

Поражение паршой (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) яблони (*Malus domestica* Borkh.) некоторых сортов с геном *Vf* (*Rvi 6*) на территории Орловской области

М. А. Должикова[✉], Т. В. Янчук, А. М. Галашева, С. А. Корнеева, А. А. Павленко

Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия

[✉]E-mail: dolzjikova@orel.vniispk.ru

Аннотация. В условиях Орловской области в селекционных садах ФГБНУ ВНИИСПК (д. Жилина) проведена экспериментальная работа в 2022–2023 гг. по наблюдению за поражением паршой сортов яблони. **Цель** исследования – оценить сорта яблони по степени поражения паршой и установить возможность появления 6-й расы парши. **Методы.** Производилась оценка 16 сортов яблони, известных как иммунные к парше (с геном *Vf*), и образца вида *Malus Floribunda* 821. Оценка была проведена на естественном инфекционном фоне по шкале, принятой в проекте Vinquest. **Научная новизна.** В данной работе сообщается о поражении паршой ряда сортов с геном *Vf* в условиях Центральной России (Орловская область). **Результаты.** Поражение паршой наблюдалось у сортов Болотовское, Веньяминовское, Восторг, Поэзия, Приокское, Присцилла, Свежесть, Солнышко, Юбилей Москвы. При этом на сортах Александр Бойко, Вавиловское, Валюта, Гирлянда, Ивановское, Имрус, Рождественское поражения паршой не обнаружено. Сделан вывод о появлении парши 6-й расы, способной преодолевать ген *Vf*. При этом поражение паршой на дереве вида *M. floribunda* на данный момент отсутствует, что свидетельствует об отсутствии 7-й расы парши. Важно отметить, что на данный момент не все сорта с геном *Vf* поразились паршой, нет поражения также на самой исходной форме *M. floribunda*. Возможно, это связано с наличием иных факторов устойчивости или новая раса парши еще недостаточно распространена. Обсуждаются возможные стратегии селекции яблони на длительную устойчивость, в том числе иные доноры генов устойчивости, пирамидирование генов (совмещение в одном генотипе разных факторов устойчивости), а также меры по уходу за садами, препятствующие эволюции патогена.

Ключевые слова: сорт, яблоня, селекция, парша, гены устойчивости, расы гриба, совместная эволюция, *Malus floribunda*

Для цитирования: Должикова М. А., Янчук Т. В., Галашева А. М., Корнеева С. А., Павленко А. А. Поражение паршой (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) яблони (*Malus domestica* Borkh.) некоторых сортов с геном *Vf* (*Rvi 6*) на территории Орловской области // Аграрный вестник Урала. 2024. Т. 24, № 11. С. 1396–1405. DOI: <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2024-24-11-1396-1405>.

Благодарности. Авторы благодарят Andrea Patocchi и международную инициативу по мониторингу рас парши Vinquest <https://www.vinquest.ch> за предоставление черенков дифференциаторов.

Дата поступления статьи: 08.05.2024, **дата рецензирования:** 22.05.2024, **дата принятия:** 31.07.2024.

Scab (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) lesion on some apple (*Malus domestica* Borkh.) varieties with *Vf* gene (*Rvi 6*) in Oryol region

M. A. Dolzhikova[✉], T. V. Yanchuk, A. M. Galasheva, S. A. Korneeva, A. A. Pavlenko
All-Russian Research Institute of Fruit Crops Selection, Zhilina village, Oryol region, Russia
[✉]E-mail: dolzhikova@orel.vniispk.ru

Abstract. Research was carried out in 2022–2023 to monitor scab lesion on apple varieties in the conditions of the Oryol region, in the breeding gardens of the Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding, VNIISPК. The purpose of the study is to evaluate degree of scab lesion and to determine the possibility of the appearance of 6 race of scab. **Methods.** We assessed 16 apple cultivars with the *Vf* gene previously known to be immune to scab and *Malus Floribunda* 821. The assessment was carried out under a natural infection. **Scientific novelty.** This paper reports scab infestation of a number of varieties with the *Vf* gene in the conditions of Central Russia (Oryol region). **Results.** Scab lesion was observed on such varieties with the *Vf* gene as ‘Bolotovskoye’, ‘Venyaminovskoye’, ‘Vostorg’, ‘Poeziya’, ‘Priokskoe’, ‘Pristisilla’, ‘Svezhest’, ‘Solnyshko’, ‘Yubiley Moskvyy’. At the same time, no scab damage was detected on the varieties with the *Vf* gene ‘Aleksandr Boyko’, ‘Vavilovskoe’, ‘Valyuta’, ‘Girlyanda’, ‘Ivanovskoe’, ‘Imrus’, and ‘Rozhdestvenskoe’. It is concluded that 6th scab race has appeared, that capable to overcome *Vf* gene. At the same time, there is currently no scab infection on the *M. floribunda* 821, which indicates the absence of the 7th scab race. It is important to note that at the moment, not all varieties with the *Vf* gene are affected by scab. Perhaps this is due to the presence of other resistance factors or the new scab race is not yet widespread enough. Possible strategies for breeding apple trees for long-term resistance are discussed, including other donors of resistance genes, gene pyramiding, as well as orchard management preventing the evolution of the pathogen.

Keywords: variety, apple tree, breeding, scab, resistance genes, fungi race, co-evolution, *Malus floribunda*

Acknowledgements. The authors are grateful to Andrea Patocchi and the International Initiative on Vinquest Scab monitoring <https://www.vinquest.ch> for providing the cuttings of the differentiators.

For citation: Dolzhikova M. A., Yanchuk T. V. Scab (*Venturia inaequalis* (Cooke) G. Winter) lesion on some apple (*Malus domestica* Borkh.) varieties with *Vf* gene (*Rvi 6*) in Oryol region. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2024; 24 (11): 1396–1405. DOI: <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2024-24-11-1396-1405>. (In Russ.)

Date of paper submission: 08.05.2024, **date of review:** 22.05.2024, **date of acceptance:** 31.07.2024.

Постановка проблемы (Introduction)

Яблоня на протяжении многих веков является ведущей плодовой культурой и относится к наиболее экономически значимым культурам с ежегодным ростом мирового объема потребляемой продукции (за счет увеличения производства в Китае, Турции, Южной Африке и Мексике). В 2000–2020 годах основными производителями яблок выступали Китай (практически половина мирового производства), США и Турция, а Россия в данном списке занимает восьмое место. В настоящее время площадь яблоневых садов составляет более 5 млн га, а производство яблок – более 50 млн тонн.

Однако яблоня подвержена целому ряду заболеваний. Парша (*Venturia inaequalis* (Ске.) Wint) – одно из самых вредоносных заболеваний яблони как в России, так и во всем мире [1–3]. При этом на территории Российской Федерации парша является основной болезнью яблони. Наиболее сложно

болезнь протекает в местах с умеренным климатом, особенно в регионах с прохладной и влажной весной – в центральных, в северо-западных областях и в Северо-Кавказском регионе России. Во время эпифитотий потери урожая у восприимчивых сортов могут достигать 100 %. При этом не все сорта яблони одинаково поражаются паршой. Поражая плоды и листья, парша резко снижает урожайность и вызывает ухудшение качества яблок. Плоды при раннем заражении часто растрескиваются и теряют потребительский вид. Зараженные плоды хуже хранятся, быстро увядают и легко поддаются заражению грибами, вызывающими гниль. При сильном заражении завязей наблюдается их осыпание. В листьях при сильном заражении паршой снижается ассимиляция и резко увеличивается транспирация, что может привести к раннему опаданию листвы. В результате уменьшается прирост, ухудшается закладка цветковых почек, может понижаться зимо-

стойкость. Для успешного создания новых сортов с устойчивостью к парше и разработки методов контроля заболевания, показывающих наибольшую эффективность, необходимо всестороннее понимание аспектов патогенеза. Но механизмы патогенности и вирулентности возбудителя заболевания *Venturia inaequalis* остаются малоизвестными и требуют дальнейшего изучения.

Известен целый ряд генов устойчивости [7], который был привнесен селекционерами в геном культурных сортов яблони (*Malus domestica*) от их диких сородичей (*M. × floribunda*, *M. × baccata*, *M. prunifolia*, *M. atrosanguinea* и др.). Некоторые из этих генов могут обеспечивать невосприимчивость яблони к парше. Однако, как показывает опыт, данная невосприимчивость может быть ограничена как во времени, так и пространстве. Например, ген *Vf* (*Rvi6* в новой классификации Bus, 2011) был привлечен в селекцию путем скрещивания *M. floribunda* 821 с сортом Rome Beauty в 1914 и 1915 гг. в университете Иллинойса. Во всем мире в течение столетия *Vf* использовали в селекции на устойчивость к парше.

В России по селекции яблони работают более 20 научных и опытных учреждений. В настоящее время за рубежом известно более 80 сортов с геном *Vf*, во Всероссийском научно-исследовательском институте селекции плодовых культур (ВНИИСПК) научной группой под руководством академика Е. Н. Седова выведено и внесено в Государственный реестр селекционных достижений более 20 сортов. В отечественной литературе по отношению к гену *Vf* часто используются термины «иммунитет к парше», «иммунные сорта». Однако патоген способен изменяться и со временем преодолевать устойчивость. Первые сообщения о поражении сортов с геном *Vf* появились в Европе в конце XX века, недавно обнаружили поражение на *M. floribunda* 821 в Америке [5]. При этом сравнительный генетический анализ позволил предположить, что новые вирулентные к гену *Vf* изоляты парши, скорее всего, появились внутри местных популяций, а не были завезены из Европы [5]. Таким образом, эволюция патогена, связанная в том числе и с климатическими изменениями, может привести к тому, что ранее устойчивые сорта будут поражаться.

Вызывает паршу сумчатый гриб *Venturia inaequalis*, который относится к отделу *Ascomycota*, порядку *Pleosporales*, семейству *Venturiaceae*. Патоген в первую очередь вызывает болезнь на культурных формах яблони. Размер его генома – более 80 Mb, содержит около 11 600 предсказанных (predicted) генов [6]. Популяции патогена достаточно разнообразны и изменчивы по вирулентности, а также и на генетическом уровне, как показывают современные исследования с помощью ДН-маркеров и секвенирования [6–9]. На данный момент выделяют

различные расы парши в зависимости от их способности поражать определенные генотипы яблонь (генотипы-дифференциаторы). Парша способна изменяться, приобретая способность поражать ранее устойчивые сорта. С изменением климатических условий изменяется и разнообразие патогена в той или иной местности. Важным аспектом эволюции патогена является ежегодная половая стадия развития, происходящая на опавших листьях в зимний период. В результате формируется поколение аскоспор, которые имеют иные комбинации генетических факторов, нежели у родителей, и, возможно, будут более успешно поражать хозяина. Современные исследования отмечают, что разнообразие популяций патогена особенно высоко в областях, где климат благоприятен половому размножению [7].

Методология и методы исследования (Methods)

Всего оценено 16 сортов и образец вида *Malus Floribunda* 821. Сорта Болотовское, Солнышко, Александр Бойко, Вавиловское, Ивановское, Рождественское оценивались в садах производственного испытания в августе 2023 года, сорт Присцилла и *Malus Floribunda* 821 оценивались в ряду сортов-дифференциаторов (представлены данные за 2022 и 2023 годы), сорта Александр Бойко, Болотовское, Веньяминовское, Восторг, Поэзия, Приокское, Свежесть, Юбилей Москвы, Валюта, Гирлянда, Ивановское, Имрус в научных насаждениях (представлены данные за 2022 и 2023 годы). Таким образом, сорта Болотовское, Александр Бойко, Ивановское оценивались в двух различных садах.

Оценка поражения яблони паршой производилась на естественном инфекционном фоне по шкале, принятой в проекте Vinqest (<http://www.vinqest.ch/monitoring/collection.htm>), и приведена в таблице 1.

Результаты (Results)

Обнаружено очевидное спороношение парши на сорте Присцилла (рис. 1, а), а также на следующих сортах селекции ВНИИСПК: Болотовское, Веньяминовское, Восторг, Поэзия, Приокское, Свежесть, Солнышко, Юбилей Москвы. При этом не обнаружено поражения на сортах Александр Бойко, Вавиловское, Валюта, Гирлянда, Ивановское, Имрус, Рождественское и *M. × floribunda* 821 (таблица 2).

Интересно отметить, что *M. × floribunda* 821 растет в непосредственной близости с Присциллой в одном ряду, на расстоянии нескольких метров. При этом следов спороношения парши на *M. × floribunda* 821 не было обнаружено, однако явно проявились хлороз и точечные углубления (pit point), которые можно рассматривать как устойчивую к патогену реакцию растения.

Сорта Болотовское, Александр Бойко, Ивановское оценивались в двух локациях, полученные данные по оценке идентичны.

Шкала оценки поражения паршой яблони Vinquest (адаптированная шкала Lateur and Populer, 1994)

Балл	Описание симптомов	Процент пораженных органов (листьев или плодов), %
0	Оценка не проводилась	–
1	Видимых симптомов нет	0
2	Одно или несколько пятен (следов поражения) парши при близком рассмотрении дерева	0–1
3	Очевидное поражение в нескольких частях дерева	1–5
4	Промежуточное поражение	5–20
5	Многочисленные пятна парши, распространенные на большей части дерева	± 25
6	Промежуточное поражение	30–45
7	Тяжелая инфекция с половиной листьев, сильно пораженных множественными пятнами	± 50
8	Промежуточное поражение	± 75
9	Дерево полностью поражено, почти все листья покрыты многочисленными пятнами	более 90

Table 1
Vinquest apple scab assessment scale (adapted from Lateur and Populer, 1994)

Class	Description of the symptoms	Percentage of affected organs (leaves or fruits), %
0	The assessment was not carried out	–
1	No visual symptoms	0
2	One or more spots (lesions) of scab on close examination of the tree	0–1
3	Obvious lesion in several parts of the tree	1–5
4	Intermediate lesions	5–20
5	Numerous scab spots common on most of the tree	± 25
6	Intermediate lesions	30–45
7	Severe infection with half of the leaves severely affected by multiple spots	± 50
8	Intermediate lesions	± 75
9	The tree is completely affected, almost all the leaves are covered with numerous spots	more than 90

Следы спороношения парши на плодах были отмечены на таких сортах, как Болотовское (рис. 1, б), Веньяминовское, Поэзия и Приокское.

Интересно отметить, что на сортах Восторг и Юбилей Москвы в 2022 году поражения паршой не отмечалось, а в 2023 году данные сорта поразились до 3 баллов (очевидное поражение было обнаружено в нескольких частях дерева). Усиление вредоносности парши наблюдается также на сортах Болотовское, Приокское. Так, в 2022 году на сорте Болотовское были обнаружены единичные пятна спороношения (2 балла), а в 2023 году очевидное поражение в нескольких частях дерева (3 балла). Сорт Приокское в 2022 году поразились на 3 балла, а в 2023 году – на 4.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

В данной работе проведена оценка поражения паршой 16 сортов, известных как иммунные сорта с геном *Vf*. Наблюдения проводились в условиях научных насаждений Орловской области.

В современной литературе ген *Vf* устойчивости яблони к парше рассматривается как ген, унаследованный от *M. × floribunda* 821. При этом стоит отметить, что в более ранних работах предполагали наличие гена *Vf* и в других видах (*M. prunifolia*, *M. atrosanguinea*, *M. baccata* и др.). Во избежание путаницы установим, что мы под геном *Vf* подразумеваем ген, унаследованный от *M. × floribunda* 821.

Для 12 из 16 задействованных в данной работе сортов можно отследить происхождение до *M. × floribunda* 821. Данные сорта являются потомками *M. × floribunda* 821 в 4 поколении (Веньяминовское, Свежесть, Солнышко, Юбилей Москвы) и 5 поколении (Александр Бойко, Болотовское, Восторг, Прицилла, Рождественское, Гириянда, Ивановское). Они все имеют общего предка F2_26829-2-2 (F2 от *M. × floribunda* 821). Сорт Валюта также произошел от *M. × floribunda* 821, но в каком именно поколении, нам установить не удалось.

Таблица 2
Степень поражения паршой яблони в условиях ВНИИСПК

№	Генотип	Происхождение	2022 г.	2023 г.
Со следами поражения паршой				
1	Болотовское*	Скрыжапель × 1924	2,5	3
2	Веньяминовское*	814 свободное опыление	2,5	3
3	Восторг	270-124 × 23-17-62(814 свободное опыление)	1	3
4	Поэзия*	224-18 свободное опыление	3	3
5	Приокское*	224-18 свободное опыление	4	5
6	Присцилла	Starking Delicious × PRI_610-2	1	2,5
7	Свежесть	Антоновка Краснобочка × PR12T67	3	4
8	Солнышко	814 свободное опыление	–	2
9	Юбилей Москвы	814 свободное опыление	1	3
Без следов поражения паршой				
10	Александр Бойко	Прима × Wealthy тетраплоидный	1	1
11	Вавиловское	18-53-22 (Скрыжапель × OR18T13) × Wealthy тетраплоидный	–	1
12	Валюта	KB6 × OR38T17	1	1
13	Гирлянда	224-18 (SR 0523 × Вазак) 22-34-95 (814 × ПА-29-1-1-63)	1	1
14	Ивановское	Wealthy × Прима	–	1
15	Имрус	Антоновка Обыкновенная × OR18T13	1	1
16	Рождественское	Wealthy × BM41497	–	1
17	M. × floribunda 821		1	1

Примечание. * Спороношение парши отмечено также и на плодах; «–» – нет данных.

Table 2
Scab on apple cultivars at VNIISPK

No.	Genotype	Origin	2022	2023
With traces of scab damage				
1	Bolotovskoe*	Skryzhapel' × 1924	2.5	3
2	Venyaminovskoe*	814 open pollination	2.5	3
3	Vostorg	270-124 × 23-17-62(814 open pollination)	1	3
4	Poeziya*	224-18 open pollination	3	3
5	Priokskoe*	224-18 open pollination	4	5
6	Pristsilla	Starking Delicious × PRI_610-2	1	2.5
7	Svezhest'	Antonovka Krasnobochka × PR12T67	3	4
8	Solnyshko	814 open pollination	-	2
9	Yubiley Moskvyy	814 open pollination	1	3
Without traces of scab damage				
10	Aleksandr Boyko	Prima × Wealthy tetraploid	1	1
11	Vavilovskoe	18-53-22 (Skryzhapel' × OR18T13) × Wealthy tetraploid	-	1
12	Valyuta	KB6 × OR38T17	1	1
13	Girlyanda	224-18 (SR 0523 × Vzhak) 22-34-95 (814 × PA-29-1-1-63)	1	1
14	Ivanovskoe	Wealthy × Prima	-	1
15	Imrus	Antonovka Obyknovennaya × OR18T13	1	1
16	Rozhdestvenskoe	Wealthy × BM41497	-	1
17	M. × floribunda 821		1	1

Note.* Scab sporulation is also observed on fruits; «–» – no data.

Сорта Поэзия и Приокское получены от свободного опыления формы 224-18 (не имеет ген Vf). Однако ранее у этих сортов было установлено наличие ДНК-маркеров, сцепленных с геном Vf. Данные сорта длительное время проявляли иммунитет к парше. На основании этого было сделано предположение, что они унаследовали ген Vf через пыльцу неизвестной отцовской формы. Интересно отметить,

что сорт Поэзия имеет два гена устойчивости – Vf и Vm (как по данным родословной, так и поданным ДНК-маркерам) [10], однако он достаточно сильно поражен паршой в последние годы. Этот факт призывает разумно относиться к перспективам пирамидирования нескольких генов устойчивости в одном генотипе.



a)



б)

Рис. 1. Спороношение парши: а) на листьях сорта Присцилла; б) на плодах сорта Болотовское
 Fig. 1. Scab lesion: a) on the 'Pristilla' leaves; b) on the 'Bolotovskoe' fruits

Сорта Имрус и Вавиловское по родословным произошли от OR18T13 (потомок *M. atrosanguinea* формы 804). В работах селекционеров Е. Н. Седова и В. В. Жданова¹ упоминается, что *M. atrosanguinea* формы 804 имела два гена (*Vf* и *Vm*). Интересно отметить, что в селекции на устойчивость к парше во ВНИИСПК использовали две формы от *M. atrosanguinea* 804: OR18T13 (родословная) и SR0523 (Red Melba × (Wolf River × *M. atrosanguinea* 804)). При этом сорта, полученные через форму SR0523 (Орловим, Память Исаева, Первинка и другие), достаточно быстро поразились паршой 5-й расы и иммунитета не проявляли. Сорта Вавиловское и Имрус имеют ДНК-маркеры гена *Vf* и до сих пор проявляют устойчивость к парше, что, возможно, связано с путаницей в родословной OR18T13. Неизвестно мог ли у *M. atrosanguinea* 804 действительно присутствовать ген *Vf*. Виды *M. atrosanguinea* и *M. × floribunda* являются гибридными от скрещивания различных видов. *M. × floribunda* – гибридный вид от скрещивания *M. baccata* × *M. totingo*, его естественная среда обитания – Корея². *M. atrosanguinea* – гибридный вид от скрещивания *M. halliana* × *M. Sieboldii*³. Однако его происхождение подвергается сомнениям⁴.

Таким образом, для 12 из 16 задействованных в настоящей работе сортов наличие гена *Vf* подтверждается по родословным, однако на данный момент

¹ Седов Е. Н., Жданов В. В. Устойчивость яблони к парше (сорта и селекция). Орел: Орл. отд. Приок. кн. изд-ва, 1983, 116 с.

² *Malus × floribunda* Siebold ex Van Houtte // Plants of the World Online | Kew Science. URL: <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:726291-1> (дата обращения: 21.04.2024).

³ *Malus × atrosanguinea* (Späth) C.K.Schneid // Plants of the World Online | Kew Science. URL: <https://powo.science.kew.org/taxon/urn:lsid:ipni.org:names:2950424-4> (дата обращения: 21.04.2024).

⁴ *Malus × atrosanguinea* (Späth) Schneider // Trees and Shrubs Online. URL: <https://www.treesandshrubsonline.org/articles/malus/malus-x-atrosanguinea> (дата обращения: 21.04.2024).

семь сортов поразились паршой, а пять – нет. Анализ родословных не позволяет идентифицировать причины происходящего. Возможно, вновь появившаяся раса еще незначительно распространена или у устойчивых генотипов присутствуют иные факторы устойчивости, например, некие гены-модификаторы. Опубликована работа о поражении некоторых сортов с генов *Vf* в условиях Тамбовской области, в которой отмечено поражение сортов Болотовское и Рождественское [10]. В настоящее время в условиях Орловской области сорт Болотовское также поражен паршой, а на сорте Рождественское парши на данный момент не обнаружено.

По данным инициативы Vinquest за 2012–2022 годы⁵, на сорте Присцилла, имеющем ген *Vf*, было отмечено поражение паршой на три балла (очевидное поражение) и больше в ряде европейских стран (Чехия, Австрия, Франция, Германия, Швеция, Швейцария, Румыния). На территории Республики Беларусь уже с 2005 года отмечалось поражение паршой ряда сортов с геном *Vf*.

M. floribunda 821 на данный момент паршой в условиях Орловской области не поразила. Однако данная форма, помимо гена *Vf*, имеет иные генетические факторы устойчивости, которые были утрачены у ее потомков в процессе селекции. L. Parisi и G. Bénaouf⁶ в своих работах продемонстрировали существование второго доминантного гена *Vfh* у *M. floribunda* 821 который она передала F₂ 26830-2, однако форма F₂ 26829-2-2 его не унаследовала, и все потомки данного сеянца не имеют ген *Vf h*.

⁵ Monitoring of *Venturia inaequalis* virulences // *Venturia inaequalis* Pathotypes. URL: <https://www.vinquest.ch/monitoring/publication.htm> (дата обращения: 21.04.2024).

⁶ Bénaouf G., Parisi L. Genetics of host-pathogen relationships between *Venturia inaequalis* races 6 and 7 and *Malus* species // *Phytopathology*. 2000. Vol. 90. Pp. 236–242. DOI: 10.1094/PHYTO.2000.90.3.236.

Как упоминалось выше, 12 сортов, задействованных в этой работе, для которых удалось отследить происхождение от *M. floribunda* 821 по данным родословных, произошли от формы F₂ 26829-2-2. По данным L. Parisi и G. Bénaouf, эта форма не унаследовала ген *Vfh*, соответственно, данные сорта гена *Vfh* иметь не должны. К сожалению, об этом гене известно меньше, чем о *Vf*. Также, насколько нам известно, не опубликованы надежные методы ДНК-диагностики гена *Vfh*. Тем не менее на данный момент известно, что этот ген преодолевает 7-я раса парши, способная поражать *M. floribunda* 821. По данным инициативы Vinquest за 2012–2022 годы, на *M. floribunda* 821 было отмечено поражение паршой на три балла и больше в ряде европейских стран (Бельгия, Франция, Англия, Германия, Польша, Швеция, Швейцария). Опубликовано информация о поражении *M. floribunda* 821 и в США [5].

Ранее были опубликованы сообщения о присутствии 1, 3, 4, 5, 8, 9, 10 рас парши на территории Российской Федерации. По данным 2018 года, 6-й расы патогена, способной преодолеть ген *Vf*, еще не было обнаружено [11]. В последние годы, вероятно, в связи с климатическими изменениями ряд сортов с геном *Vf* поражен паршой, что свидетельствует о наличии 6-й расы парши на территории Орловской области. В наших исследованиях поражения паршой на *M. floribunda* 821 не наблюдалось, соответственно, 7-я раса парши еще не обнаружена.

Для длительной устойчивости яблони к парше необходимо привлекать разнообразие генов устойчивости. По результатам 10-летних (2009–2018) наблюдений за паршой по всему миру инициативой Vinquest рекомендован ряд генов для селекции на длительную устойчивость, а именно *Rvi5* (*Vm*), *Rvi11* (от *M. baccata* jackii), *Rvi12* (от *Hansen'ss baccata* №2), *Rvi14* (от Dülmener Rosenapfel) и *Rvi15* (от GMAL 2473), при этом *Vf* (*Rvi6*) и *Vfh* (*Rvi7*) попали в список генов, которые все еще полезны для селекции, но рекомендуется их использовать для совмещения трех и более генов в одном генотипе [4]. Однако в условиях Центральной России ген *Vm* устойчивости к парше не обеспечивает, а вот форма GMAL 2473 на данный момент не поражается паршой как в Орловской области, так и во всем мире [11]. При этом следует отметить, что генетика устойчивости этой формы более сложная, чем предполагалась. Недавние исследования A. Reil с соавторами [12] доказали, что *Rvi15* – тот же ген, что и *Rvi4*. Формы и сорта с этим геном достаточно сильно поражаются паршой, в том числе и в Орловской области [11]. Сделано предположение, что форма GMAL 2473 имеет иные факторы устойчивости, еще не изученные [12]. Сорт Dülmener Rosenapfel, по наблюдениям 2023 года в условиях ВНИИСПК (г. Орел), паршой не поражен, а *M. baccata* jackii и *Hansen'ss baccata* № 2, к сожалению, отсутствуют в наших научных насаждениях.

1402

Для целого ряда генов устойчивости разработаны ДНК-маркеры, позволяющие проводить отбор генотипов с интересующими генами на ранних этапах онтогенеза. Однако к их использованию следует относиться ответственно, проводить валидацию на конкретном материале, прежде чем применять методики для скрининга. В некоторых случаях широко распространенные аллели, расположенные рядом с геном устойчивости, могут также присутствовать и у восприимчивых генотипов, может произойти рекомбинация между маркером и геном и так далее.

Еще одно интересное направление ускорения цикла селекционного процесса у плодовых культур, которое применяется совместно с ДНК-маркерами, это использование трансгенных рано вступающих в плодоношение линий или стимулирование раннего цветения с использованием вирусов. Используя раноцветущую трансгенную линию T1190 Schlatholter в течение семи лет, получили элитные сеянцы яблони 4-го и 11-го поколений с устойчивостью к бактериальному ожогу. Линию T1190 также использовали для ускоренного привнесения генов устойчивости к болезням, в том числе парше, мучнистой росе, сизой плесневидной гнили [13].

ДНК-маркирование, а также использование новых ускоренных методов селекции (с привлечением стимулирования цветения вирусами, быстрозацветающих линий), методы геномного редактирования и цисгенеза предлагают дополнительные инструменты для ускорения селекционного процесса выведения сортов с длительной устойчивостью к парше [14–17].

Таким образом, на данный момент на территории Орловской области часть сортов с геном *Vf* поражалась паршой, а часть нет – анализ родословных не дает точного ответа, почему так произошло. Возможно, в устойчивых генотипах присутствуют иные факторы устойчивости, кроме гена *Vf*, или на данный момент раса парши недостаточно распространялась. При этом *M. × floribunda* 821 на данный момент следов поражения паршой не имеет, возможно, в связи с наличием гена *Vfh*.

Длительное время ген *Vf* был фактором устойчивости яблони к парше. Однако все больше сообщений о его преодолении, в том числе на территории Российской Федерации. При этом приобретают значение иные доноры устойчивости. Возлагают надежды и на пирамидирование генов и новые ускоренные методы селекции (с привлечением стимулирования цветения вирусами (Virus Induced Flowering), быстрозацветающих трансгенных линий) и методы геномного редактирования и цисгенеза. Другим направлением по поддержанию устойчивости сортов должны быть меры по ограничению эволюции патогена: удаление листьев из сада для предотвращения размножения патогена, ранние опрыскивания в момент распространения аскоспор, предотвращающие возможность распространения новых рас парши.

Библиографический список

1. Красова Н. Г., Пикунова А. В., Галашева А. М. Оценка исходного материала генофонда яблони по устойчивости к парше // Вестник российской сельскохозяйственной науки. 2020. № 6. С. 49–54.
2. Okoro C. A., El-Hasan A., Voegelé R. T. Integrating Biological Control Agents for Enhanced Management of Apple Scab (*Venturia inaequalis*): Insights, Risks, Challenges, and Prospects // Agrochemicals. 2024. Vol. 3, No. 2. Pp. 118–146. DOI: 10.3390/agrochemicals3020010.
3. Zarembo I., Teilans A., Bartulsons T., Sokolova O., Litavniece L., Nikolajeva A. Apple and pear scab ontology // Environment. Technologies. Resources: proceedings of the international scientific and practical conference. Rēzekne, Latvia, 2021. Vol. 2. Pp. 199–204. DOI: 10.17770/etr2021vol2.6589.
4. Patocchi A., Wehrli A., Dubuis P. H., Auwerkerken A., Leida C., Cipriani G., Passey T., Staples M., Didelot F., Phillion V., Peil A. Ten years of VINQUEST: First insight for breeding new apple cultivars with durable apple scab resistance // Plant disease. 2020. Vol. 104, No. 8. Pp. 2074–2081. DOI: 10.1094/PDIS-11-19-2473-SR.
5. Papp D., Singh J., Gadoury D., Khan A. New North American isolates of *Venturia inaequalis* can overcome apple scab resistance of *Malus floribunda* 821 // Plant disease. 2020. Vol. 104, No. 3. Pp. 649–655. DOI: 10.1094/PDIS-10-19-2082-RE.
6. Le Cam B., Sargent D., Gouzy J., Amselem J., Bellanger M. N., Bouchez O., Brown S., Caffier V., De Gracia M., Debuchy R., Duvaux L. Population genome sequencing of the scab fungal species *Venturia inaequalis*, *Venturia pirina*, *Venturia aucupariae* and *Venturia asperata* // G3: Genes, Genomes, Genetics. 2019. Vol. 9, No. 8. Pp. 2405–2414. DOI: 10.1534/g3.119.400047.
7. Li X., Tao F., Fan S., Li H., Yang J., Gao L. Genetic diversity of *Venturia inaequalis* isolates (Apple scab) in China and UK determined by SSR markers // PLoS One. 2021. Vol. 16, No. 6. Article number e0252865. DOI: 10.1371/journal.pone.0252865.
8. Celik A., Kavak H. Investigation of Genetic Diversity in Apple Scab (*Venturia inaequalis*) Isolated from Two Different Geographical Areas of Turkey // Erwerbs-Obstbau. 2019. No. 61. Pp. 263–266. DOI: 10.1007/s10341-019-00426-4.
9. Mansoor S., Ahmed N., Sharma V., Jan S., Nabi S. U., Mir J. I., Masoodi K. Z. Elucidating genetic variability and population structure in *Venturia inaequalis* associated with apple scab disease using SSR markers // PloS One. 2019. Vol. 14, No. 11. Article number e0224300. DOI: 10.1371/journal.pone.0224300.
10. 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) with. // Биосфера. 2022. Т. 14, № 4. С. 384–386.
11. Пикунова А. В., Седов Е. Н. Расовый состав *Venturia inaequalis* в условиях Орловской области // Микология и фитопатология. 2019. Т. 53, № 5. С. 293–300. DOI: 10.1134/S0026364819050040.
12. Peil A., Howard N. P., Bühlmann-Schütz S., Hiller I., Schouten H., Flachowsky H., Patocchi A. *Rvi4* and *Rvi15* are the same apple scab resistance genes // Molecular Breeding. 2023. Vol. 43, No. 10. DOI: 10.1007/s11032-023-01421-0.
13. Luo F., Norelli J. L., Howard N. P., Wisniewski M., Flachowsky H., Hanke M. V., Peace C. Introgressing blue mold resistance into elite apple germplasm by rapid cycle breeding and foreground and background DNA-informed selection // Tree Genetics & Genomes. 2020. No. 16. Article number 28. DOI: 10.1007/s11295-020-1419-5.
14. Svára A., De Storme N., Carpentier S., Keulemans W., De Coninc B. Phenotyping, genetics and ‘-omics’ approaches to unravel and introgress enhanced resistance against apple scab (*Venturia inaequalis*) in apple cultivars (*Malus × domestica*) // Horticulture Research. 2024. Article number uhae002. DOI: 10.1093/hr/uhae002.
15. Uzun A., Kocyigit S., Pinar H., Turgunbaev K., Kaymak, S. Selection of Central Asian apple species for scab resistance genes using molecular markers // Zemdirbyste-Agriculture. 2023. Vol. 110, No. 3. Pp. 245–254. DOI: 10.13080/z-a.2023.110.028.
16. Mir S., Sakina A., Masoodi K. Z., Bhat K. M., Padder B. A., Murtaza I., Shikari A. B. Mapping of quantitative trait loci for scab resistance in apple (*Malus × domestica*) variety, Shireen // Molecular Biology Reports. 2022. Vol. 49, No. 6. Pp. 5555–5566. DOI: 10.1007/s11033-022-07488-w.
17. Padder S. A., Mansoor S., Bhat S. A., Baba T. R., Rather R. A., Wani S. M., Darwish H. Bacterial endophyte community dynamics in apple (*Malus domestica* Borkh.) germplasm and their evaluation for scab management strategies // Journal of Fungi. 2021. Vol. 7, No. 11. DOI: 10.3390/jof7110923.

Об авторах:

Мария Александровна Должикова, младший научный сотрудник лаборатории биохимической генетики отдела биотехнологии и молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0002-2641-2172, AuthorID 971277. E-mail: dolzhikova@orel.vniispk.ru

Татьяна Владимировна Янчук, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории селекции семечковых культур, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0003-4077-7095, AuthorID 607593. *E-mail: yanchuk@orel.vniispk.ru*

Анна Мироновна Галашева, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник, заведующая отделом селекции, сортоизучения и сортовой агротехники семечковых культур, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0001-8795-9991, AuthorID 607708. *E-mail: galasheva@orel.vniispk.ru*

Светлана Александровна Корнеева, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник лаборатории селекции семечковых культур, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0003-2772-5311, AuthorID 42386. *E-mail: ksv81_57@bk.ru*

Анна Андреевна Павленко, младший научный сотрудник лаборатории биохимической генетики отдела биотехнологии и молекулярной генетики, Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, д. Жилина, Орловская область, Россия; ORCID 0000-0002-7664-8896, AuthorID 1035311. *E-mail: pavlenko@orel.vniispk.ru*

References

1. Krasova N. G., Pikunova A. V. Galasheva A. M. Assessment of initial material of an apple tree gene pool to scab resistance. *Vestnik of the Russian Agricultural Sciences*. 2020; 6: 49–54. (In Russ.)
2. Okoro C. A., El-Hasan A., Voegelé R. T. Integrating Biological Control Agents for Enhanced Management of Apple Scab (*Venturia inaequalis*): Insights, Risks, Challenges, and Prospects. *Agrochemicals*. 2024; 3 (2): 118–146. DOI: 10.3390/agrochemicals3020010.
3. Zarembo I., Teilans A., Bartulsons T., Sokolova O., Litavniece L., Nikolajeva A. Apple and pear scab ontology. *Environment. Technologies. Resources: proceedings of the international scientific and practical conference. Rēzekne, Latvia, 2021. Vol. 2. Pp. 199–204. DOI: 10.17770/etr2021vol2.6589.*
4. Patocchi A., Wehrli A., Dubuis P. H., Auwerkerken A., Leida C., Cipriani G., Passey T., Staples M., Didelot F., Philion V., Peil A. Ten years of VINQUEST: first insight for breeding new apple cultivars with durable apple scab resistance. *Plant Disease*. 2020; 104 (8): 2074–2081. DOI: 10.1094/PDIS-11-19-2473-SR.
5. Papp D., Singh J., Gadoury D., Khan A. New North American isolates of *Venturia inaequalis* can overcome apple scab resistance of *Malus floribunda* 821. *Plant Disease*. 2020; 104 (3): 649–655. DOI: 10.1094/PDIS-10-19-2082-RE.
6. Le Cam B., Sargent D., Gouzy J., Amsellem J., Bellanger M. N., Bouchez O., Brown S., Caffier V., De Gracia M., Debuchy R., Duvaux L. New North American isolates of *Venturia inaequalis* can overcome apple scab resistance of *Malus floribunda* 821. *Plant Disease*. 2020; 104 (3): 649–655. DOI: 10.1094/PDIS-10-19-2082-RE.
7. Li X., Tao F., Fan S., Li H., Yang J., Gao L. Genetic diversity of *Venturia inaequalis* isolates (Apple scab) in China and UK determined by SSR markers. *PLoS One*. 2021; 16 (6): e0252865. DOI: 10.1371/journal.pone.0252865.
8. Celik A., Kavak H. Investigation of Genetic Diversity in Apple Scab (*Venturia inaequalis*) Isolated from Two Different Geographical Areas of Turkey. *Erwerbs-Obstbau*. 2019; 61: 263–266. DOI: 10.1007/s10341-019-00426-4.
9. Mansoor S., Ahmed N., Sharma V., Jan S., Nabi S. U., Mir J. I., Masoodi K. Z. Elucidating genetic variability and population structure in *Venturia inaequalis* associated with apple scab disease using SSR markers. *PloS One*. 2019; 14 (11): e0224300. DOI: 10.1371/journal.pone.0224300.
10. Savel'eva N. N., Yushkov A. N., Zemisov A. S., Borzykh N. V., Chivilev V. V., Lyzhin A. S. Ensuring the stability of the resistance of apple genotypes to the fungus *Venturia inaequalis* (cooke) with. *Biosfera*. 2022; 14 (4): 384–386. (In Russ.)
11. Pikunova A. V., Sedov E. N. The Racial Composition of *Venturia inaequalis* in Environments of the Oryol Region. *Mycology and phytopathology*. 2019; 53 (5): 293–300. DOI: 10.1134/S0026364819050040. (In Russ.)
12. Peil A., Howard N. P., Bühlmann-Schütz S., Hiller I., Schouten H., Flachowsky H., Patocchi A. *Rvi4* and *Rvi15* are the same apple scab resistance genes. *Molecular Breeding*. 2023; 43 (10): 74. DOI: 10.1007/s11032-023-01421-0.
13. Luo F., Norelli J. L., Howard N. P., Wisniewski M., Flachowsky H., Hanke M. V., Peace C. Introgressing blue mold resistance into elite apple germplasm by rapid cycle breeding and foreground and background DNA-informed selection. *Tree Genetics & Genomes*. 2020; 16: 28. DOI: 10.1007/s11295-020-1419-5.
14. Svara A., De Storme N., Carpentier S., Keulemans W., De Coninc B. Phenotyping, genetics and ‘-omics’ approaches to unravel and introgress enhanced resistance against apple scab (*Venturia inaequalis*) in apple cultivars (*Malus* × *domestica*). *Horticulture Research*. 2024: uhae002. DOI: 10.1093/hr/uhae002.

15. Uzun A., Kocyigit S., Pinar H., Turgunbaev K., Kaymak, S. Selection of Central Asian apple species for scab resistance genes using molecular markers. *Zemdirbyste-Agriculture*. 2023; 110 (3): 245–254. DOI: 10.13080/z-a.2023.110.028.

16. Mir S., Sakina A., Masoodi K. Z., Bhat K. M., Padder B. A., Murtaza I., Shikari A. B. Mapping of quantitative trait loci for scab resistance in apple (*Malus × domestica*) variety, Shireen. *Molecular Biology Reports*. 2022; 49 (6): 5555–5566. DOI: 10.1007/s11033-022-07488-w.

17. Padder S. A., Mansoor S., Bhat S. A., Baba T. R., Rather R. A., Wani S. M., Darwish H. Bacterial endophyte community dynamics in apple (*Malus domestica* Borkh.) germplasm and their evaluation for scab management strategies. *Journal of Fungi*. 2021; 7 (11): 923. DOI: 10.3390/jof7110923.

Authors' information:

Mariya A. Dolzhikova, junior researcher at the laboratory of biochemical genetics of the department of biotechnology and molecular genetics, All-Russian Research Institute of Fruit Crops Selection, Zhilina village, Oryol region, Russia; ORCID 0000-0002-2641-2172, AuthorID 971277. *E-mail: dolzhikova@orel.vniispk.ru*

Tatyana V. Yanchuk, candidate of agricultural sciences, chief researcher at the laboratory of pome crop breeding, All-Russian Research Institute of Fruit Crops Selection, Zhilina village, Oryol region, Russia; ORCID 0000-0003-4077-7095, AuthorID 607593. *E-mail: yanchuk@orel.vniispk.ru*

Anna M. Galasheva, candidate of agricultural sciences, chief researcher at the laboratory of apple variety studies and varietal agrotechnics, All-Russian Research Institute of Fruit Crops Selection, Zhilina village, Oryol region, Russia; ORCID 0000-0001-8795-9991, AuthorID 607708. *E-mail: galasheva@orel.vniispk.ru*

Svetlana A. Korneeva, candidate of agricultural sciences, chief researcher at the laboratory of pome crop breeding, All-Russian Research Institute of Fruit Crops Selection, Zhilina village, Oryol region, Russia; ORCID 0000-0003-2772-5311, AuthorID 42386. *E-mail: ksv81_57@bk.ru*

Anna A. Pavlenko, junior researcher at the laboratory of biochemical genetics of the department of biotechnology and molecular genetics, All-Russian Research Institute of Fruit Crops Selection, Zhilina village, Oryol region, Russia; ORCID 0000-0002-7664-8896, AuthorID 1035311. *E-mail: pavlenko@orel.vniispk.ru*