

УДК 57.052

UDC 57.052

06.01.05 Селекция и семеноводство

Breeding and seed production

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СЕЛЕКЦИИ ХУРМЫ (*DIOSPYROS L.*)**MOLECULAR GENETIC ASPECTS OF PERSIMMON (*DIOSPYROS L.*) BREEDING**

Рахмангулов Руслан Султанович
канд. биол. наук, научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
SPIN-код: 6866-5302
rakhmaruslan@yandex.ru

Rakhmangulov Ruslan Sultanovich
Cand.Biol.Sci., Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
rakhmaruslan@yandex.ru,
RSCI SPIN: 6866-5302

Симонян Таисия Артуровна
мл. научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
taisiya-simony@yandex.ru

Simonyan Taisiya Arturovna
junior Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
taisiya-simony@yandex.ru

Мацькив Александра Олеговна
мл. научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
matskiv_a@mail.ru

Matskiv Aleksandra Olegovna
junior Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
matskiv_a@mail.ru

Цатурян Григорий Агасиевич
мл. научный сотрудник
лаборатории молекулярной и клеточной селекции
grisha.tsaturyan@yandex.ru
Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт цветоводства и субтропических культур», Сочи, Россия

Tsaturyan Gregory Agasievich
junior Research Associate
of Laboratory of molecular and cell selection
grisha.tsaturyan@yandex.ru
Federal Governmental Budgetary Scientific Institution «Russian Research Institute of Floriculture and Subtropical Crops», Sochi, Russia

Хурма, как самая холодостойкая субтропическая культура, представляет актуальность в научных исследованиях и перспективу для применения современных методов в селекции растений. Целью данной работы является обзор последних достижений молекулярно-генетических методов в селекции хурмы (*Diospyros L.*). В статье показана значимость изучения молекулярно-генетических основ селекции хурмы, как необходимое условие для разработки новых подходов при получении качественно новых сортов; представлена статистика выращивания данной культуры в промышленном масштабе; показана значимость культуры; приведены сведения о территории возделывания; приведены данные по исследованию генетического разнообразия, оценки генетической стабильности, понимания происхождения сортов хурмы, степени родства с помощью ряда молекулярных маркеров. Также, приведены результаты по ДНК секвенированию, где показаны близкородственные связи *Diospyros kaki* с дикими видами *D. oleifera*, *D. deyangensis*, *D. virginiana*, *D. glaucifolia*, *D. lotus* и *D. jinzaoshi*. Проведен анализ работ по снижению терпкости плодов; значимой роли регуляции структурных генов (DkADH, DkPDC, DkPK, ALDH) в биосинтезе проантоцианидинов, в повышении толерантности растений к абиотическим и биотическим стресс-факторам; уровня экспрессии

Persimmon is the most cold-resistant subtropical culture. It is relevant in scientific research and a prospect for the application of modern methods in plant breeding. The aim of this work is to review the latest advances in molecular genetic methods in persimmon breeding (*Diospyros L.*). The article shows the importance of studying the molecular genetic basis of persimmon breeding as a necessary condition for the development of new approaches in the production of new varieties. Statistics on the cultivation of this crop on an industrial scale is presented. The importance of culture is shown and given information on the territory of cultivation. Data on the study of genetic diversity, assessment of genetic stability, understanding the origin of persimmon varieties, degree of relationship using a number of molecular markers are presented. There are also DNA sequencing results, which are shown closely related relationships of *Diospyros kaki* with wild species *D. oleifera*, *D. deyangensis*, *D. virginiana*, *D. glaucifolia*, *D. lotus* and *D. jinzaoshi*. The reduce the astringency of the fruit, the significant role of regulation of structural genes (DkADH, DkPDC, DkPK, ALDH) in the biosynthesis of proanthocyanidins, in increasing the tolerance of plants to abiotic and biotic stress factors, level of expression of the studied genes are presented in this review

исследуемых генов

Ключевые слова: СЕЛЕКЦИЯ ХУРМЫ, *DIOSPYROS*, ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ, МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МАРКЕРЫ, ЭКСПРЕССИЯ ГЕНОВ, АДАПТИВНОСТЬ

Keywords: PERSIMMON BREEDING, *DIOSPYROS*, GENETIC DIVERSITY, MOLECULAR MARKERS, GENE EXPRESSION, ADAPTABILITY

DOI: <http://dx.doi.org/10.21515/1990-4665-152-011>

Введение

Одним из основных инструментов, лежащих в основе современной селекции, являются молекулярно-генетические маркеры, позволяющие оценивать генетический ресурс растений. Молекулярные маркеры широко применяются в филогенетическом анализе, в поиске функционально значимых генов, в маркерной селекции, паспортизации селекционных достижений, определения генетической чистоты линий и гибридов различных культур и др. Современные технологии молекулярных маркеров позволяют идентифицировать генетическое разнообразие среди сортов, проводить картирование хромосом и характеристику генов [8, 10].

Субтропические южные плодовые культуры в этом аспекте в России исследованы незначительно и представляют собой большой интерес, как для фундаментальной науки, так и в практических целях.

Среди субтропических плодовых культур особое место занимает хурма восточная (*Diospyros kaki* Thunb.), которая является мировой промышленной культурой. Хурма восточная и другие виды рода *Diospyros* L. представляют собой ценные декоративные и наиболее морозоустойчивые растения среди всех субтропических плодовых культур.

Несмотря на происхождение *D. kaki* из регионов Восточной Азии, современная территория возделывания охватывает практически все тропические и субтропические районы Земли. Так по данным FAO, лидирующие позиции по производству хурмы в мире занимают страны Азии – 88,9% (5,1 млн. т.); Европы – 7,9% (0,46 млн. т.); Америки – 3,2% (0,18 млн. т.); Океании – 0,1% (0,03 млн. т.) (FAOSTAT, 2017).

На сегодняшний день в России территория возделывания хурмы сосредоточена в субтропической зоне Черноморского побережья Краснодарского края, в Республиках Дагестан и Крым. Также в зоне Центрального Черноземья имеются единичные экземпляры рода *Diospyros* в коллекциях ботанических садов и на приусадебных участках садоводов-любителей [2, 4, 6, 7, 9].

Традиционно большинство сортов были выведены в Китае, Японии и Корее. Однако селекционные работы ведутся и в России, Турции, Испании и др. [45]. Мировая селекция хурмы направлена на получение новых сортов с различными сроками вегетации и цветения, отсутствием терпкости в плодах и их повышенной лежкостью, качеством (с высоким содержанием биологически активных веществ) и урожайностью. Также ведется селекция на устойчивость к биотическим и абиотическим факторам среды, оптимальный габитус растения, и другие.

В селекции сортов, обладающих определенным набором ценных признаков, применяются методы традиционной селекции в сочетании с современными молекулярными методами, среди которых методы структурной (генотипирование с помощью RAPD-, AFLP-, SSR-, SRAP-маркеров, картирование, QTL) и функциональной геномики (экспрессия генов, расшифровка транскриптомов, ДНК и РНК секвенирование).

В области применения методов молекулярной биологии имеются многочисленные исследования, посвященные различным аспектам селекции видов рода *Diospyros* [45, 52, 53, 54, 63].

Оценка генетического разнообразия сортов хурмы

В настоящее время ведется множество исследований по изучению и мобилизации генотипов хурмы. Характеристика гермоплазмы имеет существенное значение для идентификации отдельных генотипов и определения степени изменчивости образцов что способствует пониманию степени генетического и биохимического разнообразия [12, 29, 57, 61].

Современные методы применения молекулярных маркеров (SRAP и SSR) позволяют проводить исследования по генетическому разнообразию среди сортов, оценки их взаимосвязей; проводить картирование хромосом и характеристику генов; эффективно использовать в систематике растений, определении филогенетического родства [41, 56]. Рядом авторов отмечается надежность метода RAPD-маркеров для определения различий между генетически близкими и разнородными сортами хурмы [12, 13, 43, 61].

Так, в целях повышения эффективности селекции хурмы *Thaipong* с соавторами произвели оценку генетического разнообразия и уровня генетических связей 35 образцов хурмы *D. kaki* (20 невяжущих и 15 вяжущих сортов), двух образцов *D. lotus* и одного *D. glandulosa* Lase. При этом с помощью RAPD анализа был показан высокий уровень полиморфизма, выявлены сорта неизвестного происхождения. Генетическое сходство сортов хурмы *D. kaki* было больше 0,70. Коэффициент сходства между *D. kaki* и *D. lotus* равен 0,45, между *D. kaki* и *D. glandulosa* – 0,44, тогда как коэффициент сходства между *D. lotus* и *D. glandulosa* составляет 0,39 [47].

Аналогичным методом AFLP-маркирования проведена оценка генетического разнообразия 61 сорта хурмы (17 итальянских, 11 испанских, 13 японских, 6 корейских, 5 китайских, 1 израильский и 8 сортов неизвестного происхождения). Установлено, что исследованная коллекция состоит из 2 генетически различных групп, в которые входят итальянские и испанские сорта хурмы с присутствием азиатских сортов. Основная часть китайских, японских и корейских сортов занимает промежуточное положение между группами [60]. Также с помощью SSR анализа [56], для определения генетических связей 42 генотипов хурмы использовались SRAP и SSR маркеры [41]. Актуальным остается и подбор более специфичных маркеров в целях характеристики и сохранения

коллекций гермоплазмы хурмы. В своих изысканиях группа исследователей во главе с Wenqing Li и Yong Yang подобрали маркеры к генам убиквитинлигаз и установили, что *D. deyangensis* и *D. oleifera* являются самыми близкородственными видами *D. kaki* [29].

Для понимания происхождения сортов хурмы и дальнейшего изучения генетического разнообразия данной культуры применяют метод ДНК секвенирования. В исследовании были подобраны новые, более специфические ДНК маркеры для хурмы к генам убиквитинлигаз, играющих важную роль в деградации белков и регуляции клеточного цикла. В ходе ДНК секвенирования установили, что *Diospyros deyangensis* и *D. oleiferawere* являются самыми близкородственными видами *D. kaki*. В этом исследовании выяснили, что *D. oleifera*, *D.*, *deyangensis*, *D. virginiana*, *D. glaucifolia*, *D. lotus* и *D. jinzaoshi* являются важными дикими видами, тесно связанными с культивируемой хурмой *D. kaki* [30].

Также для классификации сортов хурмы применяют последовательности ДНК хлоропластов. Геномы хлоропластов *D. cathayensis*, *D. virginiana*, *D. rhombifolia* и *D. deyangensis* недавно секвенированы [17, 29].

Молекулярные исследования хозяйственно-ценных признаков

Одним из важных хозяйственно-ценных признаков в селекции хурмы это отсутствие терпкости плодов. Общеизвестно, что источником терпкости плодов хурмы являются дубильные вещества, в частности танины. Плоды хурмы во время своего развития накапливают большое количество проантоцианидинов (ПА), также известные как конденсированные танины, вызывающие сухость и вяжущие ощущения вследствие его терпкости. На основе степени проявления терпкости сорта хурмы разделены на несколько групп. Установлено, что сорта хурмы из особо ценной группы постоянно опыляющихся и не вяжущих сортов теряют терпкость по мере созревания плодов [16]. Ранее был изучен

механизм естественного снижения терпкости не вяжущих сортов хурмы китайской селекции, являющийся сложным биохимическим процессом, на различных этапах которого включаются определенные группы генов. Установлено, что биосинтез ПА контролируется структурными генами, которые кодируют ферменты, участвующие в этом процессе, а также факторов транскрипции (TFs), контролирующие работу структурных генов [26, 32].

DkMyb – другая группа транскрипционных факторов, участвующих в биосинтезе ПА. DkMyb4 проявил высокий уровень экспрессии в группе не вяжущих сортах [11].

Так, используя библиотеку кДНК и данных транскриптома, было выделено шесть генов алкогольдегидрогеназы (DkADH) и пируватдекарбоксилазы (DkPDC). Предполагается, что DkADH1 и DkPDC2 являются ключевыми генами, участвующими в снижении терпкости [35, 37]. Кроме того, в семействе DkPK (пируваткиназа) из шести генов лишь DkPK1 играет значимую роль в процессе естественного уменьшения терпкости [20]. В продолжении данного исследования на основе данных транскриптома выделены еще восемь генов из семейства DkPK (DkPK7-14). Зафиксирован повышенный уровень экспрессии в семенах. Временная сверхэкспрессия DkPK7 и DkPK8 в листьях хурмы приводила к значительному снижению содержания растворимых ПА. Значительное увеличение уровней экспрессии генов DkPDC и DkADH, которые тесно связаны с метаболизмом ацетальдегида, соединяясь с растворимыми ПА и затем образуя нерастворимые ПА, что приводит к устранению терпкости на последней стадии развития плодов [21].

Луо и др. [33] в ходе изучения механизма снижения терпкости установили, что ген ацетальдегиддегидрогеназы (ALDH2) имеет высокий уровень экспрессии и активно участвует в метаболизме окисления этанола

до ацетальдегида, а также вместе с генами ADH и PDC в коагуляции танина [33].

Известно, что плоды хурмы в процессе хранения подвергаются быстрому размягчению, потемнению, что в конечном итоге приводит к уменьшению срока хранения и снижению объема продукции, идущей на экспорт. В связи с этим ведется поиск генов, вовлеченных в процесс смягчения плодов во время хранения. Выделяемый при созревании плодов этилен, увеличивает проницаемость покровных тканей для кислорода, что способствует усилению окислительно-восстановительных реакций и размягчению плодов. Так, определены гены, участвующие в деградации клеточной стенки [34, 38, 39], гены биосинтеза этилена - аминоклопропанкарбоксилатсинтаза (DkACS1, -2 и -3) и аминоклопропанкарбоксилатоксидаза (DkACO1 и -2) регулируют процесс смягчения плодов [38, 40].

Имеется ряд работ, посвященных вопросу обработки плодов углекислым газом различной концентрации для снижения их терпкости в анаэробных условиях. Так отмечена роль генов DKERF9, DkERF10, DkERF19 и DkERF22 в активации промоторов DkPDC2, DkALDH1 и DkPDC3 при обработке CO₂ (95%) терпких плодов. Был выявлен транскрипционный фактор DkNAC7, локализованный в ядре клетки, который при увеличении экспрессии может активировать ген DkPDC2, связанный с уменьшением терпкости [23].

В свою очередь при снижении терпкости плодов после обработки CO₂ наблюдалось чрезмерное смягчение плодов. При этом не была ясна роль транскрипционных факторов ERF. Поэтому было выделено и охарактеризована роль нескольких генов транскрипционных факторов ERF (этилензависимый фактор), чувствительных к гипоксии [35, 36, 58]. Кроме того, 12 этилензависимых факторов гена DkERF (DkERF11-22) и 22 были ранее идентифицированы в плодах хурмы, но только четыре из них

(DkERF 9, DkERF 10, DkERF 19, DkERF 22) регулировали процесс снижения терпкости плодов хурмы, активируя гены, кодирующие PDC и ADH [35, 36]. В исследовании Jung и др. установили, что экспрессия генов DkERS1 и DkETR2 коррелирует с количеством этилена во время размягчения фруктов, которая усилилась после обработки этиленом. Установлено, что экспрессия DkERS1 и DkETR2 была повышена во время размягчения, а также увеличивалась регуляция четырех новых транскрипционных факторов, связанных с этиленом (ERF25, EBF1, ETR3 и ERF24) [24]. Также среди генов, чувствительных к гипоксии, экспрессия восьми (Dkb-gal 1, Dkb-gal 4, DkEGase 1, DkPE 1, DkPE 2, DkPG 1, DkXTH 9, DkXTH 10) и трех транскрипционных факторов (DkERF 8, DkERF 16, DkERF 19) показали значительную корреляцию терпкости и смягчения плодов [50].

Равным образом показана роль экспансинов - белков, размягчающих клеточные стенки и плоды в целом. Ген экспансина CDK-Exp3 был идентифицирован в плодах хурмы и изучена экспрессия гена и его модуляция экзогенной гиббереллиновой кислотой во время созревания и размягчения плодов хурмы. По мере смягчения фруктов, экспрессия CDK-Exp3 резко возрастала в течение первоначального 8-дневного созревания при 20°C с последующим постепенным снижением на поздних стадиях созревания. Экспрессия CDK-Exp3 была ингибирована гиббереллиновой кислотой, а максимальное содержание транскрипта было выявлено на 20 дней позже по сравнению с контрольными образцами. Результаты показывают, что CDK-Exp3 может быть тесно связан с размягчением плодов хурмы во время созревания после сбора урожая [62].

Устойчивость к биотическим и абиотическим факторам среды

Поддержание жизненно значимых процессов в онтогенезе растений крайне важны. Особое место в регуляции жизнедеятельности растений занимают референсные гены - гены «домашнего хозяйства», которые

экспрессируются практически во всех тканях и клетках на относительно постоянном уровне. Гены «домашнего хозяйства» функционируют повсеместно, на всех стадиях жизненного цикла организма. Выбор подходящих референсных генов необходим для точности RT-qPCR. Ряд исследований были посвящены поиску надежных референсных генов [15, 42, 64].

Полагают, что эти гены не регулируются или не подвержены влиянию окружающей среды и факторам роста, которые включают в себя: АСТ (актин), GAPDH (глицеральдегид-3-фосфат дегидрогеназа), β -TUB (бета-тубулин), α -TUB (альфа-тубулин), UBQ (полиубиквитин), 18S рРНК (рибосомная РНК 18S) и др. [27, 44]. Ряд исследований показали, что уровни экспрессии у различных сортов являются нестабильными в изменяющихся условиях [14, 25, 31, 46, 48].

Авторы Wang и др. [49] изучали подходящие референсные гены плодов хурмы в условиях абиотического стресса и гормональной стимуляции. В исследовании применяли метод полимеразной цепной реакции в реальном времени (RTqPCR) для изучения количественной оценки экспрессии генов в зависимости от стабильности референсных генов хурмы. 13 референсных генов – кандидатов были отобраны с использованием транскриптомной базы данных. Уровень экспрессии генов оценивали в различных условиях (тепло, холод, соль, гиббереллины, салициловая и абсцизовая кислоты).

Результаты данного исследования показали, что наиболее подходящие гены во всех образцах были UBC и GAPDH. Важно правильно выбрать референсные гены для анализа ПЦР для получения точных и надежных данных в зависимости от абиотического стресса и гормональной стимуляции плодов хурмы [49].

Другим значимым признаком в селекции субтропических и южных плодовых культур является устойчивость к низким и отрицательным

температурам. Актуальным является продвижение хурмы на север от традиционных регионов возделывания. Получены данные восстановления побегов после аномальных заморозков при интродукции *D. lotus* в лесостепи Украины [1] и сортов хурмы восточной в Республике Дагестан [3].

Общеизвестно, что растениям, произрастающим в зоне отрицательных температур, приходится не только поддерживать внутриклеточные биополимеры в функционально активном состоянии, но и регулировать водный обмен в тканях. Так, в ответ на низкие и отрицательные температуры растения отвечают экспрессией ряда специфичных генов. Ноу с соавт. была показана положительная роль гена 9-липоксигеназы хурмы *DkLOX3* в повышении толерантности к абиотическому стрессу [22]. Wang с соавт. в своей работе провели подбор из 13 стабильных эталонных генов (*ACT*, α -*TUB*, β -*TUB*, *UBC*, *CYP*, *RPL13*, *PP2A*, *GAPDH*, *EF1- α* , *F-box*, *RPII*, *TUA* и *SAND*) для последующего систематического скрининга экспрессии генов в условиях абиотического стресса и гормональной регуляции. В результате чего были выбраны гены *RPII* и *TUA*, экспрессия которых наиболее выражена при холодовом стрессе [49].

Так же ведутся работы по созданию сортов хурмы толерантных к солевому стрессу с помощью опосредованной трансформации агробактерией *Agrobacterium globiformis* гена *codA*, ответственного за синтез холиноксидазы и глицинбетаина [18], трансформационной кодировкой кДНК яблони (*Malus x domestica* Borkh.) [19]. Установлена роль гена *DkMyb2* в регуляции вторичного метаболита проантоцианидина, способствующего защите растений против биотических и абиотических стрессов [11].

Таким образом, в селекции хурмы имеется задел в области структурной и функциональной геномики, выявлены некоторые

генетические факторы, лежащие в основе хозяйственно ценных признаков этой культуры. Однако, по сравнению с другими плодовыми культурами очень многое не изучено, отсутствуют генетические карты QTL по важным количественным признакам, геном не секвенирован ввиду его большого размера и полиплоидности, отсутствует база генетических данных. Многое еще предстоит сделать в области молекулярной и клеточной селекции хурмы.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Григорьева, О. В. Репродуктивная способность хурмы кавказской (*Diospyros lotus*) в лесостепи Украины / О. В. Григорьева, С. В. Клименко // Субтропическое и декоративное садоводство: сборник научных трудов. - 2008. - Т. 41. - С. 381 - 387.
2. Загиров, Н. Г. О возможности выращивания хурмы восточной в Южном Дагестане / Н. Г. Загиров, М. М. Мурсалов, Т. Г. Габибов // Вестник Российской академии сельскохозяйственных наук. - 2010. - № 3. - С. 31 - 33.
3. Казиев, М – Р. А. Результаты обследования садов хурмы восточной после аномальных заморозков в Южном Дагестане / М – Р. А. Казиев, Р. А. Шахмирзоев, Х. М. Казиметова, Т. Г. Габибов // Садоводство и виноградарство. - 2014. - № 1. - С. 22 - 26.
4. Омаров, М. Д. Сортимент хурмы восточной в субтропиках России / М. Д. Омаров, А. В. Рындин // Материалы международной научно-практической конференции «Субтропическое растениеводство и южное садоводство России». - 2009. - Вып. 42. - С. 332 - 334.
5. Омаров, М. Д. Селекция хурмы восточной во влажных субтропиках Краснодарского края / М. Д. Омаров, Р. В. Кулян // Новые технологии. - 2017. - Вып. 2. - С. 105 - 111.
6. [Омаров, М. Д.](#) Хурма восточная в коллекции ВНИИЦИСК - основа для выделения источников хозяйственно-ценных признаков / М. Д. Омаров, Р. В. Кулян, З. М. [Омарова](#) // [Плодоводство и ягодоводство России](#). - 2018. - № 55. - С. 46 - 53.
7. Рындин, А. В. Основные направления в селекции садовых культур на Черноморском побережье Краснодарского края / А. В. Рындин, В. С. Мохно // Субтропическое и декоративное садоводство: сборник научных трудов. - 2011. - Т. 45. - С. 140 - 149.
8. Хлесткина, Е. К. Молекулярные методы анализа структурно функциональной организации генов и геномов высших растений / Е. К. Хлесткина // Вавилов. журн. генет. и селекции. - 2011. - Т. 15. - № 4. - С. 757 - 768.
9. Хохлов, С. Ю. Оценка сортов хурмы в коллекции Никитского сада / С. Ю. Хохлов // Сборник научных трудов ГНБС, - 2015. - Т. 140. - С. 206 - 220.
10. Чесноков, Ю. В. Генетические ресурсы растений и ускорение селекционного процесса / Ю. В. Чесноков, В. М. Косолапов. - Москва. ООО «Угрешская типография». - 2016. - 172 с.
11. Akagi, T. DkMyb4 Is a Myb Transcription Factor Involved in Proanthocyanidin Biosynthesis in Persimmon Fruit / T. Akagi, A. Ikegami, T. Tsujimoto, S. Kobayashi, A. Sato, A. Kono, K. Yonemori // Plant Physiol. - 2009. - № 151. - С. 2028 - 2045. - www.plantphysiol.org/cgi/doi/10.1104/pp.109.146985

12. Akbulut, M. The comparison of persimmon genotypes (*Diospyros kaki* Thunb.) by using RAPD and FAME data / M. Akbulut, S. Ercisli, N. Yildirim, E. Orhan, G. Agar // Roumanian Biotechnological L. – 2008. - № 13(4). – С. 3851 - 3858.
13. Badenes, M. Genetic diversity of introduced and local Spanish persimmon cultivars revealed by RAPD markers / M. Badenes, A. Garces, C. Romero, M. Romero, J. Clave, M. Rovira, G. Llacer // Genetic Resources and Crop Evolution. – 2003. - № 50. – С. 579 – 585.
14. Bustin, S. Quantification of mRNA using real-time reverse transcription PCR (RT-PCR): trends and problems / S. Bustin // J. Mol. Endocrinol. – 2002. - № 29. – С. 23 – 39.
15. Chang, E. Selection of reference genes for quantitative gene expression studies in *Platycladus orientalis* (Cupressaceae) Using real-time PCR / E. Chang, S. Shi, J. Liu, T. Cheng, L. Xue, X. Yang, W. Yang, Q. Lan, Z. Jiang // *PLoS One*. – 2012. - №7(3) - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22479379>
16. Chen, W. An integrated analysis based on transcriptome and proteome reveals deastringency-related genes in CPCNA persimmon / W. Chen, Y. Xiong, L. Xu, Q. Zhang, Z. Luo // *Sci Rep*. – 2017. - №7 - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5356345/>
17. Fu, J. Five Complete Chloroplast Genome Sequences from *Diospyros*: Genome Organization and Comparative Analysis / J. Fu, H. Liu, J. Hu, Y. Liang, J. Liang, T. Wuyun, X. Tan // *PLoS One*. – 2016. - №11(7) - Режим доступа: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0159566>.
18. Gao, M. Transformation of Japanese persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) with a bacterial gene for choline oxidase / M. Gao, A. Sakamoto, K. Miura, N. Murata, A. Sugiura, R. Tao // Molecular Breeding. – 2000. - №6. – С. 501 – 510.
19. Gao, M. Transformation of Japanese persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) with apple cDNA encoding NADP-dependent sorbitol-6-phosphate dehydrogenase / M. Gao, R. Tao, K. Miura, A. M. Dandekar, A. Sugiura // Plant Science. – 2001. - №160. – С. 837 – 845.
20. Guan, C. Isolation and Characterization of DkPK genes associated with natural deastringency in C-PCNA Persimmon / C. Guan, W. Chen, R. Mo, X. Du, Q. Zhang, Z. Luo // Front. Plant Sci. – 2016. - №7 - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26925075>
21. Guan, C. DkPK Genes Promote Natural Deastringency in C-PCNA Persimmon by Up-regulating DkPDC and DkADH Expression / C. Guan, X. Du, Q. Zhang, F. Ma, Z. Luo, Y. Yang // *Front Plant Sci*. – 2017. - №8 - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5303730/>
22. Hou, Y. Overexpression of persimmon 9-lipoxygenase DkLOX3 confers resistance to *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 and *Botrytis cinerea* in *Arabidopsis* / Y. Hou, O. Ban, K. Meng, Y. He, S. Han, M. Jin, J. Rao // Plant Growth Regul. – 2018. - №84. – С. 179 – 189. DOI 10.1007/s10725-017-0331-y.
23. Jin, R. DkNAC7, a novel high-CO₂/hypoxia-induced NAC transcription factor, regulates persimmon fruit de-astringency / R. Jin, Q-g. Zhu, X-y. Shen, M-m. Wang, W. Jamil, D. Grierson, X-r. Yin, K-s. Chen // *PLoS One*. – 2018. - №13(3) - Режим доступа: <https://journals.plos.org/plosone/article/file?id=10.1371/journal.pone.0194326&type=printable>
24. Jung, J. A Transcriptome Approach Toward Understanding Fruit Softening in Persimmon / J. Jung, S-C. Choi, S. Jung, B-K. Cho, G-H. Ahn, S-B. Ryu // *Front Plant Sci*. – 2017. - №8 - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5601038/>
25. Kim, PM. Subsystem identification through dimensionality reduction of large-scale gene expression data / PM. Kim, B. Tidor // *Genome Res*. – 2003. - №13(7) - Режим

доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12840046>

26. Koes, R. Flavonoids: a colorful model for the regulation and evolution of biochemical pathways / R. Koes, W. Verweij, F. Quattrocchio // Trends Plant Sci. – 2005. - № 10. – С. 237–242. DOI: [10.1016/j.tplants.2005.03.002](https://doi.org/10.1016/j.tplants.2005.03.002).

27. Kozera, B. Reference genes in real-time PCR / B. Kozera, M. Rapacz // [J Appl Genet.](#) – 2013. - №54(4). – С. 391 - 406. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Kozera++2013+reference+gene>

28. Lepiniec, L. Genetics and biochemistry of seed flavonoids / L. Lepiniec, I. Debeaujon, J. Routaboul, A. Baudry, L. Pourcel, N. Nesi, M. Caboche // Annu Rev Plant Biol. – 2006. - № 57. – С. 405 – 430. DOI: [10.1146/annurev.arplant.57.032905.105252](https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.57.032905.105252).

29. Li, W. *Diospyros oleifera* and *D. deyangensis* are revealed as the closest relatives to *D. kaki* by E3 ubiquitin-protein ligase UPL3 DNA sequences / W. Li, Y. Yang, X. Xie, Y. Lu, Q. Chang, X. Jin, Z. Suo // *Hans J. Agricultural Sci.* – 2018A. - № 8(6). – С. 657 – 673. <https://doi.org/10.12677/hjas.2018.86100>.

30. Li, W. Interspecific chloroplast genome sequence diversity and genomic resources in *Diospyros* / W. Li, Y. Liu, Y. Yang, X. Xie, Y. Lu, Z. Yang, X. Jin, W. Dong, Z. Suo // *BMC Plant Biol.* - 2018B. - №18 - Режим доступа: <https://bmcplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-018-1421-3>

31. Lee, Y. Expression of alpha-expansin and expansin-like genes in deepwater rice / Y. Lee, H. Kende // [Plant Physiol.](#) - 2002. - №130(3). – С. 1396 – 1405. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12428004>

32. Lepiniec, L. Genetics and biochemistry of seed flavonoids / L. [Lepiniec](#), I. [Debeaujon](#), JM. [Routaboul](#), A. [Baudry](#), L. [Pourcel](#), N. [Nesi](#), M. [Caboche](#) // *Annu. Rev. Plant Biol.* – 2006. - №57. – С. 405 – 430. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16669768>

33. Luo, C. Genome-wide transcriptome analysis of Chinese pollination-constant nonastringent persimmon fruit treated with ethanol / C. Luo, Q. Zhang, Z. Luo // *BMC Genomics.* – 2014. - № 15(112). DOI: [10.1186/1471-2164-15-112](https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-112).

34. Mattoo, A. The Plant Hormone Ethylene / A. Mattoo, J. Suttle - Boca Raton, Florida, 1991. - 337 с. <https://doi.org/10.1002/pca.2800040106>.

35. Min, T. Ethylene-responsive transcription factors interact with promoters of ADH and PDC involved in persimmon (*Diospyros kaki*) fruit de-astringency / T. Min, X-r. Yin, Y-n. Shi, Z-r. Luo, Y-c. Yao, D. [Grierson](#), I. Ferguson, K-s. Chen // *J. Exp. Bot.* – 2012. - № 63. – С. 6393–6405. DOI: [10.1093/jxb/ers296](https://doi.org/10.1093/jxb/ers296).

36. Min, T. Two novel anoxia-induced ethylene response factors that interact with promoters of deastringency-related genes from persimmon / T. Min, F. Fang, H. Ge, Y-n. Shi, Z-r. Luo, Y-c. Yao, D. [Grierson](#), X-r. Yin, K-s. Chen // *Plos One.* – 2014. - № 9(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097043>

37. Mo, R. ADH and PDC genes involved in tannins coagulation leading to natural de-astringency in Chinese pollination constant and non-astringency persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) / R. Mo, S. Yang, Z. Luo // *Tree Genet. Genomes.* – 2016. - № 12. – С. 1–11. DOI: [10.1007/s11295-016-0976-0](https://doi.org/10.1007/s11295-016-0976-0).

38. Nakano, R. Ethylene biosynthesis in detached young persimmon fruit is initiated in calyx and modulated by water loss from the fruit / R. Nakano, E. Ogura, Y. Kubo, A. Inaba // *Plant Physiol.* – 2003. - № 131. - С. 276 – 286. - DOI: [10.1104/pp.010462](https://doi.org/10.1104/pp.010462)

39. Nishiyama, K. Ethylene regulation of fruit softening and cell wall disassembly in Charentais melon / K. Nishiyama, M. Guis, J. Rose, Y. Kubo, K. Bennett, L. Wangjin // *J. Exp. Bot.* – 2007. - № 58. - С. 1281 – 1290. - DOI: [10.1093/jxb/erl283](https://doi.org/10.1093/jxb/erl283)

40. Ortiz, G. Expression of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase and 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase genes during ripening in ‘Rendaiji’ persimmon

fruit / G. Ortiz, S. Sugaya, Y. Sekozawa, H. Ito, K. Wada, H. Gemma // J. Jpn. Soc. Hort. Sci. - 2006. - № 75. - С. 178 – 184. - DOI: 10.2503/jjshs.75.178

41. Pinar, H. Molecular characterization of some selected persimmon genotypes and cultivars by SRAP and SSR markers / H. Pinar, E. Yildiz, M. Kaplankiran, C. Toplu, M. Unlu, S. Serce, S. Ercisli // *Genetika*. - 2017. - № 49(2). - С. 693 – 704. <https://doi.org/10.2298/GENSR1702693P>.

42. Quackenbush, J. Microarray data normalization and transformation / J. Quackenbush // *Nat Genet*. - 2002. - №32. - С. 496 – 501. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12454644>

43. Raddova, J. Genetic analysis of the genus *Diospyros* ssp. using RAPD and i-PBS methods / J. Raddova, H. Ptachkova, J. Chechova, I. Ondrasek // *Acta univ. agric. et silvic. Mendel. Brun.* - 2012. - № 60(8). - С. 205 – 216.

44. Radonic, A. Guideline to reference gene selection for quantitative real-time PCR / A. Radonic, S. Thulke, IM. Mackay, O. Landt, W. Siegert, A. Nitsche // *Biochem Biophys Res Commun*. - 2004. - №313(4). - С. 856 – 862. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Radoni%20C4%87++2004+reference+gene>

45. Sato, A. Persimmon breeding in Japan for pollination-constant non-astringent (PCNA) type with marker-assisted selection / A. Sato, M. Yamada // *Breeding Science*. - 2016. - № 66. - С. 60 – 68. - DOI:10.1270/jsbbs.66.60

46. Suzuki, T. Control selection for RNA quantitation / T. Suzuki, PJ. Higgins, DR. Crawford // *Biotechniques*. - 2000. - №29(2). - С. 332 – 337. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10948434>

47. Thaipong, K. Evaluation on Genetic Relationships of Persimmons in Thailand Based on RAPD Markers / K. Thaipong, K. Krisanapook, U. Boonprakob // *Thai J. Agric. Sci.* - 2003. - № 36(1). - С. 9 - 20.

48. Thellin, O. Housekeeping genes as internal standards: use and limits / O. Thellin, W. Zorzi, B. Lakaye, B. De Borman, B. Coumans, G. Hennen, T. Grisar, A. Igout, E. Heinen // *J Biotechnol*. - 1999. - №8. - С. 291 – 295. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Thellin+1999+expression+gene>.

49. Wang, P. Selection of Suitable Reference Genes for RTqPCR Normalization under Abiotic Stresses and Hormone Stimulation in Persimmon (*Diospyros kaki* Thunb) / P. Wang, A. Xiong, Z. Gao, X. Yu, M. Li, Y. Hou, C. Sun, S. Qu // *PLoS One*. - 2016. - №11(8). - Режим доступа: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0160885>

50. Wang, M-M. Hypoxia-responsive ERFs involved in post-deastringency softening of persimmon fruit / M-M. Wang, Q-G. Zhu, C-L. Deng, Z-R. Luo, N-J. Sun, D. Grierson, X-R. Yin, K-S. Chen // *Plant Biotechnology Journal*. - 2017. - №15(11). - Режим доступа: <https://www.researchgate.net/publication/315186709>

51. Xie, D. Y. Proanthocyanidin biosynthesis - still more questions than answers? / D. Y. Xie, R. A. Dixon // *Phytochemistry*. - 2005. - №66. - С. 2127 – 2144. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16153412>

52. Yamada, M. Optimal spatial and temporal measurement repetition for selection in Japanese persimmon breeding / M. Yamada, H. Yamane, K. Yoshinaga, Y. Ukai // *HortScience*. - 1993. - № 28(8). - С. 838 – 841. - DOI:10.21273/HORTSCI.28.8.838

53. Yamada, M. Persimmon genetic resources and breeding in Japan / M. Yamada // *Acta Hort.* - 2005. № 685. - С. 51 – 64.

54. Yamada, M. Persimmon. Fruit breeding, Handbook of plant breeding. Eds. Badness M.L. and Byrne D.H. Springer / M. Yamada, E. Giordani, K. Yonemori - New York, 2012. - 663 – 693 с.

55. Yamada, M. Breeding goals, trait heredity and genetic improvement of

persimmon in Japan / M. Yamada // *Acta Hort.* – 2013. - № 996. - С. 77 – 88.

56. Yang, Y. Development of simple sequence repeat markers in persimmon (*Diospyros L.*) and their potential use in related species / Y. Yang, Z.B. Jing, X.F. Ruan, J.M. Cheng // *Genet. Mol. Res.* – 2015. - №14(1). - С. 609 - 618. DOI <http://dx.doi.org/10.4238/2015.January.30.2>.

57. Yilmaz, B. Characterization of morphological traits of local and global persimmon varieties and genotypes collected from Turkey / B. Yilmaz, A. Genc, B. Cimen, M. Incesu, T. Yesiloglu // *Turk J Agric For.* - 2017. - № 41. – С. 93 - 102. - DOI:10.3906/tar-1611-27

58. Yin, X. Expression of ethylene response genes during persimmon fruit astringency removal / X. Yin, Y. Shi, T. Min, Z. Luo, Y. Yao, Q. Xu, I. Ferguson, K. Chen // *Planta.* - 2012. – № 235(5). - С. 895 - 906. - DOI:[10.1007/s00425-011-1553-2](https://doi.org/10.1007/s00425-011-1553-2)

59. Yonemori, K. Persimmon genetics and breeding / K. Yonemori, A. Sugiura, M. Yamada // *Plant breeding reviews.* - 2000. - № 19. - С. 191 - 225.

60. Yonemori, K. Relationship of European persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) cultivars to Asian cultivars, characterized using AFLPs / K. Yonemori, C. Honsho, A. Kitajima, M. Aradhya, E. Giordani, E. Bellini, D. Parfitt // *Genet Resour Crop Evol.* – 2008. - № 55. – С. 81 – 89. - DOI [10.1007/s10722-007-9216-7](https://doi.org/10.1007/s10722-007-9216-7)

61. Yyldyz, M. Molecular diversity in persimmon (*Diospyros kaki* L.) cultivars growing around Hatay province in Turkey / M. Yyldyz, S. Bayazit, S. Cebesoy, S. Aras // *African Journal of Biotechnology.* – 2007. - № 6(20). – С. 2393 – 2399.

62. Zhang, Z. Expression of Expansin Gene (CDK-Exp3) and Its Modulation by Exogenous Gibberellic Acid During Ripening and Softening of Persimmon Fruit / Z. Zhang, R. Fu, D-J. Huber, J. Rao, X. Chang, M. Hu, Y. Zhang, N. Jiang // *HortScience.* - 2012. - № 47(3). – С. 378 – 381.

63. Zhang, Q. Current persimmon research and industry in China mainland / Q. Zhang, Y. Yang, L. Xu, D. Guo, Z. Luo // *Acta Hort.* – 2018. - № 9(16). – С. 1195. - DOI: [10.17660/ActaHortic.2018.1195.2](https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2018.1195.2)

<https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2018.1195.2>

64. Zhu, Q. Identification of xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase genes (XTHs) and their expression in persimmon fruit as influenced by 1-methylcyclopropene and gibberellic acid during storage at ambient temperature / Q. Zhu, Z. Zhang, J. Rao, DJ. Huber, J. Lv, Y. Hou, K. Song // *Food Chem.* – 2013. - №138(1). – С. 471 – 477. - Режим доступа: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Zhu+2013+persimmon>

References

1. Grigor'eva, O. V. Reproductivnaja sposobnost' hurmy kavkazskoj (*Diospyros lotus*) v lesostepi Ukrainy / O. V. Grigor'eva, S. V. Klimenko // *Subtropicheskoe i dekorativnoe sadovodstvo: sbornik nauchnyh trudov.* - 2008. – Т. 41. – С. 381 - 387.

2. Zagirov, N. G. O vozmozhnosti vyrashhivaniya hurmy vostochnoj v Juzhnom Dagestane / N. G. Zagirov, M. M. Mursalov, T. G. Gabibov // *Vestnik Rossijskoj akademii sel'skohozjajstvennyh nauk.* – 2010. - № 3. - С. 31 - 33.

3. Kaziev, M – R. A. Rezul'taty obsledovaniya sadov hurmy vostochnoj posle anomal'nyh zamorozkov v Juzhnom Dagestane / M – R. A. Kaziev, R. A. Shahmirzoev, H. M. Kazimetova, T. G. Gabibov // *Sadovodstvo i vinogradarstvo.* - 2014. – № 1. – С. 22 - 26.

4. Omarov, M. D. Sortiment hurmy vostochnoj v subtropikah Rossii / M. D. Omarov, A. V. Ryndin // *Materialy mezhdunarodnoj nauchno-prakticheskoj konferencii «Subtropicheskoe rastenievodstvo i juzhnoe sadovodstvo Rossii».* - 2009. – Vyp. 42. - С. 332 - 334.

5. Omarov, M. D. Selekcija hurmy vostochnoj vo vlaznyh subtropikah Krasnodarskogo kraja / M. D. Omarov, R. V. Kuljan // *Novye tehnologii*. – 2017. – Vyp. 2. – S. 105 - 111.
6. Omarov, M. D. Hurma vostochnaja v kolekcii VNIICISK - osnova dlja vydelenija istochnikov hozjajstvenno-cennyh priznakov / M. D. Omarov, R. V. Kuljan, Z. M. Omarova // *Plodovodstvo i jagodovodstvo Rossii*. – 2018. - № 55. – S. 46 - 53.
7. Ryndin, A. V. Osnovnye napravlenija v selekcii sadovyh kul'tur na Chernomorskom poberezh'e Krasnodarskogo kraja / A. V. Ryndin, V. S. Mohno // *Subtropicheskoe i dekorativnoe sadovodstvo: sbornik nauchnyh trudov*. – 2011. - T. 45. - S. 140 - 149.
8. Hlestkina, E. K. Molekuljarnye metody analiza strukturno funkcional'noj organizacii genov i genomov vysshih rastenij / E. K. Hlestkina // *Vavilov. zhurn. genet. i selekcii*. – 2011. – T. 15. – № 4. - S. 757 – 768.
9. Hohlov, S. Ju. Ocenka sortov hurmy v kolekcii Nikitskogo sada / S. Ju. Hohlov // *Sbornik nauchnyh trudov GNBS*, – 2015. – T. 140. - S. 206 – 220.
10. Chesnokov, Ju. V. Geneticheskie resursy rastenij i uskorenie selekcionnogo processa / Ju. V. Chesnokov, V. M. Kosolapov. – Moskva. OOO «Ugreshskaja tipografija». - 2016. – 172 s.
11. Akagi, T. DkMyb4 Is a Myb Transcription Factor Involved in Proanthocyanidin Biosynthesis in Persimmon Fruit / T. Akagi, A. Ikegami, T. Tsujimoto, S. Kobayashi, A. Sato, A. Kono, K. Yonemori // *Plant Physiol*. – 2009. – № 151. – S. 2028 – 2045. - www.plantphysiol.org/cgi/doi/10.1104/pp.109.146985
12. Akbulut, M. The comparison of persimmon genotypes (*Diospyros kaki* Thunb.) by using RAPD and FAME data / M. Akbulut, S. Ercisli, N. Yildirim, E. Orhan, G. Agar // *Roumanian Biotechnological L*. – 2008. - № 13(4). – S. 3851 - 3858.
13. Badenes, M. Genetic diversity of introduced and local Spanish persimmon cultivars revealed by RAPD markers / M. Badenes, A. Garces, C. Romero, M. Romero, J. Clave, M. Rovira, G. Llacer // *Genetic Resources and Crop Evolution*. – 2003. - № 50. – S. 579 – 585.
14. Bustin, S. Quantification of mRNA using real-time reverse transcription PCR (RT-PCR): trends and problems / S. Bustin // *J. Mol. Endocrinol*. – 2002. - № 29. – S. 23 – 39.
15. Chang, E. Selection of reference genes for quantitative gene expression studies in *Platycladus orientalis* (Cupressaceae) Using real-time PCR / E. Chang, S. Shi, J. Liu, T. Cheng, L. Xue, X. Yang, W. Yang, Q. Lan, Z. Jiang // *PLoS One*. – 2012. - №7(3) - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22479379>
16. Chen, W. An integrated analysis based on transcriptome and proteome reveals deastringency-related genes in CPCNA persimmon / W. Chen, Y. Xiong, L. Xu, Q. Zhang, Z. Luo // *Sci Rep*. – 2017. - №7 - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5356345/>
17. Fu, J. Five Complete Chloroplast Genome Sequences from *Diospyros*: Genome Organization and Comparative Analysis / J. Fu, H. Liu, J. Hu, Y. Liang, J. Liang, T. Wuyun, X. Tan // *PLoS One*. – 2016. - №11(7) - Rezhim dostupa: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0159566>.
18. Gao, M. Transformation of Japanese persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) with a bacterial gene for choline oxidase / M. Gao, A. Sakamoto, K. Miura, N. Murata, A. Sugiura, R. Tao // *Molecular Breeding*. – 2000. - №6. – S. 501 – 510.
19. Gao, M. Transformation of Japanese persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) with apple cDNA encoding NADP-dependent sorbitol-6-phosphate dehydrogenase / M. Gao, R. Tao, K. Miura, A. M. Dandekar, A. Sugiura // *Plant Science*. – 2001. - №160. – S. 837 – 845.
20. Guan, C. Isolation and Characterization of DkPK genes associated with natural deastringency in C-PCNA Persimmon / C. Guan, W. Chen, R. Mo, X. Du, Q. Zhang, Z. Luo //

Front. Plant Sci. - 2016. - №7 - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/26925075>

21. Guan, C. DkPK Genes Promote Natural Deastringency in C-PCNA Persimmon by Up-regulating DkPDC and DkADH Expression / C. Guan, X. Du, Q. Zhang, F. Ma, Z. Luo, Y. Yang // Front Plant Sci. - 2017. - №8 - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5303730/>

22. Hou, Y. Overexpression of persimmon 9-lipoxygenase DkLOX3 confers resistance to *Pseudomonas syringae* pv. tomato DC3000 and *Botrytis cinerea* in *Arabidopsis* / Y. Hou, O. Ban, K. Meng, Y. He, S. Han, M. Jin, J. Rao // Plant Growth Regul. – 2018. - №84. – S. 179 – 189. DOI 10.1007/s10725-017-0331-y.

23. Jin, R. DkNAC7, a novel high-CO₂/hypoxia-induced NAC transcription factor, regulates persimmon fruit de-astringency / R. Jin, Q-g. Zhu, X-y. Shen, M-m. Wang, W. Jamil, D. Grierson, X-r. Yin, K-s. Chen // PLoS One. – 2018. - №13(3) - Rezhim dostupa: <https://journals.plos.org/plosone/article/file?id=10.1371/journal.pone.0194326&type=printable>

24. Jung, J. A Transcriptome Approach Toward Understanding Fruit Softening in Persimmon / J. Jung, S-C. Choi, S. Jung, B-K. Cho, G-H. Ahn, S-B. Ryu // Front Plant Sci. - 2017. - №8 - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5601038/>

25. Kim, PM. Subsystem identification through dimensionality reduction of large-scale gene expression data / PM. Kim, B. Tidor // Genome Res. – 2003. - №13(7) - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12840046>

26. Koes, R. Flavonoids: a colorful model for the regulation and evolution of biochemical pathways / R. Koes, W. Verweij, F. Quattrocchio // Trends Plant Sci. – 2005. - № 10. – S. 237–242. DOI: 10.1016/j.tplants.2005.03.002.

27. Kozera, B. Reference genes in real-time PCR / B. Kozera, M. Rapacz // J Appl Genet. – 2013. - №54(4). – S. 391 - 406. - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Kozera++2013+reference+gene>

28. Lepiniec, L. Genetics and biochemistry of seed flavonoids / L. Lepiniec, I. Debeaujon, J. Routaboul, A. Baudry, L. Pourcel, N. Nesi, M. Caboche // Annu Rev Plant Biol. – 2006. - № 57. – S. 405 – 430. DOI: 10.1146/annurev.arplant.57.032905.105252.

29. Li, W. *Diospyros oleifera* and *D. deyangensis* are revealed as the closest relatives to *D. kaki* by E3 ubiquitin-protein ligase UPL3 DNA sequences / W. Li, Y. Yang, X. Xie, Y. Lu, Q. Chang, X. Jin, Z. Suo // Hans J. Agricultural Sci. – 2018A. - № 8(6). – S. 657 – 673. <https://doi.org/10.12677/hjas.2018.86100>.

30. Li, W. Interspecific chloroplast genome sequence diversity and genomic resources in *Diospyros* / W. Li, Y. Liu, Y. Yang, X. Xie, Y. Lu, Z. Yang, X. Jin, W. Dong, Z. Suo // BMC Plant Biol. - 2018V. - №18 - Rezhim dostupa: <https://bmcplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-018-1421-3>

31. Lee, Y. Expression of alpha-expansin and expansin-like genes in deepwater rice / Y. Lee, H. Kende // Plant Physiol. - 2002. - №130(3). – S. 1396 – 1405. - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12428004>

32. Lepiniec, L. Genetics and biochemistry of seed flavonoids / L. Lepiniec, I. Debeaujon, JM. Routaboul, A. Baudry, L. Pourcel, N. Nesi, M. Caboche // Annu. Rev. Plant Biol. – 2006. - №57. – S. 405 – 430. - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16669768>

33. Luo, C. Genome-wide transcriptome analysis of Chinese pollination-constant nonastringent persimmon fruit treated with ethanol / C. Luo, Q. Zhang, Z. Luo // BMC Genomics. – 2014. - № 15(112). DOI: 10.1186/1471-2164-15-112.

34. Mattoo, A. The Plant Hormone Ethylene / A. Mattoo, J. Suttle - Boca Raton, Florida, 1991. - 337 s. <https://doi.org/10.1002/pca.2800040106>.

35. Min, T. Ethylene-responsive transcription factors interact with promoters of ADH and PDC involved in persimmon (*Diospyros kaki*) fruit de-astringency / T. Min, X-r. Yin, Y-n. Shi, Z-r. Luo, Y-c. Yao, D. Grierson, I. Ferguson, K-s. Chen // *J. Exp. Bot.* – 2012. - № 63. – S. 6393–6405. DOI: 10.1093/jxb/ers296.

36. Min, T. Two novel anoxia-induced ethylene response factors that interact with promoters of deastringency-related genes from persimmon / T. Min, F. Fang, H. Ge, Y-n. Shi, Z-r. Luo, Y-c. Yao, D. Grierson, X-r. Yin, K-s. Chen // *Plos One.* – 2014. - № 9(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097043>

37. Mo, R. ADH and PDC genes involved in tannins coagulation leading to natural de-astringency in Chinese pollination constant and non-astringency persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) / R. Mo, S. Yang, Z. Luo // *Tree Genet. Genomes.* – 2016. - № 12. – S. 1–11. DOI:10.1007/s11295-016-0976-0.

38. Nakano, R. Ethylene biosynthesis in detached young persimmon fruit is initiated in calyx and modulated by water loss from the fruit / R. Nakano, E. Ogura, Y. Kubo, A. Inaba // *Plant Physiol.* – 2003. - № 131. - S. 276 – 286. - DOI: 10.1104/pp.010462

39. Nishiyama, K. Ethylene regulation of fruit softening and cell wall disassembly in Charentais melon / K. Nishiyama, M. Guis, J. Rose, Y. Kubo, K. Bennett, L. Wangjin // *J. Exp. Bot.* – 2007. - № 58. - S. 1281 – 1290. - DOI: 10.1093/jxb/erl283

40. Ortiz, G. Expression of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase and 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase genes during ripening in 'Rendaiji' persimmon fruit / G. Ortiz, S. Sugaya, Y. Sekozawa, H. Ito, K. Wada, H. Gemma // *J. Jpn. Soc. Hort. Sci.* - 2006. - № 75. – S. 178 – 184. - DOI: 10.2503/jjshs.75.178

41. Pinar, H. Molecular characterization of some selected persimmon genotypes and cultivars by SRAP and SSR markers / H. Pinar, E. Yildiz, M. Kaplankiran, C. Toplu, M. Unlu, S. Serce, S. Ercisli // *Genetika.* – 2017. - № 49(2). – S. 693 – 704. <https://doi.org/10.2298/GENSR1702693P>.

42. Quackenbush, J. Microarray data normalization and transformation / J. Quackenbush // *Nat Genet.* – 2002. - №32. – S. 496 – 501. - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12454644>

43. Raddova, J. Genetic analysis of the genus *Diospyros* ssp. using RAPD and i-PBS methods / J. Raddova, H. Ptachkova, J. Chechova, I. Ondrasek // *Acta univ. agric. et silvic. Mendel. Brun.* – 2012. - № 60(8). - S. 205 – 216.

44. Radonic, A. Guideline to reference gene selection for quantitative real-time PCR / A. Radonic, S. Thulke, IM. Mackay, O. Landt, W. Siegert, A. Nitsche // *Biochem Biophys Res Commun.* – 2004. - №313(4). – S. 856 – 862. - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Radoni%C4%87++2004+reference+gene>

45. Sato, A. Persimmon breeding in Japan for pollination-constant non-astringent (PCNA) type with marker-assisted selection / A. Sato, M. Yamada // *Breeding Science.* - 2016. - № 66. - S. 60 – 68. - DOI:10.1270/jsbbs.66.60

46. Suzuki, T. Control selection for RNA quantitation / T. Suzuki, PJ. Higgins, DR. Crawford // *Biotechniques.* – 2000. - №29(2). – S. 332 – 337. - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10948434>

47. Thaipong, K. Evaluation on Genetic Relationships of Persimmons in Thailand Based on RAPD Markers / K. Thaipong, K. Krisanapook, U. Boonprakob // *Thai J. Agric. Sci.* - 2003. - № 36(1). – S. 9 - 20.

48. Thellin, O. Housekeeping genes as internal standards: use and limits / O. Thellin, W. Zorzi, B. Lakaye, B. De Borman, B. Coumans, G. Hennen, T. Grisar, A. Igout, E. Heinen // *J. Biotechnol.* – 1999. - №8. – S. 291 – 295. - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Thellin+1999+expression+gene>.

49. Wang, P. Selection of Suitable Reference Genes for RTqPCR Normalization under Abiotic Stresses and Hormone Stimulation in Persimmon (*Diospyros kaki* Thunb) / P. Wang, A. Xiong, Z. Gao, X. Yu, M. Li, Y. Hou, C. Sun, S. Qu // *PLoS One*. – 2016. - №11(8). - Rezhim dostupa: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0160885>
50. Wang, M-M. Hypoxia-responsive ERFs involved in post-deastringency softening of persimmon fruit / M-M. Wang, Q-G. Zhu, C-L. Deng, Z-R. Luo, N-J. Sun, D. Grierson, X-R. Yin, K-S. Chen // *Plant Biotechnology Journal*. – 2017. - №15(11). - Rezhim dostupa: <https://www.researchgate.net/publication/315186709>
51. Xie, D. Y. Proanthocyanidin biosynthesis - still more questions than answers? / D. Y. Xie, R. A. Dixon // *Phytochemistry*. – 2005. - №66. – S. 2127 – 2144. - Rezhim dostupa: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16153412>
52. Yamada, M. Optimal spatial and temporal measurement repetition for selection in Japanese persimmon breeding / M. Yamada, H. Yamane, K. Yoshinaga, Y. Ukai // *HortScience*. - 1993. - № 28(8). – S. 838 – 841. - DOI:10.21273/HORTSCI.28.8.838
53. Yamada, M. Persimmon genetic resources and breeding in Japan / M. Yamada // *Acta Hortic*. - 2005. № 685. – S. 51 – 64.
54. Yamada, M. Persimmon. Fruit breeding, Handbook of plant breeding. Eds. Badness M.L. and Byrne D.H. Springer / M. Yamada, E. Giordani, K. Yonemori - New York, 2012. – 663 – 693 s.
55. Yamada, M. Breeding goals, trait heredity and genetic improvement of persimmon in Japan / M. Yamada // *Acta Hortic*. – 2013. - № 996. - S. 77 – 88.
56. Yang, Y. Development of simple sequence repeat markers in persimmon (*Diospyros L.*) and their potential use in related species / Y. Yang, Z.B. Jing, X.F. Ruan, J.M. Cheng // *Genet. Mol. Res.* – 2015. - №14(1). - S. 609 - 618. DOI <http://dx.doi.org/10.4238/2015.January.30.2>.
57. Yilmaz, B. Characterization of morphological traits of local and global persimmon varieties and genotypes collected from Turkey / B. Yilmaz, A. Genc, B. Cimen, M. Incesu, T. Yesiloglu // *Turk J Agric For*. - 2017. - № 41. – S. 93 - 102. - DOI:10.3906/tar-1611-27
58. Yin, X. Expression of ethylene response genes during persimmon fruit astringency removal / X. Yin, Y. Shi, T. Min, Z. Luo, Y. Yao, Q. Xu, I. Ferguson, K. Chen // *Planta*. - 2012. – № 235(5). - S. 895 - 906. - DOI:10.1007/s00425-011-1553-2
59. Yonemori, K. Persimmon genetics and breeding / K. Yonemori, A. Sugiura, M. Yamada // *Plant breeding reviews*. - 2000. - № 19. - S. 191 - 225.
60. Yonemori, K. Relationship of European persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) cultivars to Asian cultivars, characterized using AFLPs / K. Yonemori, C. Honsho, A. Kitajima, M. Aradhya, E. Giordani, E. Bellini, D. Parfitt // *Genet Resour Crop Evol*. – 2008. - № 55. – S. 81 – 89. - DOI 10.1007/s10722-007-9216-7
61. Yyldyz, M. Molecular diversity in persimmon (*Diospyros kaki* L.) cultivars growing around Hatay province in Turkey / M. Yyldyz, S. Bayazit, S. Cebesoy, S. Aras // *African Journal of Biotechnology*. – 2007. - № 6(20). – S. 2393 – 2399.
62. Zhang, Z. Expression of Expansin Gene (CDK-Exp3) and Its Modulation by Exogenous Gibberellic Acid During Ripening and Softening of Persimmon Fruit / Z. Zhang, R. Fu, D-J. Huber, J. Rao, X. Chang, M. Hu, Y. Zhang, N. Jiang // *HortScience*. - 2012. - № 47(3). – S. 378 – 381.
63. Zhang, Q. Current persimmon research and industry in China mainland / Q. Zhang, Y. Yang, L. Xu, D. Guo, Z. Luo // *Acta Hortic*. – 2018. - № 9(16). – S. 1195. - DOI: 10.17660/ActaHortic.2018.1195.2.
64. Zhu, Q. Identification of xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase genes (XTHs) and their expression in persimmon fruit as influenced by 1-methylcyclopropene and gibberellic acid during storage at ambient temperature / Q. Zhu, Z. Zhang, J. Rao, DJ. Huber,

J. Lv, Y. Hou, K. Song // Food Chem. – 2013. - №138(1). – S. 471 – 477. - Rezhim dostupa:
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/?term=Zhu+2013+persimmon>