**ГЛОБАЛЬНОЕ ИЗМЕНЕНИЕ КЛИМАТА, БИОЭНЕРГИЯ И ПОПУЛЯЦИОННАЯ ЭКОГЕНОМИКА ХВОЙНЫХ** **БОРЕАЛЬНЫХ ЛЕСОВ**

**Крутовский К.В.**

Техасский АМ Университет, г. Колледж Стейшн, США [k-krutovsky@tamu.edu](mailto:k-krutovsky@tamu.edu)

Глобальное потепление и необходимость в альтернативных, возобновляемых и экологически безопасных источниках энергии значительно повышают роль хвойных бореальных лесов Сибири и популяционно-экогенетических исследований их адаптивного и экономического потенциала. Ускоряющиеся темпы глобального изменения климата могут превысить адаптационный потенциал бореальных лесов и вызвать их гибель на больших площадях. Однако некоторые лесные популяции, произрастающие в настоящее время в районах экологически близких к будущим возможным средовым изменениям, с большей вероятностью обладают необходимым потенциалом для распространения адаптации в районы с прогнозируемыми сходными экологическими изменениями, ожидаемыми в ближайшем будущем. Но фенотипическая пластичность и существующий исторически сложившийся уровень потока генов между удалёнными популяцими могут оказаться недостаточными для быстрого распространения необходимой адаптации естественным путём. В связи с этим возрастает роль природоохранных мероприятий, существенной частью которых может быть активный перенос генетически адаптированного растительного материала (пыльца, семена и саженцы) в районы, где он может быть восстребован в услових будущей среды. Современные методы популяционной экогеномики позволяют изучать основы генетические адаптации древесных видов и выявлять основные гены ответственные за важные адаптивные и хозяйственно-ценные признаки, которые могут быть использованы в дальнейшем для генной миграции управляемой человеком и для селекции признаков, таких как скорость прироста биомассы, содержания целлюлозы и т.д., важных для использования древесных в качестве биотоплива и источника биоэнергии. В качестве примера подобных популяционно-экогеномных исследований используются данные по изучению нескольких тысяч генов в популяциях лжетсуги (Pseudotsuga menziesii var. menziesii) и ладанной сосны (*Pinus taeda*) в США.

**Global Climate change, bioenergy and population ECOgenomics of conifer boreal forests**

**Krutovsky K.V.**

Department of Ecosystem Science and Management, Texas A&M University,College Station, USA [k-krutovsky@tamu.edu](mailto:k-krutovsky@tamu.edu)

Global warming and the demand for an alternative, renewable and ecologically friendly source of energy significantly increases the role of conifer boreal forests in Siberia and population ecogenomic studies of their adaptive and economic potential. The accelerating global climate change can exceed the adaptive potential of boreal forests and lead to their extinction on large areas. However, some forest tree populations growing now in the regions that have ecological conditions similar to the future changes are likely to possess an adaptive potential necessary for spreading adaptation into other regions with similar ecological conditions expected in the future. Unfortunately, phenotypic plasticity and historically established gene flow between remote populations can be insufficient for fast natural propagation of genetic adaptations. In this connection the role of conservation management and especially that of assisted migration (also called assisted colonization, managed relocation or translocation done by physically moving the plant material (pollen, seeds and seedlings) to other regions where this material is better adapted to the future environments) increases. Modern methods and tools of population ecogenomics allow to study the genetic basis of adaptation in forest tree species and detect the main genes responsible for important adaptive and economic traits that can be used in assisted gene migration and tree breeding for biomass growth, cellulose content and other traits important for bioenergy and biofuel production. The recent data on Douglas-fir (Pseudotsuga menziesii var. menziesii) and loblolly pine (*Pinus taeda*) populations studied for thousands different genes are presented to illustrate population ecogenomic studies in conifers.