика, селекция, размножение [Текст] / А.И. Сиволапов. – Воронеж: ВГУ, 2005. – 157 с.
- 5 Царёв, А.П. Сортоведение тополя [Текст] / А.П. Царёв. – Воронеж: ВГУ, 1985. – 152 с.
- 6 Hussein, A.S. Efficient and nontoxic DNA isolation method for PCR analysis [Text] / A.S. Hussein, A.A. Nalbandyan, T.P. Fedulova, N.N. Bogacheva // Russian Agricultural Sciences. – 2014. – Vol. 40, Issue 3. – pp. 177–178.
- 7 Monclus, R. Integrating genome annotation and QTL position to identify candidate genes for productivity, architecture and water-use efficiency in *Populus* spp. [Text] / R. Monclus, J.-Ch. Leplé, C. Bastien, P.-F. Bert, M. Villar, N. Marron, F. Brignolas, V. Jorge // Monclus et al. BMC Plant Biology. – 2012. – no. 12. – pp. 173.
- 8 Santos-del-Blanco, L. Caracterización, mediante microsatélites nucleares, de *Populus x canescens* (Aiton) Sm. en la Cuenca del Duero (Castilla y León) [Text] / L. Santos-del-Blanco, A.I. de-Lucas, R. Sierra, E. Hidalgo // 5 Congreso Forestal Español. Montes y sociedad: saber qué hacer. – 2009. – pp. 2–9.
- 9 Santos-del-Blanco, L. Extensive Clonal Assemblies in *Populus alba* and *Populus x canescens* from the Iberian Peninsula [Text] / L. Santos-del-Blanco, A. I. de-Lucas, S.C. González-Martínez, R. Sierra-de-Grado, E. Hidalgo // Tree Genetics & Genomes. – 2012. – no. 9. – pp. 499–510.
- 10 Schoot, J. van der. Development and characterization of microsatellite markers in black poplar (*Populus nigra* L.) [Text] / J. van der. Schoot, M. Pospíšková, B. Vosman, M.J.M. Smulders // Theor. Appl. Genet. – 2000. – no. 101. – pp. 317–322.

11 Smulders, M. J. M. Natural hybridisation between *Populus nigra* L. and *P. x canadensis* Moench. Hybrid offspring competes for niches along the Rhine river in the Netherlands [Text] / M. J. M. Smulders, R. Beringen, R. Volosyanchuk, A. V. Broeck, J. van der Schoot, P. Arens, B. Vosman // *Tree Genetics & Genomes*. – 2008. – no. 4. – pp. 663–675.

12 Vendramin G.G. Molecular markers for characterizing diversity in forest trees [Text] / G.G. Vendramin, O.K. Hansen // *Conservation and management of forest genetic resources in Europe*. – Zvolen, 2005. – pp. 337–368.

References

1 Kagan D.I., Kovalevich O.A., Matveenko A.V. *Populyatsionno-geneticheskiy analiz nasazhdeniy duba cheshchhatogo (Quercus robur. L.) yuga Belarusi na osnove ispol'zovaniya RAPD-markerov* [Population-genetic analysis of pedunculate oak (*Quercus robur. L.*) stands in the south of Belarus on the basis of using RAPD-markers]. *Sovremennoe sostoyanie, problemy i perspektivy lesovosstanovleniya i lesorazvedeniya na genetiko-selektсионной основе: Materialy mezhdunarod. nauchno-praktich. konf., 10 sentyabrya 2009 g., Gomel'* [Current state, problems and perspectives of reforestation and afforestation in the genetic-selection basis: Proceedings of the International Scientific-practical. Conf. on September 10, 2009, Gomel]. Gomel, 2009, pp. 59-63. (In Russian)

2 Padutov V.E., Baranov O.Iu., Kagan D.I., Kovalevich O.A., Ostrikova M.Ya., Pantelev S.V., Ivanovskaya S.I., Kulagin D.V. *Molekulyarnaya genetika v praktike lesnogo khozyaystva Belarusi* [Molecular genetics in the practice of Belarus forestry]. *Molekulyarnaya genetika v praktike lesnogo khozyaystva: sostoyanie, problemy i perspektivy primeneniya: Sb. dokladov pervogo Mezhdunarod. soveshchaniya-seminara Moskva, 28-29 maya 2014 goda* [Molecular genetics in forestry practice: state, problems and perspectives of application: Coll. of reports of the first international meeting-seminar, Moscow, May 28-29, 2014]. Moscow, 2014, pp. 4-7. (In Russian)

3 Svetlakova T.N., Boboshina I.V., Nechaeva Iu.S., Boronnikova S.V. *Geneticheskaya differentsiatsiya populyatsiy Populus tremula v Permskom krae na osnove ISSR – markerov* [Genetic differentiation of *Populus tremula* populations in the Perm region, based on ISSR - markers]. *Agrarnyy vestnik Urala* [Agricultural Gazette of Ural], 2012, no.11, pp. 11-13. (In Russian)

4 Sivolapov A.I. *Topol' sereyushchiy, genetika, selektsiya, razmnozhenie* [Poplar grayling, its genetics, selection, reproduction]. Voronezh, 2005, 157 p. (In Russian)

5 Tsarev A.P. *Sortovedenie topolya* [Variety of poplar]. Voronezh, 1985, 152 p. (In Russian)

6 Hussein A.S. Nalbandyan A.A., Fedulova T.P., Bogacheva N.N. Efficient and nontoxic DNA isolation method for PCR analysis. *Russian Agricultural Sciences*, 2014, Vol. 40, Issue 3, pp. 177-178.

7 Monclus R., Leplé J.-Ch., Bastien C., Bert P.-F., Villar M., Marron N., Brignolas F., Jorge V. Integrating genome annotation and QTL position to identify candidate genes for productivity, architecture and water-use efficiency in *Populus* spp. Monclus et al. *BMC Plant Biology*, 2012, no. 12, p. 173.

8 Santos-del-Blanco L., de-Lucas A.I., Sierra R., Hidalgo E. Caracterización, mediante microsatélites nucleares, de *Populus x canescens* (Aiton) Sm. en la Cuenca del Duero (Castilla y León). 5 Congreso Forestal Español. Montes y sociedad: saber qué hacer, 2009, pp. 2–9.

9 Santos-del-Blanco L., de-Lucas A. I., González-Martínez S.C., Sierra-de-Grado R., Hidalgo E. Extensive Clonal Assemblies in *Populus alba* and *Populus x canescens* from the Iberian Peninsula. *Tree Genetics & Genomes*, 2012, no. 9, pp. 499-510.

10 Schoot J. van der., Pospis̃ková M., Vosman B., Smulders M.J.M. Development and characterization of microsatellite markers in black poplar (*Populus nigra* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 2000, no.101, pp. 317-322.

11 Smulders M. J. M., Beringen R., Volosyanchuk R., Broeck A.V., Schoot J. van der, Arens P., Vosman B. Natural hybridisation between *Populus nigra* L. and *P. x canadensis* Moench. Hybrid offspring competes for niches along the Rhine river in the Netherlands. *Tree Genetics & Genomes*, 2008, no.4, pp. 663-675.

12 Vendramin G.G., Hansen O.K. Molecular markers for characterizing diversity in forest trees. *Conservation and management of forest genetic resources in Europe*. Zvolen, 2005, pp. 337-368.

Сведения об авторах

Федулова Татьяна Пертовна – ведущий научный сотрудник лаборатории биотехнологии, ФГБУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лесной генетики, селекции и биотехнологии», доктор биологических наук, г. Воронеж, Российская Федерация; e-mail: biotechnologiya@mail.ru

Кондратьева Анна Михайловна – старший научный сотрудник, лаборатории биохимии, молекулярной генетики и физиологии растений, ФГБУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лесной генетики, селекции и биотехнологии», кандидат биологических наук, г. Воронеж, Российская Федерация; e-mail: kondratyeva_anya@mail.ru

Евлаков Петр Михайлович – заведующий лабораторией биохимии, молекулярной генетики и физиологии растений, ФГБУ «Всероссийский научно-исследовательский институт лесной генетики, селекции и биотехнологии», г. Воронеж, Российская Федерация; e-mail: evlakov.petr@yandex.ru

Марчук Ирина Ивановна – ассистент кафедры менеджмента и экономики предпринимательства, ФГБОУ ВО «Воронежский государственный лесотехнический университет имени Г.Ф. Морозова», г. Воронеж, Российская Федерация; e-mail: i_r_i_n_a_m_a_r_c_h_u_k@mail.ru

Information about authors

Fedulova Tatiana Pertovna – Leading Researcher, Laboratory of Biotechnology, Federal State Budget Institution «All-Russian Research Institute of Forest Genetics, Breeding and Biotechnology», DSc in Biology, Voronezh, Russian Federation; e-mail: biotechnologiya@mail.ru

Kondratyeva Anna Michailovna – Senior Researcher, Laboratory of Biochemistry, Molecular Genetics and Plant Physiology, Federal State Budget Institution «All-Russian Research Institute of Forest Genetics, Breeding and Biotechnology», PhD in Biology, Voronezh, Russian Federation; e-mail: kondratyeva_anya@mail.ru

Evlakov Peter Michailovich – Head of the Laboratory of Biochemistry, Molecular Genetics and Plant Physiology, Federal State Budget Institution «All-Russian Research Institute of Forest Genetics, Breeding and Biotechnology», PhD in Biology, Voronezh, Russian Federation; e-mail: evlakov.petr@yandex.ru

Marchuk Irina Ivanovna – Assistant of the Department of Management and Business Economics, Federal State Budget Education Institution of Higher Education «Voronezh State University of Forestry and Technologies named after G.F. Morozov», Voronezh, Russian Federation; e-mail: i_r_i_n_a_m_a_r_c_h_u_k@mail.ru

DOI:

УДК 630*176.630*18

ЛЕСОПАТОЛОГИЧЕСКОЕ СОСТОЯНИЕ ДРЕВОСТОЯ СЕВЕРНОЙ БАЙРАЧНОЙ ДУБРАВЫ БОТАНИЧЕСКОГО САДА ИМ. ПРОФ. Б.М. КОЗО-ПОЛЯНСКОГО ВОРОНЕЖСКОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО УНИВЕРСИТЕТА

доктор сельскохозяйственных наук, доцент **В. В. Царалунга**¹

кандидат сельскохозяйственных наук, доцент **А. А. Воронин**²

1 – ФГБОУ ВО «Воронежский государственный лесотехнический университет имени Г.Ф. Морозова», г. Воронеж, Российская Федерация

2 – Ботанический сад имени проф. Б.М. Козо-Полянского ФГБОУ ВО «Воронежский государственный университет», г. Воронеж, Российская Федерация

В статье показана актуальность для экологии большого города таких значительных лесных массивов, как естественные и искусственные насаждения Ботанического сада им. проф. Б.М. Козо-Полянского Воронежского государственного университета. Кратко характеризуется сам ботанический сад, его происхождение и современное состояние. Основной целью исследований было поставлено определение санитарного и лесопатологического состояния всего древостоя на одном из ключевых участков ботанического сада обозначаемого как «Северная байрачная дубрава». При проведении исследований использовались стандартные методы лесной таксации и лесопатологического обследования с