

ГЕНЕТИКА КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ И ИХ ДИКИХ РОДИЧЕЙ

Научная статья
УДК 634.11:575.22
DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-133-142



Встречаемость локуса устойчивости к бактериальному ожогу *FBF7* у образцов диких видов яблони (*Malus* Mill.)

А. С. Лыжин, Н. Н. Савельева

Федеральный научный центр имени И.В. Мичурина, Мичуринск, Россия,

Автор, ответственный за переписку: Александр Сергеевич Лыжин, Ranenburzhetc@yandex.ru

Актуальность. Бактериальный ожог (возбудитель *Erwinia amylovora* (Burill) Winslow et al.) – опасное заболевание плодовых культур. В Российской Федерации бактериальный ожог относится к числу карантинных заболеваний. Устойчивость яблони к бактериальному ожогу контролируется полигенно. Однако сведения о генотипах диких видов и разновидностей рода *Malus* Mill. по отдельным локусам устойчивости весьма ограничены. Цель исследования – изучение генетической коллекции диких видов и разновидностей яблони по локусу устойчивости к бактериальному ожогу *FBF7* для выявления перспективных источников устойчивости к *E. amylovora*.

Материалы и методы. Объектами исследования являлись 23 диких и два культурных вида яблони (50 образцов) генетической коллекции ФНЦ им. И.В. Мичурина. Для выявления локуса устойчивости к бактериальному ожогу *FBF7* использовались фланкирующие SCAR-маркеры AE10-375, GE-8019 и SSR-маркер CH-F7-Fb1.

Результаты и выводы. Маркер GE-8019 идентифицирован у 50,0% проанализированных образцов яблони, маркер AE10-375 – у 76,0%, маркер CH-F7-Fb1 – у 30,0%. Выявлен межвидовой и внутривидовой полиморфизм рода *Malus* по анализируемому локусу устойчивости, а также по отдельным ДНК-маркерам, сцепленным с *FBF7*. Фланкирующие локус *FBF7* маркеры GE-8019 и AE10-375 выявлены у 42,0% изучаемых генотипов. При этом три диагностических маркера (GE-8019, AE10-375, CH-F7-Fb1) идентифицированы у семи из исследованных образцов: *M. × robusta* var. *persicifolia* (Carr.) Rehd. (к-41279), *M. × cerasifera* var. *hiemalis* Spach. (к-2342) (серия *Baccatae*), *M. sylvestris* (L.) Mill. (к-73, к-123), *M. × spectabilis* var. *albi plena* (Ait.) Borkh. (к-2416) (серия *Malus*), *M. × sargentii* (Rehd.) Langenf. (к-2428) (серия *Toringonae*) и *M. coronaria* (L.) Mill. (к-2336) (серия *Coronariae*), которые являются перспективными генетическими источниками устойчивости к *E. amylovora*.

Ключевые слова: генетический полиморфизм, *Erwinia amylovora*, молекулярные маркеры, источники устойчивости

Благодарности: работа выполнена в рамках государственного задания ФНЦ имени И.В. Мичурина по проекту FGSU-2022-0002 «Разработать модели идеального сорта по основным промышленным садовым культурам, усовершенствовать методы направленной и маркер-опосредованной селекции и на их основе создать новые генотипы с повышенной устойчивостью к комплексу биотических и абиотических стрессоров, с высокой продуктивностью и улучшенным качеством плодов, конкурентоспособных на российском и мировом рынках».

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Для цитирования: Лыжин А.С., Савельева Н.Н. Встречаемость локуса устойчивости к бактериальному ожогу *FBF7* у образцов диких видов яблони (*Malus* Mill.). *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(4):133-142. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-133-142

GENETICS OF CULTIVATED PLANTS AND THEIR WILD RELATIVES

Original article

DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-133-142

Occurrence of the *FBF7* fire blight resistance locus in accessions of apple wild species (*Malus* Mill.)

Alexander S. Lyzhin, Natalia N. Saveleva

I.V. Michurin Federal Science Center, Michurinsk, Russia

Corresponding author: Alexander S. Lyzhin, Ranenburzhetc@yandex.ru

Background. Fire blight (*Erwinia amylovora* (Burill) Winslow et al.) is a dangerous disease of fruit crops. In the Russian Federation, fire blight is one of the quarantine diseases. Apple resistance to fire blight is controlled polygenically. However, the data on the genotypes of *Malus* Mill. wild species and varieties in the context of individual resistance loci are scarce. The purpose of the research was studying the genetic collection of apple wild species according to the *FBF7* fire blight resistance locus to identify promising sources of resistance to *E. amylovora*.

Materials and methods. The materials of this study included 23 wild and two cultivated apple-tree species (50 accessions) from the genetic collection of the I.V. Michurin FSC. The *FBF7* QTL for fire blight resistance was identified with the flanking SCAR-markers AE10-375 and GE-8019, and SSR-marker CH-F7-Fb1.

Results and conclusion. The GE-8019 marker was identified in 50.0% of the apple accessions, AE10-375 in 76.0% of the accessions, and CH-F7-Fb1 in 30.0%. Inter- and intraspecific polymorphism of the *Malus* genus was revealed for the analyzed resistance locus, as well as for individual DNA markers linked to the *FBF7* QTL. The GE-8019 and AE10-375 markers flanking the *FBF7* QTL were found in 42.0% of the studied genotypes. Meanwhile, three diagnostic markers (GE-8019, AE10-375, and CH-F7-Fb1) were identified only in 7 accessions: *M. × robusta* var. *persicifolia* (Carr.) Rehd. (κ-41279), *M. × cerasifera* var. *himalis* Spach. (κ-2342) (Ser. *Baccatae*), *M. sylvestris* (L.) Mill. (κ-73 and κ-123), *M. × spectabilis* var. *albi plena* (Ait.) Borkh. (κ-2416) (Ser. *Malus*), *M. × sargentii* (Rehd.) Langenf. (κ-2428) (Ser. *Toringonae*), and *M. coronaria* (L.) Mill. (κ-2336) (Ser. *Coronariae*). These forms are promising genetic sources of resistance to *E. amylovora*.

Keywords: genetic diversity, *Erwinia amylovora*, molecular markers, sources of resistance

Acknowledgments: the research was performed within the framework of the state task delegated to the I.V. Michurin FSC, Project No. FGSU-2022-0002 "To develop models of an ideal cultivar for the main commercial horticultural crops, improve methods of targeted and marker-assisted selection, and produce on their basis new genotypes with increased resistance to a set of biotic and abiotic stressors, with high productivity and improved fruit quality, competitive in the Russian and world markets". The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

For citation: Lyzhin A.S., Saveleva N.N. Occurrence of the *FBF7* fire blight resistance locus in accessions of apple wild species (*Malus* Mill.). *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(4):133-142. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-133-142

Введение

Бактериальный ожог (возбудитель – бактерия *Erwinia amylovora* (Burill) Winslow et al.) – опасное заболевание плодовых культур, широко распространенное во многих странах мира (США, Канада, Италия, Германия, Швейцария, Австралия, Япония и др.) (Le Roux et al., 2010; Schlathöf et al., 2018). В России первый официально подтвержденный случай заражения бактериальным ожогом зафиксирован в 2003 г. (Калининградская область). В настоящее время очаги бактериального ожога зарегистрированы в 13 субъектах Российской Федерации, в том числе в Тамбовской области (Drenova, 2019). *E. amylovora* поражает все органы растения, вызывая некроз и отмирание тканей. Патоген может поразить от 20 до 60% насаждений, из которых до 20% впоследствии погибает (Drenova, 2019; Kostick et al., 2019). Во многих странах мира, в том числе и в России, *E. amylovora* является карантинным патогеном. В перечне Европейской и Средиземноморской организации по карантину и защите растений (ЕОКЗР) возбудитель бактериального ожога плодовых культур внесен в список А2. В Российской Федерации *E. amylovora* включена в Перечень ограниченно распространенных, а также Единый перечень карантинных объектов Евразийского экономического союза (Yerokhova, Orłinski, 2017).

Генетическая детерминация устойчивости яблони к *E. amylovora* имеет полигенный характер. Локусы количественных признаков (QTL) выявлены в первую очередь у различных диких видов и разновидностей рода *Malus* Mill.: у *M. × robusta* 5 – на хромосоме 3 (LG 3), у декоративного сорта 'Evereste' (получен от дикого вида) и *M. × floribunda* 821 – на LG 12. Кроме того, источниками устойчивости к бактериальному ожогу являются отдельные образцы *M. baccata* (L.) Borkh., *M. × atrosanguinea* (Spach) C.K. Schneid., *M. fusca* (Raf.) C.K. Schneid., *M. × prunifolia* (Willd.) Borkh., *M. × robusta* var. *persicifolia* (Carr.) Rehd., *M. sieversii* (Ledeb.) M.J. Roem. У диких видов яблони вклад отдельных QTL в проявление устойчивости к *E. amylovora* может достигать 80% (Durel et al., 2009; Kost et al., 2015; Harshman et al., 2017). У сортов яблони домашней (*M. domestica* Borkh.) также идентифицированы отдельные QTL устойчивости к бактериальному ожогу: на LG 5 ('Jonathan'), LG 10 ('Starking', 'Red Delicious' – почковая мутация), однако их вклад в проявление устойчивости меньше, чем у диких видов (Le Roux et al., 2010; Nybom et al., 2012). Одним из наиболее важных локусов устойчивости к бактериальному ожогу, выявленных у *M. domestica*, является QTL на LG7 (сорт 'Fiesta'), который обеспечивает до 46,6% устойчивости к *E. amylovora* (Kellerhals et al., 2013; Papp et al., 2015). В результате проведенного филогенетического анализа был установлен предполагаемый источник локуса устойчивости на LG7 – сорт 'Cox's Orange Pippin', который получили в результате свободного опыления сорта 'Ribston Pippin' около 1700 г. во Франции. Впоследствии для данного QTL (*FBF7*) были разработаны фланкирующие ДНК-маркеры. Валидацию маркеров провели на 81 генотипе яблони, в том числе 31 сорте (включая полученные с использованием 'Cox's Orange Pippin') и 50 гибридных семян комбинации Milwa × 1217 (Khan et al., 2007). В настоящее время ДНК-маркеры, сцепленные с локусом *FBF7*, широко применяются для анализа генетических коллекций сортов яблони домашней и идентификации устойчивых к *E. amylovora* генотипов. В частности, в Научно-исследовательском институте плодоводства и цветоводства в Скерневице (Польша)

изучали коллекцию из 31 сорта яблони европейской селекции и выделили 12 форм, характеризующихся наличием сцепленных с QTL *FBF7*-маркеров (Keller-Przybyłkiewicz et al., 2009). В совместном исследовании Шведского университета сельскохозяйственных наук и Польского научно-исследовательского института плодоводства и цветоводства было проанализировано 205 сортов и форм яблони, и у 45 генотипов был диагностирован QTL *FBF7* (Nybom et al., 2012). В Швейцарском институте растениеводства ведутся исследования по использованию ДНК-маркеров в селекции яблони на устойчивость к *E. amylovora* (Baumgartner et al., 2015). В России работы по идентификации устойчивых к бактериальному ожогу генотипов яблони с использованием диагностических ДНК-маркеров ведутся специалистами Федерального научного центра имени И.В. Мичурина (Lyzhin, Saveleva, 2021a) и Мичуринского государственного аграрного университета (Shamshin et al., 2020). Однако вопросы генетической детерминации устойчивости к бактериальному ожогу и встречаемости отдельных локусов у диких видов и разновидностей яблони в настоящее время изучены недостаточно и требуют дополнительных исследований. Возможность использования ДНК-маркеров от *M. domestica* для анализа других видов рода *Malus* обусловлена их генетической близостью: виды рода хорошо совместимы и легко скрещиваются между собой. Кроме того, культуры вируемые сорта яблони (*M. domestica*) получены от исходных диких видов, в первую очередь – *M. sieversii*. В формирование генома *M. domestica* также внесли вклад *M. sylvestris* (L.) Mill., *M. baccata*, *M. orientalis* (Uglitzk.) Juz., *M. mandshurica* (Maxim.) Kom., *M. × prunifolia* (Urbanovich et al., 2010; Cornille et al., 2012). Некоторые локусы агроботанических признаков (например, гены устойчивости к парше *Rvi6*, мучнистой росе *Pl-1*, *Pl-2* и др.), интрогрессированные в геном культурных форм от исходных диких видов (Ponomarenko V.V., Ponomarenko K.V., 2011), также встречаются у различных представителей рода *Malus*, а ДНК-маркеры, используемые для их идентификации, применимы для анализа как культурных, так и диких форм (Sharifnabi et al., 2020; Gautam, Modgil, 2022). Таким образом, локус *FBF7*, помимо некоторых форм яблони домашней, может также присутствовать и у других видов яблони.

Цель исследования – изучение генетической коллекции диких видов и разновидностей яблони (*Malus*) по локусу устойчивости к бактериальному ожогу *FBF7* для выявления перспективных источников устойчивости к *E. amylovora*.

Материалы и методы

Исследования проводили в 2020–2023 гг. Биологическими объектами исследования являлись 23 диких и два культурных вида (*M. domestica* и *M. × cerasifera*) рода *Malus* (50 образцов) генетической коллекции Федерального научного центра имени И.В. Мичурина (таблица). Образцы привлечены в Мичуринск из Майкопской опытной станции ВИР академиком РАН, доктором сельскохозяйственных наук Н. И. Савельевым. Анализируемые виды по классификации Лангельфельда (Langenfeld, 1991) относятся к пяти секциям:

в секции *Gymnomeles* Koehne изучено 16 образцов, из них 15 из серии *Baccatae* Rehd. и 1 из серии *Huphenses* Langenf.;

в секции *Malus* Langenf. – 26, из них 1 из серии *Asiaticae* Langenf., 10 из серии *Sieversinae* Langenf., 6 из серии *Orientalis* Langenf. и 9 из серии *Malus*;

Таблица. Полиморфизм видов и разновидностей яблони по сцепленным с QTL *FBF7* устойчивости к бактериальному ожогу молекулярным маркерам

Table. Polymorphism of apple-tree species and varieties according to molecular markers linked to the *FBF7* QTL of fire blight resistance

№ по каталогу ВИР / VIR catalogue No.	<i>Malus</i> Mill. spp.	ДНК-маркер / DNA marker		
		GE-8019	AE10-375	CH-F7-Fb1
		397 пн / 397 bp	375 пн / 375 bp	210 пн / 210 bp
Секция <i>Gymnomeles</i> Koehne				
Серия <i>Baccatae</i> Rehd.				
к-14207	<i>M. baccata</i> (L.) Borkh.	1	1	0
к-2316	<i>M. baccata</i> (L.) Borkh.	1	1	0
к-2317	<i>M. baccata</i> (L.) Borkh.	0	1	0
к-2319	<i>M. baccata</i> (L.) Borkh.	1	1	0
к-2324	<i>M. baccata</i> (L.) Borkh.	1	1	0
к-2333	<i>M. baccata</i> var. <i>coerulescens</i> Borkh.	1	1	0
к-41277	<i>M. mandshurica</i> (Maxim.) Kom.	0	0	1
к-41275	<i>M. mandshurica</i> subsp. <i>sachalinensis</i> (Kom.) Lich.	0	1	0
к-890	<i>M. mandshurica</i> subsp. <i>sachalinensis</i> (Kom.) Lich.	0	0	0
к-43199	<i>M. × robusta</i> (Carr.) Rehd.	1	1	0
к-41279	<i>M. × robusta</i> var. <i>persicifolia</i> (Carr.) Rehd.	1	1	1
к-2314	<i>M. × cerasifera</i> var. <i>aurantiaca</i> Spach.	0	0	1
к-2342	<i>M. × cerasifera</i> var. <i>hiemalis</i> Spach.	1	1	1
к-2332	<i>M. × cerasifera</i> var. <i>odorata</i> Spach.	0	1	1
к-1457	<i>M. pallasiana</i> Juz.	0	0	0
Серия <i>Hupehenses</i> Langenf.				
к-14945	<i>M. hupehensis</i> (Pamp.) Rehd.	0	1	1
Секция <i>Malus</i> Langenf.				
Серия <i>Asiaticae</i> Langenf.				
к-2343	<i>M. asiatica</i> Nakai.	0	1	0
Серия <i>Sieversinae</i> Langenf.				
к-13280	<i>M. sieversii</i> (Ledeb.) M.J. Roem.	1	0	0
к-13975	<i>M. sieversii</i> (Ledeb.) M.J. Roem.	1	1	0
к-2385	<i>M. pumila</i> var. <i>gallica</i> Mill.	0	1	1
к-13279	<i>M. niedzwetzkyana</i> (Dieck.) Langenf.	0	0	0
к-29422	<i>M. niedzwetzkyana</i> (Dieck.) Langenf.	1	0	0
к-29429	<i>M. niedzwetzkyana</i> (Dieck.) Langenf.	1	0	0
к-2393	<i>M. × purpurea</i> var. <i>aldenhamensis</i> (Barbier.) Rehd.	0	1	0
к-14973	<i>M. × purpurea</i> var. <i>eleyi</i> (Barbier.) Rehd.	0	1	0
к-2396	<i>M. × purpurea</i> var. <i>pendula</i> (Barbier.) Rehd.	0	1	0
к-2392	<i>M. × purpurea</i> (Barbier.) Rehd.	0	0	0

Таблица. Окончание
Table. The end

№ по каталогу ВИР / VIR catalogue No.	<i>Malus</i> Mill. spp.	ДНК-маркер / DNA marker		
		GE-8019	AE10-375	CH-F7-Fb1
		397 пн / 397 bp	375 пн / 375 bp	210 пн / 210 bp
Серия <i>Orientalis</i> Langenf.				
к-29460	<i>M. orientalis</i> (Uglitzk.) Juz.	0	1	0
к-29476	<i>M. orientalis</i> (Uglitzk.) Juz.	0	1	0
к-29484	<i>M. orientalis</i> (Uglitzk.) Juz.	1	1	0
к-41623	<i>M. orientalis</i> (Uglitzk.) Juz.	0	0	0
к-49478	<i>M. orientalis</i> (Uglitzk.) Juz.	0	1	1
к-13283	<i>M. orientalis</i> subsp. <i>turkmenorum</i> (Juz. et M. Pop.) Langenf.	1	1	0
Серия <i>Malus</i>				
к-73	<i>M. sylvestris</i> (L.) Mill.	1	1	1
к-123	<i>M. sylvestris</i> (L.) Mill.	1	1	1
к-29493	<i>M. sylvestris</i> (L.) Mill.	0	1	0
к-2454	<i>M. × prunifolia</i> (Willd.) Borkh.	1	1	0
к-14942	<i>M. caspiciensis</i> Langenf.	0	1	1
к-14943	<i>M. caspiciensis</i> Langenf.	0	1	0
к-2416	<i>M. × spectabilis</i> var. <i>albi plena</i> (Ait.) Borkh.	1	1	1
к-2495	<i>M. × spectabilis</i> var. <i>rubra plena</i> (Ait.) Borkh.	1	0	0
к-711	<i>M. domestica</i> Borkh. Антоновка обыкновенная	0	0	0
Секция <i>Sorbomalus</i> Zabel.				
Серия <i>Toringonae</i> (Rehd.) Langenf.				
к-2312	<i>M. × arnoldiana</i> Rehd.	0	1	1
к-2346	<i>M. × floribunda</i> Siebold.	0	1	0
к-2428	<i>M. × sargentii</i> (Rehd.) Langenf.	1	1	1
к-2322	<i>M. sieboldii</i> (Regel) Rehd.	1	1	0
к-2407	<i>M. × scheidekerii</i> Spaeth.	1	1	0
Серия <i>Kansuenses</i> Rehd.				
к-2424	<i>M. transitoria</i> (Batal.) C.K. Schneid.	1	1	0
Секция <i>Chloromeles</i> (Decne.) Rehd.				
Серия <i>Coronariae</i> (Rehd.) Langenf.				
к-2336	<i>M. coronaria</i> (L.) Mill.	1	1	1
Секция <i>Eriolobus</i> (C.K. Schneid.) Langenf.				
к-2345	<i>M. florentina</i> (Zuce.) C.K. Schneid.	1	1	0

в секции *Sorbomalus* Zabel. – 6, из них 5 из серии *Toringonae* (Rehd.) Langenf. и 1 из серии *Kansuenses* Rehd.;

в секциях *Chloromeles* (Decne.) Rehd. (серия *Coronariae* (Rehd.) Langenf.) и *Eriolobus* (C.K. Schneid) Langenf. – по одному.

Для выявления локуса *FBF7* использовались SCAR-маркеры AE10-375, GE-8019 и SSR-маркер CH-F7-Fb1 (Khan et al., 2007).

SCAR-маркеры AE10-375 и GE-8019 были разработаны на основе фланкирующих QTL *FBF7* RAPD-маркеров AE10-400 и GE80-19-0550: дистанция от маркера AE10-375 до пика QTL составляет 4 см, от маркера GE-8019 – 6 см. Расстояние между фланкирующими маркерами составляет 10 см. Маркер CH-F7-Fb1 картирован с той же стороны от QTL, что и AE10-375, и используется для повышения надежности молекулярно-генетического анализа.

Маркер AE10-375 имеет целевой ампликон размером 375 пн, маркер GE-8019 – ампликон размером 397 пн. Данные продукты амплифицируются только при наличии в генотипе локуса *FBF7*. Микросателлитный маркер CH-F7-Fb1 имеет ампликоны 174 и 210 пн. С QTL *FBF7* сцеплен продукт размером 210 пн (Khan et al., 2007). Для надежной идентификации локуса *FBF7* необходимо проведение анализа по трем маркерам и у генотипов, характеризующихся наличием QTL *FBF7*; на электрофореграмме должны четко присутствовать целевые ампликоны всех трех маркеров (Khan et al., 2007). Для сокращения времени анализа допустимо проведение анализа по маркерам AE10-375 и GE-8019, которые фланкируют QTL *FBF7* (Sehic et al., 2009; Nybom et al., 2012). Однако в дальнейшем выделенные формы должны быть дополнительно проанализированы по маркеру CH-F7-Fb1.

Используемые для идентификации QTL *FBF7* праймеры синтезированы НПК «Синтол» (Россия) и имеют следующую нуклеотидную последовательность:

AE10-375-for: 5'-CTGAAGCGCACGTTCTCC-3'
 AE10-375-rev: 5'-CTGAAGCGCATCATTTCTGATAG-3'
 GE-8019-for: 5'-TTGAGACCGATTTTCGTGTG-3'
 GE-8019-rev: 5'-TCTCTCCAGAGCTTCATTGT-3'
 CH-F7-Fb1-for: 5'-AGCCAGATCACATGTTTTATC-3'
 CH-F7-Fb1-rev: 5'-ACAACGGCCACCAGTTTATC-3'

ПЦР проводили в амплификаторе T100 (Bio-Rad, США) по программе, описанной ранее (Lyzhin, Saveleva, 2021a).

Разделение продуктов амплификации осуществлялось методом электрофореза в 2,0-процентном агарозном геле. Визуализацию и анализ результатов электрофореза проводили с использованием системы гель-документирования ChemiDoc XRS+ (Bio-Rad, США). Определение размера ампликонов проводили с использованием ДНК-маркера Step 100 («Биолабмикс», Россия).

Результаты и обсуждение

В результате проведенного скрининга маркер GE-8019 идентифицирован у 50,0% образцов, относящихся к 14 из проанализированных диких видов яблони (см. таблицу) и одному культурному (*M. × cerasifera* var. *hiemalis*). Маркер AE10-375 идентифицирован у 76,0% образцов, относящихся к 21 дикому виду из 23 исследованных и двум разновидностям *M. × cerasifera* (*hiemalis* и *odorata*). Маркер CH-F7-Fb1 идентифицирован у 30,0% образцов, относящихся к 11 диким видам и трем разновидностям *M. × cerasifera* (*aurantiaka*, *hiemalis* и *odorata*).

Примеры электрофоретических спектров маркеров AE10-375, GE-8019 и CH-F7-Fb1 у диких видов и разновидностей яблони приведены на рисунке, результаты идентификации – в таблице.

В тех сериях, где было изучено свыше пяти образцов, маркер GE-8019 наиболее часто встречается в сериях *Toringonae* – 60,0% проанализированных образцов, *Malus* – 55,5% и *Baccatae* – 53,3%. Маркер AE10-375 широко представлен у генотипов яблони всех серий, при этом в серии *Toringonae* он выявлен у 100% проанализированных образцов, в сериях *Baccatae*, *Orientalis* и *Malus* он выявлен у более 70,0% образцов. Маркер CH-F7-Fb1 наиболее широко представлен в сериях *Malus* и *Toringonae* – 44,4% и 40,0% образцов соответственно.

При этом необходимо отметить, что в наших исследованиях у использованных для анализа ДНК-маркеров могут также присутствовать дополнительные ампликоны большего или меньшего размера, не описанные разработчиками. Данные фрагменты свидетельствуют о полиморфизме изучаемого локуса или являются результатом неспецифической амплификации, могут быть использованы в качестве положительного контроля при постановке ПЦР, однако не должны учитываться при анализе результатов амплификации.

Хотя бы один из трех изучаемых маркеров присутствует у 45 анализируемых образцов, относящихся к 22 диким видам яблони, и одному виду, встречающемуся только в культуре. Комбинация двух маркеров из трех присутствует у 20 образцов (14 видов), что составляет 40,0% от их общего количества. Все три маркера присутствуют только у 7 образцов (14,0%), относящихся к шести видам: *M. × robusta* var. *persicifolia* (к-41279) и *M. × cerasifera* var. *hiemalis* (к-2342) из секции *Gymnomeles* (серия *Baccatae*); *M. sylvestris* (к-73, к-123) и *M. × spectabilis* var. *albi plena* (к-2416) из секции *Malus* (серия *Malus*); *M. × sargentii* (к-2428) из секции *Sorbomalus* (серия *Toringonae*) и *M. coronaria* (к-2326) из секции *Chloromeles* (серия *Coronariae*). У образцов видов *M. pallasiana* (к-1457), *M. mandshurica* subsp. *sachalinensis* (к-890), *M. niedzwetzkyana* (к-13279), *M. × purpurea* (к-2392), *M. orientalis* (к-41623) и *M. domestica* Borkh. 'Антоновка обыкновенная' (к-711) (12,0% от общего количества) изучаемые маркеры в генотипе отсутствуют.

Другими исследователями у некоторых диких видов яблони также были идентифицированы отдельные маркеры. В частности, маркеры GE-8019 и AE10-375 по отдельности были выявлены в некоторых популяциях яблони Недзвецкого (*M. niedzwetzkyana*), произрастающих в Казахстане. При этом, как и в наших исследованиях, комбинация маркеров GE-8019 и AE10-375 у представителей данного вида не обнаружено (Nurtaza et al., 2022). Необходимо также отметить, что по данным полевой оценки в условиях Исык-Кульской, Джалал-Абадской областей Кыргызстана яблоня Недзвецкого характеризуется средним уровнем устойчивости к *E. amylovora* (Doolotkeldieva et al., 2021a, b).

Наряду с межвидовым разнообразием, для фланкирующих QTL *FBF7* ДНК-маркеров характерен также внутривидовой полиморфизм, в частности среди образцов *M. orientalis* маркер GE-8019 выявлен у образца к-29484 и подвида *turkmenorum* (к-13283), но отсутствует у остальных (к-29460, к-29476, к-41623, к-49478); маркер AE10-375 присутствует у 5 образцов (к-29484, к-29476, к-49478, к-29460, к-13283), но отсутствует у образца к-41623; маркер CH-F7-Fb1 присутствует только у образ-

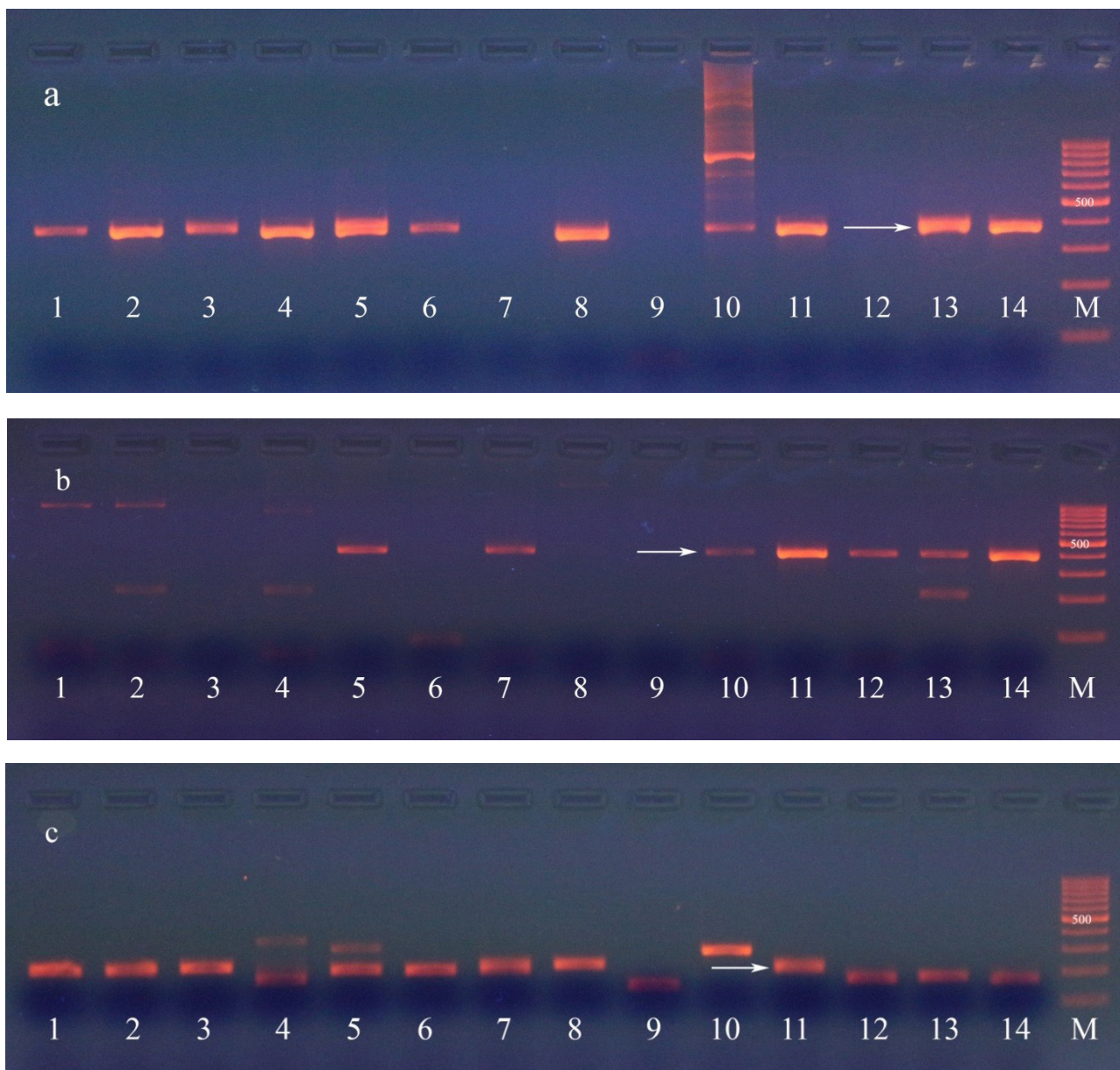


Рисунок. Электрофоретический спектр маркеров AE10-375 (а), GE-8019 (b) и CH-F7-Fb1 (с) у видов и разновидностей яблони:

1 – *M. turkmenorum* (к-13283); 2 – *M. florentina* (к-2345); 3 – *M. mandshurica* (к-41277); 4 – *M. caspiensis* (к-14942); 5 – *M. hupehensis* (к-14945); 6 – *M. × cerasifera* var. *odorata* (к-2332); 7 – *M. × purpurea* (к-2392); 8 – *M. coronaria* (к-2336); 9 – *M. × cerasifera* var. *aurantiaka* (к-2314); 10 – *M. baccata* (к-2324); 11 – *M. × purpurea* var. *aldenhamensis* (к-2393); 12 – *M. pallasiana* (к-1457); 13 – *M. transitoria* (к-2424); 14 – *M. × cerasifera* var. *hiemalis* (к-2342). М – маркер молекулярного веса ДНК; стрелками указаны продукты амплификации маркеров AE10-375 (375 пн), GE-8019 (397 пн) и CH-F7-Fb1 (210 пн)

Figure. Electrophoretic profile of the DNA markers AE10-375 (a), GE-8019 (b), and CH-F7-Fb1 (c) in apple-tree wild species and varieties:

1 – *M. turkmenorum* (k-13283); 2 – *M. florentina* (k-2345); 3 – *M. mandshurica* (k-41277); 4 – *M. caspiensis* (k-14942); 5 – *M. hupehensis* (k-14945); 6 – *M. × cerasifera* var. *odorata* (k-2332); 7 – *M. × purpurea* (k-2392); 8 – *M. coronaria* (k-2336); 9 – *M. × cerasifera* var. *aurantiaka* (k-2314); 10 – *M. baccata* (k-2324); 11 – *M. × purpurea* var. *aldenhamensis* (k-2393); 12 – *M. pallasiana* (k-1457); 13 – *M. transitoria* (k-2424); 14 – *M. × cerasifera* var. *hiemalis* (k-2342). М – DNA molecular weight marker; arrows indicate amplification products of the markers AE10-375 (375 bp), GE-8019 (397 bp), and CH-F7-Fb1 (210 bp)

ца *M. orientalis* к-49478 (см. таблицу). Внутривидовой полиморфизм по устойчивости диких яблонь к бактериальному ожогу также подтверждается другими исследователями (Volk et al., 2009). Однако следует отметить особо, что в нашей работе для вида *M. baccata* показан минимальный уровень полиморфизма, поскольку пять из шести исследованных образцов имеют идентичный набор ДНК-маркеров (см. таблицу).

Комбинация маркеров AE10-375 и CH-F7-Fb1 (210 пн), которые картированы с одной стороны от пика QTL *FBF7*, выявлена у 13 образцов, относящихся к 11 видам яблони, что составляет 26,0% от общего количества. У образцов *M. baccata* (к-14207, к-2316, к-2317, к-2319, к-2324, к-2333), *M. mandshurica* subsp. *sachalinensis* (к-41275), *M. × robusta* (к-43199), *M. asiatica* (к-2343), *M. sieversii* (к-13975), *M. × purpurea* (к-2393, к-14973, к-2396), *M. orientalis* (к-29460, к-29476, к-29484, к-13283), *M. sylvestris* (к-29493), *M. × prunifolia* (к-2454), *M. caspiensis* (к-14943), *M. × floribunda* (к-2346), *M. sieboldii* (к-2322), *M. × scheidekerii* (к-2407), *M. transitoria* (к-2424) и *M. florentina* (к-2345) маркер AE10-375 присутствует, тогда как целевой ампликон маркера CH-F7-Fb1 не выявлен. У *M. mandshurica* (к-41277) и *M. × cerasifera* var. *aurantiaka* (к-2314) идентифицирован маркер CH-F7-Fb1 (210 пн) при отсутствии маркера AE10-375. Подобные результаты получены другими авторами для некоторых сортов яблони домашней. Например, у сортов 'Hordapfel' и 'Blauacher Wädenswil' маркер AE10-375 присутствует, а CH-F7-Fb1 отсутствует, у сортов *M. domestica* 'Gold Milenium', 'Melfree' и 'Idared' выявлен маркер CH-F7-Fb1, а маркер AE10-375 не выявлен (Keller-Przybyłkiewicz et al., 2009). При этом необходимо отметить, что в исследовании M. A. Khan et al. (2007), являющихся разработчиками использованных для анализа диагностических ДНК-маркеров, у всех сортов яблони домашней (*M. domestica*) с маркером AE10-375 также присутствовал и маркер CH-F7-Fb1 (210 пн).

Комбинация маркеров GE-8019 и AE10-375, фланкирующих QTL *FBF7*, выявлена у 21 образца анализируемых видов яблонь, что составляет 42,0%. Наибольшее количество генотипов, характеризующихся наличием маркеров GE-8019 и AE10-375, выявлено в сериях *Toringonae* (60,0%) и *Baccatae* (53,3%). Наличие в генотипе фланкирующих маркеров свидетельствует о присутствии QTL *FBF7*. Однако все три маркера, как было указано выше, идентифицированы только у семи образцов – *M. × robusta* var. *persicifolia* (к-41279), *M. × cerasifera* var. *hiemalis* (к-2342), *M. sylvestris* (к-73, к-123), *M. × spectabilis* var. *albi plena* (к-2416), *M. × sargentii* (к-2428) и *M. coronaria* (к-2336), из которых два генотипа относятся к серии *Baccatae*, три – к серии *Malus*, по одному – к сериям *Toringonae* и *Coronariae*.

Устойчивость *M. × robusta* var. *persicifolia* к бактериальному ожогу подтверждается также данными фитопатологических тестов. При этом установлено, что у данной разновидности механизм устойчивости отличается от *M. × robusta* 5 (локус *FB_MR5*) и, предположительно, может быть детерминирован *FBF7* (Wöhner et al., 2016). *M. × sargentii* и *M. coronaria* характеризуются значительно более высоким уровнем устойчивости к *E. amylovora* по сравнению с *M. domestica* (Dougherty et al., 2021). Для *M. sylvestris* отмечено наличие как устойчивых, так и восприимчивых к бактериальному ожогу генотипов (с преобладанием восприимчивых форм) (Aldwinckle et al., 2002). В нашем исследовании также отмечен внутривидовой полиморфизм *M. sylvestris*: образцы к-73 и к-123 ха-

актеризуются наличием локуса *FBF7*, а образец к-29493 его не имеет.

Разновидности *M. × robusta* var. *persicifolia* и *M. × cerasifera* var. *hiemalis* имеют гибридное происхождение и образовались в результате гибридизации *M. baccata* и *M. × prunifolia* (Barsukova, 2018, 2022). При этом у проанализированных нами образцов *M. baccata* (к-14207, к-2316, к-2317, к-2319, к-2324) и *M. × prunifolia* (к-2454) из трех диагностических маркеров локуса *FBF7* присутствует только два – GE-8019 и AE10-375. Полученные данные позволяют предположить, что в их создании принимали участие другие виды яблони, характеризующиеся также наличием маркера CH-F7-Fb1.

M. × sargentii и разновидность *M. × spectabilis* var. *albi plena*, по литературным данным (Barsukova, 2018, 2022), тоже имеют гибридное происхождение, однако исходные формы неизвестны, что не позволяет определить предполагаемый источник локуса *FBF7*. При этом необходимо отметить, что другая разновидность – *M. × spectabilis* var. *rubra plena* – локуса устойчивости к бактериальному ожогу не имеет (из трех маркеров присутствует только GE-8019).

M. coronaria относится к североамериканской группе яблонь, обособившихся в третичном периоде (Barsukova, 2021). Большинство американских видов характеризуется высоким уровнем устойчивости к бактериальному ожогу (Dougherty et al., 2021).

M. sylvestris распространена на территории от Центральной Европы до Передней Азии, является наряду с *M. sieversii* одним из родоначальников культивируемых сортов яблони (*M. domestica*). При этом проанализированные образцы *M. sieversii* локуса *FBF7* не имеют, в связи с чем источником QTL *FBF7* для яблони домашней могли быть некоторые образцы *M. sylvestris*.

Дикие виды яблони также являются источниками других R-генов, в частности *M. × robusta* var. *persicifolia* (к-41279) характеризуется наличием генов устойчивости к парше *Rvi4* и устойчивости к мучнистой росе *Pl-1*, *M. × spectabilis* var. *albi plena* (к-2416) – гена устойчивости к парше *Rvi4*, *M. × cerasifera* var. *hiemalis* (к-2342) и *M. coronaria* (к-2336) – гена устойчивости к мучнистой росе *Pl-1*, *M. × sargentii* (к-2428) – гена устойчивости к мучнистой росе *Pl-w* (Savel'ev et al., 2016; Lyzhin, Savel'eva, 2021b), что позволяет использовать их в качестве источников нескольких локусов устойчивости к патогенам.

Заключение

Проведен анализ 23 диких и двух культурных видов яблони (50 образцов) по локусу устойчивости к бактериальному ожогу *FBF7*. Выявлен межвидовой и внутривидовой полиморфизм представителей рода *Malus* по анализируемому локусу устойчивости, а также по отдельным ДНК-маркерам, сцепленным с QTL *FBF7*. Фланкирующие локус *FBF7* маркеры GE-8019 и AE10-375 выявлены у 42,0% изучаемых образцов. При этом три диагностических маркера (GE-8019, AE10-375, CH-F7-Fb1) идентифицированы у *M. × robusta* var. *persicifolia* (к-41279) и *M. × cerasifera* var. *hiemalis* (к-2342) из секции *Gymnomel* (серия *Baccatae*); *M. sylvestris* (к-73, к-123) и *M. × spectabilis* var. *albi plena* (к-2416) из секции *Malus* (серия *Malus*); *M. × sargentii* (к-2428) из секции *Sorbomalus* (серия *Toringonae*) и *M. coronaria* (к-2326) из секции *Chloromeles* (серия *Coronariae*), которые являются перспективными генетическими источниками устойчивости к *Erwinia amylovora*.

References / Литература

- Aldwinckle H.S., Gustafson H.L., Forsline P.L., Bhaskara Reddy M.V. Fire blight resistance of *Malus* species from Sichuan (China), Russian Caucasus, Turkey, and Germany. *Acta Horticulturae*. 2002;590:369-372. DOI: 10.17660/ActaHortic.2002.590.55
- Barsukova O.N. Biodiversity of East Asian apple-tree species and their use in breeding. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2022;183(4):12-18. [in Russian] [Барсукова О.Н. Биологическое разнообразие и селекционное использование восточноазиатских видов яблони. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2022;183(4):12-18]. DOI: 10.30901/2227-8834-2022-4-12-18
- Barsukova O.N. Composition of the collection of wild apple-tree species and its prospects for use in breeding. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2018;179(3):95-103. [in Russian] [Барсукова О.Н. Состав коллекции дикорастущих видов яблони и перспективы использования ее в селекции. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2018;179(3):95-103]. DOI: 10.30901/2227-8834-2018-3-95-103
- Barsukova O.N. North American apple-tree species: sources of useful agronomic traits for breeding. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2021;182(3):86-90. [in Russian] [Барсукова О.Н. Североамериканские виды яблони – источники хозяйственно ценных признаков для использования в селекции. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2021;182(3):86-90]. DOI: 10.30901/2227-8834-2021-3-86-90
- Baumgartner I.O., Patocchi A., Frey J.E., Peil A., Kellerhals M. Breeding elite lines of apple carrying pyramided homozygous resistance genes against apple scab and resistance against powdery mildew and fire blight. *Plant Molecular Biology*. 2015;33(5):1573-1583. DOI: 10.1007/s11105-015-0858-x
- Cornille A., Gladieux P., Smulders M.J.M., Roldán-Ruiz I., Laurens F., Le Cam B. et al. New insight into the history of domesticated apple: secondary contribution of the European wild apple to the genome of cultivated varieties. *PLoS Genetics*. 2012;8(5):e1002703. DOI: 10.1371/journal.pgen.1002703
- Doolotkeldieva T., Bobusheva S., Konurbaeva M. Monitoring the spread of fire blight and its danger for the conservation of genetic resources of local and introduced varieties of apple and pear trees in the biosphere territory Issyk-Kul. *Kyrgyzstan Live Nature Research*. 2021a;(2):151-153. [in Russian] [Доолоткелдиева Т., Бобушева С., Конурбаева М. Мониторинг распространения бактериального ожога и его опасности для сохранения генетических ресурсов местных и интродуцированных сортов яблони и груши биосферной территории Иссык-Куль. *Исследование живой природы Кыргызстана*. 2021a;(2):151-153].
- Doolotkeldieva T., Konurbaeva M., Bobusheva S. Monitoring the spread of fire blight and its danger for the conservation of genetic resources of wild apple varieties in the forests of Kyrgyzstan. *Bulletin of Kyrgyz National Agrarian University named after K.I. Skryabin*. 2021b;2(56):35-39. [in Russian] [Доолоткелдиева Т., Конурбаева М., Бобушева С. Мониторинг распространения бактериального ожога и его опасности для сохранения генетических ресурсов дикорастущих сортов яблони в лесах Кыргызстана. *Вестник Кыргызского национального аграрного университета им. К.И. Скрябина*. 2021b;2(56):35-39].
- Dougherty L., Wallis A., Cox K., Zhong G.Y., Gutierrez B. Phenotypic evaluation of fire blight outbreak in the USDA *Malus* collection. *Agronomy*. 2021;11(1):144. DOI: 10.3390/agronomy11010144
- Drenova N.V. Fire blight in the Russian Federation and current approaches to its diagnostics. *Pomiculture and Small Fruits Culture in Russia*. 2019;58:131-137. [in Russian] [Дренова Н.В. Ожог плодовых культур в Российской Федерации и современные подходы к его диагностике. *Плодоводство и ягодоводство России*. 2019;58:131-137]. DOI: 10.31676/2073-4948-2019-58-131-137
- Durel C.E., Denancé C., Bricet M.N. Two distinct major QTL for resistance to fire blight co-localize on linkage group 12 in apple genotypes 'Evereste' and *Malus floribunda* clone 821. *Genome*. 2009;52(2):139-147. DOI: 10.1139/G08-111
- Gautam V., Modgil M. Screening of Indian wild apple accessions with scab and powdery mildew disease resistant gene specific molecular markers. *International Journal of Farm Sciences*. 2022;12(4):1-10. DOI: 10.5958/2250-0499.2022.00098.2
- Harshman J.M., Evans K.M., Allen H., Potts R., Flamenco J., Aldwinckle H.S. et al. Fire blight resistance in wild accessions of *Malus sieversii*. *Plant Disease*. 2017;101(10):1738-1745. DOI: 10.1094/PDIS-01-17-0077-RE
- Keller-Przybyłkiewicz S., Lewandowski M., Korbin M. Molecular screening of apple (*Malus domestica*) cultivars and breeding clones for their resistance to fire blight. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*. 2009;17(2):31-43.
- Kellerhals M., Baumgartner I.O., Leumann L., Frey J.E., Patocchi A. Progress in pyramiding disease resistances in apple breeding. *Acta Horticulturae*. 2013;976:487-491. DOI: 10.17660/ActaHortic.2013.976.68
- Khan M.A., Durel C.E., Duffy B., Drouet D., Kellerhals M., Gessler C. et al. Development of molecular markers linked to the 'Fiesta' linkage group 7 major QTL for fire blight resistance and their application for marker-assisted selection. *Genome*. 2007;50(6):568-577. DOI: 10.1139/G07-033
- Kost T.D., Gessler C., Jansch M., Flachowsky H., Patocchi A., Broggin G.A.L. Development of the first cisgenic apple with increased resistance to fire blight. *PLoS One*. 2015;10(12):e0143980. DOI: 10.1371/journal.pone.0143980
- Kostick S.A., Norelli J.L., Evans K.M. Novel metrics to classify fire blight resistance of 94 apple cultivars. *Plant Pathology*. 2019;68(5):985-996. DOI: 10.1111/ppa.13012
- Langenfeld V.T. Apple-trees: morphological evolution, phylogeny, and systematics of the genus. Riga: Zinātne; 1991. [in Russian] [Лангенфельд В.Т. Яблоня. Морфологическая эволюция, филогения, география, систематика. Рига: Зинатне; 1991]
- Le Roux P.M.F., Khan M.A., Broggin G.A.L., Duffy B., Gessler C., Patocchi A. Mapping of quantitative trait loci for fire blight resistance in the apple cultivars 'Florina' and 'Nova Easygro'. *Genome*. 2010;53(9):710-722. DOI: 10.1139/G10-047
- Lyzhin A.S., Saveleva N.N. Identification of QTL *FBF7* fire blight resistance in apple varieties germplasm. *BIO Web of Conferences*. 2021a;34:02002. DOI: 10.1051/bioconf/20213402002
- Lyzhin A.S., Savel'eva N.N. Polymorphism of wild species of p. *Malus* Mill. according to powdery mildew resistance genes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Agrarian Series*. 2021b;59(1):62-70. [in Russian] [Лыжин А.С., Савельева Н.Н. Полиморфизм дикорастущих видов р. *Malus* Mill. по генам устойчивости к мучнистой росе. *Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя аграрных навук*. 2021b;59(1):62-70]. DOI: 10.29235/1817-7204-2021-59-1-62-70

- Nurtaza A., Pozharskiy A., Dyussebekova D., Dolgikh S., Nizamdinova G., Taskuzhina A. et al. Conservation of *Malus niedzwetzkyana* Dieck ex Koehne genotypes from Kazakhstan resistant to scab and fire blight diseases. *Research Square*. [preprint] 2022. DOI: 10.21203/rs.3.rs-1402446/v1
- Nybom H., Mikiciński A., Garkava-Gustavsson L., Sehic J., Lewandowski M., Sobiczewski P. Assessment of fire blight tolerance in apple based on plant inoculations with *Erwinia amylovora* and DNA markers. *Trees*. 2012;26(1):199-213. DOI: 10.1007/s00468-011-0649-4
- Papp D., Békefi Z., Balotai B., Tóth M. Identification of marker alleles linked to fire blight resistance QTLs in apple genotypes. *Plant Breeding*. 2015;134(3):345-349. DOI: 10.1111/pbr.12258
- Помомаренко В.В., Помомаренко К.В. The genetic potential of the genus *Malus* Mill. in the apple breeding of the 21st century. *Pomiculture and Small Fruits Culture in Russia*. 2011;28(2):156-163. [in Russian] (Помомаренко В.В., Пономаренко К.В. Генетический потенциал рода *Malus* Mill. в селекции яблони XXI в. *Плодоводство и ягодоводство России*. 2011;28(2):156-163).
- Savel'ev N.I., Lyzhin A.S., Savel'eva N.N. Genetic diversity of the genus *Malus* Mill. on scab resistance genes. *Russian Agricultural Sciences*. 2016;(4):21-24. [in Russian] (Савельев Н.И., Лыжин А.С., Савельева Н.Н. Генетическое разнообразие рода *Malus* Mill. по генам устойчивости к парше. *Российская сельскохозяйственная наука*. 2016;(4):21-24).
- Schlathöler I., Jänsch M., Flachowsky H., Broggin G.A.L., Hanke M.V., Patocchi A. Generation of advanced fire blight-resistant apple (*Malus × domestica*) selections of the fifth generation within 7 years of applying the early flowering approach. *Planta*. 2018;247(6):1475-1488. DOI: 10.1007/s00425-018-2876-z
- Sehic J., Nyboom H., Garkava-Gustavsson L., Patocchi A., Kellerhals M., Duffy B. Fire blight (*Erwinia amylovora*) resistance in apple varieties associated with molecular markers. *International Journal of Horticultural Science*. 2009;15(1-2):53-57. DOI: 10.31421/IJHS/15/1-2/812
- Shamshin I.N., Maslova M.V., Drenova N.V., Dubrovsky M.L., Parusova O.V. Assessment of fire blight resistance in apple clonal rootstocks using molecular markers. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2020;181(4):185-191. DOI: 10.30901/2227-8834-2020-4-185-191
- Sharifnabi B., Jamalvand M., Rahimi Tamandegani P., Ghaderi F. Apple powdery mildew resistance genes in Iranian wild apple genotypes. *Iranian Journal of Plant Pathology*. 2020;56(3):319-328. DOI: 10.22034/ijpp.2020.241966
- Urbanovich O.Yu., Kazlouskaya Z.A., Khatskevich A.A., Kartel N.A. The analysis of polymorphism SSR-locus of kinds *Malus*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological Series*. 2010;(1):12-17. [in Russian] (Урбанович О.Ю., Козловская З.А., Хацкевич А.А., Картель Н.А. Анализ полиморфизма SSR-локусов видов *Malus*. *Вестник Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя біялагічных навук*. 2010;(1):12-17).
- Volk G.M., Richards C.M., Henk A.D., Reilley A.A., Reeves P.A., Forsline P.L. et al. Capturing the diversity of wild *Malus orientalis* from Georgia, Armenia, Russia, and Turkey. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 2009;134(4):453-459. DOI: 10.21273/JASHS.134.4.453
- Wöhner T., Szentgyörgyi E., Peil A., Richter K., Hanke M.V., Flachowsky H. Homologs of the FB_MR5 fire blight resistance gene of *Malus × robusta* 5 are present in other *Malus* wild species accessions. *Tree Genetics and Genomes*. 2016;12(1):2. DOI: 10.1007/s11295-015-0962-y
- Yerokhova M.D., Orlinski A.D. Fire blight – a dangerous quarantine disease. *Journal of Plant Protection and Quarantine*. 2017;(11):32-34. [in Russian] (Ерохова М.Д., Орлинский А.Д. Бактериальный ожог плодовых – опасное карантинное заболевание. *Защита и карантин растений*. 2017;(11):32-34).

Информация об авторах

Александр Сергеевич Лыжин, кандидат сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный научный центр имени И.В. Мичурина, 393774 Россия, Тамбовская область, Мичуринск, ул. Мичурина, 30, Ranenburzhetc@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9770-8731>

Наталья Николаевна Савельева, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник, Федеральный научный центр имени И.В. Мичурина, 393774 Россия, Тамбовская область, Мичуринск, ул. Мичурина, 30, saveleva_natalya_nic@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4874-7536>

Information about the authors

Alexander S. Lyzhin, Cand. Sci. (Agriculture), Leading Researcher, I.V. Michurin Federal Science Center, 30 Michurina St., Michurinsk, Tambov Province 393774, Russia, Ranenburzhetc@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9770-8731>

Natalia N. Saveleva, Dr. Sci. (Biology), Leading Researcher, I.V. Michurin Federal Science Center, 30 Michurina St., Michurinsk, Tambov Province 393774, Russia, saveleva_natalya_nic@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4874-7536>

Вклад авторов: Лыжин А.С. – исследование; анализ данных; подготовка рукописи; ответственность за плагиат и самоплагиат. Савельева Н.Н. – сбор биологического материала.

Contribution of the authors: Lyzhin A.S. – research; data analysis; preparation of the manuscript; responsibility for plagiarism and self-plagiarism. Saveleva N.N. – collection of biological material.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 19.04.2023; одобрена после рецензирования 05.07.2023; принята к публикации 05.12.2023. The article was submitted on 19.04.2023; approved after reviewing on 05.07.2023; accepted for publication on 05.12.2023.