



DOI: 10.22363/2312-797X-2025-20-3-344-353

EDN USWZLV

УДК 634:11:631.52

Научная статья / Research article

Маркерный отбор перспективного сортового и селекционного материала яблони

Е.В. Ульяновская  , Е.А. Чернуцкая , Т.В. Богданович ,
С.В. Токмаков , И.В. Степанов 

Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия,
Краснодар, Российская Федерация
 ulyanovskaya_e@mail.ru

Аннотация. Яблоня (*Malus × domestica* Borkh.) — ведущая сельскохозяйственная семечковая культура, одна из основных среди многолетних плодовых растений мира, коммерчески востребована и широко распространена в отрасли садоводства России, в т.ч. региона Северного Кавказа. В решении проблемы создания высококачественных российских сортов яблони с долговременным типом устойчивости к парше (основному заболеванию культуры; возбудитель — *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) значительна роль предбридинга, в т.ч. исследований, направленных на ускоренный отбор методом ДНК-маркирования ценных носителей нескольких генов *Rvi* устойчивости к парше. Цель исследования — по результатам изучения аллельного полиморфизма 15 генов устойчивости яблони к парше (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) у 33 сортовых и селекционных образцов яблони выделить источники долговременной устойчивости для усиления эффективности селекционного процесса. Исследование проводили согласно программам и методикам по сортоизучению яблони; использованы «Исследовательско-селекционная коллекция генетических ресурсов садовых культур» (ЦКП ИСК ГРСК) и ЦКП «Приборно-аналитический». Применен ДНК-маркерный анализ. Для экстракции ДНК применяли метод СТАВ в модификации Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия, что позволило вести более качественную очистку подготовленных проб ДНК от полифенольных соединений. Использованы 22 маркера для идентификации 15 генов устойчивости яблони к парше: *Rvi1*; *Rvi2*; *Rvi3*; *Rvi4*; *Rvi5*; *Rvi6*; *Rvi8*; *Rvi9*; *Rvi11*; *Rvi12*; *Rvi13*; *Rvi14*; *Rvi15*; *Rvi16*; *Rvi17*. Маркерный отбор нового сортового и селекционного материала позволил выделить носителей нескольких генов устойчивости яблони к парше, имеющих в геноме от 2 до 6 различных генов *Rvi* в разных вариантах сочетания, это носители 6 генов: *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi3*, *Rvi4*, *Rvi6*, *Rvi15* — 12/1–21–24; 5 генов в сочетаниях: *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi3*, *Rvi6*, *Rvi13* — Кармен; *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi4*, *Rvi6*, *Rvi15* — Михсан; 4 генов в сочетаниях: *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi3*, *Rvi6* — Надежное; *Rvi1*, *Rvi4*, *Rvi6*, *Rvi15* — Гайто Газданов; *Rvi1*, *Rvi3*, *Rvi6*, *Rvi8*–12/1–20–56 и др. Выделенные генотипы яблони российской селекции, в т.ч. созданные в творческом содружестве с коллегами из Всероссийского НИИ селекции плодовых культур (ВНИИСПК) и Ставропольской ОС садоводства (СОСЦ), перспективны для

© Ульяновская Е.В., Чернуцкая Е.А., Богданович Т.В., Токмаков С.В., Степанов И.В., 2025



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/legalcode>

дальнейшей селекции и ускоренного создания новых качественных, адаптивных сортов с длительным высоким потенциалом устойчивости к основному грибному патогену культуры.

Ключевые слова: сорт, гибрид, *Malus*, ген, ДНК-анализ, устойчивость к парше

Вклад авторов: Ульяновская Е.В. — разработка концепции, анализ и интерпретация данных, подготовка и редактирование текста; Чернуцкая Е.А., Богданович Т.В., Токмаков С.В., Степанов И.В. — сбор и обработка материалов, утверждение окончательного варианта статьи.

Заявление о конфликте интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

История статьи: поступила в редакцию 10 апреля 2024 г., принята к публикации 9 июня 2025 г.

Для цитирования: Ульяновская Е.В., Чернуцкая Е.А., Богданович Т.В., Токмаков С.В., Степанов И.В. Маркерный отбор перспективного сортового и селекционного материала яблони // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агрономия и животноводство. 2025. Т. 20. № 3. С. 344–353. doi: 10.22363/2312-797X-2025-20-3-344-353 EDN: USWZLV

Marker selection of promising varietal and breeding material of apple tree

Elena V. Ulianovskaya  , Evgeniya A. Chernutskaya ,
Tatyana V. Bogdanovich , Sergey V. Tokmakov , Ilya V. Stepanov 

North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking, Krasnodar,
Russian Federation
 ulyanovskaya_e@mail.ru

Abstract. Apple tree (*Malus × domestica* Borkh.) is a leading agricultural pome crop, one of the main perennial fruit plants in the world, commercially in demand and widespread in the horticultural industry of Russia, including the North Caucasus region. In solving the problem of creating high-quality domestic apple varieties with a long-term type of resistance to the scab (pathogen — *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter), the role of prebreeding, including research aimed at accelerated selection using the DNA method, is significant tagging valuable carriers of several *Rvi* scab resistance genes. The purpose of the study was to study the allelic polymorphism of 15 apple tree scab resistance genes (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) in 33 varietal and breeding samples of apple trees to identify sources of long-term resistance to increase efficiency of breeding process. The research was carried out in accordance with programs and methods for the study of apple varieties; Research and Selection Collection of Genetic Resources of Horticultural Crops and the Instrumentation and Analytical Center were used. DNA analysis methods were used in this work. For DNA extraction, a modification of the CTAB method was used, developed at North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking, allowing for better purification of DNA samples from polyphenolic compounds. The work used 22 markers to identify 15 apple scab resistance genes: *Rvi1*; *Rvi2*; *Rvi3*; *Rvi4*; *Rvi5*; *Rvi6*; *Rvi8*; *Rvi9*; *Rvi11*; *Rvi12*; *Rvi13*; *Rvi14*; *Rvi15*; *Rvi16*; *Rvi17*. Marker selection of new varietal and breeding material made it possible to identify carriers of several genes for apple tree resistance to scab, having in the genome from 2 to 6 different *Rvi* genes in different combinations. Carriers of 6 resistance genes were identified as the most promising for selection for long-term resistance to scab: *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi3*, *Rvi4*, *Rvi6*, *Rvi15*–12/1–21–24; 5 genes: *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi3*, *Rvi6*, *Rvi13* — Karmen; *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi4*, *Rvi6*, *Rvi15* — Mikhshan; 4 genes: *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi3*, *Rvi6* — Nadezhnoye; *Rvi1*, *Rvi4*, *Rvi6*, *Rvi15* — Gaito Gazdanov; *Rvi1*, *Rvi3*, *Rvi6*, *Rvi8*–12/1–20–56, etc. Identified apple genotypes of domestic breeding, including those created in creative collaboration with colleagues from the Russian Research Institute for Breeding Fruit Crops and Stavropol Experimental Horticulture Station,

promising for further breeding and accelerated creation of new high-quality, adaptive varieties with long-term high potential for resistance to the main fungal pathogen of the crop.

Key words: cultivar, hybrid, *Malus*, gene, DNA analysis, scab resistance

Authors' contribution: Ulianovskaya E.V. — concept development, analysis and interpretation of results, scientific writing; Chernutskaya E.A., Bogdanovich T.V., Tokmakov S.V., Stepanov I.V. — data collection and processing, approval of the final version of the manuscript.

Conflicts of Interest. The authors declare no conflict of interest.

Article history: received 10 April 2024; accepted 9 June 2025.

For citation: Ulianovskaya EV, Chernutskaya EA, Bogdanovich TV, Tokmakov SV, Stepanov IV. Marker selection of promising varietal and breeding material of apple tree. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*. 2025;20(3):344–353. doi: 10.22363/2312-797X-2025-20-3-344-353 EDN: USWZLV

Введение

Яблоня — важнейшая сельскохозяйственная многолетняя культура, основная среди плодовых растений мира — наиболее широко распространена в отрасли садоводства России, в т.ч. Северного Кавказа, коммерчески привлекательна, востребована и популярна у потребителей продукции плодовогодства. Основной ресурс увеличения российского производства качественной продукции ведущей плодовой культуры — селекционное обновление сортимента яблони на основе продуктивных сортов, высокоустойчивых к абиотическим и биотическим стрессорам региона возделывания [1]. На современном этапе селекционной работы необходимо сочетание в получаемых генотипах повышенных показателей адаптивности, продуктивности и качества плодов, способствующих как увеличению рентабельности и экономической эффективности промышленного производства, так и достаточно успешной конкуренции на потребительском рынке новых сортов с существующими зарубежными аналогами [2–7]. В условиях необходимости решения существующих проблем биологизации, экологизации и рационального природопользования российской отрасли садоводства перспективно создание иммунных к парше сортов яблони, позволяющих получать плоды высокой товарности с коммерчески значимыми характеристиками при общем оздоровлении экологической обстановки в саду [5, 8, 9].

Современный сортимент яблони на Северном Кавказе достаточно разнообразен и обширен. В 2024 г. Госреестр Российской Федерации селекционных достижений, допущенных к использованию (Госреестр), насчитывает по яблоне 506, а Госреестр по Северо-Кавказскому региону — 165 сортов¹. Однако значительный и достаточно разнообразный количественный состав и высокие темпы обновления сортимента яблони не решают в полной мере основную проблему необходимости создания и культивирования сортов, сочетающих высокую устойчивость к биотическим

¹ Реестр селекционных достижений. Режим доступа: <https://gossortrf.ru/registry/> (дата обращения: 22.03.2024).

и абиотическим стрессорам региона возделывания с повышенными коммерческими характеристиками плодов.

Использование современных методов оценки сортового и гибридного материала для изучения биоразнообразия и формирования идентифицированного состава генофонда рода *Malus* Mill. — основа наиболее эффективного создания качественных и адаптивных российских сортов для южного плодоводства.

Современные методы исследования генетики ведущих селекционных признаков, в т.ч. устойчивости к патогенам на долговременной основе, особенно в сочетании с повышенными показателями качества плодов, в значительной мере облегчают решение важнейших селекционных задач по созданию российских адаптивных, конкурентоспособных сортов, а также позволяют в достаточно сжатые сроки вести отбор перспективных доноров и комплексных доноров целевых хозяйственных признаков для дальнейшей селекции.

Ускорению и оптимизации ряда важнейших этапов селекционного процесса многолетних плодовых культур, в частности яблони, способствуют методы ДНК-анализа. С развитием ДНК-технологий комплексное генотипирование и фенотипирование изучаемых многолетних растений, в т.ч. яблони, идет все активнее. Процессы совмещения и интеграции многолетних селекционных данных с данными генетических исследований играют важную роль для совершенствования методов селекции яблони на основе все более активного использования маркеров, расширяя генетическое понимание важнейших признаков культуры и обеспечивая в максимальной степени доступность и высокую информативность полученных данных для ученых-селекционеров [10]. Довольно существенно сократить длительность, уменьшить трудоемкость и энергоемкость процесса селекции яблони позволяет маркерный отбор источников целевых генов и аллелей генов [11]. Применение метода ДНК-маркирования важно, как на начальном этапе селекционного процесса — для изучения и отбора наиболее ценных родительских форм, так и в дальнейшем — для выделения перспективного гибридного материала, элитных форм и новых сортов.

Цель исследования — по результатам изучения аллельного полиморфизма 15 генов устойчивости яблони к парше (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) у 33 сортовых и селекционных образцов яблони выделить источники долговременной устойчивости для усиления эффективности селекционного процесса.

Материалы и методы исследования

Объекты исследования — 33 генотипа яблони, имеющие разное эколого-географическое и генетическое происхождение.

Исследование выполнено в ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия» (СКФНЦСВВ). Научно-исследовательская работа проводилась в двух центрах коллективного пользования (ЦКП) — «Приборно-аналитический» и «Исследовательско-селекционная коллекция генетических ресурсов садовых культур» (ЦКП ИСК ГРСК), расположенная в Северо-Кавказском регионе садоводства РФ (г. Краснодар, ЗАО ОПХ «Цен-

тральное»). Образцы для выполнения ДНК-анализа отбирали на коллекционных и селекционных насаждениях яблони, произрастающих на подвое М9 по схеме 4×1 м, 2015–2017 гг. посадки.

В исследовании использовали программы и методики селекции и сортоизучения для плодовых культур (яблони)² [12]; молекулярно-генетические методы отбора ценных для дальнейшей селекции источников долговременной устойчивости яблони к парше [13; 14], метод ДНК-анализа, основанный на ПЦР с последующим электрофоретическим анализом продуктов. При этом применена выполненная в СКФНЦСВВ [15] модификация метода СТАВ на основе 1%-й концентрации поливинилпирролидона в лизирующем буфере, что сделало очистку проб ДНК от полифенольных соединений более качественной.

Использовали 22 маркера 15 генов устойчивости к парше: *Rvi1* — CH01D03 (SSR-маркер); *Rvi2* — CH02b10 (SSR-маркер); *Rvi3* — Hi08e04 (SSR-маркер); *Rvi4* — CH02c02a, CH02f06 (SSR-маркер); *Rvi5* — Hi07h02, FMACH_Vm3 (SSR-маркеры); *Rvi6* — CH-Vf1 (SSR-маркер), VfC1F+VfC2 (SCAR-маркер); *Rvi8* — OPL 19 (SCAR-маркер); *Rvi9* — CH03d01, CH05e03 (SSR-маркер); *Rvi11* — CH05e03; *Rvi12* — SSR23.17, SSR24.91 (SSR-маркеры); *Rvi13* — CH04f03, CH02b07 (SSR-маркеры); *Rvi14* — HB09 (SSR-маркер); *Rvi15* — CH02c02a, CH02f06 (SSR-маркеры); *Rvi16* — NH030a (SSR-маркер); *Rvi17* — CH-Vf1 (SSR-маркер).

В качестве положительных контролей при молекулярно-генетической идентификации аллелей ДНК-маркеров искомым генов устойчивости яблони к парше использованы сорта, видовые и гибридные формы, входящие в международный набор дифференциаторов для определения расового состава возбудителя парши: Golden Delicious — ген *Rvi1*; *Malus pumila* R12740–7A — ген *Rvi2*; Q71 (*Rvi3*); *Malus atrosanguinea* 840 (*Rvi5*); Priscilla (*Rvi6*); B45 (*Rvi8*); J34 (*Rvi9*); *M. baccata* jackii (*Rvi11*); Hansen's baccata (*Rvi12*), Durello di Forli — (*Rvi13*); Dulmener Rosenapfel — (*Rvi14*); GMAL2473 (*Rvi15*).

Результаты исследования и обсуждение

Для выявления носителей потенциальной долговременной устойчивости к парше и пополнения идентифицированной части коллекционного фонда яблони в СКФНЦСВВ исследовали 33 образца нового сортового и селекционного материала методом ДНК-маркирования. Выполнена фенотипическая оценка по комплексу основных хозяйственных, биологических и адаптивно-значимых признаков (сроки вступления в плодоношение, основные фенофазы развития, сила роста дерева, компактность кроны и тип плодоношения, устойчивость к парше, монилиоозу, мучнистой росе, филlostиктозу, устойчивость к весенним заморозкам, к засухе, регулярность плодоношения, продуктивность, качество плодов и др.). Фенотипирование позволило выделить 33 образца яблони (13 гибридов, 6 элитных форм,

² Программа Северо-Кавказского центра по селекции плодовых, ягодных, цветочно-декоративных культур и вино-града на период до 2030 года / Северо-Кавказский зональный научно-исследовательский институт садоводства и виноградарства РАСХН. Краснодар : Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, 2013. 202 с.

11 сортов российской и 3 зарубежной селекции) с сочетанием максимального количества ценных признаков для выполнения ДНК-анализа. Сформированы признаковые субколлекции. В исследуемую выборку образцов для ДНК-анализа включили новые сорта и элиты селекции СКФНЦСВВ, в т.ч. созданные совместно с коллегами из ВНИИСПК и Ставропольской ОСС (табл. 1).

Таблица 1

Происхождение нового сортового и селекционного материала яблони

Название генотипа	Страна происхождения, оригинатор	Происхождение
17/1–6–2	Россия, СКФНЦСВВ	Кармен × Gemeni
17/1–6–32	Россия, СКФНЦСВВ	Champion × Modi
17/1–6–57	Россия, СКФНЦСВВ	Liberty × Renuartsiv
17/1–6–65	Россия, СКФНЦСВВ	12/1–21–63 (Golden Delicious (4x) × 2034 [F ₂ M. floribunda × Golden Delicious]) × Modi
17/1–6–74	Россия, СКФНЦСВВ	12/1–21–63 (Golden Delicious (4x) × 2034 [F ₂ M. floribunda × Golden Delicious]) × Modi
17/2–6–9	Россия, СКФНЦСВВ	12/1–21–24 (Idared × Balsgard 0247E) × Arksharm
17/2–6–2	Россия, СКФНЦСВВ	Champion × Modi
17/1–7–2	Россия, СКФНЦСВВ	12/1–21–24 (Idared × Balsgard 0247E) × Arksharm
17/1–7–3	Россия, СКФНЦСВВ	12/1–21–24 (Idared × Balsgard 0247E) × Arksharm
17/1–7–16	Россия, СКФНЦСВВ	12/1–20–56 (Black Stayman × Prima) × Fujion
17/1–7–18	Россия, СКФНЦСВВ	12/1–20–56 (Black Stayman × Prima) × Fujion
17/1–7–26	Россия, СКФНЦСВВ	Champion × Modi
17/1–7–27	Россия, СКФНЦСВВ	Champion × Modi
12/1–20–56	Россия, СКФНЦСВВ, ВНИИСПК	Black Stayman × Prima
12/1–21–24	Россия, СКФНЦСВВ, ВНИИСПК	Idared × Balsgard 0247E
12/1–21–63	Россия, СКФНЦСВВ, ВНИИСПК	Golden Delicious (4x) × 2034 (F ₂ M. floribunda × Golden Delicious)
6–4–12	Россия, СКФНЦСВВ	44–30–7 (Welsey (4x) × Бессемянка Мичуринская) × Florina
6–6–11	Россия, СКФНЦСВВ	44–30–7 (Welsey (4x) × Бессемянка Мичуринская) × Florina
Егоровское	Россия, СКФНЦСВВ, ВНИИСПК, СОСС	Redfree × Папировка тетраплоидная
Кармен	Россия, СКФНЦСВВ, ВНИИСПК	Prima × Welsey (4x)
Багрянец Кубани	Россия, СКФНЦСВВ	Клон сорта Кубанское багряное
Ренет Платона	Россия, СКФНЦСВВ	Клон сорта Ренет Симиренко, мутационная селекция
Памяти есаулу	Россия, СКФНЦСВВ	(Розмарин × Prima) × Кандиль краснодарский
Прикубанское	Россия, СКФНЦСВВ	Red Delicious × Opalescent
Солнечное	Россия, СКФНЦСВВ	Клон сорта Celeste, мутационная селекция
Делишес Марии	Россия, СКФНЦСВВ	Delicious spur × Kidd's Orange Red, мутационная селекция
Зимнее утро	Россия, СКФНЦСВВ	Liberty × Scarlett Staymared, мутационная селекция
Михсан	Россия, СОСС, СКФНЦСВВ	Liberty × Golden Delicious

Окончание табл. 1

Название генотипа	Страна происхождения, оригинатор	Происхождение
Надежное	Россия, СКФНЦСВВ, ВНИИСПК, СОСС	Idared × Balsgard 0247E
Гайто Газданов	Россия, СОСС, СКФНЦСВВ, СПК «Де-Густо»	Golden Delicious × Liberty
Renuartsiv	Italy, C.I.V. – SOCIETA' CONSORTILE A R.L.	Серия «Sweet Resistants», получен с участием сорта Granny Smith
Honey Crisp	USA, Minnesota Agricultural Experiment Station's Horticultural Research Center	Macoun × Honeygold
Red Delicious King Roat	Italy, KIKU GmbH	Клон сорта Harpe

Источник: выполнено Е.В. Ульяновской, Е.А. Чернуцкой.

На основе метода ДНК-анализа у выделенных образцов яблони идентифицированы 15 генов: *Rvi1-Rvi6*, *Rvi8*; *Rvi9*, *Rvi11-Rvi17*, детерминирующих устойчивость к парше *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter.

Установлено, что значительная часть (42,4 %) изученной выборки образцов — это носители гена *Rvi6* устойчивости к парше. Ген *Rvi6* (ранее известный как ген *Vf*) — широко распространенный и достаточно часто используемый еще с начала XX в. в мировой селекции яблони. Изучение нового гибридного и сортового материала позволило идентифицировать в геноме 14 из 33 образцов (5 сортов и 9 элитных и отборных форм) маркеры CH-Vf1 и VfC1F+VfC2 (сцепленные с геном *Rvi6*).

Почти половина образцов — носители гена *Rvi3* (16 из 33 изученных или 48,5 %). К наиболее распространенным генам устойчивости к парше в выборке также отнесены: *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi8*, частота встречаемости их в выборке составила 42,4; 33,3 и 36,4 % соответственно. Частота встречаемости в выборке генов *Rvi4*, *Rvi15*, *Rvi13* и *Rvi14* составила 24,2; 18,2; 9,1 и 9,1 % соответственно.

Не установлено наличие 4 генов устойчивости: *Rvi5*, *Rvi11*, *Rvi12* и *Rvi16*.

Частота встречаемости генов *Rvi17* и *Rvi9* составила 6,1 и 3,0 % соответственно, поэтому данные гены устойчивости к парше можно отнести к достаточно редко встречаемым в изученной выборке.

Выделены носители нескольких генов устойчивости яблони к парше, имеющие в геноме от 2 до 6 различных генов системы *Rvi* в разных сочетаниях, ценные для дальнейшей селекции на долговременную, длительную устойчивость к патогену (табл. 2, рис.).

Таблица 2

Носители генов устойчивости яблони к парше (*Rvi*)

Наличие генов устойчивости к парше (<i>Rvi</i>)	Название генотипа
<i>Rvi1</i> , <i>Rvi2</i> , <i>Rvi3</i> , <i>Rvi4</i> , <i>Rvi6</i> , <i>Rvi15</i>	12/1–21–24
<i>Rvi1</i> , <i>Rvi2</i> , <i>Rvi3</i> , <i>Rvi6</i> , <i>Rvi13</i>	Кармен
<i>Rvi1</i> , <i>Rvi2</i> , <i>Rvi4</i> , <i>Rvi6</i> , <i>Rvi15</i>	Михсан

Окончание табл.2

Наличие генов устойчивости к парше (Rvi)	Название генотипа
Rvi1, Rvi2, Rvi3, Rvi6	Надежное
Rvi1, Rvi4, Rvi6, Rvi15	Гайто Газданов
Rvi1, Rvi3, Rvi6, Rvi8	12/1–20–56
Rvi1, Rvi2, Rvi3, Rvi8	17/1–6–57
Rvi3, Rvi4, Rvi14, Rvi15	17/1–7–3
Rvi2, Rvi3, Rvi4, Rvi6	17/1–7–16

Источник: выполнено Е.В. Ульяновской, Е.А. Чернуцкой, Т.В. Богданович.



Кармен



Гайто Газданов



Михсан



Надежное

Новые российские сорта яблони
Источник: выполнено Е.В. Ульяновской.

Необходимо отметить, что новый селекционный материал был получен от гибридизации обладающих повышенными показателями качества плодов, перспективных сортов и форм российской, западноевропейской, североамериканской, японской селекции. Достаточно высокую селекционную ценность нового селекционного материала подтверждает высокая доля (84,2 %, или 16 из 19 изученных образцов) выявленных носителей 2–4 генов устойчивости к парше. Установлено, что значительное количество носителей нескольких генов устойчивости к парше созданы путем географически отдаленной гибридизации с участием элитных форм региональной селекции и западноевропейских сортов (12/1–21–63 и *Modi*), японских (12/1–20–56 и *Fujion*) или североамериканских (12/1–21–24 и *Arksharm*); североамериканского и западноевропейского сорта (*Liberty* и *Renuartsiv*). Результаты маркерного отбора нового селекционного и сортового материала по генам устойчивости к парше перспективны для пополнения идентифицированного состава генофонда яблони и увеличения эффективности дальнейшего процесса селекции.

Заключение

Согласно полученным данным в исследуемой выборке из 33 сортов и гибридных форм яблони разного эколого-географического и генетического происхождения выявлены носители нескольких генов устойчивости яблони к парше, имеющие в геноме от 2 до 6 различных генов системы *Rvi* в разных сочетаниях. К наиболее распространенным в выборке генам устойчивости к парше среди изученных 15 генов отнесены: *Rvi3* и *Rvi6*, а также: *Rvi1*, *Rvi2*, *Rvi8*. Выделены носители: 6 генов устойчивости к парше — 12/1–21–24; 5 генов устойчивости — Кармен и Михсан; 4 генов: Надежное, Гайто Газданов, 12/1–20–56, 17/1–6–57, 17/1–7–3, 17/1–7–16, ценные для селекции на долговременную устойчивость к биопатогену.

Список литературы

1. Егоров Е.А., Шадрина Ж.А., Кочьян Г.А. Методические подходы к биологизации интенсификационных процессов (на примере промышленного плодоводства) // Плодоводство и виноградарство Юга России. 2021. № 71 (5). С. 1–22. doi: 10.30679/2219-5335-2021-5-71-1-22 EDN: FCWTET
2. Technology Transfer of Plant Biotechnology (1st ed.)/ ed. by P.M. Gresshoff. CRC Press, 2013. P. 111–125. <https://doi.org/10.1201/9780203737323>
3. Юшков А.Н., Савельева Н.Н., Земисов А.С. Новые сорта яблони для современного садоводства // Актуальные проблемы общества, экономики и права в контексте глобальных вызовов : сб. материалов XIII Междунар. науч.-практ. конф. СПб., 2022. С. 135–139. EDN: FLROIM
4. Седов Е.Н., Янчук Т.В., Корнеева С.А. Лучшие сорта яблони, созданные во ВНИИСПК для современного садоводства // Современное садоводство. 2021. № 2. С. 1–13. doi: 10.52415/23126701_2021_0201 EDN: ZHWCJP
5. Ульяновская Е.В., Беленко Е.А. Современные мировые тенденции развития селекции яблони // Труды Кубанского государственного аграрного университета. 2021. № 92. С. 177–182. doi: 10.21515/1999-1703-92-177-182 EDN: DXXRIF
6. Савельева Н.Н. Биологические и генетические особенности яблони и селекция иммунных к парше и колонновидных сортов : монография. Мичуринск, 2016. 280 с. EDN: YMNQFE
7. Юшков А.Н. Селекция плодовых растений на устойчивость к абиотическим стрессорам : монография. Мичуринск, 2019. 332 с. EDN: ZAPLZR

8. Савельева Н.Н., Лыжин А.С. Маркер-контролируемый скрининг генотипов яблони с иммунитетом к парше // *Аграрная наука*. 2019. № 3. С. 135–137. doi: 10.32634/0869-8155-2019-326-3-135-137 EDN: FGEPHK
9. Савельева Н.Н., Юшков А.Н., Земисов А.С., Борзых Н.В., Чивилев В.В., Лыжин А.С. Обеспечение стабильности устойчивости генотипов яблони к грибу *Venturia inaequalis* (Cooke) Wilt // *Биосфера*. 2022. Т. 14. № 4. С. 384–386. EDN: BNNIHQ
10. Лыжин А.С., Савельева Н.Н. Маркер-опосредованный скрининг иммунных к парше (Rvi6+Rvi4) генотипов яблони // *Плодоводство и виноградарство Юга России*. 2021. № 67 (1). С. 1–9. doi: 10.3067/2219-5335-2021-1-67-1-9 EDN: YNUIXH
11. Корнеева С.А., Седов Е.Н., Янчук Т.В., Пикунова А.В., Лаврусевич Н.Г. Конструирование новых геномов колонновидной яблони во Всероссийском НИИ селекции плодовых культур // *Аграрная наука*. 2024. № 10. С. 154–158. doi: 10.32634/0869-8155-2024-387-10-154-158 EDN: YBLSXY
12. Егоров Е.А., Еремин Г.В., Ульяновская Е.В., Луговской А.П., Заремук Р.Ш., Ильницкая Е.Т., Петров В.С. Современные методологические аспекты организации селекционного процесса в садоводстве и виноградарстве: монография. Краснодар : СКЗНИИСиВ, 2012. 569 с. EDN: PYBRHP
13. Murray M.G., Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA // *Nucleic acids research*. 1980. Vol. 10. № 19. P. 4321–4326. doi: 10.1093/nar/8.19.4321 EDN: IUOPAH
14. Patocchi A., Walser M., Tartarini S., Broggini G.A.L., Gennari F., Sansavini S., Gessler C. Identification by genome scanning approach (GSA) of a microsatellite tightly associated with the apple scab resistance gene *Vm* // *Genome*. 2005. Vol. 48. № 4. P. 630–636. doi: 10.1139/g05-036
15. Сунпун И.И. Оптимизированная методика микросателлитного генотипирования яблони и груши // *Современные методология, инструментарий оценки и отбора селекционного материала садовых культур и винограда: монография*. Краснодар, 2017. С. 188–196. EDN: ZSSSOV

Об авторах:

Ульяновская Елена Владимировна — доктор сельскохозяйственных наук, заведующая лабораторией сортоизучения и селекции садовых культур, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Российская Федерация, 350901, Краснодарский край, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, д. 39; e-mail: ulyanovskaya_e@mail.ru

ORCID: 0000-0003-3987-7363 SPIN-код: 5577-5173

Богданович Татьяна Валерьевна — кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник лаборатории сортоизучения и селекции садовых культур, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Российская Федерация, 350901, Краснодарский край, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, д. 39; e-mail: tatyanka-bogdanovich@mail.ru

ORCID: 0009-0009-9677-9891 SPIN-код: 7519-3784

Чернуцкая Евгения Анатольевна — младший научный сотрудник лаборатории сортоизучения и селекции садовых культур, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Российская Федерация, 350901, Краснодарский край, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, д. 39; e-mail: ev.belenko95@yandex.ru

ORCID: 0000-0001-5140-9891 SPIN-код: 2219-0777

Токмаков Сергей Вячеславович — кандидат биологических наук, заведующий селекционно-биотехнологической лабораторией, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Российская Федерация, 350901, Краснодарский край, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, д. 39; e-mail: ad-a-m@mail.ru

ORCID: 0000-0002-2092-7757 SPIN-код: 3196-9049

Степанов Илья Владимирович — младший научный сотрудник селекционно-биотехнологической лаборатории, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Российская Федерация, 350901, Краснодарский край, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, д. 39; e-mail: ivstepanof@gmail.com

ORCID: 0000-0002-6251-300X SPIN-код: 3968-1982