

Научная статья

УДК 631.523.13

DOI: 10.37482/0536-1036-2026-2-101-112

**Генетическая паспортизация сортов яблони
(*Malus domestica* Borkh.) из Ботанического сада
им. В.М. Крутовского**

Т.В. Сухих[✉], науч. сотр.; ResearcherID: [MHR-2563-2025](https://orcid.org/0009-0001-1148-8991),

ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-1148-8991>

А.А. Ибе, канд. с.-х. наук, науч. сотр.; ResearcherID: [JWA-2951-2024](https://orcid.org/0000-0002-3534-532X),

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3534-532X>

М.А. Шеллер, канд. биол. наук, науч. сотр.; ResearcherID: [AAD-1288-2022](https://orcid.org/0000-0001-9306-1627),

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9306-1627>

Н.В. Моксина, канд. с.-х. наук, доц., гл. науч. сотр.;

ResearcherID: [KGM-8849-2024](https://orcid.org/0000-0002-1387-0529), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1387-0529>

Н.П. Братилова, д-р с.-х. наук, проф., гл. науч. сотр.;


ResearcherID: [AAF-3074-2019](https://orcid.org/0000-0002-2918-9690), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2918-9690>

Сибирский государственный университет науки и технологий им. академика М.Ф. Решетнёва, просп. им. газеты «Красноярский рабочий», д. 31, г. Красноярск, Россия, 660037; cherkesova-tv@yandex.ru[✉], aaibis@mail.ru, maralexsheller@mail.ru, n.moksina2010@yandex.ru, nbratilova@yandex.ru

Поступила в редакцию 17.03.25 / Одобрена после рецензирования 07.06.25 / Принята к печати 09.06.25

Аннотация. Ботанический сад им. В.М. Крутовского Сибирского государственного университета им. М.Ф. Решетнёва объединяет уникальные коллекции плодовых культур. Особая роль среди них отводится коллекции яблони домашней (*Malus domestica* Borkh.), состоящей из 39 сортов российской и зарубежной селекции, адаптированных к сибирским условиям. Для проведения генетической паспортизации были отобраны 18 сортов яблони. ДНК сортов выделяли из свежих листьев с применением СТАВ-метода. Дифференциация сортов выполнена с помощью 11-ядерных микросателлитных локусов: CH01h01, CH01h10, CH04c07, Hi02c07, GD12, CH01f02, CH01f0b, CH02c09, CH02c11, CH02d08, CH04e05. Осуществлен подбор 3 мультиплексных панелей, включающих 3–4 локуса при постановке 1 полимеразной цепной реакции (ПЦР). Фрагментный анализ позволил зарегистрировать четкий и воспроизводимый результат в виде определенного спектрального диапазона ПЦР-продуктов. Проведены анализ показателей генетической дифференциации, идентификация генотипов и оценка вероятности их случайного совпадения. Все использованные микросателлитные локусы характеризуются высоким уровнем полиморфизма. Всего в локусах выявлено от 7 (CH01h01, CH01h10, Hi02c07) до 13 (CH01f02, CH02c11) аллельных вариантов. Средние показатели генетической изменчивости составили: число аллелей на локус – 9,727; эффективное число аллелей – 5,515; наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность – 0,636 и 0,790 соответственно. Обнаружено, что все отобранные образцы имеют разный генотип. Эффективность использованного набора SSR-маркеров подтверждена низкой вероятностью случайного совпадения у особей с неродственным генотипом. На основе полиморфизма микросателлитных локусов составлены генетические паспорта 18 сортов яблони домашней, культивируемых на территории Ботанического сада им.

© Сухих Т.В., Ибе А.А., Шеллер М.А., Моксина Н.В., Братилова Н.П., 2026

 Статья опубликована в открытом доступе и распространяется на условиях лицензии CC BY 4.0

В.М. Крутовского. Данные ДНК-паспортов могут быть использованы для подтверждения сортовой аутентичности деревьев яблони. Проведенное исследование служит началом создания базы молекулярно-генетических паспортов коллекционных сортов *Malus domestica* Borkh. Ботанического сада им. В.М. Крутовского.

Ключевые слова: яблоня, сорт, генетический полиморфизм, генотип, микросателлиты, генетическая паспортизация, Ботанический сад им. В.М. Крутовского

Благодарности: Исследование проведено в рамках госзадания по заказу Министерства науки и высшего образования РФ коллективом научной лаборатории «Селекция древесных растений» по теме «Селекционно-генетические основы формирования целевых насаждений и рационального использования древесных ресурсов Красноярского края (Енисейской Сибири)» (№ FEFE–2024–0013).

Для цитирования: Сухих Т.В., Ибе А.А., Шеллер М.А., Моксина Н.В., Братилова Н.П. Генетическая паспортизация сортов яблони (*Malus domestica* Borkh.) из Ботанического сада им. В.М. Крутовского // Изв. вузов. Лесн. журн. 2026. № 2. С. 101–112.

<https://doi.org/10.37482/0536-1036-2026-2-101-112>

Original article

Genetic Certification of Apple Varieties (*Malus domestica* Borkh.) from the Krutovsky Botanical Garden

Tatyana V. Sukhikh[✉], Research Scientist; ResearcherID: [MHR-2563-2025](https://orcid.org/0009-0001-1148-8991),

ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-1148-8991>

Aleksey A. Ibe, Candidate of Agriculture, Research Scientist; ResearcherID: [JWA-2951-2024](https://orcid.org/0000-0002-3534-532X),

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3534-532X>

Marina A. Sheller, Candidate of Biology, Research Scientist;

ResearcherID: [AAD-1288-2022](https://orcid.org/0000-0001-9306-1627), ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9306-1627>

Natalya V. Moksina, Candidate of Agriculture, Assoc. Prof., Chief Research Scientist;

ResearcherID: [KGM-8849-2024](https://orcid.org/0000-0002-1387-0529), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1387-0529>

Natalia P. Bratilova, Doctor of Agriculture, Prof., Chief Research Scientist;

ResearcherID: [AAF-3074-2019](https://orcid.org/0000-0002-2918-9690), ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2918-9690>

Reshetnev Siberian State University of Science and Technology, prosp. Krasnoyarskii Rabochii, 31, Krasnoyarsk, Russian Federation, 660037; cherkesova-tv@yandex.ru[✉], aaibis@mail.ru, maralexsheller@mail.ru, n.moksina2010@yandex.ru, nbratilova@yandex.ru

Received on March 13, 2025 / Approved after reviewing on June 7, 2025 / Accepted on June 9, 2025

Abstract. The Krutovsky Botanical Garden unites unique collections of fruit crops. A special role among them is given to the collection of apple trees (*Malus domestica* Borkh.), which includes 39 varieties of Russian and foreign breeding adapted to Siberian conditions. Eighteen apple varieties were selected for genetic certification. The DNA of all analyzed varieties was isolated from fresh leaves using the CTAB method. The varieties were differentiated using 11 nuclear microsatellite loci: CH01h01, CH01h10, CH04c07, Hi02c07, GD12, CH01f02, CH01f0b, CH02c09, CH02c11, CH02d08, CH04e05. In the course of the study, three multiplex panels have been selected. Each panel contained 3–4 loci in a single polymerase chain reaction (PCR). Fragment analysis allowed us to obtain a clear and reproducible result for each microsatellite locus, revealing a certain range of amplification products. Based on

the results of the study, an analysis of indicators of genetic differentiation, identification of genotypes and assessment of the probability of their accidental coincidence were performed. All studied microsatellite loci showed a high level of polymorphism. The number of alleles per loci varied from seven (CH01h01, CH01h10, Hi02c07) to 13 (CH01f02, CH02c11). The average values of the genetic variability indicators were: number of alleles per locus – 9.727; number of effective alleles – 5.515; observed and expected heterozygosity 0.636 and 0.790, respectively. It was found that all selected samples have a different genotype. The low probability of accidental coincidence of unrelated genotypes confirmed the effectiveness of the selected set of microsatellite markers. Data on the polymorphism of microsatellite loci, genetic passports of the studied 18 apple varieties of the Krutovsky Botanical Garden were compiled. The DNA passport data can subsequently be used to confirm varietal authenticity. This research is the beginning of the creation of a molecular genetic database of *Malus domestica* Borkh. varieties from the collection of the Krutovsky Botanical Garden of the Reshetnev Siberian State University.

Keywords: apple, variety, genetic polymorphism, genotype, microsatellites, genetic certification, Krutovsky Botanical garden

Acknowledgements: The study was carried out within the framework of the state assignment commissioned by the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation by the staff of the "Breeding of Woody Plants" scientific laboratory on the topic "Breeding and Genetic Foundations for the Formation of Target Plantations and the Rational Use of Wood Resources in the Krasnoyarsk Territory (Yenisei Siberia)" (FEFE–2024–0013).

For citation: Sukhikh T.V., Ibe A.A., Sheller M.A., Moksina N.V., Bratilova N.P. Genetic Certification of Apple Varieties (*Malus domestica* Borkh.) from the Krutovsky Botanical Garden of The Reshetnev Siberian State University of Science and Technology. *Lesnoy Zhurnal* = Russian Forestry Journal, 2026, no. 2, pp. 101–112. (In Russ.).

<https://doi.org/10.37482/0536-1036-2026-2-101-112>

Введение

Яблоня домашняя (*Malus domestica* Borkh.) внесена в перечень сельскохозяйственных растений, выращивание которых обеспечивает продовольственную безопасность страны (распоряжение Правительства РФ № 3835-р от 8 дек. 2022 г., ред. от 03.08.2023). Яблоня является одной из наиболее распространенных и значимых плодовых культур. Это обусловлено особенностями данного вида: приятный вкус и низкокалорийность плодов, содержание в них биологически активных веществ, высокая урожайность, гибкость по отношению к комплексу экологических факторов. Всего насчитывается более 7,5 тыс. сортов яблони. Однако в число наиболее используемых входят лишь 20 [18]. В мировой селекции приоритет отдается выведению высокопродуктивных сортов, устойчивых к фитопатогенам, энтомовам, а также абиотическим стрессовым факторам [19].

Создание с помощью традиционных методов нового сорта яблони с определенными признаками может длиться более 30 лет. Повышение эффективности селекционного процесса становится возможным благодаря применению генетических маркеров тех или иных признаков, наличие которых подтверждено объективной оценкой. Особенно актуальными становятся ДНК-методы, позволяющие идентифицировать подлинность сортовой принадлежности [5]. В настоящее время использование ряда молекулярных маркеров качественных признаков, таких как устойчивость к болезням, «лежкость» плодов, их окраска,

развитие растения, его реакция на окружающую среду и др., стало возможным после расшифровки генома яблони сорта Голден Делишес, полученного в ходе полногеномного секвенирования (WGS – whole genome sequencing) [8]. Результаты данного исследования были анонсированы в 2010 г. международной группой ученых. Практической целью являлось ускорение селекции этого экономически важного вида плодовых культур [27, 28].

В число наиболее эффективных методов генетической идентификации отдельных особей, определения степени сходства и исследования видового разнообразия входит SSR-маркирование (Simple Sequence Repeats). Метод позволяет получать сведения о специфичности некоторых участков генома на основе анализа полиморфизма микросателлитных локусов – участков ДНК, содержащих короткие tandemные повторы длиной в 2–9 пар нуклеотидов (чаще 2–4 п. н.) [7, 9]. Полиморфизм микросателлитных локусов – это наличие нескольких аллелей (вариантов) в 1 локусе. Каждый организм обладает индивидуальной комбинацией аллелей в разных локусах и, следовательно, отличается от другого организма практически неповторимым многолокусным генотипом. В настоящее время для яблони известно несколько сотен SSR-маркеров (микросателлитов) с высоким уровнем полиморфности [25]. Чаще всего они не имеют выраженного фенотипического эффекта [14]. Одним из основных применений SSR-маркеров является их использование для идентификации и паспортизации объектов [22].

На сегодняшний день исследования селекции и размножения яблони домашней разных сортов проводятся в Ботаническом саду Сибирского государственного университета науки и технологий им. академика М.Ф. Решетнёва (СибГУ им. Решетнёва). Сад был создан в 1904 г. В.М. Крутовским – основоположником интродукции теплолюбивых сортов древесных видов в условиях Сибири, разработчиком арктической стелющейся формы кроны плодовых деревьев. С 1988 г. изучение сортовой и индивидуальной изменчивости деревьев разных сортов по фенологии и плодоношению, а также по гибридизации и выращиванию посадочного материала при семенном и вегетативном размножении продолжили сотрудники Сибирского технологического института (сегодня в составе СибГУ им. М.Ф. Решетнёва) [3, 6]. В настоящее время в уникальную коллекцию Ботанического сада им. В.М. Крутовского входит 39 сортов яблони домашней, выведенных российскими и зарубежными селекционерами. Сорта отличаются разным географическим происхождением, периодом и характеристиками плодоношения. Из общего числа сортов 12 относятся к группе летних, 27 – к группе зимних. Группы отличаются временем сбора плодов и сроками хранения. В условиях Ботанического сада оптимальным месяцем сбора урожая для летних сортов является август, а для зимних – сентябрь. К данным месяцам плоды этих групп приобретают характерные окраску и размер. Большинство сортов интродуцировано из европейской части России. Деревья адаптированы к суровым условиям Сибири, некоторые экземпляры дают урожай в возрасте 113 лет [1]. По результатам многолетней работы сотрудников СибГУ им. М.Ф. Решетнёва были изучены морфологические и физиологические особенности сортов яблони, однако их исследование с помощью молекулярно-генетических методов ранее не проводилось.

Целью данной работы стала генетическая паспортизация 18 сортов яблони домашней из Ботанического сада им. В.М. Крутовского на основе анализа ядерных микросателлитных локусов.

Объекты и методы исследования

Объектом исследования послужили 18 яблонь, произрастающих на территории Ботанического сада им. В.М. Крутовского СибГУ им. М.Ф. Решетнёва, следующих сортов и фенологических форм: Красноярский сибиряк (зимний), Аркад стаканчатый (летний), Бисмарк (зимний), Аврора (летний), Генерал Орлов, № 22 (зимние), Папировка (летний), Антоновка обыкновенная, Антипасхальное (зимние), Нобилис (летнее), Апорт среднерусский, Восковое, Бельфлер-китайка, Пепин шафранный, Зеленое Крутовского, Малиновка, Красноярское, Воронежский воргуль (зимние).

Исследование состояло из таких основных этапов, как отбор образцов, выделение тотальной ДНК, постановка ПЦР (полимеразная цепная реакция) по 11 микросателлитным локусам в 3 мультиплексах, очистка ПЦР-продуктов для дальнейшего фракционирования в генетическом анализаторе, разделение фрагментов методом капиллярного электрофореза, интерпретация данных, детектированных в ходе фрагментного анализа.

ДНК выделяли из свежего листового материала отдельных деревьев, используя модифицированный СТАВ-метод [12, 15, 16]. Выделенную ДНК растворяли в 50 мкл деионизированной воды, хранили при температуре $-22\text{ }^{\circ}\text{C}$. Концентрацию и чистоту ДНК оценивали на нано-спектрофотометре P330 Implen (Германия) с помощью измерения степени поглощения раствора в областях с длинами волн 260 и 280 нм [10]. Для проведения ПЦР образцы разводили до концентрации 30 мкг/мкл.

Отобраны 11 широко используемых ядерных микросателлитных локусов, разработанных для яблони и утвержденных Европейской программой сотрудничества по генетическим ресурсам растений (ЕСPGR) [4, 13, 20, 21]. Праймеры, содержащие флуоресцентную метку (6-FAM TAMRA, R6G, ROX), были распределены на 3 группы для постановки мультиплексной ПЦР (табл. 1).

Таблица 1

Характеристика ядерных микросателлитных локусов [20, 21]

Characterization of nuclear microsatellite loci

Мультиплекс	Локус	Мотив	Последовательность праймера (5'-3')	Число аллелей	Диапазон размера ампликона, п. н.	Флуорофор (канал)
M1	CH01h01	(AG) ₂₅	F: GAAAGACTTGCAGTGGGAGC R: GGAGTGGGTTTGAGAAGGTT	17	114–134	6-FAM (синий)
	CH01h10	(GA) _n	F: TGCAAAGATAGGTAGATATATGCCA R: AGGAGGGATTGTTTGTGCAC	8	94–114	TAMRA (чёрный)
	CH04c07	(GA) _n	F: GGCCTTCCATGTCTCAGAAG R: CCTCATGCCCTCCACTAACA	14	98–135	R6G (зеленый)
	Hi02c07	(GA) _n	F: AGAGCTACGGGGATCCAAAT R: GTTTAAGCATCCCGATTGAAAGG	1	108–149	ROX (красный)

Окончание табл. 1

Мульти-плекс	Локус	Мотив	Последовательность праймера (5'-3')	Число аллелей	Диапазон размера ампликона, п. н.	Флуорофор (канал)
M2	GD12	(CT) ₃₂	F: TTGAGGTGTTTCTCCCATTGGA R: СТААСГААСССГССАТТСТТТ	3	141–191	6-FAM (синий)
	CH01f02	(GA) _n	F: ACCACATTAGAGCAGTTGAGG R: СТGGTTTGTТТТСТССAGC	12	174–206	TAMRA (черный)
	CH01f03b	(GA) _n	F: GAGAAGCAAATGCAAAAACCC R: СТСССГГСТССТАТТСТАС	9	139–183	R6G (зеленый)
M3	CH02c09	(GA) _n	F: ТТАТГТАССААСТТТГСТААССТС R: АГААГСАГСАГАГГАГГАТГ	15	233–257	ROX (красный)
	CH02c11	(GA) _n	F: TGAAGGCAATCACTCTGTGC R: TTCCGAGAATCCTCTTCGAC	10	219–239	6-FAM (синий)
	CH02d08	(GA) _n	F: TCCAAAATGGCGTACCTCTC R: GCAGACACTCACTCACTATCTCTC	11	210–254	R6G (зеленый)
	CH04e05	(GA) _n	F: AGGCTAACAGAAATGTGGTTTGT R: ATGGCTCCTATTGCCATCAT	7	174–227	TAMRA (черный)

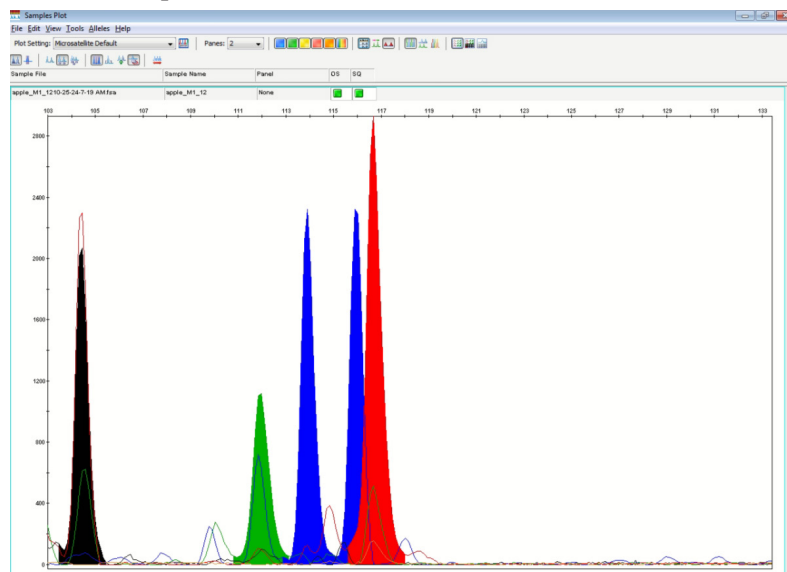
Для амплификации всех локусов использовали наборы реакционной смеси GenPak®PCR MasterMixCore производства Isogen (Россия). ПЦР проводили в термоциклере T100 BioRad (США) по следующей программе: начальная денатурация ДНК – 3 мин при +94 °С; далее 30 циклов: 30 с плавления при +94 °С, 1 мин отжига праймеров при +60 °С, 1 мин элонгации при +72 °С; заключительная элонгация – 5 мин при +72 °С.

Фрагментный анализ продуктов амплификации проводили на генетическом анализаторе ABI Prism 310 Applied Biosystems (США) в соответствии с протоколом, рекомендованным производителем прибора [17]. В качестве электрофоретического стандарта использовали маркер молекулярного веса СД-450 (канал LIZ) производства Синтол (Россия). Для оценки размера и количества аллелей применяли программный пакет GeneMapper Version 4.0. Оценку показателей генетической дифференциации, идентификацию генотипов и оценку вероятности случайного совпадения многолокусных генотипов проводили с использованием программы GenA1Ex 6.5 [23, 24]. Для выявления ошибок генотипирования и наличия нуль-аллелей использовали программу Micro-Cheker [26].

Результаты исследования и их обсуждение

В результате фрагментного анализа по каждому SSR-локусу были получены стабильные, четко интерпретируемые электрофоретические спектры, которые соответствуют различным аллелям микросателлитов. Амплификация нескольких SSR-локусов в 1 пробе не приводит к наложению диапазонов их спектров. Присутствие на электрофореграмме 2 пиков у 1 локуса указывает на его гетерозиготность (см. рисунок). Программа Micro-Cheker не выявила ошибок генотипирования, однако нуль-аллели отмечены для локусов Ni02c07, CH02d08, CH04e05 (>0,20). Анализ общего аллельного состава по исследованным микросателлитным локусам показал, что каждый изученный сорт яблони обладает уникальным набором аллелей, отличающим его от других сортов. Ге-

нотипирование выявило полиморфность всех SSR-локусов: от 7 до 13 аллельных вариантов на локус. Наибольшее аллельное разнообразие было установлено для локусов CH01f02 и CH02c11 (13 аллелей). Наименее изменчивыми оказались локусы CH01h01, CH01h10 и Hi02c07, у которых амплифицировалось 7 аллельных вариантов.



Электрофореграмма продуктов амплификации локусов мультиплекса № 1 у сорта Генерал Орлов

Electrophoregram of amplification products from multiplex 1 loci in the General Orlov variety

Ввиду ограниченного количества в Ботаническом саду деревьев выбранных для исследования сортов была проведена общая оценка их генетического разнообразия. Определено, что среднее число аллелей на локус (N_A) варьировало от 7,0 до 13,0, эффективное число аллелей (N_E) – от 2,842 до 9,672, наблюдаемая (H_O) и ожидаемая гетерозиготность (H_E) – от 0,278 до 0,889 и от 0,648 до 0,897 соответственно (табл. 2).

Дефицит гетерозиготных генотипов отмечается по 10 микросателлитным локусам. Исключение составил только локус GD12, у которого наблюдается избыток гетерозиготных генотипов (индекс фиксации $F = -0,1487$).

Таблица 2

Показатели генетического разнообразия исследованных деревьев яблони
Indicators of genetic variability of the studied apple trees

Локус	N_A	N_E	H_O	H_E	F
CH01h01	7,000	3,484	0,667	0,713	0,065
CH01h10	7,000	2,842	0,556	0,648	0,143
CH04c07	11,000	5,786	0,778	0,827	0,060
Hi02c07	7,000	3,767	0,278	0,735	0,622
CH01f02	13,000	6,894	0,778	0,855	0,090
CH01f03b	11,000	6,968	0,778	0,856	0,092
GD12	8,000	3,100	0,778	0,677	-0,148
CH02c09	11,000	8,000	0,778	0,875	0,111

Окончание табл. 2

Локус	N_A	N_E	H_O	H_E	F
CH02c11	13,000	9,672	0,889	0,897	0,009
CH02d08	10,000	5,492	0,444	0,818	0,457
CH04e05	9,000	4,662	0,278	0,785	0,646
<i>Среднее</i>	<i>9,727</i>	<i>5,515</i>	<i>0,636</i>	<i>0,790</i>	<i>0,195</i>

В программе GenAlEx был также проведен анализ данных для идентификации многолокусных генотипов и оценки вероятности их случайного совпадения (метод популяционной вероятности совпадения). Данные расчеты широко используются в судебной экспертизе ДНК как показатель статистической значимости применяемого набора маркерных локусов [11]. В генотипах особей, не состоящих в родстве, показатель вероятности случайного совпадения аллелей в каждом локусе не должен составлять более 5 %. В то же время, если брать весь набор локусов, возможность ошибочной констатации генетической идентичности не должна превышать 1×10^{-6} [2]. Расчеты показали, что вероятность случайного совпадения неродственных генотипов в нашем исследовании составила 3×10^{-14} , что оправдывает выбор использованного набора маркеров для генетической паспортизации сортов яблони домашней.

Дальнейший анализ мультилокусных комбинаций аллелей по 11 микросателлитным локусам позволил установить, что все 18 исследованных образцов относятся к разным генотипам:

Красноярский сибиряк.....114114104122116116116116178178145151151155247257221241220220182182g
 Аркад стаканчатый.....11211410410410411611812019421415115114915125126121722722222180180g
 Бисмарк.....114118104104116116122122186194151185149153249261217227220230206208g
 Аврора.....1141309898104112122116178208145151149185255263225225218218180180g
 Генерал Орлов.....114116104104112112118118178178151177149149251255223237234236180180g
 № 22.....1121129898102116116132178178141177149185257261217239218230180180g
 Папировка.....112112104108118134116116130194145151149151251255219225224232210210g
 Антоновка обыкновенная.....114114108122102118130130188194167167161185251261217227224224224228g
 Антипасхальное.....114114104110112116116116186186151177149157251263225243220224208208g
 Нобилис.....112114104104108128120120194214151157149155251263219221220236182198g
 Апорт среднерусский.....112114104108102116116116178196177185149149245245227231226226204204g
 Восковое.....114116104104112112116116188212185185149163261261219241220220182198g
 Бельфлер-китайка.....114130104110100118120120186194167177149149259263219237226220182182g
 Пепин шафранный.....130130104110116118120120190196167177149185247257235235220220182182g
 Зеленое Крутовского.....114116106108104114112116178196145167149155247263219237234234208208g
 Малиновка.....12212810410898116112112184194137137149155253253221227220220182182g
 Красноярское.....112114104104104112116116172194149157149149241263209221220226182198g
 Воронежский воргуль.....112116100104102116112116180208153179153155247247209219228228182182g

Число совпадений между образцами во всех случаях равно 0. Это означает, что полученные многолокусные генотипы не повторяются и являются уникальными.

В табл. 3 указаны размеры амплифицированных фрагментов SSR-маркеров. При этом 2 значения у сорта соответствуют гетерозиготности локуса. По результатам анализа для всех изученных сортов яблони домашней были получены сортоспецифичные молекулярно-генетические паспорта, содержащие информацию о наименовании SSR-маркера и его аллельном составе.

Таблица 3

Длина аллелей исследованных сортов яблоны в 11 SSR-локусах (п. н.)
 Molecular genetic passports of apple tree varieties from the collection of the V.M. Krutovsky Botanical Garden at 11 SSR loci

Сорт	СН01h01	СН01h10	СН04с07	Нi02с07	СН01f02	СН01f03b	GD12	СН02с09	СН02с11	СН02d08	СН04е05
Красноярский сибиряк	114	104/122	116/116	116	178	145/151	151/155	247/257	221/241	220	182
Аркад стаканчатый	122/114	104	104/116	118/120	194/214	151	149/151	251/161	217/227	222	180
Бисмарк	114/118	104	116/116	122	186/194	151/185	149/153	249/261	217/227	220/230	206/208
Аврора	114/130	98	104/112	116/122	178/208	145/151	149/185	255/263	225	218	180
Генерал Орлов	114/116	104	112/112	118	178	151/177	149/149	251/255	223/237	234/236	180
№ 22	112	98	102/116	116/132	178	141/177	149/185	257/261	217/239	218/230	180
Папировка	112	104/108	118/134	116	130/194	145/151	149/151	251/255	219/225	224/232	210
Антоновка обыкновенная	114	108/122	102/118	130	188/194	167	161/185	251/261	217/227	224	224/228
Антипахальное	114	104/110	112/116	116	186/186	151/177	149/157	251/263	225/243	220/224	208
Нобилис	112/114	104	108/128	120	194/214	151/157	149/155	251/263	219/221	220/236	182/198
Апорт среднерусский	112/114	104/108	102/116	116	178/196	177/185	149/149	245	227/231	226	204
Восковое	114/116	104	112/112	116	188/212	185	149/163	261	219/241	220	182/198
Бельфлер-китайка	114/130	104/110	100/118	120	186/194	167/177	149/149	259/263	219/237	220/226	182
Пелин шафранный	130	104/110	116/118	120	190/196	167/177	149/185	247/257	235	220	182
Зеленое Кругового	114/116	106/108	104/114	112/116	178/196	145/167	149/155	247/263	219/237	234	208
Малиновка	122/128	104/108	98/116	112	184/194	137	149/155	253	221/227	220	182
Красноярское	112/114	104	104/112	116	172/194	149/157	149/149	241/263	209/221	220/226	182/198
Воронежский воргуль	112/116	100/104	102/116	112/116	180/208	153/179	153/155	247	209/2019	228	182

Заключение

Проведено исследование генотипического разнообразия 18 сортов *Malus domestica* из Ботанического сада СибГУ им. М.Ф. Решетнёва по 11 микросателлитным маркерам. Уровень полиморфизма SSR-локусов изученных образцов оказался высоким. Эффективность использованного набора микросателлитных маркеров подтверждена низкой вероятностью случайного совпадения генотипов неродственных особей. Каждый сорт несет уникальный набор аллелей. Полученные в ходе паспортизации многолокусные генотипы сортов яблони домашней могут быть использованы для их идентификации с целью определения правильности отнесения к сорту и сортовой чистоты. Данная работа является начальным этапом создания базы данных ДНК-паспортов коллекционных сортов яблони Ботанического сада им. В.М. Крутовского СибГУ им. М.Ф. Решетнёва.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ / REFERENCES

1. Братилова Н.П., Герасимова О.А., Моксина Н.В. Биологическая продуктивность крупноплодных сортов яблони, выращиваемой в открытой и стелющейся форме в ботаническом саду им. В.М. Крутовского: моногр. 2-е изд., доп. и перераб. Красноярск: СибГУ им. М.Ф. Решетнёва, 2024. 148 с.

Bratilova N.P., Gerasimova O.A., Moksina N.V. *Biological Productivity of Large-fruited Apple Varieties Grown in Open and Creeping Form in the Botanical Garden Named After V.M. Krutovsky: Monograph*. Ed. by N.P. Bratilova. Krasnoyarsk, SibGU im. M.F. Reshetnyeva Publ., 2024. 148 p. (In Russ.).

2. Волков В.А. Использование микросателлитных маркеров для установления фактов незаконной рубки основных хвойных лесообразователей Северо-Запада России // Синергия Наук. 2018. № 30. С. 2211–2219.

Volkov V.A. Using Microsatellite DNA Markers to Establish the Facts of Illegal Logging of Basic Coniferous Forest-growers North-West Russia Area. *Synergia Nauk = The Synergy of Sciences*, 2018, no. 30, pp. 2211–2219. (In Russ.).

3. Григорьева С.О., Матвеева Р.Н., Моксина Н.В., Коломыцев М.В. Плодоношение маточных деревьев яблони, использованных для гибридизации в ботаническом саду им. В.М. Крутовского // Хвойные бореал. зоны. 2024. Т. XLII, № 6. С. 65–70.

Grigorieva S.O., Matveeva R.N., Moksina N.V., Kolomytsev M.V. Fruit-Bearing of Brotherhood Apple Trees Used for Hybridization at the V.M. Krutovsky Botanical Garden. *Khvoynye boreal'noi zony = Conifers of the Boreal Area*, 2024, vol. XLII, no. 6, pp. 65–70. (In Russ.).

4. Козловская З.А., Леонович И.С., Гашенко Т.А., Кондратенюк Ю.Г. Молекулярно-генетическая паспортизация национальной коллекции яблони в Беларуси // Сб. науч. тр. ГНБС. 2017. Т. 144. Ч. I. С. 134–138.

Kozlovskaya Z.A., Leonovich I.S., Gashenko T.A., Kondratenok Yu.G. Molecular-genetic Passportization of National Apple Collection in Belarus. *Sbornik nauchnykh trudov GNBS = Works of the State Nikit. Botan. Gard.*, 2017, vol.144, part I, pp. 134–138. (In Russ.).

5. Куликов И.М., Кудрявцев А.М., Марченко Л.А., Морозова Н.Г., Борис К.В., Трифонова А.А., Дедова Л.В. Полиморфизм микросателлитных локусов сортов яблони (*Malus domestica* Borkh.) современной селекции ФГБНУ ВСТИСП // Садоводство и виноградарство. 2018. № 1. С. 6–10.

Kulikov I.M., Kudryavtsev A.M., Marchenko L.A., Morozova N.G., Boris K.V., Trifonova A.A., Dedova L.V. Polymorphism of Microsatellite Loci of Apple Varieties (*Malus*

domestica Borkh.) of ARHIBAN Contemporary Breeding. *Sadovodstvo i vinogradarstvo* = Horticulture and Viticulture, 2018, no. 1, pp. 6–10. (In Russ.).

<https://doi.org/10.25556/VSTISP.2018.1.10495>

6. Матвеева Р.Н., Буторова О.Ф., Моксина Н.В., Репях М.В. Селекция яблони в ботаническом саду им. Вс.М. Крутовского. Красноярск: СибГТУ, 2006. 357 с.

Matveeva R.N., Butorova O.F., Moksina N.V., Relyakh M.V. *Apple Tree Breeding in the Botanical Garden Named after Vs.M. Krutovsky*. Krasnoyarsk. SibGTU Publ., 2006. 357 p. (In Russ.).

7. Мельникова М.Н., Петров Н.Б., Ломов А.А., Лапорта Н., Политов Д.В. Тестирование микросателлитных праймеров на разных популяциях евразийских елей *Picea abies* (L.) Karst и *Picea obovata* Ledeb. // Генетика. 2012. Т. 48, № 5. С. 660–665.

Melnikova M.N., Petrov N.B., Lomov A.A., La Porta N, Politov D.V. Testing of Microsatellite Primers with Different Populations of Eurasian Spruces *Picea abies* (L.) Karst. and *Picea obovata* Ledeb. *Genetika* = Russian Journal of Genetics, 2012, vol. 48, no. 5, pp. 660–665. (In Russ.).

8. Омашева М.Е., Пожарский А.С., Смайлов Б.Б., Галиакпаров Н.Н. Молекулярно-генетическая паспортизация сортов яблони: научно-методические рекомендации. Алматы, 2017. 50 с.

Omasheva M.Y., Pozharskiy A.S., Smailov B.B., Galiakparov N.N. *Molecular Genetic Certification of Apple Tree Varieties: Scientific and Methodological Recommendations*. Almaty, 2017. 50 p. (In Russ.).

9. Орешкова Н.В., Белоконь М.М., Жамъянсурен С. Генетическое разнообразие, популяционная структура и дифференциация лиственниц сибирской, Гмелина и Каяндера по данным SSR маркеров // Генетика. 2013. Т. 49, № 2. С. 204–213.

Oreshkova N.V., Belokon M.M., Jamiyansuren S. Genetic Diversity, Population Structure, and Differentiation of Siberian Larch, Gmelin Larch and Cajander Larch on SSR Markers Data. *Genetika* = Russian Journal of Genetics, 2013, vol. 49, no. 2, pp. 204–213. (In Russ.). <https://doi.org/10.7868/S0016675812120090>

10. Падутов В.Е., Баранов О.Ю., Воронаев Е.В. Методы молекулярно-генетического анализа. Минск: Юнипол, 2007. 176 с.

Padutov V.E., Baranov O.Yu., Voronayev E.V. *Methods of molecular genetic analysis*. Minsk, Unipol, 2007. 176 p. (In Russ.).

11. Перепечина И.О., Гришечкин С.А. Вероятностные расчеты в ДНК-дактилоскопии: Методические рекомендации. М.: ЭКЦ МВД России, 1996. 16 с.

Perepechina I.O., Grishechkin S.A. *Probabilistic Calculations in DNA Fingerprinting: Methodological Recommendation*. Moscow, FEC of the Ministry of Internal Affairs of Russia Publ., 1996. 16 p. (In Russ.).

12. Попова А.А., Гродецкая Т.А., Молчанов В.В., Евлаков П.М. Подбор и оптимизация методов экстракции ДНК из различного растительного материала // Вестн. Поволж. гос. технол. ун-та. Сер.: Лес. Экология. Природопользование. 2022. № 1(53). С. 69–77.

Popova A.A., Grodetskaia T.A., Molchanov V.V., Evlakov P.M. Selection and Optimization of DNA Extraction Methods from Various Plant Materials. *Vestnik Povolzhskogo gosudarstvennogo tekhnologicheskogo universiteta. Seriya "Les. Ecologiya. Prirodopol'zovanie"* = Vestnik of Volga State University of Technology. Series "Forest. Ecology. Nature Management", 2022, no. 1(53), pp. 69–77. (In Russ.). <https://doi.org/10.25686/2306-2827.2022.1.69>

13. Урбанович О.Ю. Молекулярные методы идентификации и генотипирования яблони и груши. Минск: Право и экономика, 2013. 208 с.

Urbanovich O.Yu. *Molecular Methods of Identification and Genotyping of Apple and Pear Trees*. Minsk, Law and Economics Publ., 2013. 208 p. (In Russ.).

14. Янковская А.А., Князева И.В., Упадышев М.Т. Молекулярное маркирование и генетическая паспортизация: использование в селекции, биотехнологии и идентификации садовых культур // Садоводство и виноградарство. 2019. № 5. С. 5–11.

Yankovskaya A.A., Knyazeva I.V., Upadishev M.T. Molecular Marking and Genetic Certification: Application in Plant Breeding, Biotechnology and Identification of Horticultural crops. *Sadovodstvo i vinigradarstvo = Horticulture and Viticulture*, 2019, no. 5, pp. 5–11. (In Russ.). <https://doi.org/10.31676/0235-2591-2019-5-11>

15. Devey M.E., Bell J.C., Smith D.N., Neale D.B., Moran G.F. A Genetic Linkage Map for *Pinus radiata* Based on RFLP, RAPD, and Microsatellite Markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 1996, vol. 92, no. 6, pp. 673–679. <https://doi.org/10.1007/BF00226088>

16. Doyle J.J., Doyle J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 1990, vol. 12, no. 1, pp. 3–5.

17. DNA Fragment Analysis by Capillary Electrophoresis. Thermo Fisher Scientific Inc., 2014. Available at: <https://assets.thermofisher.com/TFS-Assets/LSG/manuals/4474504.pdf> (accessed 21.01.26).

18. Gross B.L., Henk A.D., Richards C.M., Fazio G., Volk G.M. Genetic Diversity in *Malus × domestica* (Rosaceae) Through Time in Response to Domestication. *American Journal of Botany*, 2014, vol. 101, no. 10, pp. 1770–1779. <https://doi.org/10.3732/ajb.1400297>

19. Gross B.L., Kellogg E.A., Miller A.J. Speaking of Food: Connecting Basic and Applied Plant Science. *American Journal of Botany*, 2014, vol. 101, no. 10, pp. 1597–1600. <https://doi.org/10.3732/ajb.1400409>

20. Hokanson S.C., Szewc-McFadden A.K., Lamboy W.F., McFerson J.R. Microsatellite (SSR) Markers Reveal Genetic Identities, Genetic Diversity and Relationships in a *Malus × domestica* Borkh. Core Subset Collection. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, no. 94, pp. 671–683. <https://doi.org/10.1007/s001220050943>

21. Liebhard R., Gianfranceschi L., Koller B., et al. Development and Characterization of 140 New Microsatellites in Apple (*Malus × domestica* Borkh.). *Molecular Breeding*, 2002, vol. 10, no. 4, pp. 217–241. <https://doi.org/10.1023/A:1020525906332>

22. Liebhard R., Koller B., Gianfranceschi L., Gessler C. Creating a Saturated Reference Map for the Apple (*Malus domestica* Borkh.) Genome. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, vol. 106, pp. 1497–1508. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1209-0>

23. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx V6: Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research. *Molecular Ecology Notes*, 2006, vol. 6, no. 1, pp. 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>

24. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research – an Update. *Bioinformatics*, 2012, vol. 28, iss. 19, pp. 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

25. Silfverberg-Dilworth E., Matasei C.L., Van de Weg W.E., et al. Microsatellite Markers Spanning the apple (*Malus × domestica* Borkh.) Genome. *Tree Genetics and Genomes*, 2006, vol. 2, pp. 202–224. <https://doi.org/10.1007/s11295-006-0045-1>

26. Van Oosterhout C., Hutchinson W.F., Wills D.P., Shipley P. MICRO-CHECKER: Software for Identifying and Correcting Genotyping Errors in Microsatellite Data. *Mol. Ecol. Notes*, 2004, vol. 4, iss. 3, pp. 535–538. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x>

27. Velasco R., Zharkikh A., Affourtit J., et al. The Genome of the Domesticated Apple (*Malus × domestica* Borkh.). *Nature genetics*, 2010, vol. 42, no. 10, pp. 833–839. <https://doi.org/10.1038/ng.654>

28. Zhang L., Hu J., Han X. A High-quality Apple Genome Assembly Reveals the Association of a Retrotransposon and Red Fruit Colour. *Nature Communications*, 2019, vol. 10, no. 1, p. 1494. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-09518-x>

Конфликт интересов: Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов
Conflict of interest: The authors declare that there is no conflict of interest

Вклад авторов: Все авторы в равной доле участвовали в написании статьи
Authors' Contribution: All authors contributed equally to the manuscript