

Научная статья
УДК 634.1:631.52
doi: 10.28983/asj.y2023i9pp46-51

Оценка аллельного полиморфизма генов устойчивости яблони к парше

Елена Владимировна Ульяновская, Евгения Анатольевна Чернуцкая, Ильнур Маликович Балапанов, Сергей Вячеславович Токмаков

ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия», Краснодар, Россия

e-mail: uyanovskaya_e@mail.ru

Аннотация. В статье представлены данные молекулярно-генетического анализа по нескольким генам системы Rvi устойчивости к *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter (Rvi1, Rvi6, Rvi8, Rvi9, Rvi11, Rvi14, Rvi16, Rvi17) коллекционного и нового селекционного материала яблони (*Malus × domestica* Borkh.) различной ploidy, эколого-географического и генетического происхождения. В работе применен метод СТАВ, который модифицирован ранее в СКФНЦСВВ для более полной очистки проб ДНК при экстракции. Использованы SSR-маркеры и SCAR-маркеры, сцепленные с искомыми 9 генами: Rvi1 – CH01D03; Rvi4 – CH02c02a; Rvi6 – CH-Vf1, VfC; Rvi8 – OPL19; Rvi9, Rvi11 – CH05e03; Rvi14 – HB09; Rvi16 – NH030a; Rvi17 – CH-Vf1. Эксперимент проводили с участием 53 образцов яблони, среди которых: 17 сортов, 4 элитные и 32 гибридные формы отечественной селекции. Согласно полученным данным, в изучаемой выборке образцов к достаточно редко встречаемым отнесены гены Rvi9, Rvi16; не установлено наличие генов Rvi8, Rvi11, Rvi17. Выявлено, что среди нового селекционного материала яблони наиболее распространен ген Rvi6, частота встречаемости его составляет 62,5 %. Изучение аллельного полиморфизма нескольких целевых генов набора Rvi позволило выявить перспективные для селекционного использования образцы яблони – носители 2–3 генов устойчивости к *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter. По данным ДНК-маркирования выделены сорта и формы отечественной селекции: Заря Ставрополя, Ника, 12/2-20-75, 17/1-6-72 (носители генов Rvi1, Rvi6, Rvi14) в качестве перспективных доноров для усиления эффективности технологии селекции яблони на долговременную устойчивость к парше. Полученные данные важны для формирования идентифицированной коллекции *Malus* Mill., выделения новых ценных доноров для оптимизации ряда ключевых этапов селекционного процесса на длительную устойчивость к патогену путем пирамидирования целевых генов.

Ключевые слова: яблоня; ген; ДНК-анализ; устойчивость к парше.

Для цитирования: Ульяновская Е. В., Чернуцкая Е. А., Балапанов И. М., Токмаков С. В. Оценка аллельного полиморфизма генов устойчивости яблони к парше // Аграрный научный журнал. 2023. № 9. С. 46–51. <http://10.28983/asj.y2023i9pp46-51>.

AGRONOMY

Original article

Evaluation of allelic polymorphism of apple tree resistance genes to scab

Elena V. Uyanovskaya, Evgenia A. Chernutskaya, Ilnur M. Balapanov, Sergey V. Tokmakov

Federal State Budget Scientific Institution «North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making», Krasnodar, Russia

e-mail: uyanovskaya_e@mail.ru

Abstract. The article presents the data of molecular genetic analysis for several genes of the Rvi system of resistance to *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter (Rvi1, Rvi6, Rvi8, Rvi9, Rvi11, Rvi14, Rvi16, Rvi17) of the collection and new breeding material of the apple tree (*Malus × domestica* Borkh.) of different ploidy, ecological, geographic and genetic origin. We used the CTAB method, which was previously modified in FSBSI NCFSCHVW for more complete purification of DNA samples during extraction. SSR-markers and SCAR-markers linked to the desired 9 genes were used: Rvi1 – CH01D03; Rvi4 – CH02c02a; Rvi6 – CH-Vf1, VfC; Rvi8 – OPL19; Rvi9, Rvi11 – CH05e03; Rvi14 – HB09; Rvi16 – NH030a; Rvi17 – CH-Vf1. The experiment was carried out with the participation of 53 apple samples, including: 17 varieties, 4 elite and 32 hybrid forms of domestic breeding. According to the data obtained, the following genes were classified as quite rare in the studied sample of samples: Rvi9, Rvi16; the presence of genes has not been established: Rvi8, Rvi11, Rvi17. Revealed that among the new breeding material of the apple tree, the Rvi6 gene is the most common, its frequency of occurrence is 62.5 %. The study of the allelic polymorphism of several target genes of the Rvi set made it possible to identify promising apple



samples for breeding use – carriers of 2–3 resistance genes to *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter. According to the DNA marking data, varieties and forms of domestic breeding were selected: Zarya Stavropol'ya, Nika, 12/2-20-75, 17/1-6-72 (carriers of the Rvi1, Rvi6, Rvi14 genes) as promising donors to enhance the efficiency of apple breeding technology for long-term resistance to scab. The data obtained are important for the formation of an identified collection of *Malus Mill.*, the selection of new valuable donors to optimize a number of key stages of the breeding process for long-term resistance to the pathogen by pyramiding the target genes.

Keywords: apple tree; gene; DNA analysis; scab resistance.

For citation: Ulyanovskaya E. V., Chernutskaya E. A., Balapanov I. M., Tokmakov S. V. Evaluation of allelic polymorphism of apple tree resistance genes to scab. *Agrarnyy nauchnyy zhurnal = The Agrarian Scientific Journal*. 2023;(9):46–51. (In Russ.). <http://10.28983/asj.y2023i9pp46-51>.

Введение. В современной селекции яблони для интенсификации процесса создания сортов нового поколения значительная роль отводится сохранению и изучению биологических ресурсов, структурированию имеющейся генетической коллекции, выделению признаковых субколлекций, идентифицированных коллекций доноров хозяйственно ценных признаков, детальной характеристике наиболее ценных образцов генофонда. По мнению ряда авторов, генетические коллекции следует рассматривать как фундамент селекционной работы, накопленный банк многообразия генов [3]. Для селекционера необходимо как можно полнее использовать знания по генетике селектируемых признаков. Кроме того, трудно ожидать успеха в селекции, если исходные формы имеют мало различий по генотипу [8, 10].

Оценка полиморфизма генофонда яблони по признаку устойчивости к парше достаточно активно ведется и у нас в стране, и в мире [1, 15]. Решение проблемы получения сортов с долговременной устойчивостью к парше связано с задачей пирамидирования генов устойчивости, основанной на маркерной селекции яблони для создания так называемой «пирамиды генов» [7]. В мировой селекции яблони предложена система Rvi, объединяющая гены устойчивости к парше – от Rvi1 до Rvi20 [10, 12]. В России сохраняется эффективность устойчивости к парше на основе генов Rvi6 и Rvi7 от *Malus floribunda* 821 [4]. Однако, по мнению некоторых авторов, имеется различие по степени преодоления патогеном разных генов устойчивости к парше; существует своеобразное деление генов на «часто преодолеваемые», «иногда преодолеваемые», «редко преодолеваемые» и «не преодоленные» [12, 14]. Тем не менее, следует учитывать, что несколько «часто, иногда или редко преодолеваемых генов» данной системы могут вместе стать «не преодоленными». Поэтому оценка существующего генофонда яблони по их разнообразию и наличию важна для успеха дальнейшей селекционной работы по пирамидированию нескольких целевых генов системы Rvi для создания новых генотипов с высоким потенциалом долговременной устойчивости к патогену [14].

Цель исследований – изучение аллельного полиморфизма генов Rvi1, Rvi6, Rvi8, Rvi9, Rvi11, Rvi14, Rvi16, Rvi17 устойчивости к *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter для формирования идентифицированной коллекции *Malus Mill.* и выделения доноров для ускорения селекции яблони.

Методика исследований. НИР проводили в ФГБНУ СКФНЦСВВ согласно селекционным программам и методикам [5, 6, 9, 11]. Объекты исследований – сорта и гибриды яблони (*Malus × domestica* Borkh.) различного эколого-географического и генетического происхождения, разной ploidy. Среди 53 изученных образцов генофонда – 17 сортов, 4 элитные и 32 гибридные формы отечественной селекции. Образцы яблони для выполнения ДНК-анализа отбирали в коллекционных и селекционных насаждениях; использован ЦКП «Исследовательско-селекционная коллекция генетических ресурсов садовых культур» в АО ОПХ «Центральное» (г. Краснодар). Сады 2004–2017 гг. посадки, подвой М9, схема посадки 4×1, 5×1,5 м.

Для экстракции ДНК применен метод СТАВ [13], усовершенствованный ранее в СКФНЦСВВ для более полной очистки проб ДНК от полифенольных соединений, основанный на использовании поливинилпирролидона в 1%-й концентрации в лизирующем буфере. ПЦР проходила при следующих условиях: концентрация реактивов ПЦР смеси – буфер 1X, dNTP – 0,24 мМ, Taq 1U, SSR-праймеры (прямой и обратный) – 0,16 мкМ каждого, тотальная ДНК – 40 нг.

Для идентификации наличия генов системы Rvi использованы SSR-маркеры и SCAR-маркеры, сцепленные с искомыми 9 генами устойчивости яблони к парше: Rvi1 – CH01D03 (SSR-маркер); Rvi4 – CH02c02a (SSR-маркер); Rvi6 – CH-Vf1 (SSR-маркер), VfC (SCAR-маркер); Rvi8 – OPL19 (SCAR-маркер); Rvi9, Rvi11 – CH05e03 (SSR-маркер); Rvi14 – HB09 (SSR-маркер); Rvi16 – NH030a (SSR-маркер); Rvi17 – CH-Vf1 (SSR-маркер), табл. 1.



Краткая характеристика маркеров устойчивости к *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter

Ген	Маркер	Температура отжига	Диапазон длин фрагментов, п.н	Целевой фрагмент	Последовательность праймеров, 5'–3'
<i>Rvi1</i>	CH01D03	60	130–160	158	F: CCACTTGGCAATGACTCCTC R: ACCTTACCGCCAATGTGAAG
<i>Rvi6</i>	CH-Vf1	60	129–174	166	F: ATCACCACCAGCAGCAAAG R: CATACAAATCAAAGCACAACCC
	VfC	58	286, 646, 484	286	F: GGTTCCTCAAAGTCCAATTCC R: GTTAGCATTTTGAGTTGAC
<i>Rvi8</i>	OPL19	55	433	433	F: ACCTGCACTACAATCTTCACTAATC R: GACTCGTTTCCACTGAGGATATTTG
<i>Rvi9</i>	CH05e03	60	158–190	169	F: CGAATATTTTCACTCTGACTGGG R: CAAGTTGTTGTACTGCTCCGAC
<i>Rvi11</i>	CH05e03	60	158–190	159	F: CGAATATTTTCACTCTGACTGGG R: CAAGTTGTTGTACTGCTCCGAC
<i>Rvi14</i>	HB09	58	191–238	210	F: GCTCAAAATACTGAAGCCTTGC R: GGGGAAGCAGGATGGTTACT
<i>Rvi16</i>	NH030a	58	185–195	193	F: GCAACAGATAGGAGCAAAGAGGC R: TCCAAAGTTCAACACAGATCAAGAG
<i>Rvi17</i>	CH-Vf1	60	129–174	139	F: ATCACCACCAGCAGCAAAG R: CATACAAATCAAAGCACAACCC

Для поиска условий проведения амплификации и референсных аллелей по задействованным в проекте маркерам использована база данных HiDRAS и публикации оригинаторов маркеров. Определение размеров амплифицированных фрагментов по всем маркерам, кроме OPL19, VfC, проводили на основе фрагментного анализа на автоматизированном генетическом анализаторе Нанофор 5.0. Продукты амплификации SCAR-маркеров OPL19 и VfC идентифицировали в 2%-м агарозном геле. Обработку данных осуществляли в программе GeneMarker V3.0.1.

Результаты исследований. Метод отдаленной гибридизации имеет огромное значение в селекции яблони на устойчивость к парше. С возникновением новых рас парши в 80-х годах XX века была разработана стратегия создания сортов с различной генетической базой устойчивости [8, 16]. Пирамидирование нескольких генов системы *Rvi*, поиск их наиболее удачных сочетаний – задачи современной селекции яблони на длительную, долговременную устойчивость к парше [14]. Для этого необходима оценка имеющегося генофонда яблони на наличие целевых генов устойчивости, поиск носителей нескольких генов.

В результате фенотипирования по основным агробиологическим признакам было выделено 53 образца яблони для ДНК-анализа. Выделенные образцы обладают сочетанием максимального количества искомым ценным хозяйственным признакам. Сформированы признаковые субколлекции для выполнения ДНК-анализа, в том числе Азимут, Веста, Гранатовое, Джин, Ника, Марго, Орфей, Памяти Евдокимова, Союз и 3 элиты (селекции СКФНЦСВВ и ВНИИСПК), Любимое Дутовой (СКФНЦСВВ, ВНИИСПК, СОСС), Георгия, Заря Ставрополя, Стасовское, Ст-04-34 (СОСС, СКФНЦСВВ), Аленушкино, Луч, Память есаулу, Персиковое и 32 гибридные формы (созданы в СКФНЦСВВ).

Методом ДНК-маркирования у выделенного по комплексу хозяйственных признаков нового селекционного и ценного исходного материала яблони выполнена идентификация наличия генов *Rvi1*, *Rvi6*, *Rvi8*; *Rvi9*, *Rvi11*, *Rvi14*, *Rvi16*, *Rvi17*, детерминирующих устойчивость к *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter. Для каждого образца были получены 2 пробы ДНК – рабочая и резервная. Используются генотипы яблони из международного набора дифференциаторов как контроль (стандарт) для выявления образцов с устойчивостью к различным расам патогена: Golden Delicious (ген *Rvi1*); Priscilla (ген *Rvi6*); B45 (ген *Rvi8*); J34 (ген *Rvi9*); M. baccata jackii (ген *Rvi11*); Dulmener Rosenapfel (ген *Rvi14*). Кроме того, в качестве контроля наличия у нового селекционного материала гена *Rvi6* использовали ранее известные носители искомого гена зарубежной (Flogina) и отечественной (Орфей, Ника, Союз и др.) селекции. Общее количество генотипов яблони для ДНК-анализа вместе с сортами дифференциаторами составило 60 образцов.



По результатам ДНК-анализа выявлено, что среди нового селекционного материала яблони наиболее распространен ген Rvi6. Частота встречаемости данного гена среди гибридных форм составила 62,5 %; у 20 гибридов из 32 изученных выявлено его наличие (табл. 2). В результате оценки не только селекционного, но и сортового материала с использованием маркеров генов устойчивости к парше выявлено, что к наиболее распространенным генам в изученной выборке образцов следует также отнести гены Rvi1 и Rvi14. Изучение образцов генетической коллекции показало, что SSR-маркер CH01D03 (ген Rvi1) выявлен в геноме 18 образцов из 53, SSR-маркер HB09 (ген Rvi14) – в геноме 9 образцов (сорта Заря Ставрополя, Ника, элитная форма 12/2-20-75 и 6 гибридов). По данным ДНК-анализа частота встречаемости генов Rvi1, Rvi14 составила 33,96 и 16,98 % соответственно.

Наличия генов устойчивости к парше Rvi8, Rvi11, Rvi17 в данной выборке образцов яблони не установлено. Кроме того, к достаточно редко встречаемым следует отнести гены устойчивости к парше: Rvi9, Rvi16. Частота встречаемости их небольшая и составляет 7,55 и 1,89 % соответственно. Выявлено наличие гена Rvi9 у сортов Луч, Аленушкино, Память есаулу, Союз; наличие гена Rvi16 – у сорта Орфей.

По данным исследования выделены как наиболее перспективные для селекции на долговременную устойчивость к парше носители 3 генов устойчивости (Rvi1, Rvi6, Rvi14), гибридная форма 17/1-6-72, сорта Заря Ставрополя, Ника, элитная форма 12/2-20-75 (см. рисунок).



Сорт Ника



Элита 12/2-20-75

Генотипы яблони отечественной селекции – носители генов устойчивости к парше Rvi1, Rvi6, Rvi14

В изучаемой выборке достаточно высокий процент среди всех образцов (30,19 %) или 16 генотипов выделены как носители 2 генов системы Rvi устойчивости к парше в разных сочетаниях: Азимут, Веста, Марго, Гранатовое, элита Ст-04-34, гибридные формы 17/1-6-55, 17/1-6-56, 17/1-6-66, 17/1-6-70, 17/2-6-7, 17/2-5-19, 17/2-5-20 (Rvi1, Rvi6); гибриды 17/1-6-38, 17/1-6-49 (Rvi6, Rvi14); Союз (Rvi6, Rvi9); Орфей (Rvi6, Rvi16).

Заключение. В результате изучения нового гибридного материала и коллекционных образцов яблони выявлены перспективные для селекционного использования носители 2–3 генов устойчивости к *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter: Заря Ставрополя, Ника, 12/2-20-75, 17/1-6-72 (гены Rvi1, Rvi6, Rvi14); Азимут, Веста, Марго, Гранатовое, Ст-04-34, 17/1-6-55, 17/1-6-56, 17/1-6-66, 17/1-6-70, 17/2-6-7, 17/2-5-19, 17/2-5-20 (Rvi1, Rvi6); 17/1-6-38, 17/1-6-49 (Rvi6, Rvi14); Союз (Rvi6, Rvi9); Орфей (Rvi6, Rvi16).

Таким образом, выделенные по результатам оценки аллельного полиморфизма нескольких генов устойчивости новые генотипы яблони могут быть вовлечены в селекционный процесс для решения проблемы создания отечественных сортов с долговременной устойчивостью к парше на основе пирамидирования различных генов системы Rvi.

Исследование выполнено за счет средств гранта Российского научного фонда и Кубанского научного фонда № 22-26-20101, <https://rscf.ru/project/22-26-20101>.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Идентификация гена Val среди сортов и образцов яблони различного генетического происхождения, выращиваемых в Беларуси / О. Ю. Урбанович [и др.] // Молекулярная и прикладная генетика. 2011. Т. 12. С. 56–63.
2. Молекулярные методы в селекции яблони на устойчивость к грибным патогенам / О. Ю. Урбанович [и др.]. Минск, 2008. С. 168–170.
3. Оценка адаптивности и качества плодов сортов яблони для интенсивных садов / Н. Г. Красова [и др.] // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. 2022. Т. 183. № 4. С. 48–59.



Результаты ДНК-анализа целевых аллелей маркеров искомым генов устойчивости к парше

№	Генотип	Происхождение	Rvi1		Rvi6		Rvi8	Rvi9	Rvi11	Rvi14	Rvi16	Rvi17
			CH01 D03	CH-Vf1	CH-Vf1	VfC1F+ VfC2						
1	17/1-6-1	Кармен × Gemeni	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
2	17/1-6-31	Champion × Modi	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
3	17/1-6-33	Champion × Modi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
4	17/1-6-34	Champion × Modi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
5	17/1-6-36	Champion × Modi	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
6	17/1-6-38	Champion × Modi	-	+	+	-	-	-	-	+	-	-
7	17/1-6-42	Champion × Modi	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-
8	17/1-6-47	Champion × Modi	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-
9	17/1-6-49	Champion × Modi	-	+	+	-	-	-	-	+	-	-
10	17/1-6-52	Champion × Modi	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
11	17/1-6-55	Honey Crisp × Fujion	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
12	17/1-6-56	Liberty × Renuartsiv	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
13	17/1-6-58	Liberty × Renuartsiv	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
14	17/1-6-53	12/1-21-63 × Modi	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
15	17/1-6-66	12/1-21-63 × Modi	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
16	17/1-6-68	12/1-21-63 × Modi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
17	17/1-6-70	12/1-21-63 × Modi	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
18	17/1-6-72	12/1-21-63 × Modi	+	+	+	-	-	-	-	+	-	-
19	17/1-6-73	12/1-21-63 × Modi	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
20	17/1-6-75	12/1-21-63 × Modi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
21	17/2-6-1	12/1-21-63 × Modi	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
22	17/2-6-4	12/1-21-63 × Modi	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
23	17/2-6-7	12/1-21-63 × Modi	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
24	17/2-6-8	12/1-21-24 × Arksharm	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
25	17/2-6-10	12/1-21-24 × Arksharm	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
26	17/2-6-13	Renuartsiv × Кармен	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
27	17/2-5-14	Renuartsiv × Кармен	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-
28	17/2-5-15	Renuartsiv × Кармен	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
29	17/2-5-18	Modi × Кармен	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-
30	17/2-5-19	Modi × Кармен	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
31	17/2-5-20	Modi × Кармен	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
32	17/1-7-17	12/1-20-56 × Fujion	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Примечание: «+» – выявлено наличие целевых аллелей генов устойчивости к парше; «-» – не выявлено наличие целевых аллелей генов устойчивости к парше.



4. Пикунова А. В., Седов Е. Н. Расовый состав *Venturia inaequalis* в условиях Орловской области // Микология и фитопатология. 2019. Т. 53. № 5. С. 293–300.
5. Программа и методика сортоизучения плодовых, ягодных и орехоплодных культур. Орел, 1999. 606 с.
6. Программа Северо-Кавказского центра по селекции плодовых, ягодных, цветочно-декоративных культур и винограда на период до 2030 года. Краснодар, 2013. 202 с.
7. Савельева Н. Н. Биологические и генетические особенности яблони и селекция иммунных к парше и колонновидных сортов. Мичуринск-наукоград РФ, 2016. 280 с.
8. Седов Е. Н. Селекция и новые сорта яблони. Орел: ВНИИСПК, 2011. 624 с.
9. Современные методологические аспекты организации селекционного процесса в садоводстве и виноградарстве. Краснодар: СКЗНИИСиВ, 2012. 569 с.
10. Ульяновская Е. В., Беленко Е. А. Особенности формирования адаптивного потенциала сортов яблони в условиях юга России // Плодоводство и виноградарство Юга России. 2021. № 67(1). С. 10–27.
11. Ускоренное создание иммунных к парше сортов яблони с использованием молекулярно-генетических методов исследования / Е. В. Ульяновская [и др.]. Краснодар, 2011. 55 с.
12. Genetics of resistance in apple against *Venturia inaequalis* (Wint.) Cke. / Y. P. Khajuria et al. // *Tree Genetics & Genomes*. 2018. Vol. 14. No.16. P. 1–20.
13. Murray M.G., Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA // *Nucleic Acids Research*. 1980. Vol.10. P. 4321–4325.
14. Ten years of VINQUEST: First insight for breeding new apple cultivars with durable apple scab resistance / A. Patocchi et al. // *Plant disease*. 2020. Vol. 104. No. 8. P. 2074–2081.
15. Apple whole genome sequences: recent advances and new prospects / C. P. Peace et al. // *Horticulture Research*. 2019. Vol. 6. P. 59.
16. Testing scab-resistance stability of new resistant cultivars within the apple breeding programmes / C. Fischer et al. // *Acta Hort.* 1998. Vol. 484. P. 449–462.

REFERENCES

1. Identification of the Va1 gene among apple varieties and samples of different genetic origin grown in Belarus / O. Yu. Urbanovich et al. *Molecular and Applied Genetics*. 2011;12:56–63. (In Russ.).
2. Molecular methods in apple tree breeding for resistance to fungal pathogens / O. Yu. Urbanovich et al. Minsk; 2008. P. 168–170. (In Russ.).
3. Evaluation of the adaptability and quality of fruits of apple varieties for intensive orchards / N. G. Krasova et al. *Works on applied botany, genetics and breeding*. 2022;183(4):48–59. (In Russ.).
4. Pikunova A. V., Sedov E. N. Racial composition of *Venturia inaequalis* in the conditions of the Oryol region. *Mycology and Phytopathology*. 2019;53(5): 293–300. (In Russ.).
5. Program and methodology for the study of fruit, berry and nut crops. Orel; 1999. 606 p. (In Russ.).
6. Program of the North Caucasus Center for the selection of fruit, berry, flower and ornamental crops and grapes for the period up to 2030. Krasnodar; 2013. 202 p. (In Russ.).
7. Savelieva N. N. Biological and genetic features of the apple tree and selection of scab-immune and columnar varieties. Michurinsk-naukograd RF; 2016. 280 p. (In Russ.).
8. Sedov E. N. Breeding and new varieties of apple trees. Eagle: VNIISPK; 2011. 624 p. (In Russ.).
9. Modern methodological aspects of the organization of the selection process in horticulture and viticulture. Krasnodar: SKZNIISiV; 2012. 569 p. (In Russ.).
10. Ul'yanovskaya E. V., Belenko E. A. Features of the formation of the adaptive potential of apple varieties in the conditions of the south of Russia. *Fruit growing and viticulture of the South of Russia*. 2021;67(1):10–27. (In Russ.).
11. Accelerated development of scab-immune apple varieties using molecular genetic research methods / E. V. Ulyanovskaya et al. Krasnodar; 2011. 55 p. (In Russ.).
12. Genetics of resistance in apple against *Venturia inaequalis* (Wint.) Cke. / Y.P. Khajuria et al. *Tree Genetics & Genomes*. 2018;14(16):1–20.
13. Murray M.G., Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*. 1980;10:4321–4325.
14. Ten years of VINQUEST: First insight for breeding new apple cultivars with durable apple scab resistance / A. Patocchi et al. *Plant disease*. 2020; 104(8):2074–2081.
15. Apple whole genome sequences: recent advances and new prospects / C. P. Peace et al. *Horticulture Research*. 2019;6:59.
16. Testing scab-resistance stability of new resistant cultivars within the apple breeding programmes / C. Fischer et al. *Acta Hort.* 1998;484:449–462.

Статья поступила в редакцию 05.03.2023; одобрена после рецензирования 21.03.2023; принята к публикации 30.03.2023.

The article was 05.03.2023; approved after reviewing 21.03.2023; accepted for publication 30.03.2023.