

УДК 004:631.527:634.11

## СОВРЕМЕННЫЕ БАЗЫ ДАННЫХ В СЕЛЕКЦИИ ЯБЛОНИ

Максим Константинович Усков, Эрфан Сиранович Халилов,  
Евгения Сергеевна Панюшкина, Эдем Фахриевич Челебиев

Никитский ботанический сад – Национальный научный центр  
298648, Республика Крым, г. Ялта, пгт. Никита, спуск Никитский, 52  
E-mail: m0992497215@yandex.ru

В обзорной статье приведены данные, по результатам исследования существующего библиотечного фонда НБС-ННЦ, а также при помощи поисковых систем «Яндекс», «Google», «Google Scholar», электронных библиотек «Elibrary.ru» и «КиберЛенинка». В результате проведенного исследования установлено, что в настоящий момент существуют электронные базы данных по такой культуре как яблоня, а именно: «Основные хозяйственно ценные, морфологические и молекулярно-генетические признаки представителей рода *Malus* Mill. с устойчивостью к основным грибным патогенам юга России», «Агробиологические, цитологические и молекулярно-генетические признаки представителей рода *Malus* для использования в селекции и садоводстве юга России», «База физиолого-биохимических показателей влияния биологически активных веществ на устойчивость сортов яблони к абиотическим стрессорам юга России» и др. Отечественными учеными ведется работа по созданию электронных методов распознавания сортов яблони. Зарубежом данная тематика также прорабатывается, разработаны следующие базы данных: «База данных о вредителях яблони в ЕС для поддержки оценки фитосанитарного риска», «База данных о функциях генов яблони и семействах генов: интегрированная база данных биоинформатики для исследований яблони», «Молекулярно-генетическая идентификация сортов яблони на основе микросателлитного анализа ДНК. I. База данных из 600 проверенных профилей». Создание баз данных актуально для Никитского ботанического сада в связи с активным ведением селекционного процесса. Существующие базы данных впечатляют своей проработанностью в конкретной области научного знания. Однако, видятся несколько неудобными для полноценной работы селекционера. Существуют большие перспективы развития создания базы данных, включающей в себя все необходимые показатели, для разработки селекционных программ по созданию новых сортов яблони.

**Ключевые слова:** информационные технологии; яблоня; электронные базы данных; морфологические и генетические признаки; селекционный процесс

### Введение

В мире известно более 10000 сортов яблони домашней. В Госреестр РФ включено около 500 сортов. Систематизация полученных данных по морфологическим признакам для дальнейшего использования селекционерами представляет собой довольно значительную проблему (Baric S. et al., 2020; Государственный реестр сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, допущенных к использованию, 2024).

Современные технологии кардинально меняют подходы к систематизации селекционных достижений в научных учреждениях мира, делая процессы более точными, прозрачными и адаптированными к глобальным вызовам. Геномика и молекулярные маркеры стали основой для создания уникальных генетических профилей сортов и пород. Методы ДНК-штрихкодирования и секвенирования нового поколения (NGS) позволяют идентифицировать сорта с точностью до отдельных нуклеотидов, что исключает риски подмены или незаконного копирования. Например, анализ CRISPR помогает подтвердить наличие отредактированных генов в ГМ-культурах, что критически важно для их патентования и коммерциализации. Эти технологии не только ускоряют процесс паспортизации, но и обеспечивают долгосрочную защиту прав селекционеров, так как генетические данные невозможно подделать (Родионов, 2024; Шишлова-Соколовская, 2024).

В настоящее время в Китае создана нейросеть Hunyuan3D для создания 3d моделей как по тестовому описанию, так и по фотографии, результат работы нейронной сети требует незначительной доработки человеком (Yang X. et al., 2024).

Таким образом применение современных технологий наиболее актуально при систематизации полученных данных, защите прав селекционеров, уточнении существующих и при разработке новых баз данных, программ исследования. Также новые технологии являются основой создания современных инструментов ведения селекционного процесса.

Цель исследования – изучение существующих наработок по созданию баз данных научных результатов селекционных достижений яблони.

### **Объекты и методы исследования**

Объекты исследования – статьи в научных журналах рецензируемых ВАК, SCOPUS, Web of Science, elibrary. Методы исследования – продуцирование нового знания на основе существующего, дедукция, индукция, «Программа и методика селекции плодовых, ягодных и орехоплодных культур» (Программа и методика селекции плодовых, ягодных и орехоплодных культур, 1995).

### **Результаты исследования и их обсуждение**

ФГБНУ СКФНЦСВВ проводит планомерную работу по созданию электронных баз данных своих научных результатов. Описаны источники комплексной устойчивости яблони (33 образца коллекции) описаны по комплексу 57 морфологических признаков.

В результате выполненных исследований выполнена оцифровка выделенных источников целевых признаков яблони по комплексу 57 морфологических признаков согласно международной методике УПОВ. Полученные данные включены в разработанную информационную систему, включающая программный продукт Microsoft Access, для формирования базы данных генетических ресурсов «Основные хозяйственно ценные, морфологические и молекулярно-генетические признаки представителей рода *Malus* Mill. с устойчивостью к основным грибным патогенам юга России». В данном научном учреждении существует вторая база данных «Агробιοлогические, цитологические и молекулярно-генетические признаки представителей рода *Malus* Mill. для использования в селекции и садоводстве юга России» (Ульяновская и др., 2021; Ульяновская и др., 2022).

«База физиолого-биохимических показателей влияния биологически активных веществ на устойчивость сортов яблони к абиотическим стрессорам юга России» представлена Ненько Н.И., Киселевой Г.К., Сергеевой Н.Н., Караваевой А.В. Она содержит информацию о многолетних результатах исследования данных по определению комплекса физиолого-биохимических показателей влияния биологически активных веществ (фурулан, метионин и их композиция, микроудобрения) на устойчивость сортов яблони к абиотическим стрессам летнего периода юга России, включающих показатели: оводненность, содержание свободной и связанной форм воды, сухих веществ, белка, крахмала, сахарозы, глюкозы, фруктозы, суммы сахаров, хлорофилла (а+б), каротиноидов, аминокислот, хлорогеновой, кофейной, аскорбиновой, янтарной, яблочной, лимонной, индолилуксусной (ИУК), абсцизовой (АБК) кислот, катионов ( $\text{NH}_4$ , K, Na, Mg, Ca), антоцианов, халконов в листьях, а также жаростойкости (КП) растений яблони. БД предназначена для накопления, оперативного поиска, хранения и анализа информации по определению влияния биологически активных веществ на устойчивость сортов яблони к стрессовым факторам летнего периода юга России; для выявления сортов, отличающихся хозяйственно ценными признаками, перспективных для использования в селекционных программах на жаро- и засухоустойчивость (Ненько, 2018).

Ганичевой А.В. и Ганичевым А.В. представлен электронный метод распознавания сортов яблони. Разработанный метод распознавания может быть

усложнен за счет применения методов теории нечетких множеств. Они могут использоваться не только для распознавания растений, но и в других приложениях теории распознавания образов (Ганичева, 2019).

Братилова Н.П., Матвеева Р.Н., Моксина Н.В., Буторова О.Ф., Герасимова О.А. создали базу данных динамики плодоношения сортов яблони в ботаническом саду им. ВС. М. Крутовского за 2011–2019 гг. (Братилова и др., 2020).

Отечественными учеными разработан программно-аппаратный комплекс с мобильным приложением на основе нейронной сети для мониторинга плодов яблони в кроне дерева. Программно-аппаратный комплекс состоит из блока сбора фото (изображений), который включает клиентское программное средство (мобильное приложение, цифровая камера), блока обработки полученных изображений, который включает базу данных и нейронную сеть, а также блока анализа полученных данных. Для идентификации плодов яблони в кроне дерева разработана нейронная сеть на основе архитектуры VGG-16 и SSD – для диагностики изображений здоровых и поражённых болезнями плодов. Классами плодов для обучения нейронной сети выбраны здоровые красные и зелёные плоды; поражённые болезнями – паршой, мучнистой росой, плодовой гнилью и имеющие механические повреждения. Программное обеспечение запускается и функционирует на операционной системе Ubuntu, мобильное приложение на операционной системе Android. ПО и мобильное приложение могут работать на основе входящих фотографий (изображений) в режиме онлайн, а также с использованием ранее отснятого фотоматериала. Разработанная база данных содержит структурированную информацию о всех произведённых полевых измерениях, итогах расчётов количества плодов яблони на исследуемых рядах насаждений. В результате проведённых экспериментов установлено, что точность оценки общего количества плодов на кроне дерева по сравнению с истинным значением составила 94,7%, точность подсчёта количества поражённых плодов составила 90,4%. Средняя скорость распознавания образов не превышает 0,6 секунд на одно изображение, средняя скорость сегментации плода яблони от фона не превышает 0,8 секунд на одно изображение, средняя скорость анализа одного изображения и получения результата распознавания не превышает 1,5 секунды при соблюдении технических требований к серверу и требований к изображениям (Смирнов, 2023).

В Евросоюзе разработана «База данных о вредителях яблони в ЕС для поддержки оценки фитосанитарного риска». В декабре 2013 года EFSA получила первый мандат от Генерального директора Европейской комиссии SANTE на сбор информации о вредителях яблони (*Malus domestica*) на территории ЕС (М-2014-0016). В соответствии с этим мандатом EFSA разработала общий подход к систематическому сбору информации о вредителях яблони в ЕС и систематизации ее в рамках специальной базы данных при поддержке Австрийского агентства по охране здоровья и безопасности пищевых продуктов. Были собраны данные испытаний по 12 вредителям и болезням яблони (6 насекомым и 6 патогенам). Основываясь на накопленном опыте, EFSA адаптировала и усовершенствовала первоначальную структуру базы данных, что позволило повысить эффективность сбора данных. В сентябре 2017 года, в развитие первоначального мандата, Генеральный директор Европейской комиссии SANTE обратился к EFSA с просьбой протестировать пригодность пересмотренной базы данных для оказания поддержки специалистам по оценке рисков в третьих странах в проведении оценки фитосанитарного риска яблок как товара (М-2017-0203). В качестве первого шага набор данных о 12 вредных организмах был перенесен в недавно пересмотренную структуру базы данных. Затем она была преобразована в платформу MicroStrategy, чтобы обеспечить удобный интерфейс для поиска и визуализации данных. В то же время был создан новый инструмент ввода данных, использующий программное обеспечение для систематического обзора литературы DistillerSR, для

улучшения извлечения данных для будущих коллекций. Интерактивные отчеты с данными были переданы Канадскому агентству пищевой инспекции (CFIA) и Министерству сырьевой промышленности (MPI) Новой Зеландии для тестирования и получения отзывов от потенциальных будущих пользователей базы данных. Общая информация, полученная от CFIA и MPI, подтверждает, что база данных ЕС о вредителях яблони может стать важным инструментом для предоставления третьим странам необходимой технической и биологической информации для оценки фитосанитарного риска. Учет отзывов CFIA и MPI позволил еще больше улучшить структуру базы данных и метаданные. База данных о вредителях яблони может быть включена в Хранилище научных данных EFSA и расширена для получения полного списка вредителей, болезней и растений-хозяев (European Food Safety Authority (EFSA) et al., 2020).

Shizhong Zhang, Guang Hui Chen, Yukun Liu, Hao Chen, Guodong Yang, Xiaowei Yuan, Zesheng Jiang, Huairui Shu создали «Базу данных о функциях генов яблони и семействах генов: интегрированную базу данных биоинформатики для исследований яблони». Чтобы проанализировать функции и эволюцию различных генов яблок, была разработана база данных функций и семейств генов яблони (AppleGFDB) для сбора, хранения, систематизации и интеграции функциональной геномной информации яблони. База данных AppleGFDB содержит несколько уровней информации о генах яблони, включая последовательности нуклеотидов и белков, расположение хромосом, структуры генов и любые публикации, связанные с этими аннотациями. Для дальнейшего анализа функциональных геномных данных данной культуры была разработана база данных AppleGFDB, позволяющая пользователям легко извлекать информацию с помощью набора интерфейсов. Кроме того, база данных предоставляет инструменты для анализа профилей экспрессии и микро-РНК культуры. Более того, все проанализированные и собранные данные могут быть загружены из базы данных. Доступ к базе данных также можно получить с помощью удобного веб-сервера, который поддерживает полнотекстовый поиск, поиск по последовательности запросов и просмотр базы данных. Кроме того, чтобы облегчить сотрудничество между исследователями AppleGFDB представлена в виде интерактивной платформы, которая предоставляет пользователям возможность изменять аннотации генов и публиковать информацию о связанных генах (Zhang S. et al., 2013).

Sanja Baric, Alberto Storti, Melanie Hofer, Walter Guerra, Josef Dalla Via опубликовали своё исследование «Молекулярно-генетическая идентификация сортов яблони на основе микросателлитного анализа ДНК. I. База данных из 600 проверенных профилей» в 2020 году. На основе анализа более 1600 образцов яблонь, отобранных в 37 государственных и частных коллекциях сортов в разных европейских странах по 14 различным микросателлитным локусам, была получена база данных, содержащая 600 молекулярно-генетических профилей. Ключевым критерием для признания молекулярно-генетического профиля подтвержденным и включения его в справочную базу данных было то, что по крайней мере два образца одного и того же сорта разного происхождения дали идентичный результат, который был достигнут для 98% сортов яблони, представленных в базе данных. Для остальных генотипов назначение сорта было подтверждено анализом происхождения или сравнением с молекулярно-генетическими профилями, доступными в опубликованных работах. База данных состоит из 574 привоев, 24 генотипов подвоев и двух видов яблонь-кребов. Из 574 привоев 61% был выведен на основе исторических или старых сортов, многие из которых в прошлом выращивались в Центральной Европе. Остальные привои в настоящее время выращиваются или доступны в рамках программ тестирования и могут приобрести важное значение в будущем. Чтобы подтвердить данные генотипирования, был проведен анализ происхождения сортов привоев и подвоев, появившихся после 1900 года, для

которых информация по крайней мере об одном родительском сорте была доступна из помологической и научной литературы, а молекулярно-генетические профили предполагаемых родителей также имелись в базе данных. Этот анализ выявил наличие нулевых аллелей в локусе COL, однако при исключении этого локуса была выявлена средняя частота ошибок генотипирования, составляющая всего 0,28% на локус, что указывает на высокую надежность набора данных. Наборы данных с 14 и 13 локусами (исключая локус COL) показали высокую степень способности к распознаванию, с общей вероятностью идентификации без исключения  $2,6 \times 10^{-20}$  и  $3,4 \times 10^{-19}$ . Пять микросателлитных локусов, проанализированных в исследовании, совпали с другим опубликованным набором данных, и после применения пересчетных значений стало возможным выровнять длины аллелей и сравнить молекулярно-генетические профили 20 случайно полученных сортов, которые были проанализированы в обоих исследованиях. Это сравнение подтвердило точное соответствие профилей микроспутников, содержащихся в двух наборах данных, что еще раз указывает на точность базы данных. Помимо применения для характеристики генетических ресурсов или управления коллекциями зародышевой плазмы, представленная база данных может служить важным инструментом контроля качества или полезным подспорьем в селекционных программах (Baric S. et al., 2020).

Вопрос создания базы данных, для упрощения селекционной работы по выведению новых отечественных и интродукции зарубежных сортов яблони актуален для НБС-ННЦ РАН, Крыма и Юга России.

### Выводы

После детального рассмотрения литературы по существующим актуальным на данный момент научным работ по теме исследования мы пришли к заключению, что существующие базы данных имеют недостатки. А именно: использование заграничного ПО, проблемы с переносом данных с бумажного носителя на электронный, также необходимо отметить ограниченность, к примеру, в базе данных подобраны только представители рода *Malus* устойчивые к грибным заболеваниям, выборка генетических профилей без учета морфологии и т.д.

Таким образом существующие наработки по данной проблематике впечатляют своей проработанностью в каждой конкретной области, однако, нам видятся несколько неудобными для практической работы селекционера. Имеются широкие перспективы создания баз данных, включающих необходимые показатели для разработки селекционных программ по созданию новых сортов яблони.

### Литература / References

Ганичева А.В., Ганичев А.В. Метод распознавания сортов яблони // Роль агрономической науки в оптимизации технологий возделывания сельскохозяйственных культур: Мат. Международной научно-практической конференции, посвященной 65-летию работы кафедры растениеводства ФГБОУ ВО Ижевская ГСХА в Удмуртии (Ижевск, 19–22 ноября 2019 г.). Ижевск, 2020. С. 377-381.

[Ganicheva A.V., Ganichev A.V. The method of apple tree variety recognition // The role of agronomic science in optimizing crop cultivation technologies: Materials of the International Scientific and Practical Conference dedicated to the 65th anniversary of the Department of Crop Production Izhevsk State Agricultural Academy in Udmurtia (Izhevsk, November 19-22, 2019). Izhevsk, 2020. P. 377-381].

Государственный реестр сортов и гибридов сельскохозяйственных растений, допущенных к использованию: официальное издание. М.: ФГБНУ «Росинформагротех», 2024. 620 с.

[The State Register of varieties and hybrids of agricultural plants approved for use: official publication. M. Rosinformagrotech, 2024. 620 p.]

Ульяновская Е.В., Щеглов С.Н., Беленко Е.А., Балапанов И.М. Изучение и оцифровка по комплексу морфологических признаков согласно международной методике УПОВ источников целевых признаков яблони // Научные труды Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия. 2021. Т. 31. С. 25-33.

[Ulyanovskaya E.V., Shcheglov S.N., Belenko E.A., Balapanov I.M. Studying and digitization of sources of target-oriented features of apple trees by the complex of morphological features according to the international UPOV methodology // Scientific Works of NCFSCHVW. 2021. 31:25-33].

Ульяновская Е.В., Щеглов С.Н., Чернуцкая Е.А., Богданович Т.В., Балапанов И.М., Степанова Е.Ф. Маркерные и информационные технологии изучения генетического разнообразия и ценных для селекции признаков *Malus Mill* // Передовые исследования Кубани: Сборник материалов Ежегодной отчетной конференции грантодержателей Кубанского научного фонда (Сочи, 20–22 июня 2022 г.). Краснодар, 2022. С. 126-130.

[Ulyanovskaya E.V., Shcheglov S.N., Chernutskaya E.A., Bogdanovich T.V., Balapanov I.M., Stepanova E.F. DNA-marker and information technologies to study genetic diversity and valuable for breeding traits of the *Malus Mill*. // Advanced research of the Kuban: Proceedings of the Annual Reporting Conference of the Kuban Science Foundation Grant Holders (Sochi, June 20-22, 2022). Krasnodar, 2022. P. 126-130]

Программа и методика селекции плодовых, ягодных и орехоплодных культур / под ред. Е.Н. Седова. Орел: Всероссийский научно-исследовательский институт селекции плодовых культур, 1995. 503 с.

[The program and methods of breeding fruit, berry and nut crops / E.N. SEDOV (Ed.). Orel: Russian Research Institute of Fruit Crop Breeding (VNIISPK), 1995. 503 p.]

Родионов А.В., Пунина Е.О., Шнейер В.С., Сухов А.С., Домашкина В.В. ДНК-штрихкодирование растений следующего поколения // BIOAsia-Altai. 2024. Т. 4. №. 1. С. 353-356.

[Rodionov A.V., Punina E.O., Shneyer V.S., Sukhov A.S., Domashkina V.V. Next-generation DNA barcoding of plants // BIOAsia-Altai. 2024. 4(1):353-356].

Свидетельство о государственной регистрации базы данных № 2018620796 Российская Федерация. База физиолого-биохимических показателей влияния биологически активных веществ на устойчивость сортов яблони к абиотическим стрессорам юга России: № 2018620429: заявл. 12.04.2018: опубл. 01.06.2018 / Н.И. Ненько, Г.К. Киселева, Н.Н. Сергеева, А.В. Караваева.

[Certificate of State registration of the database No. 2018620796 Russian Federation. Database of physiological and biochemical indicators of the effect of biologically active substances on the resistance of apple varieties to abiotic stressors in Southern Russia: No. 2018620429: application 12.04.2018: published 01.06.2018 / N. I. Nenko, G. K. Kiseleva, N.N. Sergeeva, A.V. Karavaeva].

Свидетельство о государственной регистрации базы данных № 2020620175 Российская Федерация. Динамика плодоношения яблони в Ботаническом саду им. Вс. М. Крутовского за 2011–2019 гг: № 2020620015: заявл. 09.01.2020: опубл. 30.01.2020 / Н.П. Братилова, Р.Н. Матвеева, Н.В. Моксина и др.

[Certificate of State registration of the database No. 2020620175 Russian Federation. Dynamics of apple tree fruiting in the Botanical Garden named after Vs. M. Krutovsky for 2011-2019: No. 2020620015: application 09.01.2020: published 30.01.2020 / N.P. Bratilova, R.N. Matveeva, N.V. Moksina et al.]

Смирнов И.Г., Кутырёв А.И., Хорт Д.О., Тумаева Е.А., Бурменко Ю.В. Разработка программно-аппаратного комплекса с мобильным приложением на основе нейронной сети для мониторинга плодов яблони в кроне дерева // Садоводство и виноградарство. 2023. №. 1. С. 43-51.

[Smirnov I.G., Kutyrev A.I., Khort D.O., Tumaeva T.A., Burmenko Yu.V. Developing neural-based hardware and software complex with a mobile application for monitoring apple fruits on tree canopy // Horticulture and viticulture. 2023. 1:43-51].

Шушлова-Соколовская А.М., Урбанович О.Ю. CRISPR/Cas9-опосредованный направленный мутагенез гена PDS *Nicotiana tabacum* L. // Известия Национальной академии наук Беларуси. Серия биологических наук. 2024. Т. 69. №. 4. С. 298-308.

[Shishlova-Sokolovskaya A.M., Urbanovich O.Yu. CRISPR/Cas9-mediated site-directed mutagenesis of the PDS gene of *Nicotiana tabacum* L. // Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological Series. 2024. 69(4):298-308].

Baric S., Storti A., Hofer M., Guerra W. Molecular genetic identification of apple cultivars based on microsatellite DNA analysis. I. The database of 600 validated profiles // Erwerbs-obstbau. 2020. Т. 62. №. 2. P. 117-154.

European Food Safety Authority (EFSA), Kertesz V., Monguidi M., Pasinato L. Database on apple fruit pests of the EU to support pest risk assessments // Efsa Journal. 2020. Т. 18. №. 5. P. e06149.

Yang X., Shi H., Zhang B., Yang F. Hunyuan3d-1.0: A unified framework for text-to-3d and image-to-3d generation // arXiv preprint arXiv:2411.02293. 2024. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2411.02293> (accessed on 28.05.2025).

Zhang S. Apple gene function and gene family database: an integrated bioinformatics database for apple research // Plant Growth Regulation. 2013. No. 70. P. 199-206.

[https://www.researchgate.net/publication/236021682\\_Apple\\_gene\\_function\\_and\\_gene\\_family\\_database\\_An\\_integrated\\_bioinformatics\\_database\\_for\\_apple\\_research](https://www.researchgate.net/publication/236021682_Apple_gene_function_and_gene_family_database_An_integrated_bioinformatics_database_for_apple_research) (accessed on 28.05.2025).

*Статья поступила в редакцию 20.05.2025 г.*

Uskov M.K., Khalilov E.S., Panyushkina E.S., Chelebiev E.F. Modern databases in apple tree breeding // Plant Biology and Horticulture: theory, innovation. 2025. № 3 (176). P. 89-95

This review article presents data on the results of a study of an existing library collection NBG-NSC, as well as through search engines "Yandex", "Google", "Google Scholar", the electronic library "Elibrary.ru" and "Cyberleninka". As a result of the study, it was found that at the moment there are electronic databases on such crops as the apple tree, namely: "The main economically valuable, morphological and molecular genetic characteristics of representatives of the genus *Malus* Mill. with resistance to the main fungal pathogens of the south of Russia", "Agrobiological, cytological and molecular genetic characteristics of representatives of the genus *Malus* Mill. for use in breeding and horticulture in the south of Russia", "Database of physiological and biochemical indicators of the effect of biologically active substances on the resistance of apple cultivars to abiotic stressors in the south of Russia", etc. Russian scientists are working to create electronic methods for recognizing apple cultivars. This topic is also being studied abroad, the following databases have been developed: "Database on apple pests in the EU to support phytosanitary risk assessment", "Database on the functions of apple genes and gene families: integrated bioinformatics database for apple research", "Molecular genetic identification of apple cultivars based on microsatellite DNA analysis. I A database of 600 verified profiles." The creation of databases is important for the Nikitsky Botanical Gardens in connection with the active conduct of the breeding process. The existing databases are impressive for their sophistication in a specific field of scientific knowledge. However, they seem somewhat inconvenient for the full-fledged work of a breeder. There are great prospects for the development of a database that includes all the necessary indicators for the development of breeding programs for the creation of new cultivars of apple trees.

**Key words:** *information technology; apple tree; electronic databases; morphological and genetic characteristics; breeding process*