Научная статья
УДК 634.13:632.4:632.938.1
DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-o3

(cc) BY

Молекулярный скрининг коллекции груши, поддерживаемой на Майкопской опытной станции ВИР, на наличие маркеров генов устойчивости к парше

А. О. Гончаренко, Л. В. Багмет, М. Н. Петрова, О. Ю. Антонова

Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова, Санкт-Петербург, Россия

Автор, ответственный за переписку: Анастасия Олеговна Гончаренко, aogoncharenko97@gmail.com

Актуальность. Груша (*Pyrus* L.) является одной из экономически важных плодовых культур, выращиваемой в 50 странах мира. Однако сорта груши поражаются многими патогенами, в частности паршой, возбудителем которой является гриб-аскомицет рода *Venturia* Sacc. На груше описаны два вида этого рода: *Venturia nashicola* S. Tanaka & S. Yamam., поражающий азиатские груши (*P. pyrifolia* (Burm. fil.) Nakai*, P. bretschneideri* Rehder, *P. ussuriensis* Maxim.) и *Venturia pirina* Aderh., специфичный для европейской груши *P. communis* L. Применение молекулярных маркеров для отбора устойчивых к парше сортов повысит эффективность программ селекции. Целью нашей работы была апробация маркеров генов *Rvn2* и *Vnk (Rvn1),* контролирующих устойчивость к парше *Venturia nashicola*, на материале образцов коллекции Майкопской опытной станции – филиала ВИР и экспедиционных образцов. **Материалы и методы:** Изучена выборка из 255 образцов, включающая 246 сортов из коллекции Майкопской опытной станции – филиала ВИР, и девяти образцов, собранных экспедицией ВИР на Северном Кавказе в 2022 году. Основу выборки составили 152 сорта кавказской селекции, включая местные формы, вторую крупную подвыборку (61) образовали европейские сорта. Были использованы маркеры гена *Rvn2* – PSC217/XhoI и PSC234/HaeIII, и гена *Vnk (Rvn1)* – STS-OPO9/SalI и STS-OPAW13, подобранные по данным литературы. **Результаты**: Показано широкое распространение среди образцов выборки обоих маркеров гена *Rvn2* (89,4% для PSC217/XhoI и 30,9% для PSC234/HaeIII), при этом частота их встречаемости в двух основных подвыборках была примерно одинаковой. При сравнении результатов скрининга с данными по устойчивости образцов коллекции Майкопской ОС к парше груши показана низкая диагностическая ценность обоих маркеров – маркер PSC217/XhoI имел эффективность 47,2%, а маркер PSC234/HaeIII – 51,4%. Наоборот, маркеры STS-OPAW13 и STS-OPO9/SalI гена *Vnk (Rvn1)* присутствовали только у единичных сортов (семь) китайской и кавказской селекции. Последние, однако, согласно их родословным, были получены без использования местного оригинального материала. **Заключение.** В результате проведённого исследования значительной выборки образцов груши различного происхождения было показано широкое распространение в изученном материале маркеров гена *Rvn2*, которые, однако, продемонстрировали низкую эффективность и непригодны для молекулярного скрининга. Маркеры гена *Vnk (Rvn1)* были выявлены только у единичных образцов. Интерес для селекции представляет образец ‘Дан-Шансу-ли’, характеризующийся присутствием обоих маркеров гена *Vnk (Rvn1)* и , по предварительным данным, устойчивостью к парше груши.

Ключевые слова: *Pyrus* L. sp., *Venturia* Sacc, гены устойчивости, молекулярные маркеры, *Vnk (Rvn1)*, *Rvn2*

Благодарности: Работа выполнена в рамках Государственных заданий согласно тематическому плану ВИР по темам №1021032424343-9-4.4.4 FGEM-2022-0008 и №1021032424911-4-4.1.1; 4.4.4 FGEM-2022-0006

Для цитирования: Гончаренко А.О., Багмет Л.В., Петрова М.Н., Антонова О.Ю. Молекулярный скрининг коллекции груши, поддерживаемой на Майкопской опытной станции ВИР, на наличие маркеров генов устойчивости к парше. *Биотехнология и селекция растений.* 2025;8(2):. DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-o3

Прозрачность финансовой деятельности: Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

© Гончаренко А.О., Багмет Л.В., Петрова М.Н., Антонова О.Ю., 2025

Original article
DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-o3

Molecular screening of the pear collection maintained at the Maikop Experiment Station of VIR for scab resistance gene markers

Anastasiia O. Goncharenko, Larisa V. Bagmet, Marina N. Petrova, Olga Yu. Antonova

N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources, St. Petersburg, Russia

Corresponding author: Anastasiia O. Goncharenko, aogoncharenko97@gmail.com

Background: Pear (*Pyrus* sp.) is one of the economically important fruit crops grown in 50 countries worldwide. However, pear cultivars are affected by many pathogens, including scab caused by the ascomycete fungus belonging to the genus *Venturia* Sacc. The two pear-damaging species of this genus are *Venturia nashicola* S. Tanaka & S. Yamam. that affects Asian pears (*P. pyrifolia* (Burm.fil.) Nakai*, P. bretschneideri* Rehder, *P. ussuriensis* Maxim.), and *Venturia pirina* Aderh. that affects specifically the European pear *P. communis* L. The use of molecular markers for the selection of scab-resistant varieties will improve the efficiency of breeding programs. The aim of this work was to test the markers of the *Rvn2* and *Vnk (Rvn1)* genes, which control scab resistance to *Venturia nashicola*, using the material from the collection maintained at the Maikop Experiment Station, and accessions from a collecting mission. **Materials and methods:** A sample of 255 accessions was studied, including 246 cultivars from the collection of the Maikop Experiment Station, and nine accessions from the VIR collecting mission to the North Caucasus in 2022. The basis of the sample were 152 cultivars of Caucasian origin, including local forms; the second large subsample (61) was made up of European cultivars. The research used the markers of the *Rvn2* gene – PSC217/XhoI and PSC234/HaeIII, and of the *Vnk (Rvn1)* gene – STS-OPO9/SalI and STS-OPAW13, selected from the literature. **Results:** A wide distribution of both markers of the *Rvn2* gene among the accessions was shown (89.4% for PSC217/XhoI and 30.9% for PSC234/HaeIII), while the frequency of their occurrence among the two main subsamples was approximately the same. When comparing the molecular screening results with the data on the accessions resistance to pear scab, a low diagnostic value of both markers was shown – the PSC217/XhoI marker had an efficiency of 47.2%, and that of the PSC234/HaeIII marker was 51.4%. On the contrary, the STS-OPAW13 and STS-OPO9/SalI markers of the *Vnk (Rvn1)* gene were present only in single cultivars (seven) bred in China and the Caucasus. However, according to their pedigrees, the latter ones were created without the use of original local material. **Conclusion**. The study of a large sample of pear accessions has shown a wide distribution of *Rvn2* gene markers in the studied material, which, however, demonstrated low efficiency and are unsuitable for molecular screening. The *Vnk (Rvn1)* gene markers were detected only in few accessions. Of interest for breeding is the Chinese cultivar 'Dan-Shansu-li', which has both markers of the gene *Vnk (Rvn1),* and exhibits resistance to pear scab.

Keywords: *Pyrus* L. sp., *Venturia* Sacc, resistance genes, molecular markers, *Vnk (Rvn1)*, *Rvn2*

Acknowledgements: The research was carried out according to the State Assignment to VIR, Topics No. 1021032424343-9-4.4.4 FGEM-2022-0008 and No. 1021032424911-4-4.1.1; 4.4.4 FGEM-2022-0006

For citation: Goncharenko A.O., Bagmet L.V., Petrova M.N., Antonova O.Yu. Molecular screening of the pear collection maintained at the Maikop Experiment Station of VIR for scab resistance gene markers. *Plant Biotechnology and Breeding.* 2025;8(2):. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-o3

Financial transparency: The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Goncharenko A.O., Bagmet L.V., Petrova M.N., Antonova O.Yu., 2025

Введение

Груша является одной из важнейших плодовых культур умеренной климатической зоны, ее выращивают не менее чем в 50 странах мира (Bell, 1991). Род *Pyrus* L насчитывает по крайней мере 22 вида. (Potter, 2007; Li et al., 2022), из них в западных странах в основном культивируется вид *Pyrus communis* L. (груша обыкновенная), тогда как в азиатских странах представлены такие виды как *P. pyrifolia* (Burm. fil.) Nakai (груша грушелистная или японская), *P. bretschneideri* Rehder (груша Бретшнейдера или китайская белая груша), *P. ussuriensis* Maxim. (груша уссурийская) и *P.* × *sinkiangensis* T.T. Yu (груша Синьцзяна) (Bell, 1991; Li et al., 2022). Эти виды различаются между собой по ряду морфологических признаков (форма кроны, форма плодов и листьев) и по устойчивости к различным патогенам (Verma, Sharma, 1999; Abe et al., 2008; Brewer et al., 2009; Won et al., 2014).

Парша относится к наиболее опасным заболеваниям груши в коммерческих садах по всему миру. Возбудителем является гриб-аскомицет, принадлежащий к роду *Venturia* Sacc. На груше были описаны два вида этого рода: *Venturia nashicola* S. Tanaka & S. Yamam., поражающий азиатские груши (например *P. pyrifolia P. bretschneideri*, *P. ussuriensis*) и *Venturia pirina* Aderh., специфичный для европейской груши *P. communis* (Langford, Keitt, 1942; Tanaka, Yamamoto, 1964). Ранее некоторые исследователи считали *V. nashicola* синонимом *V. pirina* (Shabi, 1990), однако повторное изучение показало, что *V. nashicola* отличается от *V. pirina* по ряду морфологических и культуральных признаков и по патогенетическим свойствам (Ishii, Yanase, 2000).

Оба вида грибов-патогенов относятся к тому же роду, что и возбудитель парши яблони *Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter (Bouvier et al., 2012). Однако, в отличие от имеющихся знаний о парше яблони, исследования устойчивости груши к парше всё ещё находятся на ранней стадии (Sokolova, Moročko-Bičevska, 2021). У яблони было идентифицировано 20 генов устойчивости к парше – от *Rvi1* до *Rvi20* (Khajuria et al., 2018). У груши на данный момент описано только семь генов и несколько QTL устойчивости (Bus et al., 2004; Pierantoni et al., 2007; Won et al., 2014).

Выращиваемые в настоящее время сорта груши имеют различную степень восприимчивости к парше (Shabi, 1990; Postman et al., 2005; Chevalier et al., 2008; Sugar, Hilton, 2011; Sokolova et al., 2014; Sokolova, Moročko-Bičevska, 2021). Устойчивость прежде всего зависит от происхождения сортов, поскольку европейские сорта невосприимчивы к *V. nashicola*, а азиатские сорта, наоборот, к *V. pirina*.

Устойчивость европейских груш к *V. pirina* остается в значительной степени неизученной, поскольку исследования разнообразия и вирулентности штаммов этого патогена ограничены. Кроме того, восприимчивость, скорее всего, тесно связана со структурой местных популяций патогена – сорт может быть устойчивым в одной географической области, но восприимчивым в другой (Brown, 1960; Shabi et al., 1973).

Одним из немногих устойчивых европейских сортов является сорт ‘Navara’, у которого идентифицирован ген *Rvp1*. Ген локализован в группе сцепления LG2 между SSR-маркерами CH02b10 и CH05e03, ближе к CH02b10 (Bouvier et al., 2012). Эти маркеры ассоциированы также с группой сцепления LG2 генома яблони. Известно, что данная область несет кластер генов устойчивости к парше (*Rvi2, Rvi8, VT57, Rvi11*) (Bus et al., 2005a; b; Gygax et al., 2004; Calenge et al., 2004) и несколько QTL устойчивости (Bus et al., 2004). Ген *Rvp1* вызывает симптомы звездчатого некроза, которые похожи на те, что описаны для генов яблони *Rvi2* и *Rvi8* (Hemmat et al., 2002; Bus et al., 2005a; b).

В работе L. Pierantoni с соавторами (2007) установлено два предполагаемых QTL устойчивости к *V. pirina* в группах сцепления LG3 и LG7 на европейском сорте ‘Abbé Fetel’ (Pierantoni et al., 2007). К сожалению, насколько нам известно, молекулярные маркеры к этим QTL и к гену *Rvp1* пока не разработаны.

Генов устойчивости к *V. nashicola* у груши известно больше, что в первую очередь связано с активной работой в этой области корейских и японских исследователей. Основные коммерческие сорта японской груши *P. pyrifolia* обычно поражаются *V. nashicola* (Ishii et al., 1992), однако существуют и устойчивые формы – никаких симптомов парши не наблюдали на местном сорте ‘Kinchaku’ японской груши и на сортах ‘Hong Li’ и ‘Mili’ *P. bretschneideri* (Ishii et al., 1992).

Первым геном, описанным как обеспечивающим высокую устойчивость к *V. nashicola* у межвидовых гибридов с участием европейской груши, был ген *Vn* (Abe et al., 2000). Позднее K.H. Cho с соавторами выявили еще один ген – *Rvn2*, унаследованный от европейского сорта ‘Bartlett’, и картировали его в группе сцепления LG2 дистальнее от SSR-маркера CH05e03, то есть рядом с описанным выше геном *Rvp1* (Cho et al., 2009). Для идентификации функциональных аллелей гена *Rvn2* были разработаны CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) маркеры PSC217/XhoI и PSC234/HaeIII (Cho et al., 2009). При этом было показано, что маркер PSC217/XhoI расположен рядом с геном *Vn,* на основании чего был сделан вывод об идентичности обоих генов (Bouvier et al., 2012).

Позднее группой ученых (Terakami et al., 2006) у сорта японской груши ‘Kinchaku’ был идентифицирован ген *Vnk* (*Rvn1*), расположенный в группе сцепления LG1 рядом с SSR-маркерами PS12A02, NH013a, CH-Vf2, AG04, Hi02c07. Сопоставление результатов картирования этих маркеров в геномах яблони и груши показало, что ген *Vnk* (*Rvn1*) расположен проксимальнее геномной области, несущей ген устойчивости к парше яблони *Rvi6* (Bouvier et al., 2012). Для выявления гена *Vnk* (*Rvn1*) были разработаны маркеры STS-OPO9/SalI и STS-OPAW13

(Terakami et al., 2006).

В работе S. Oh с соавторами (Oh et al., 2021) по изучению межвидового гибрида ‘Greensis’, полученного от скрещивания ‘Whangkeumbae’ (*P. pyrifolia*) и ‘Bartlett’ (*P. communis*), был идентифицирован новый ген устойчивости к *V. nashicola* – *Rvn3*. В отличие от генов *Vnk* (группа сцепления LG1) и *Rvn2* (LG2), ген *Rvn3* локализован на хромосоме LG6. Рядом с ним на расстоянии 2,5 cM идентифицирован SSR-маркер HB09 (Oh et al., 2021), с которым также тесно сцеплен ген устойчивости к парше яблони *Rvi14* (Soufflet-Freslon et al., 2008). Таким образом, *Rvn3* может быть ортологом гена *Rvi14* (Oh et al., 2021). SSR-маркер HB09 позиционируется как маркер гена *Rvn3*, однако данных о размерах ассоциированных с доминантным аллелем гена фрагментов в своих публикациях авторы не приводят, поэтому маркер не пригоден для практического проведения маркер-вспомогательного отбора (MAS, англ. marker-assisted selection).

У китайской груши ‘Hong Li’ устойчивость к парше (*V. nashicola*), определяется ещё одним доминантным геном *Rvn4,* картированным в дистальном районе группы сцепления LG7. Авторами был разработан SSR-маркер Pbr.chr07.20, тесно сцепленный (1,3 cM) с *Rvn4* (Terakami et al., 2023).

Недавно корейскими учеными (Won et al., 2024) у межвидового гибрида P019R045T042 (PEAR1) методами ДНК-микрочипирования и GBS (genotyping-by-sequencing) идентифицированы и картированы еще два гена устойчивости к *V. nashicola* – *Rvn5* (группа сцепления LG7) и *Rvn6* (LG10). Интересно, что ранее (Won et al., 2014) у этого же гибрида были идентифицированы несколько QTL устойчивости к другому виду патогена – *V. pirina* (группы сцепления LG7, LG10 и LG17), то есть PEAR1 обладает комплексной устойчивостью. QTL в группе сцепления LG7 обеспечил устойчивость одновременно к трем изолятам *V. pirina,* и авторы считают его наиболее перспективным для вовлечения в селекцию. Интересен также QTL в группе сцепления LG7, поскольку он расположен в ортологичной геномной области этой хромосомы, где ранее был картирован QTL широкого спектра действия, придающий устойчивость к *V. pirina* у европейской груши ‘Abbé Fétel’ (Pierantoni et al., 2007).

Еще несколько QTL устойчивости к *V. pirina* были выявлены у другого межвидового гибрида PEAR2. При этом QTL PEAR2 в группе сцепления LG2 расположен в области, в которой картированы другие гены устойчивости к парше – *Rvp1*, выявленный у сорта ‘Navara’, *Rvn2* – у сорта ‘Bartlett’, а также многие гены устойчивости к *V. inaequalis* у яблони (Bus et al., 2004; 2011; Cho et al., 2009; Bouvier et al., 2012).

Коллекция груши, поддерживаемая на Майкопской опытной станции – филиале ВИР, в настоящее время насчитывает более 1000 образцов, в ней представлено 30 видов рода *Pyrus* из основных центров произрастания, в том числе 27 образцов азиатских груш *P. pyrifolia* (груша японская)*, P. bretschneideri* (груша Бретшнейдера или китайская белая груша) и *P. ussuriensis* (груша уссурийская). Особый интерес представляют собой местные сорта Кавказа и Крыма, в том числе так называемые черкесские груши.

Феномен черкесских садов состоит в том, что адыги не разводили их на открытых пространствах, а превращали в сады близлежащие горные леса, прививая культурные формы на дикорастущие деревья. Черкесские лесосады до сих пор сохранились в районах Черноморского побережья Кавказа, также их можно встретить на северных склонах Кавказского хребта. Черкесские груши отличаются долговечностью (встречаются отдельные экземпляры возрастом 100-150 лет), высоким ростом, высокой урожайностью и вкусовыми качествами, а также устойчивостью к болезням и вредителям сельскохозяйственных растений. Н.А. Тхагушев (2008) отмечает, что сеянцы адыгских сортов груши по степени приспособленности не уступают диким формам и для селекционеров являются ценным исходным материалом (Thagushev, 2008).

Целью нашей работы было апробировать известные маркеры генов устойчивости к парше на материале коллекции груши, поддерживаемой на Майкопской опытной станции, и, по возможности, оценить своеобразие местных кавказских сортов по признаку распространения этих маркерных локусов.

Материалы и методы

Материалом для скрининга послужили 246 образцов груши из коллекции Майкопской ОС – филиала ВИР, в том числе 236 сортов и 10 образцов гибридных и мутантных форм. Образцы выборки принадлежали к шести различным видам: *Pyrus bretschneideri*, *P. caucasica* Fed., *P. communis*, *P. elaeagrifolia* Pall., *P. pyrifolia, P. ussuriensis.* Дополнительно были изучены девять образцов груши *P. caucasica, P. communis*, собранных в рамках экспедиции ВИР по Северному Кавказу.

Основу выборки составили 64 местных кавказских сорта народной селекции и 79 сортов, созданных в различных селекционных учреждениях Кавказского региона. Вместе с экспедиционными образцами подвыборка кавказских сортов насчитывала 152 образца. Другая крупная подвыборка была сформирована 61 сортом европейской селекции. Кроме того, было изучено 42 сорта иного происхождения, в том числе 17 крымских сортов и 6 сортов селекции Китая. Полный состав выборки (суммарно 255 образцов) приведен в Приложении/Supplement[1].

Для получения препаратов ДНК использовали листья или почки побегов. Применяли модифицированный метод CTAB-экстракции (Antonova et al., 2020), при

[1] Приложение доступно в онлайн версии статьи/ The supplement is available in the online version of the paper: DOI: 10.30901/2658-6266-2025-2-o3

наличии полифенольных загрязнений растительные ткани предварительно обрабатывали буфером на основе сорбитола [100 мМ трис-HCl, pH=8,0; 0,35 М сорбитол; 5 мМ ЭДТА, pH=8,0; 1% PVP (поливинилпирролидон); 1% β-меркаптоэтанол] (Inglis et al., 2018).

Молекулярный скрининг. Праймеры для работы (табл. 1) были подобраны на основании анализа литературы. Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) осуществляли в 20 мкл реакционной смеси состава: 40 нг геномной ДНК, 1x реакционный буфер (Синтол, Кат. №В-009), 2,0 мМ $MgCl_2$, 0,4 мМ каждого из dNTP's, по 0,1 мкМ прямого и обратного праймеров, 1 е.а. (=ед. активности) Taq-полимеразы (Синтол, Россия). Программы ПЦР соответствовали указанным в публикациях (Terakami et al., 2006; Cho et al., 2009).

Рестрикцию ПЦР-продуктов проводили в течение ночи по протоколу фирмы-изготовителя ферментов (СибЭнзим, Россия). Вместо эндонуклеазы рестрикции Xho I был использован её изошизомер Sfr274 I.

После рестрикции полученные фрагменты разделяли путем электрофореза в 2% агарозном геле, окрашенном бромистым этидием, в буфере 1 × TBE при напряжении в камере 5 V/см. Были использованы маркеры молекулярного веса ДНК GeneRuler Low Range DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, США) и ДНК Step 100 Long (Biolabmix, Россия). Для визуализации использовали систему Gel-Doc XR (Bio-Rad, США).

Статистические методы. Для сопоставления частоты встречаемости маркеров использовали точный тест Фишера (Fisher, 1922).

Анализ диагностической эффективности маркеров определяли как отношение сортов с правильно прогнозируемым результатом: устойчивые генотипы с маркером и поражаемые без маркера – к общему числу сортов.

Результаты

В нашем исследовании был проведен молекулярный скрининг на наличие маркеров генов устойчивости к парше обширной выборки: 255 образцов груши. Мы изучили полиморфизм четырех маркерных локусов двух генов устойчивости – *Vnk* (*Rvn1*) и *Rvn2* (см. табл. 1). Значительную часть выборки, 152 образца или 59,6%, составляли сорта кавказского происхождения, в том числе восемь образцов *Pyrus caucasica* и один образец *P. communis*, которые были собраны в ходе экспедиции по Северному Кавказу в 2022 году. Результаты анализа для каждого образца представлены в Приложении/ Supplement.

Маркеры гена *Rvn2*. Для гена *Rvn2* мы изучили два тесно сцепленных с ним CAPS-маркера: PSC217/XhoI и PSC234/HaeIII. Праймеры PSC217 и PSC234 у устойчивых генотипов генерируют ПЦР-продукты, расщепляющиеся соответственно рестриктазами XhoI и HaeIII (Cho et al., 2009).

Присутствие маркера PSC217/XhoI (рис. 1a) было выявлено у подавляющего числа образцов выборки – 89,4 % (табл. 2). Две основные подвыборки, сорта кавказской и европейской селекции, по частоте распространения маркера, 90,1% и 93,4%, соответственно, статистически не различались – при сравнении по критерию Фишера P=0,171. Наиболее редко маркер встречался у китайских сортов (50,0%).

Другой маркер этого гена (рис. 1b, см. табл. 2) – PSC234/HaeIII – присутствовал в выборке значительно реже (30,9%). Интересно, что за исключением трех образцов: 'Кушки Джахар', 'Русалка' и 'Сокровище' – он всегда встречался вместе с маркером PSC217/XhoI. Наоборот, маркер PSC217/XhoI часто выявлялся отдельно (152 образца), в том числе, только этот маркер был обнаружен у семи (77,8%) образцов из заброшенных черкесских садов.

Присутствие обоих маркеров одновременно было выявлено всего у 76 образцов, большинство из которых – 52 образца, то есть 68,4% от числа образцов с двумя маркерами – имели кавказское происхождение. При сравнении двух основных подвыборок статистически значимых различий в частоте встречаемости обоих маркеров также выявлено не было (P=0,027).

Маркеры гена *Vnk (Rvn1)*. В процессе анализа экспериментальной выборки мы обнаружили не менее шести вариантов ПЦР-продуктов амплификации с использованием праймеров STS-OPAW13 различной длины (рис. 2a), причем часть из них по размерам (~600-650 пн) была близка к диагностическому фрагменту 714 пн. Для точного определения длин маркерных фрагментов потребовалось проводить длительный электрофорез в течение 4-5 часов. Следует отметить, что авторы праймеров (Terakami et al., 2006) при анализе расщепляющейся популяции выявляли только два варианта ПЦР-продуктов – диагностический фрагмент 714 пн и ассоциированный с поражаемостью фрагмент ~500 пн. Очевидно, что большое число ПЦР-продуктов в случае нашего исследования было связано с разнообразием изучаемой выборки.

Маркер STS-OPAW13$_{714}$ присутствовал только у пяти сортов, что составляет 2% от привлеченных в анализ образцов. Из них два образца ('Восточная Золотистая' и 'Октава') относились к сортам кавказской селекции, и еще три происходили из Китая (50% изученных китайских сортов). Однако сорта кавказской селекции, имеющие маркерные фрагменты, не относились к местным черкесским и Северо-Кавказским формам – оба они были получены на Майкопской ОС с участием европейских сортов. Сорт 'Октава' ('Marguerite Marilla' × 'Реале Туринская') имеет в родословной старый сорт 'Реале Туринская' с неустановленным происхождением. Сорт 'Восточная золотистая' (*P. pyrifolia* × 'Gnocco') является межвидовым гибридом с участием возделываемого в Азии вида *P. pyrifolia*; не исключено, что маркерные фрагменты STS-OPAW13 получены именно от него.

Другой маркер этого же гена – STS-OPO9/SalI – встречался у трех образцов выборки (1,2%), два из которых, 'Дан-шансу-ли' и 'Су-ли', относились к китай-

ским сортам, а образец ‘Душистая’ являлся межвидовым гибридом *P. ussuriensis* var. *aromatic* (=*P. ussuriensis*) × ‘Триумф Пакгама’ (‘Packham’s Triumph’). Поскольку сам сорт ‘Триумф Пакгама’ поражается паршой груши (Villalta et al., 2005), можно предположить, что маркер также получен от дальневосточного вида.

Таблица 1. Использованные в работе маркеры генов устойчивости к парше груши

Table 1. Markers of pear scab resistance genes used in the work

Ген/ Gene	Маркер/ Marker	Последовательность праймеров (5’ → 3’)/ Primer sequence (5’ → 3’)	Эндонуклеаза рестрикции/ Restriction endonuclease	T°m, (°C)	Размер диагностических фрагментов (пн)/ Diagnostic fragment size (bp)	Авторы/ Authors
Vnk (*Rvn1*)	STS-OPO9	F: AAGCACCAAGACAGCACAAC	*SalI*	57	267+523	Terakami et al., 2006
		R: CATGTATCAGGCACACGAAC				
	STS-OPAW13	F: TCTCACCACCTGTCATTCGT	–	57	714	Terakami et al., 2006
		R: GACGGGCCCAACTTATTAGC				
Rvn2	PSC217	F: GAATTCGGTTATACTGTGATTTGG	*Xho I**	60	136	Cho et al., 2009
		R: CTAGTGTAAGTTTGCCTTCA				
	PSC234	F: CAGTATTACTGCCTATTCTG	*Hae III*	52	146	Cho et al., 2009
		R: CCACAGAACGAATCCAGAAA				

Одновременно маркеры STS-OPO9/SalI и STS-OPAW13 встречались лишь у одного китайского сорта ‘Дан-шансу-ли’. К сожалению, данные по оценке устойчивости для этого сорта в литературе отсутствуют, однако он проявляет устойчивость по данным наших предварительных наблюдений.

Для 88 сортов выборки (см. Приложение/ see the Supplement) мы смогли найти в литературе данные по их устойчивости к парше листьев и плодов груши (Catalogue VIR, i. 123, 1974, см. Приложение/ see the Supplement). Из них мы выделили две контрастные группы: 34 устойчивых образца (балльная оценка 0 и 1) и 38 поражаемых образцов (оценка 3 и 4), всего 72. Для этих двух групп был проведен анализ диагностической эффективности маркеров гена *Rvn2*, которую определяли как отношение сортов с правильно прогнозируемым результатом: устойчивые генотипы с маркером и поражаемые без маркера – к общему числу сортов. Диагностическая ценность маркеров PSC217/Xho I и PSC234/HaeIII оказалась достаточно низкой – 47,2% и 51,4%, соответственно**.** В случае присутствия обоих маркеров одновременно эффективность составила 51,4%. Диагностическая ценность маркеров гена *Vnk (Rvn1)* не оценивалась, поскольку они были выявлены у единичных образцов.

Обсуждение

Низкая эффективность маркеров гена *Rvn2* прежде всего была связана с очень большим количеством поражаемых образцов, несущих маркерные компоненты (см. Приложение/ see the Supplement). Это вполне объяснимо, так как данные маркеры разработаны для генов устойчивости к одному виду патогена – *Venturia nashicola*, а оценку полевой устойчивости проводили для другого вида – *V. pirina*, распространенного на территории Европейской части России. Нельзя однако исключить, что невосприимчивость европейских сортов к *V. nashicola* связана именно с широким распространением у них гена *Rvn2*: 93,4% европейских и 90,1% кавказских сортов имеют маркер PSC217/Xho I.

Наоборот, маркеры гена *Vnk* (*Rvn1*) были выявлены у единичных форм, большинство из которых имели китайское происхождение. Поскольку данные маркеры были разработаны на материале именно азиатских сортов, невосприимчивых к *V. nashicola*, можно предполагать, что их наличие у отдельных генотипов действительно свидетельствует об устойчивости. В практическом плане интерес представляет потенциально устойчивый сорт ‘Дан-шансу-ли’, который имеет диагностические фрагменты обоих маркеров, и, таким образом, является перспективным кандидатом для использования в селекции.

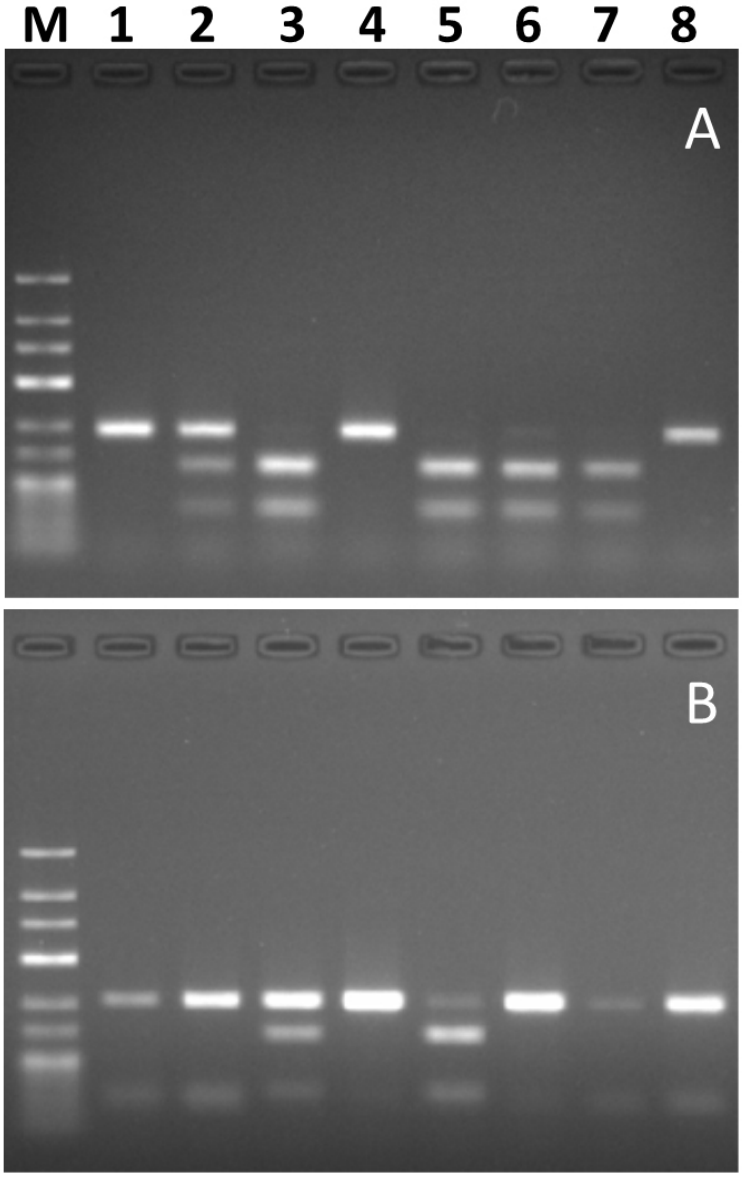

Рис. 1. Молекулярный скрининг образцов экспериментальной выборки груши с маркерами гена *Rvn2*
А – маркер PSC217/Xho I; В – маркер PSC234/HaeIII
1) ‘Дыдвана’ (**к**-9539); 2) ‘Trompetenbirne’ (**к**-3181); 3) ‘Землячка’ (**к**-31322);
4) ‘Земфира’ (**к**-31323); 5) ‘Зефир’ (**к**-28521); 6) ‘Золотистая (Крымская)’ (**к**-12373);
7) ‘Лятанзи’ (**к**-2909); 8) ‘Карпис Армуд’ (**к**-19775). М – маркер молекулярного веса ДНК

Fig. 1. Molecular screening of experimental sample of pear accessions with markers of the *Rvn2* gene
A –PSC217/Xho I marker; B –PSC234/HaeIII marker
1) ‘Dydvana’ (**k**-9539); 2) ‘Trompetenbirne’ (**k**-3181); 3) ‘Zemlyachka’ (**k**-31322);
4) ‘Zemfira’ (**k**-31323); 5) ‘Zefir’ (**k**-28521); 6) ‘Zolotistaya (Krymskaya)’ (**k**-12373);
7) ‘Lyatanzi’ (**k**-2909); 8) ‘Karpis Armud (**k**-19775); M – molecular weight DNA marker

Таблица 2. Частота встречаемости маркеров гена *Rvn2* у образцов изученной выборки

Table 2. Frequency of *Rvn2* gene markers occurrence in accessions from the studied sample

Выборка/Подвыборки/ Sample/Subsamples	Число изученных образцов (n)/ The number of accessions studied (n)	Распространение маркеров гена *Rvn2* у образцов изученной выборки/ Distribution of *Rvn2* gene markers in the studied accession sample					
		PSC217/XhoI		PSC234/HaeIII		Оба маркера гена *Rvn2*/ Both gene markers of *Rvn2*	
		n	(%)	n	(%)	n	(%)
Образцы кавказского происхождения, всего/ Accessions of Caucasian origin, total	152	137	90,1	54	35,5	52	34,2
из них: Северный Кавказ / of them, North Caucasian	109	96	88,1	41	37,6	39	35,8
из них: Закавказье / of them, Transcaucasian	43	41	95,3	13	30,2	13	30,2
Европейские сорта / European cultivars	61	57	93,4	13	21,3	13	21,3
Сорта селекции Китая / Chinese cultivars	6	3	50,0	1	16,6	1	16,6
Селекционные и местные крымские сорта / Released and local Crimean cultivars	17	13	76,4	2	11,8	2	11,8
Прочие образцы / Other accessions	19	18	94,7	9	47,3	8	42,1
Вся выборка / Total sample	255	228	89,4	79	30,9	76	29,8

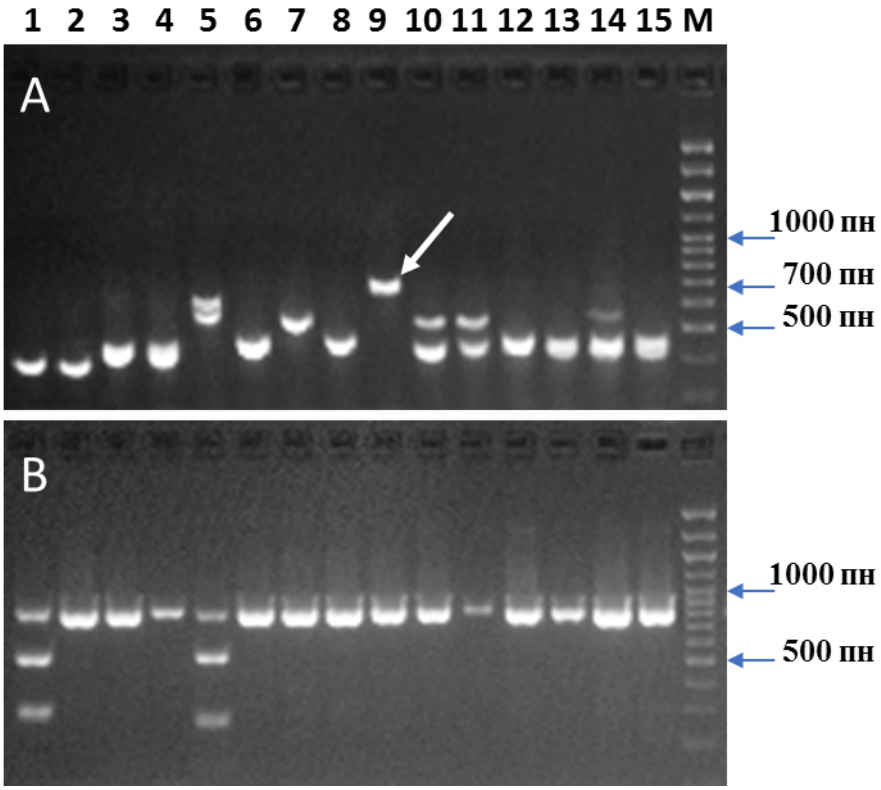

Рис. 2. Молекулярный скрининг образцов экспериментальной выборки груши с маркерами гена *Vnk* (*Rvn1*)
А – Маркер STS-OPAW13$_{714}$; В – Маркер STS-OPO9/SalI
1) ‘Душистая’ (**к**-29186); 2) ‘Scab Prince’ (**к**-31345); 3) ‘Лятифа’ (**к**-31332);
4) ‘Мазурка’ (**к**-35493); 5) ‘Su-li’ (**к**-14426); 6) ‘Ак Сулу’ (**к**-2510);
7) ‘Краснодарская Зимняя’ (**к**-17257); 8) ‘Stark Grand Champion’ (**к**-24562); 9) ‘Октава’ (**к**-31776);
10) ‘Лира’ (**к**-31773); 11) ‘Карминовая’ (**к**-35487); 12) ‘Изумруд’ (**к**-31325); 13) ‘Буйнакская’ (**к**-20470);
14) ‘Махмуд Кар’ (**к**-24902); 15) ‘Вак Чухвер’ (**к**-24894); М – маркер молекулярного веса ДНК Step100 Long. Диагностический фрагмент маркера STS-OPAW13 размером 714 пн обозначен стрелкой

Fig. 2. Molecular screening of experimental sample of pear accessions with *Vnk (Rvn1)* gene markers
A –STS-OPAW13$_{714}$ marker; B –STS-OPO9/SalI marker
1) ‘Dushistaya’ (**k**-29186); 2) ‘Scab Prince’ (**k**-31345); 3) ‘Lyatifa’ (**k**-31332);
4) ‘Mazurka’ (**k**-35493); 5) ‘Su-li’ (**k**-14426); 6) ‘Ak Sulu’ (**k**-2510);
7) ‘Krasnodarskaya Zimnyaya’ (**k**-17257); 8) ‘Stark Grand Champion’ (**k**-24562); 9) ‘Oktava’ (**k**-31776);
10) ‘Lira’ (**k**-31773); 11) ‘Karminovaya’ (**k**-35487); 12) ‘Izumrud’ (**k**-31325);
13) ‘Bujnakskaya’ (**k**-20470); 14) ‘Makhmud Kar’ (**k**-24902);
15) ‘Vak Chukhver’ (**k**-24894); M – DNA Molecular Weight Marker Step100 Long. The diagnostic fragment 714 bp of the STS-OPAW13 marker is indicated by the arrow.

Заключение

В результате проведённого исследования значительной выборки образцов груши различного происхождения была показана низкая эффективность маркеров гена *Rvn2* – PSC217/XhoI и PSC234/HaeIII, которые оказались очень широко распространены в изученном материале. Напротив, маркеры STS-OPAW13 и STS-OPO9/SalI гена *Vnk* (*Rvn1*) были выявлены у единичных образцов, которые имели или азиатское, или кавказское происхождение. Образец ‘Дан-Шансу-ли’, у которого отмечено присутствие обоих маркеров гена *Vnk* (*Rvn1*), и который, по предварительным данным, проявляет устойчивость к парше груши, может представлять определенный интерес для селекции.

References/Литература

Abe K., Kotobuki K., Sato T., Terai O. Inheritance of resistance to pear scab from European pears to Asian pears. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science.* 2000;1:1-8. [in Japanese]. DOI: 10.2503/jjshs.69.1

Abe K., Saito T., Terai O., Sato Y., Kotobuki K. Genotypic difference for the susceptibility of Japanese, Chinese and European pears to *Venturia nashicola*, the cause of scab on Asian pears. *Plant Breeding.* 2008;127(4):407-412. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2007.01482.x

Antonova O.Yu., Klimenko N.S., Rybakov D.A., Fomina N.A., Zheltova V.V., Novikova L.Yu., Gavrilenko T.A. SSR analysis of modern Russian potato varieties using DNA samples of nomenclatural standards. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2020;3(4):77-96. [in Russian] (Антонова О.Ю., Клименко Н.С., Рыбаков Д.А., Фомина Н.А., Желтова В.В., Новикова Л.Ю., Гавриленко Т.А. SSR-анализ современных российских сортов картофеля с использованием ДНК номенклатурных стандартов. *Биотехнология и селекция растений*. 2020;3(4):77-96). DOI: 10.30901/2658-6266-2020-4-o2

Bell R.L. Pears (*Pyrus*). *Acta Horticulturae*. 1991;290:657-697. DOI: 10.17660/ActaHortic.1991.290.15

Bouvier L., Bourcy M., Boulay M., Tellier M., Guérif P., Denancé C., Durel C.E., Lespinasse Y. A new pear scab resistance gene *Rvp1* from the European pear cultivar 'Navara' maps in a genomic region syntenic to an apple scab resistance gene cluster on linkage group 2. *Tree Genetics & Genomes*. 2012;8(1):53-60. DOI: 10.1007/s11295-011-0419-x

Brewer L.R, Alspach P.A., Morgan C., Bus V.G.M. Resistance to scab caused by *Venturia pirina* in interspecific pear (*Pyrus* spp.) hybrids. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science.* 2009;37(3):211-218. DOI: 10.1080/01140670909510266

Brown A.G. Scab resistance in progenies of varieties of the cultivated pear. *Euphytica.* 1960;9:247-253. DOI: 10.1007/BF00022230

Bus V.G.M., van de Weg W.E., Durel C.E., Gessler C., Calenge F., Parisi L., Rikkerink E., Gardiner S., Patocchi A., Meulenbroek E., Schouten H., Laurens F. Delineation of a scab resistance gene cluster on linkage group 2 of apple. *Acta Horticulturae*. 2004;663:57-62. DOI: 10.17660/ActaHortic.2004.663.3

Bus V.G.M., Laurens F.N.D., van de Weg W.E., Rusholme R.L., Rikkerink E.H.A., Gardiner S.E., Bassett H.C.M., Kodde L.P., Plummer K.M. The *Vh8* locus of a new gene-for-gene interaction between *Venturia inaequalis* and the wild apple *Malus sieversii* is closely linked to the *Vh2* locus in *Malus pumila* R12740-7A. *New Phytologist*. 2005a;166:1035-1049. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2005. 01395.x

Bus V.G.M., Rikkerink E.H.A., van de Weg W.E., Rusholme R.L., Gardiner S.E., Bassett H.C.M., Kodde L.P., Parisi L., Laurens F.N.D., Meulenbroek E.J., Plummer K.M. The *Vh2* and *Vh4* scab resistance genes in two differential hosts derived from Russian apple R12740-7A map to the same linkage group of apple. *Molecular Breeding*. 2005b;15:103-116. DOI: 10.1007/s11032-004-3609-5

Bus V.G.M., Rikkerink E.H.A., Caffier V., Durel C.-E., Plummer K.M. Revision of the nomenclature of the differential host-pathogen interactions of *Venturia inaequalis* and *Malus*. *Annual Review of Phytopathology*. 2011;49(1):391-413. DOI: 10.1146/annurev-phyto-072910-095339

Calenge F., Faure A., Goerre M., Gebhardt C., van de Weg W.E., Parisi L., Durel C.E. Quantitative trait loci (QTL) analysis reveals both broad-spectrum and isolate-specific QTL for scab resistance in an apple progeny challenged with eight isolates of *Venturia inaequalis*. *Phytopathology*. 2004;94:370-379. DOI: 10.1094/PHYTO.2004.94.4.370

Chevalier M., Tellier M., Lespinasse Y., Bruyninckx M. Behaviour studies of new strains of *Venturia pirina* isolated from 'Conference' cultivar on a range of pear cultivars. *Acta Horticulturae*. 2008;800:817-823. DOI: 10.17660/ActaHortic.2008.800.111

Cho K.H., Shin I.S., Kim K.T., Suh E.J., Hong S.S., Lee H.J. Development of AFLP and CAPS markers linked to the scab resistance gene, *Rvn2*, in an inter-specific hybrid pear (*Pyrus* spp.). *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*. 2009;84(6): 619-624. DOI: 10.1080/14620316.2009.11512576

Fisher R.A. On the interpretation of χ2 from contingency tables, and the calculation of P. *Journal of the Royal Statistical Society*. 1922;85(1):87-94. DOI: 10.2307/2340521

Gygax M., Gianfranceschi L., Liebhard R., Kellerhals M., Gessler C., Patocchi A. Molecular markers linked to the apple scab resistance gene *Vbj* derived from *Malus baccata jackii*. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;109:1702-1709. DOI: 10.1007/s00122-004-1803-9

Hemmat M, Brown S.K., Weeden N.F. Tagging and mapping scab resistance genes from R12740-7A apple. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 2002;127(3):365-370. DOI: 10.21273/JASHS.127.3.365

Inglis P.W., Pappas M.D.C.R., Resende L.V., Grattapaglia D. Fast and inexpensive protocols for consistent extraction of high quality DNA and RNA from challenging plant and fungal samples for high-throughput SNP genotyping and sequencing applications. *PLoS One*. 2018;13(10):e0206085. DOI: 10.1371/journal.pone.0206085

Ishii H., Udagawa H., Nishimoto S., Tsuda T., Nakashima H. Scab resistance in pear species and cultivars. *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica*. 1992;27:293-298.

Ishii H., Yanase H. *Venturia nashicola*, the scab fungus of Japanese and Chinese pears: a species distinct from *V. pirina*. *Mycological Research*. 2000;104(6):755-759. DOI: 10.1017/S0953756299001720

Khajuria Y.P., Kaul S., Wani A.A., Dhar M.K. Genetics of resistance in apple against *Venturia inaequalis* (Wint.) Cke. *Tree Genetics and Genomes*. 2018;14:1-20. DOI: 10.1007/s11295-018-1226-4

Krivchenko V.I. (ed.). [Catalogue of the VIR global collection]. Issue 123. Catalogue of field resistance of pear to major diseases (Katalog polevoy ustoychivosti grushi k osnovnym zabolevaniyam). Leningrad; 1974. [in Russian] ([Каталог мировой коллекции ВИР]. Вып. 123. Каталог полевой устойчивости груши к основным заболеваниям / под ред. В.И. Кривченко. Ленинград; 1974). (см. Приложение/see the Supplement)

Langford M.H., Keitt E.N. Heterothallism and variability in *Venturia pirina*. *Phytopathology*. 1942;32:357-369.

Li J., Zhang M., Li X., Khan A., Kumar S., Allan A.C., Lin-Wang K., Espley R.V., Wang C., Wang R., Xue C., Yao G., Qin M., Sun M., Tegtmeier R., Liu H., Wei W., Ming M., Zhang S., Zhao K., Song B., Ni J., An J., Korban S.S., Wu J. Pear genetics: recent advances, new prospects, and a roadmap for the future. *Horticulture Research*. 2022;9:1-25. DOI: 10.1093/hr/uhab040

Oh S., Han H., Kim D. A novel pear scab (*Venturia nashicola*) resistance gene, *Rvn3*, from interspecific hybrid pear (*Pyrus pyrifolia* × *P. communis*). *Plants*. 2021;10(12):2632. DOI: 10.3390/plants10122632

Pierantoni L., Dondini L., Cho K.-H., Shin I.-S., Gennari F., Chiodini R., Tartarini S., Kang S.-J., Sansavini S. Pear scab resistance QTLs via a European pear (*Pyrus communis*) linkage map. *Tree Genetics and Genomes*. 2007;3:311-317. DOI: 10.1007/s11295-006-0070-0

Postman J.D., Spotts R.A., Calabro J. Scab resistance in *Pyrus* germplasm. *Acta Horticulturae*. 2005;671:601-608. DOI: 10.17660/ActaHortic.2005.671.84

Potter D., Eriksson T., Evans R.C., Oh S., Smedmark J.E.E., Morgan D.R., Kerr M., Robertson K.R., Arsenault M., Dickinson T.A., Campbell C.S. Phylogeny and classification of Rosaceae. *Plant Systematics and Evolution*. 2007;266:5-43. DOI: 10.1007/s00606-007-0539-9

Shabi E., Rotem J., Loebensten G. Physiological races of *Venturia pirina* on pear. *Phytopathology.* 1973;63:41-43. DOI: 10.1094/Phyto-63-41

Shabi E. Pear scab. In: A.L. Jones, H.S. Aldwinckle (eds). *Compendium of Apple and Pear Diseases*. St. Paul, Minnesota: APS Press; 1990. p.22-23.

Sokolova O., Moročko-Bičevska I., Bankina B. Review of pear scab caused by *Venturia pyrina*. *Research for Rural Development.* 2014;1:26-33. URL: https://lbtufb.lbtu.lv/conference/Research-for-Rural-Development/2014/LatviaResearchRuralDevel20th_volume1-26-33.pdf [дата обращения: 05.05.2025].

Sokolova O., Moročko-Bičevska I. Evaluation of *Venturia pyrina*

virulence on European pear (*Pyrus communis*) cultivars by an in vitro methodology. *Journal of Phytopathology*. 2021:169(7-8):461-470. DOI: 10.1111/jph.13002
Soufflet-Freslon V., Gianfranceschi L., Patocchi A., Dure C.E. Inheritance studies of apple scab resistance and identification of *Rvi14*, a new major gene that acts together with other broad-spectrum QTL. *Genome*. 2008;51:657-667. DOI: 10.1139/G08-046
Sugar D., Hilton R.J. Potential organic methods for management of pear scab. *Acta Horticulturae*. 2011;909:527-530. DOI: 10.17660/ActaHortic.2011.909.63
Tanaka S., Yamamoto S. Studies in pear scab. II. Taxonomy of the causal fungus of Japanese pear scab. *Annals of the Phytopathological Society of Japan*. 1964;29(3):128-136. [in Japanese]. DOI: 10.3186/jjphytopath.29.128
Terakami S., Shoda M., Adachi Y., Gonai T., Kasumi M.,·Sawamura Y.,Iketani H.,·Kotobuki K.,·Patocchi A.,·Gessler C.,·Hayashi T.,·Yamamoto T. Genetic mapping of the pear scab resistance gene *Vnk* of Japanese pear cultivar Kinchaku. *Theoretical and Applied Genetics*. 2006;113(4):743-752. DOI: 10.1007/s00122-006-0344-9
Terakami S., Ogata N., Kita K., Gonai T., Saito T., Yamamoto T. Identification and genetic mapping of novel resistance gene, *Rvn4*, for pear scab in Chinese pear. *Scientia Horticulturae*. 2023;317:112032. DOI: 10.1016/j.scienta.2023.112032
Thagushev N.A. Gardening of the Adyghe: folk traditions, description of varieties, forest gardens (Sadovodstvo adygov: narodnyie traditsii, opisaniye sortov, lesosady). Maykop: Adyghe Republican Book Publishing House; 2008. [in Russian] (Тхагушев Н.А. Садоводство адыгов: народные традиции, описание сортов, лесосады. Майкоп: Адыгейское республиканское книжное издательство; 2008).
Verma L.R., Sharma R.C. Fungal and bacterial diseases of pear. In: L.R. Verma, R.C. Sharma. *Diseases of horticultural crops: fruits*. New Delhi: Indus Publishing company; 1999. p.140-166.
Won K., Bastiaanse H., Kim Y.K., Song J.H., Kang S.S., Lee H.C., Cho K.H., Brewer L., Singla G., Gardiner S.E., Chagne D., Bus V.G.M. Genetic mapping of polygenic scab (*Venturia pirina*) resistance in an interspecific pear family. *Molecular Breeding*. 2014;34(4):2179-2189. DOI: 10.1007/s11032-014-0172-6
Won K., Choi E.D., Kim K., Shin I.S., Hohg S., Segonzac C., Sohn K.H., Deng C.H., Brewer L., Chagné D., Bus V.G.M. Genetic mapping of two quantitative resistance loci to *Venturia nashicola* in an interspecific pear family. *Tree Genetics and Genomes*. 2024;20(3):18. DOI: 10.1007/s11295-024-01650-0

Информация об авторах

Анастасия Олеговна Гончаренко, младший научный сотрудник, лаборатория молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, отдел биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, aogoncharenko97@gmail.com, https://orcid.org/0009-0007-2474-752X
Лариса Владимировна Багмет, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, отдел агроботаники и *in situ* сохранения генетических ресурсов растений, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, l.bagmet@vir.nw.ru, https://orcid.org/0000-0003-0768-0056
Марина Николаевна Петрова, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий специалист, отдел генетических ресурсов плодовых культур, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, adresspb-petrova@yandex.ru, http://orcid.org/0000-0001-5700-0384
Ольга Юрьевна Антонова, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, и.о. заведующего, лаборатория молекулярной селекции и ДНК-паспортизации, отдел биотехнологии, Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова (ВИР), 190000 Россия, Санкт-Петербург, ул. Большая Морская, 42, 44, olgaant326@mail.ru, https://orcid.org/0000-0001-8334-8069

Information about the authors

Anastasiia O. Goncharenko, Junior Researcher, Laboratory of Molecular breeding and DNA-genotyping, Department of Biotechnology, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, aogoncharenko97@gmail.com, https://orcid.org/0009-0007-2474-752X
Larisa V. Bagmet, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Department of Agrobotany and *in situ* Conservation of Plant Genetic Resources, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, l.bagmet@vir.nw.ru, https://orcid.org/0000-0003-0768-0056
Marina N. Petrova, Cand. Sci. (Agriculture), Leading Specialist, Department of Genetic Resources of Fruit Crops, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, adresspb-petrova@yandex.ru, http://orcid.org/0000-0001-5700-0384
Olga Yu. Antonova, Cand. Sci. (Biology), Leading Researcher, Laboratory of Molecular Breeding and DNA-Genotyping, Department of Biotechnology, N.I. Vavilov All-Russian Institute of Plant Genetic Resources (VIR), 42, 44, Bolshaya Morskaya Street, St. Petersburg, 190000 Russia, olgaant326@mail.ru, https://orcid.org/0000-0001-8334-8069

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.
Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.
Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.
Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 31.05.2025; одобрена после рецензирования 17.06.2025; принята к публикации 24.06.2025.
The article was submitted on 31.05.2025; approved after reviewing on 17.06.2025; accepted for publication on 24.06.2025.