

variability ($V = 21.4\%$) – the duration of flowering; in forms, the most stable trait was the degree of flowering ($V = 7.7\%$), and the most variable ($V = 19.4\%$) was the time of flowering.

Key words: *peach; cultivars; forms; flowering features; variability of traits*

УДК 634.1:631.52

DOI: 10.25684/0513-1634-2023-148-76-80

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И ФОРМИРОВАНИЕ ИДЕНТИФИЦИРОВАННОЙ КОЛЛЕКЦИИ ДЛЯ УСКОРЕНИЯ СЕЛЕКЦИИ ЯБЛОНИ

Елена Владимировна Ульяновская, Евгения Анатольевна Чернуцкая,
Татьяна Валерьевна Богданович, Ильнур Маликович Балапанов

ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства,
виноградарства, виноделия»,
350901, г. Краснодар, ул. 40-летия Победы, 39
E-mail: ulyanovskaya_e@mail.ru

Представлены результаты изучения генофонда яблони (*Malus × domestica* Borkh.) ФГБНУ СКФНЦСВВ по двум генам *Rvi6* и *Rvi8* устойчивости к парше (*Venturia inaequalis* (Cooke) Wint.). Цель исследования – на основе оценки генетического разнообразия *Malus* формирование и пополнение идентифицированных коллекций для повышения эффективности селекционного процесса яблони. НИР проводили согласно общепринятым программам и методикам сортоизучения многолетних плодовых растений, в работе использованы молекулярно-генетические методы исследования. На основе применения SSR-маркера *CH-Vf1* и SCAR-маркера *VfC* выделены 6 сортов – носителей гена *Rvi6* устойчивости к *Venturia inaequalis* (Cooke) Wint. Выделены ценные для селекционеры носители двух генов устойчивости к парше *Rvi6* и *Rvi8* – сорта с устойчивостью к парше отечественной селекции: Масловское, Памяти Хитрово, Спасское и американской – Priscilla.

Ключевые слова: *сорт; яблоня; селекция; иммунитет; парша*

Введение

Комплексный подход к оценке имеющегося биоразнообразия культуры яблони важен для успешной и эффективной селекционной работы [10, 12]. Поиск и вовлечение в современную технологию селекционного процесса ведущих плодовых растений ценного сортового, видового и межвидового разнообразия позволяет значительно ускорить создание образцов нового поколения, в том числе с максимальным набором целевых хозяйственных признаков [1, 2].

В настоящее время для выявления генетической детерминации значимых агробиологических признаков, в том числе определяющих устойчивость к грибным патогенам и качественные показатели плодов, важны методы ДНК-анализа [5, 11, 13]. Одним из завершающих этапов при изучении исходного и нового селекционного материала яблони признано создание идентифицированных коллекций [1, 3, 4]. Знание генетической основы селекционируемого признака позволяет создавать «пирамиды генов», что усиливает эффект селекционной работы и позволяет получить более долговременный результат [6, 9].

Цель исследования – на основе оценки генетического разнообразия *Malus* формирование и пополнение идентифицированных коллекций для повышения эффективности селекционного процесса яблони. НИР проводили согласно общепринятым программам и методикам сортоизучения многолетних плодовых растений, в работе использованы молекулярно-генетические методы исследования.

Объекты и методы исследования

Объекты исследований – генотипы яблони (*Malus × domestica* Borkh.) разной плоидности, эколого-географического и генетического происхождения. Исследования проводили в ФГБНУ СКФНЦСВВ в лабораторных и в полевых условиях на базе центра коллективного пользования «Исследовательско-селекционная коллекция генетических ресурсов садовых культур» (ЦКП ИСК ГРСК) в АО ОПХ «Центральное» в г. Краснодаре. Исследование выполнено за счет средств гранта Российского научного фонда и Кубанского научного фонда № 22-26-20101, (<https://rscf.ru/project/22-26-20101>).

В работе использованы программы и методики селекции и сортоизучения, как общепринятые, так и разработанные с участием авторов; для оценки генетического полиморфизма по целевым аллелям генов *Rvi6* и *Rvi8* применен метод СТАВ, усовершенствованный ранее в СКФНЦСВВ, позволяющий выполнить более полную очистку от полифенольных соединений подготовленных проб ДНК [7, 8, 14]. Для поиска условий проведения амплификации и референсных аллелей по маркерам использована база данных HiDRAS. Определение размеров амплифицированных фрагментов проводили на основе фрагментного анализа на автоматизированном генетическом анализаторе Нанофор 5.0. Обработку данных осуществляли в программе GeneMarker V3.0.1.

Результаты и обсуждение

Коллекционный фонд яблони ФГБНУ СКФНЦСВВ насчитывает 454 образца различного генетического, эколого-географического происхождения и разной плоидности (ди-, три- и тетраплоиды). Эколого-географическое происхождение образцов яблони разнообразно. Большинство образцов яблони (59,9%) созданы в России, включая уникальные образцы и доноры целевых хозяйственных признаков, полученные в южном регионе РФ; достаточно высокий процент генофонда (9,4%) составляют образцы, полученные в США; 7,4% – образцы, созданные в странах СНГ; 7,3% – в странах Западной Европы.

В настоящее время идентифицированный состав коллекционного фонда яблони ФГБНУ СКФНЦСВВ по наиболее распространенному в мировой геноплазме гену *Rvi6* устойчивости к парше (*Venturia inaequalis* (Cooke) Wint.) насчитывает более 165 образцов. На основе использования метода ДНК-маркирования идет постоянное увеличение идентифицированного коллекционного фонда. Оценка 19 образцов яблони, большинство из которых пополнили генофонд в последние годы, была проведена по двум генам устойчивости к парше *Rvi6* и *Rvi8*. Для идентификации наличия генов устойчивости к парше использованы SSR-маркер CH-Vf1 и SCAR-маркеры VfC и OPL19, сцепленные с искомым геном (табл. 1).

Таблица 1

Краткая характеристика использованных маркеров устойчивости к парше

Ген	Маркер	Температура отжига	Амплитуда	Целевой фрагмент	Последовательность праймеров, 5'-3'
<i>Rvi6</i>	CH-Vf1	60	129–174	159	F: ATCACCACCAGCAGCAAAG R: CATACAAATCAAAGCACAACCC
	VfC	58	286, 646, 484	286	F: GGTTTCCAAAGTCCAATTCC R: GTTAGCATTTTGAGTTGAC
<i>Rvi8</i>	OPL 19	55	433	433	F: ACCTGCACTACAATCTTCACTAATC R: GACTCGTTTCCACTGAGGATATTTG

На сегодняшний день селекция яблони на устойчивость к болезням в значительной степени зависит от генов, а также их наиболее удачных сочетаний в создаваемом генотипе. Более 20 генов устойчивости к парше было идентифицировано у видов *Malus* (*Malus floribunda* 821, *Malus baccata* jackii и др.) и у различных сортов

Malus × domestica Borkh., которые уже давно используются в качестве доноров и источников в селекции. Международный проект VINQUEST характеризует гены устойчивости к парше по степени преодолеваемости; согласно данной характеристике, ген *Rvi6* принадлежит к группе «иногда преодолеваемые», а ген *Rvi8* – к «часто преодолеваемые» [15]. Для выполнения селекционных исследований на долговременную устойчивость к парше необходимо, чтобы в генетических коллекциях присутствовали сорта с различными вариантами сочетаний нескольких генов *Rvi*.

Использование в работе двух маркеров, в том числе: SSR-маркера CH-Vf1 и SCAR-маркера VfC позволило выявить 6 образцов яблонив качестве носителей гена *Rvi6* устойчивости к *Venturia inaequalis* (Cooke) Wint., в том числе сорта отечественной селекции: 'Здоровье', 'Масловское', 'Памяти Хитрово', 'Спасское' и зарубежной – 'Priscilla', 'Luna' (табл. 2).

Согласно полученным результатам молекулярного ДНК-анализа среди 19 образцов яблони, пополнивших коллекцию, выявлено наличие генов устойчивости к парше *Rvi6* и *Rvi8* у 31,6% и 68,4% изученных образцов соответственно. Таким образом, к наиболее распространенным в выборке следует отнести ген устойчивости к парше *Rvi8*, выявленный у 13 сортов яблони: 'Августа', 'Бежин луг', 'Вита', 'Дарена', 'Желанное', 'Масловское', 'Jeromine' и др. Использование метода ДНК-маркирования позволило выделить среди изученных образцов яблони 4 носителя двух генов устойчивости к парше *Rvi6* и *Rvi8*, в том числе: сорта отечественной селекции: 'Масловское', 'Памяти Хитрово', 'Спасское' и зарубежной – 'Priscilla', созданный в США по совместной селекционной программе PRI.

Таблица 2

Результаты ДНК-анализа по целевым генам *Rvi6* и *Rvi8* в исследуемой выборке образцов генофонда ФГБНУ СКФНЦСВВ

Сорт, форма	Плоидность	Происхождение	<i>Rvi6</i>		<i>Rvi8</i>
			CH-Vf1	VfC	OPL19
'Августа'	2n=3x	Орлик × Папировка тетраплоидная	–	–	+
'Бежин луг'	2n=3x	Северный синап × Welsey tetraploid	–	–	+
'Вита'	2n=2x	Ренет Черненко × отборный сеянцем 11-1-122 (Антоновка обыкновенная × смесь пыльцы высоковитаминных сортов Желтое ребристое + Позднее сладкое)	–	–	+
'Дарёна'	2n=3x	Melba × Папировка тетраплоидная	–	–	+
'Желанное'	2n=2x	Свободное опыление сорта McIntosh	–	–	+
'Здоровье'	2n=2x	Антоновка обыкновенная × OR48T47	+	+	–
'Luna'	2n=3x	Topaz × Golden Delishes	+	+	–
'Масловское'	2n=3x	Redfree × Папировка тетраплоидная	+	+	+
'Орловская Есения'	2n=2x	[224-18 (SR 0523 × Ваяк) × 22-34-95 (814 × ПА-29-1-1-63)]	–	–	–
'Памяти Хитрово'	2n=2x	OR18T13 от свободного опыления	+	+	+
'Первинка'	2n=2x	Антоновка красноточка × SR 0523	–	–	+
'Спасское'	2n=3x	Redfree × Папировка тетраплоидная	+	+	+
'Султане'	2n=2x	Со-ор10 × Альпинист	–	–	–
'Таврия'	2n=2x	Ренет шампанский от свободного опыления	–	–	+
'Талгарское'	2n=2x	получен с участием сорта Апорт	–	–	+
'Gala'	2n=2x	Kids Orange × Golden Delishes	–	–	–
'Golden Delishes'	2n=2x	случайный сеянец неизвестного происхождения	–	–	–
'Jeromine'	2n=2x	Мутация сорта Early Red One (Erovan)	–	–	+
'Priscilla'	2n=2x	StarkingDelicious × PRI 610-2	+	+	+

Выводы

Активное использование молекулярных маркеров для отбора ценного исходного материала яблони позволяет вести селекционный процесс на качественно новом уровне, значительно сокращая его сроки и положительно влияя на его эффективность. Выделены носители двух генов устойчивости к парше *Rvi6* и *Rvi8* – сорта российской селекции: 'Масловское', 'Памяти Хитрово', 'Спасское' и зарубежной селекции 'Priscilla', перспективные для использования в селекции яблони на устойчивость к *Venturia inaequalis* (Cooke) Wint. Полученные данные перспективны для пополнения идентифицированного состава коллекционного фонда яблони и для подбора наиболее желательных комбинаций родительских пар при создании новых сортов.

Список литературы

1. Дубравина И.В., Чепинога И.С., Тихонова А.М. Выделение нового исходного материала для создания отечественных, технологичных, конкурентоспособных сортов яблони на юге России // Труды КубГАУ. – 2015. – №. 55. – С. 63-68.
2. Еремин Г.В., Дубравина И.В., Коваленко Н.Н., Гасанова Т.А. Предварительная селекция плодовых культур. Монография. – Краснодар: КубГАУ им. И.Т. Трубилина, 2016. – 335 с.
3. Заремук Р.Ш. Изучение генофонда садовых культур для селекционного совершенствования регионального сортимента // Научные труды Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия. – 2021. – Т. 31. – С. 75-80.
4. Красова Н.Г., Галашева А.М. Генколлекция яблони ВНИИСПК и ее использование в селекции // Современное садоводство. – 2015. – №. 2(14). – С. 6-11.
5. Лыжин А.С., Савельева Н.Н. Идентификация генов устойчивости к парше у сортов и гибридных форм яблони с использованием молекулярных маркеров // Плодоводство и виноградарство Юга России. – 2018. – № 53(5). – С. 1-14.
6. Лыжин А.С., Савельева Н.Н. Полиморфизм сортов яблони по локусам моногенной устойчивости к парше // Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции. – 2020. – Т. 181, № 1. – С. 64-72.
7. Программа и методика сортоизучения плодовых, ягодных и орехоплодных культур. – Орел, 1999. – 606 с.
8. Программа Северо-Кавказского центра по селекции плодовых, ягодных, цветочно-декоративных культур и винограда на период до 2030 года. – Краснодар, 2013. – 202 с.
9. Савельева Н. Н. Биологические и генетические особенности яблони и селекция иммунных к парше и колонновидных сортов: монография. – Мичуринск-научоград РФ, 2016. – 280 с.
10. Седов Е.Н. Селекция и новые сорта яблони. – Орел: ВНИИСПК, 2011. – 624 с.
11. Супрун И.И., Володин В.А., Токмаков С.В., Щербатко В.Д. Анализ аллельного полиморфизма генов *MD-EXP7* и *MD-PG1*, детерминирующих признаки качества плодов, у современных и автохтонных сортов яблони Крыма // Плодоводство и виноградарство Юга России. – 2015. – № 33(3). – С. 1-11.
12. Ульяновская Е.В., Супрун И.И., Токмаков С.В., Ушакова Я.В. Комплексный подход к отбору ценных генотипов яблони, устойчивых к стрессовым факторам среды // Плодоводство и виноградарство Юга России. – 2014. – № 25(1). – С. 11-25.
13. Khajuria Y.P., Kaul S., Wani A.A., Manoj K.D. Genetics of resistance in apple against *Venturia inaequalis* (Wint.) Sck. // Tree Genetics & Genomes. – 2018. – Vol. 14. – P. 1-20.

14. Murray M.G. and Thompson W.F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA // Nucleic Acids Research. – 1980. – Vol. 10. – P. 4321-4325.

15. Patocchi A. et al. Ten years of VINQUEST: First insight for breeding new apple cultivars with durable apple scab resistance // Plant disease. – 2020. – Vol. 104(8). – P. 2074-2081.

Статья поступила в редакцию 07.06.2023 г.

Ulyanovskaya E.V., Chernutskaya E.A., Bogdanovich T.V., Balapanov I.M. Assessment of genetic diversity and formation of an identified collection to accelerate apple breeding // Bulletin of the State Nikitsky Botanical Gardens. – 2023. – № 148. – P. 76-80.

The results of the study of the gene pool of the apple tree (*Malus × domestica* Borkh.) of the FSBSI NCFSCHVW for two genes *Rvi6* and *Rvi8* of resistance to scab (*Venturia inaequalis* (Cooke) Wint.) are presented. The purpose of the study is to form and replenish the identified collections based on the assessment of the genetic diversity of *Malus* to improve the efficiency of the apple breeding process. Research work was carried out in accordance with generally accepted programs and methods for studying cultivars of perennial fruit plants; molecular genetic research methods were used in the work. Based on the use of the SSR marker CH-Vf1 and the SCAR marker VfC, 6 cultivars carrying the *Rvi6* gene of resistance to *Venturia inaequalis* (Cooke) Wint. were isolated. Carriers of two genes of resistance to scab *Rvi6* and *Rvi8*, valuable for breeding, have been identified - varieties with resistance to scab of domestic breeding: Maslovskoe, Pamyati Khitrovo, Spasskoe and American – Priscilla.

Key words: cultivar; apple tree; breeding; immunity; scab

УДК634.37:634.1.076

DOI: 10.25684/0513-1634-2023-148-80-85

ОЦЕНКА УРОЖАЙНОСТИ НЕКОТОРЫХ СОРТОВ И ФОРМ ИНЖИРА ИЗ КОЛЛЕКЦИИ НИКИТСКОГО БОТАНИЧЕСКОГО САДА

Антон Александрович Харченко

Никитский ботанический сад – Национальный научный центр РАН»
298648, Республика Крым, г. Ялта, пгт Никита, спуск Никитский, 52

E-mail: figfruit@yandex.ru

В статье приведены многолетние данные по трем критериям продуктивности инжира (*Ficus carica* L.): количество плодов, средняя масса плодов и урожайность. Исследования проводили на базе коллекционных насаждений инжира Никитского ботанического сада – Национального научного центра с 2019 по 2022 гг. Объектами исследования являются 38 перспективных сортов и форм инжира из коллекции НБС-ННЦ. В качестве контроля взяты 3 сортоформы различных сроков созревания. На основании статистической обработки данных выявлены лучшие образцы различных сроков созревания по отдельным признакам, а также по комплексу признаков, существенно превосходящих контрольные формы: 1-2-2, Июльский, 3-3-4, 20-20. Приведена краткая агробиологическая характеристика выделенных образцов.

Ключевые слова: инжир; продуктивность; урожайность; сорт; форма

Введение

Инжир (*Ficus carica* L.) относится к ботаническому роду *Ficus* семейства тутовых. В данный род входит свыше 1000 видов. Большая часть из них тропического происхождения, преимущественно гигантские деревья или лианы. Лишь немногие виды, в числе которых инжир, растения субтропического происхождения. Из многочисленных представителей рода *Ficus* имеет значение в плодоводстве только *Ficus carica* L.