

УДК 575.11: 575.174.015.3

UDC 575.11: 575.174.015.3

DOI 10.30679/2219-5335-2020-4-64-219-228

DOI 10.30679/2219-5335-2020-4-64-219-228

**ДНК-ПРОФИЛИРОВАНИЕ
И УТОЧНЕНИЕ РОДОСЛОВНОЙ
НЕКОТОРЫХ СОРТОВ
ВИНОГРАДА СЕЛЕКЦИИ
СКФНЦСВВ**

**DNA-PROFILING
AND CLARIFICATION
OF THE PEDIGREE
OF SOME GRAPE VARIETIES
OF NCFSCHVW BREEDING**

Ильницкая Елена Тарасовна
канд. биол. наук
зав. лабораторией сортоизучения
и селекции винограда
e-mail: ilnitskaya79@mail.ru

Il'nitskaya Elena Tarasovna
Cand. Biol. Sci.
Head of Cultivar's study
and Breeding of Grapes Laboratory
e-mail: ilnitskaya79@mail.ru

Макаркина Марина Викторовна
младший научный сотрудник
лаборатории сортоизучения
и селекции винограда
e-mail: konec_citatu@mail.ru

Makarkina Marina Victorovna
Junior Research Associate
of Cultivar's Study
and Breeding of Grapes Laboratory
e-mail: konec_citatu@mail.ru

Токмаков Сергей Вячеславович
канд. биол. наук
старший научный сотрудник
лаборатории селекционно-
биотехнологической
e-mail: ad-a-m@mail.ru

Tokmakov Sergey Vyacheslavovich
Cand. Biol. Sci.
Senior Research Associate
of Breeding and Biotechnology
Laboratory
e-mail: ad-a-m@mail.ru

*Федеральное государственное
бюджетное научное учреждение
«Северо-Кавказский федеральный
научный центр садоводства,
виноградарства, виноделия»,
Краснодар, Россия*

*Federal State Scientific
Budget Institution
«North-Caucasian Federal
Scientific Center of Horticulture,
Viticulture, Wine-making»,
Krasnodar, Russia*

ДНК-маркеры являются важным инструментом идентификации сортов винограда, дают возможность выдвинуть предположение о происхождении сорта, подтвердить или опровергнуть информацию о родительских формах конкретного генотипа. SSR-маркеры VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVS2, VrZAG62 и VrZAG79 выступают как основной минимальный набор в работах по генотипированию сортов винограда. С помощью данного набора SSR-маркеров нами проведено генотипирование сортов винограда Антарис, Литдар, Мицар, Дмитрий селекции ФГБНУ СКФНЦСВВ. В качестве контроля для уточнения размеров идентифицированных аллелей в работе

DNA-markers are an important tool for identifying grape varieties, making it possible to assume the origin of the variety, and to confirm or deny the information about the parent forms of a particular genotype. SSR markers of VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVS2, VrZAG62 and VrZAG79 are the main minimum set in the work on genotyping the grape varieties. Using this set of SSR markers, we were genotyping the grape varieties of Antaris, Litdar, Mitsar, Dmitriy of the FSBSI NCFSCHVW breeding. As a control to clarify the size of identified alleles, we used the DNA of reference varieties of Chardonnay

использовали ДНК референсных сортов Шардоне и Пино нуар. Образцы ДНК выделяли из молодых побегов растений. ДНК-профилирование выполнено методом полимеразной цепной реакции с анализом продуктов реакции методом капиллярного электрофореза. На основе полученных данных генотипирования сформированы ДНК-паспорта сортов: Антарис VVS2_{133 145} VVMD7_{239 249} VVMD27_{193 195} VVMD5_{230 242} VrZAG62_{188 200} VrZAG79_{251 261}; Литдар VVS2_{133 135} VVMD7_{249 249} VVMD27_{180 195} VVMD5_{236 240} VrZAG62_{186 204} VrZAG79_{247 255}; Мицар VVS2_{139 143} VVMD7_{239 249} VVMD27_{182 190} VVMD5_{238 242} VrZAG62_{194 202} VrZAG79_{247 259}; Дмитрий VVS2_{133 145} VVMD7_{239 251} VVMD27_{190 190} VVMD5_{234 234} VrZAG62_{194 194} VrZAG79_{243 261}. Для уточнения происхождения исследуемых сортов проведено сравнение полученных данных и ДНК-профилей соответствующих родительских форм. Выявлено полное соответствие информации о происхождении сортов Антарис (Саперави x Цимлянский черный), Литдар (Хиндогны x Мускат гамбургский), Мицар (Серексия x Каберне Совиньон), Дмитрий (Варуссет x Гранатовый) по данным, полученным при анализе ДНК-профилей генотипов этих сортов и их родительских форм. Сформированные ДНК-паспорта могут быть использованы для идентификации растений данных сортов, проверки посадочного материала на чистосортность, а также при защите авторских прав.

Ключевые слова: СОРТА ВИНОГРАДА, SSR-АНАЛИЗ, ДНК-ПАСПОРТА, УТОЧНЕНИЕ ПРОИСХОЖДЕНИЯ

and Pinot Noir. DNA samples were isolated from young shoots. DNA profiling was carried out by polymerase chain reaction with analysis of the reaction's products by capillary electrophoresis. Based on the obtained genotyping data, the following DNA passports of varieties were formed: Antaris VVS2_{133 145} VVMD7_{239 249} VVMD27_{193 195} VVMD5_{230 242} VrZAG62_{188 200} VrZAG79_{251 261}; Litdar VVS2_{133 135} VVMD7_{249 249} VVMD27_{180 195} VVMD5_{236 240} VrZAG62_{186 204} VrZAG79_{247 255}; Mitsar VVS2_{139 143} VVMD7_{239 249} VVMD27_{182 190} VVMD5_{238 242} VrZAG62_{194 202} VrZAG79_{247 259}; Dmitriy VVS2_{133 145} VVMD7_{239 251} VVMD27_{190 190} VVMD5_{234 234} VrZAG62_{194 194} VrZAG79_{243 261}. To clarify the origin of the studied varieties, we compared the data obtained and the DNA profiles of the corresponding parent forms. The information about the origin of the varieties Antaris (Saperavi x Tsimlyanskiy chornyi), Litdar (Hindogny x Muscat Hamburg), Mitsar (Sereksiya x Cabernet Sauvignon), Dmitriy (Varusset x Granatovyi) is fully consistent with the data obtained by analyzing the DNA profiles of the genotypes of these varieties and their parent forms. Generated DNA passports can be used to identify the plants of these varieties and to check the planting material for purity, as well as for copyright protection.

Key words: GRAPE VARIETIES, SSR-ANALYSIS, DNA-PASSPORTS, REFINING OF ORIGIN

Введение. Виноград – одна из древнейших сельскохозяйственных культур. Длительная история возделывания и параллельное воздействие естественного и искусственного отборов привели к возникновению множества сортов винограда. В настоящее время их известно более 20 тысяч [1]. Подробное описание форм винограда проводится по ампелографическим признакам, включающим в себя характеристики побега, листа,

грозди и т.д. Многие сорта имеют явно выраженные внешние отличия друг от друга, но встречаются и формы со значительным внешним сходством, однако генетически разные. Для виноградной лозы характерна и высокая вариабельность от условий произрастания: один и тот же сорт может иметь определённые различия во внешних характеристиках растения в разных условиях среды.

В настоящее время методы молекулярно-генетического анализа позволяют уточнить различные спорные вопросы, так как напрямую характеризуют генотип, а не внешние его признаки. ДНК-маркеры являются важным инструментом идентификации сортов винограда, дают возможность выдвинуть предположение о происхождении сорта, подтвердить или опровергнуть информацию о родительских формах конкретного генотипа [2, 3]. Для данных целей наиболее предпочтительными маркерами оказались микросателлиты. Микросателлиты или SSR (simple sequence repeats) – простые повторяющиеся последовательности в структуре ДНК длиной 2-6 нуклеотидов, распространенные повсеместно в геноме высших растений [4]. Микросателлиты наследуются по кодоминантному менделеевскому типу. При скрещивании каждый из родителей передает одну аллель локуса потомству, и следовательно, аллель, идентифицируемая у потомка, должна присутствовать у одного из родительских форм.

Серией работ учёных были определены наиболее полиморфные микросателлитные локусы, данные ПЦР-анализа которых эффективно позволяют провести ДНК-паспортизацию сортов винограда [5-7]. SSR-маркеры VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVS2, VrZAG62 и VrZAG79 выступают как основной минимальный набор в работах по генотипированию сортов винограда.

В настоящее время существует международная база Vitis International Variety Catalogue (VIVC), в которой приведены ДНК-профили более четырех тысяч сортов винограда [8]. Большинство стародавних и современных европейских сортов представлено в данной

базе. Наличие известных ДНК-профилей сортов позволяет при необходимости проанализировать чистосортность насаждений, уточнить принадлежность конкретных растений к тому или иному сорту.

Сортов российской селекции в настоящее время представлено в VIVC достаточно мало. Работы по ДНК-паспортизации российского генофонда винограда начаты относительно недавно и, в основном, внимание уделялось аборигенным и стародавним сортам [9-13]. ДНК-профилирование современных сортов отечественной селекции – актуальная задача. Для технических форм анализ ДНК-профиля может дать ответ о видовом происхождении, что бывает значимо для вопросов виноделия.

Целью работы была ДНК-паспортизация сортов винограда Антарис, Литдар, Мицар, Дмитрий селекции Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия и уточнение их происхождения: сопоставление результатов ДНК-маркерного анализа с известными данными о родительских формах.

Указанные сорта не введены в Госреестр селекционных достижений РФ, однако имеют определённую известность в Краснодарском крае и за его пределами. На сорта Дмитрий, Антарис, Литдар получены патенты [14-16]. Антарис, Мицар и Литдар получены путём внутривидовой гибридизации *Vitis vinifera* L.

Сорт Дмитрий является гибридным генотипом межвидового происхождения. Это определяет его повышенную устойчивость к морозам, грибным патогенам и корневой форме филлоксеры, что позволяет выращивать растения в корнесобственной культуре, не требуется укрытия кустов на зиму в условиях юга России. За последние годы сорт стал популярен в частных и фермерских хозяйствах.

Сорта Мицар и Антарис особо отличает высокое качество вин: и столовые, и десертные вина, полученные из урожая этих сортов, не раз получали высокие награды на конкурсах различного уровня [17, 18]. Антарису

характерна и достаточно высокая устойчивость к поражению корневой формой филлоксеры, не типичная для большинства генотипов *V. vinifera* L. Урожай сорта «Литдар» используется для приготовления высококачественных красных мускатных столовых и десертных вин.

Объекты и методы исследований. В исследования были включены растения винограда сортов Антарис, Литдар, Мицар, Дмитрий, соответствующие сортовому описанию. Образцы ДНК выделяли из листьев верхушки молодых побегов методом ЦТАБ [19]. ДНК-профилирование выполнено методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с анализом продуктов реакции методом капиллярного электрофореза на автоматическом генетическом анализаторе ABI Prism 3130 посредством специального программного обеспечения GeneMapper и PeakScanner.

В исследовании использовали SSR-маркеры VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZAG62, VrZAG79, рекомендованные как минимальный набор для сортовой идентификации генотипов винограда [5]. Олигонуклеотидные последовательности праймеров с флуоресцентными метками были синтезированы ООО «Синтол» (Россия). ПЦР проводили с использованием прибора BioRad (США) в соответствии с ранее отработанными параметрами реакции [20].

В качестве референсных генотипов для уточнения размеров амплифицированных фрагментов в работе использовали ДНК сортов Пино нуар и Шардоне. При анализе родословной генотипов, созданных в СКФНЦСВВ, использовали данные о ДНК-профилях сортов Саперави, Цимлянский черный, Хиндогны, Мускат гамбургский, Серексия, Каберне Совиньон, Варуссет из базы данных VIVC. ДНК-профиль сорта Гранатовый разработан нами ранее.

Обсуждение результатов. Методом SSR-анализа с использованием маркеров VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZAG62, VrZAG79 изучены генотипы сортов винограда Антарис, Литдар, Мицар и Дмитрий селекции

ФГБНУ СКФНЦСВВ. Получены ДНК-профили данных сортов по указанным микросателлитным локусам (табл.). Морфологические признаки виноградных растений, с которых был получен материал для генетического анализа соответствовали ампелографическому описанию данных сортов [21, 22].

Наследование аллелей по SSR-локусам от родительских форм в генотипах сортов винограда Антарис, Литдар, Мицар, Дмитрий

Сорт	Аллели SSR-локусов, пары нуклеотидов											
	VVS2		VVMD7		VVMD27		VVMD5		VrZAG62		VrZAG79	
Шардоне	137	143	239	243	182	190	236	240	188	196	243	245
Пино Нуар	137	151	239	243	186	190	230	240	188	194	239	245
Антарис (<i>Саперави</i> x <u>Цимлянский</u> <u>черный</u>)	133	<u>145</u>	239	<u>249</u>	<u>193</u>	<u>195</u>	<u>230</u>	<u>242</u>	<u>188</u>	<u>200</u>	<u>251</u>	<u>261</u>
<i>Саперави</i>	133	<u>145</u>	239	239	<u>190</u>	<u>193</u>	<u>226</u>	<u>242</u>	<u>188</u>	<u>200</u>	<u>243</u>	<u>261</u>
<u>Цимлянский</u> <u>черный</u>	<u>145</u>	<u>145</u>	<u>239</u>	<u>249</u>	<u>188</u>	<u>195</u>	<u>230</u>	<u>242</u>	<u>188</u>	<u>194</u>	<u>251</u>	<u>257</u>
Литдар (<i>Хиндогны</i> x <u>Мускат</u> <u>гамбургский</u>)	133	<u>135</u>	<u>249</u>	<u>249</u>	<u>180</u>	<u>195</u>	<u>236</u>	<u>240</u>	<u>186</u>	<u>204</u>	<u>247</u>	<u>255</u>
<i>Хиндогны</i>	133	<u>155</u>	239	<u>249</u>	<u>182</u>	<u>195</u>	<u>228</u>	<u>236</u>	<u>188</u>	<u>204</u>	<u>247</u>	<u>251</u>
<u>Мускат</u> <u>гамбургский</u>	<u>135</u>	<u>149</u>	<u>247</u>	<u>249</u>	<u>180</u>	<u>186</u>	<u>234</u>	<u>240</u>	<u>186</u>	<u>192</u>	<u>239</u>	<u>255</u>
Мицар (<i>Серексия</i> x <u>Каберне</u> <u>Совиньон</u>)	<u>139</u>	<u>143</u>	<u>239</u>	<u>249</u>	<u>182</u>	<u>190</u>	<u>238</u>	<u>242</u>	<u>194</u>	<u>202</u>	<u>247</u>	<u>259</u>
<i>Серексия</i>	<u>143</u>	<u>143</u>	<u>249</u>	<u>253</u>	<u>182</u>	<u>195</u>	<u>238</u>	<u>240</u>	<u>200</u>	<u>202</u>	<u>257</u>	<u>259</u>
<u>Каберне</u> <u>Совиньон</u>	<u>139</u>	<u>151</u>	<u>239</u>	<u>239</u>	<u>176</u>	<u>190</u>	<u>234</u>	<u>242</u>	<u>188</u>	<u>194</u>	<u>247</u>	<u>247</u>
Дмитрий (<i>Варуссет</i> x <u>Гранатовый</u>)	133	<u>145</u>	<u>239</u>	<u>251</u>	<u>190</u>	<u>190</u>	<u>234</u>	<u>234</u>	<u>194</u>	<u>194</u>	<u>243</u>	<u>261</u>
<i>Варуссет</i>	133	<u>145</u>	<u>243</u>	<u>251</u>	<u>182</u>	<u>190</u>	<u>228</u>	<u>234</u>	<u>188</u>	<u>194</u>	<u>243</u>	<u>261</u>
<u>Гранатовый</u>	<u>139</u>	<u>145</u>	<u>239</u>	<u>239</u>	<u>190</u>	<u>190</u>	<u>234</u>	<u>242</u>	<u>194</u>	<u>200</u>	<u>243</u>	<u>247</u>

На основе полученных данных генотипирования нами были сформированы ДНК-паспорта сортов:

Антарис VVS2_{133 145} VVMD7_{239 249} VVMD27_{193 195} VVMD5_{230 242}
VrZAG62_{188 200} VrZAG79_{251 261};

Литдар VVS2_{133 135} VVMD7_{249 249} VVMD27_{180 195} VVMD5_{236 240}
VrZAG62_{186 204} VrZAG79_{247 255};

Мицар VVS2_{139 143} VVMD7_{239 249} VVMD27_{182 190} VVMD5_{238 242}
VrZAG62_{194 202} VrZAG79_{247 259};

Дмитрий VVS2_{133 145} VVMD7_{239 251} VVMD27_{190 190} VVMD5_{234 234}
VrZAG62_{194 194} VrZAG79_{243 261}.

Вторым этапом работы была проверка соответствия результатов ДНК-анализа исходным данным о родительских формах. Согласно сведениям о происхождении сортов, родительские формы генотипов следующие: Антарис (Саперави х Цимлянский черный), Литдар (Хиндогны х Мускат гамбургский), Мицар (Серексия х Каберне Совиньон), Дмитрий (Варуссет х Гранатовый).

Полученные ДНК-профили сортов подтверждают их происхождение от заявленных родителей. Так, по каждому проанализированному локусу отслеживается кодоминантный тип наследования аллелей: в каждом SSR-локусе изученных сортов обнаружена одна аллель от «материнского» генотипа, а другая – от «отцовского» (см табл.).

Например, у генотипа Антарис по локусу VVS2 идентифицировано гетерозиготное состояние: 133/145. Из таблицы видно, что аллель 133 п.н. унаследована от сорта Саперави, а 145 – от Цимлянский чёрный. Аналогично – по всем шести проанализированным локусам. Для удобства восприятия информации в таблице унаследованные аллели от сортов-родителей у сортов-потомков выделены одним типом шрифта, у материнских и отцовских форм – различными шрифтами.

Таким образом, нами показано полное соответствие информации о происхождении сортов Антарис, Литдар, Мицар, «Дмитрий» данным, полученным при анализе ДНК-профилей генотипов этих сортов и их родительских форм.

Выводы. Проведено SSR-профилирование сортов винограда Антарис, Литдар, Мицар, Дмитрий по микросателлитным локусам VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZAG62, VrZAG79. Подтверждено происхождение сортов от заявленных родительских форм. Полученные ДНК-паспорта могут быть использованы для идентификации растений данных сортов винограда, проверки посадочного материала на чистосортность, а также при защите авторских прав.

Литература

1. Distribution of the world's grapevine varieties // FOCUS OIV. Paris: OIV, 2017. Режим доступа: <http://www.oiv.int/public/medias/5888/en-distribution-of-the-worlds-grapevine-varieties.pdf>
2. Laiadi Z., Bentchikou M.M., Bravo G., Cabello F., Martínez-Zapater J.M. Molecular identification and genetic relationships of Algerian grapevine cultivars maintained at the germplasm collection of Skikda (Algeria) // *Vitis*. 2009. Vol. 48 (1). P. 25-32.
3. Drori E., Rahimi O., Henig Y.; Lorenzi S., Brauner H., Marrano A., Amar Z., Netzer Y., Failla O., Grando M.S. Ampelographic and genetic characterization of an initial Israeli grapevine germplasm collection // *Vitis*. 2015. Vol. 54 (Special issue). P. 107-110.
4. Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2015. Т. 17(4/2). С. 1044-1054.
5. This P., Jung A., Voccacci P., Borrego J., Botta R., Costantini L., Crespan M., Dangi G.S., Eisenheld C., Ferreira-Monteiro F., Grando S., Ibáñez J., Lacombe T., Laucou V., Magalhães R., Meredith C.P., Milani N., Peterlunger E., Regner F., Zulini L., Maul E. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars // *Theor. Appl. Genet.* 2004. Vol. 109. P. 1448-1458.
6. This P. Microsatellite markers analysis // Minutes of the First Grape Gen06 Workshop March 22nd and 23rd, INRA, Versailles (France). 2007. P. 3-42.
7. Cipriani G., Marrazzo M.T., Di Gaspero G., Pfeiffer A., Morgante M., Testolin R. A set of microsatellite markers with long core repeat optimized for grape (*Vitis* spp.) genotyping // *BMC Plant Biol.* 2008. Vol. 8(127). P.1-13.
8. International Variety Catalogue VIVC // Julius Kuhn-Institut. – Режим доступа: <http://www.vivc.de>.
9. Илнитская Е.Т., Токмаков С.В., Супрун И.И., Наумова Л.Г., Ганич В.А. Генетическая схожесть автохтонных сортов винограда из Донского региона выявлена с помощью анализа SSR и основных признаков ампелогрфии // *Сельскохозяйственная Биология*. 2016. Vol. 51(1). P. 60-67.
10. Илнитская Е.Т., Супрун И.И., Наумова, Л.Г., Токмаков С.В., Ганич В.А. Характеристика местных сортов винограда Дагестана с помощью анализа SSR и основных признаков ампелогрфии // *Вавиловский журнал Генетики и Селекции*. 2017. Vol. 21(6). P. 617-622].
11. Goryslavets S., Risovannaya V., Memetova E., Bacilieri R., Laucou V. Genetic diversity of ancient grape cultivars of the Crimea region // *Vitis*. 2015. Vol. 54(1). P. 37-41.
12. Генотипирование сортов винограда селекции института «Магарач» на основе анализа аллельного полиморфизма SSR локусов / С.М. Гориславец // *Магарач. Виноградарство и виноделие*. 2019. Т. 21. № 4 (110). С. 289-293.

13. Изучение генетического разнообразия генофонда винограда Северного Кавказа / Р. Тёпфер [и др.] // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. 2016. Т. 119. С. 1337-1355.

14. Виноград Дмитрий: патент на селекционное достижение RU 10264. / Гугучкина Т.И., Коваль А.И., Нудьга Т.А., Прах А.В., Резниченко В.В., Рохманина Т.Г., Сундырева М.А., Талаш А.И.; заявка № 8757221 от 03.12.2012.

15. Виноград Антарис: патент на селекционное достижение RU 4115. Трошин Л.П., Нудьга Т.А., Талаш А.И., Коханова Л.Т., Зинченко Т.П., Гугучкина Т.И., Ключникова Г.Н., Даурова Е.А.; заявка № 42662 от 12.01.2005.

16. Виноград Литдар: патент на селекционное достижение RU 4114. Трошин Л.П., Нудьга Т.А., Талаш А.И., Коханова Л.Т., Зинченко Т.П., Гугучкина Т.И., Ключникова Г.Н., Даурова Е.А., Дудка А.М., Полтораченко В.А.; заявка № 44527 от 21.12.2005.

17. Белякова Е.А., Гугучкина Т.И., Нудьга Т.А., Якуба Ю.Ф. Биологическая ценность вин из новых сортов винограда селекции СКЗНИИСИВ [Электронный ресурс] // Плодоводство и виноградарство Юга России. 2012. № 18(6). С. 139-148. URL: <http://journalkubansad.ru/pdf/12/06/15.pdf>. (дата обращения: 10.07.2020).

18. Гугучкина Т.И., Антоненко М.В. Использование новых сортов винограда для высококачественных вин юга России [Электронный ресурс] // Плодоводство и виноградарство Юга России. 2018. № 52(4). С. 96-109. URL: <http://journalkubansad.ru/pdf/18/04/11.pdf>. DOI: 10.30679/2219-5335-2018-4-52-96-109 (дата обращения: 10.07.2020).

19. Rogers S.O., Bendich A.J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues // *Plant Molecular Biology*. 1985. P. 69-76.

20. Ильницкая Е.Т., Сундырева М.А., Шелудько О.Н., Прах А.В. Инструментальные методы оценки исходного и селекционного материала винограда для высококачественного виноделия. Краснодар, 2015. 116 с.

21. Сорта селекции СКЗНИИСИВ для импортозамещения и совершенствования отечественного сортимента технического винограда / Е.Т. Ильницкая [и др.] // Садоводство и виноградарство. 2016. № 5. С. 31-36.

22. Трошин Л.П., Нудьга Т.А. Сорта винограда селекции СКЗНИИСИВ в центре Кубани // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. 2004. Т. 3. С. 199-213.

References

1. Distribution of the world's grapevine varieties // FOCUS OIV. Paris: OIV, 2017. Rezhim dostupa: <http://www.oiv.int/public/medias/5888/en-distribution-of-the-worlds-grapevine-varieties.pdf>

2. Laiadi Z., Bentchikou M.M., Bravo G., Cabello F., Martínez-Zapater J.M. Molecular identification and genetic relationships of Algerian grapevine cultivars maintained at the germplasm collection of Skikda (Algeria) // *Vitis*. 2009. Vol. 48 (1). P. 25-32.

3. Drori E., Rahimi O., Henig Y.; Lorenzi S., Brauner H., Marrano A., Amar Z., Netzer Y., Failla O., Grando M.S. Ampelographic and genetic characterization of an initial Israeli grapevine germplasm collection // *Vitis*. 2015. Vol. 54 (Special issue). P. 107-110.

4. Hlestkina E.K. Molekulyarnye markery v geneticheskikh issledovaniyah i v selekcii // *Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii*. 2015. Т. 17(4/2). С. 1044-1054.

5. This P., Jung A., Boccacci P., Borrego J., Botta R., Costantini L., Crespan M., Dangi G.S., Eisenheld C., Ferreira-Monteiro F., Grando S., Ibáñez J., Lacombe T., Laucou V., Magalhães R., Meredith C.P., Milani N., Peterlunger E., Regner F., Zulini L., Maul E. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars // *Theor. Appl. Genet.* 2004. Vol. 109. P. 1448-1458.

6. This P. Microsatellite markers analysis // Minutes of the First Grape Gen06 Work-shop March 22nd and 23rd, INRA, Versailles (France). 2007. P. 3-42.

7. Cipriani G., Marrazzo M.T., Di Gaspero G., Pfeiffer A., Morgante M., Testolin R. A set of microsatellite markers with long core repeat optimized for grape (*Vitis* spp.) genotyping // BMC Plant Biol. 2008. Vol. 8(127). P.1-13.

8. International Variety Catalogue VIVC // Julius Kuhn-Institut. – Rezhim dostupa: <http://www.vivc.de>.

9. Il'nitskaya E.T., Tokmakov S.V., Suprun I.I., Naumova L.G., Ganich V.A. Genetic similarity of the autochthonous grapevine varieties from Don region revealed by SSR-analysis and main leaf ampelographic traits // Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya. 2016. Vol. 51(1). P. 60-67.

10. Il'nitskaya E.T., Suprun I.I., Naumova, L.G., Tokmakov S.V., Ganich V.A. Characterisation of native Dagestan grape cultivars using SSR-analysis and the main ampelographic features of the leaves // Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii. 2017. Vol. 21(6). P. 617-622].

11. Goryslavets S., Risovannaya V., Memetova E., Bacilieri R., Laucou V. Genetic diversity of ancient grape cultivars of the Crimea region // Vitis. 2015. Vol. 54(1). P. 37-41.

12. Genotipirovanie sortov vinograda seleksii instituta «Magarach» na osnove analiza allel'nogo polimorfizma SSR lokusov / S.M. Gorislavec // Magarach. Vinogradarstvo i vinodelie. 2019. T. 21. № 4 (110). S. 289-293.

13. Izuchenie geneticheskogo raznoobraziya genofonda vinograda Severnogo Kavkaza / R. Tyopfer [i dr.] // Politematicheskij setevoy elektronnyj nauchnyj zhurnal Kubanskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. 2016. T. 119. S. 1337-1355.

14. Vinograd Dmitrij: patent na selekcionnoe dostizhenie RU 10264. / Guguchkina T.I., Koval' A.I., Nud'ga T.A., Prah A.V., Reznichenko V.V., Rohmanina T.G., Sudyreva M.A., Talash A.I.; zayavka № 8757221 ot 03.12.2012.

15. Vinograd Antaris: patent na selekcionnoe dostizhenie RU 4115. Troshin L.P., Nud'ga T.A., Talash A.I., Kohanova L.T., Zinchenko T.P., Guguchkina T.I., Klyuchnikova G.N., Daurova E.A. ; zayavka № 42662 ot 12.01.2005.

16. Vinograd Litdar: patent na selekcionnoe dostizhenie RU 4114. Troshin L.P., Nud'ga T.A., Talash A.I., Kohanova L.T., Zinchenko T.P., Guguchkina T.I., Klyuchnikova G.N., Daurova E.A., Dudka A.M., Poltorachenko V.A. ; zayavka № 44527 ot 21.12.2005.

17. Belyakova E.A., Guguchkina T.I., Nud'ga T.A., Yakuba Yu.F. Biologicheskaya cennost' vin iz novyh sortov vinograda seleksii SKZNIISiV [Elektronnyj resurs] // Plodovodstvo i vinogradarstvo Yuga Rossii. 2012. № 18(6). S. 139-148. URL: <http://journalkubansad.ru/pdf/12/06/15.pdf>. (data obrashcheniya: 10.07.2020).

18. Guguchkina T.I., Antonenko M.V. Ispol'zovanie novyh sortov vinograda dlya vysokokachestvennyh vin yuga Rossii [Elektronnyj resurs] // Plodovodstvo i vinogradarstvo Yuga Rossii. 2018. № 52(4). S. 96-109. URL: <http://journalkubansad.ru/pdf/18/04/11.pdf>. DOI: 10.30679/2219-5335-2018-4-52-96-109 (data obrashcheniya: 10.07.2020).

19. Rogers S.O., Bendich A.J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues // Plant Molecular Biology. 1985. P. 69-76.

20. Il'nickaya E.T., Sudyreva M.A., Shelud'ko O.N., Prah A.V. Instrumental'nye metody ocenki iskhodnogo i selekcionnogo materiala vinograda dlya vysokokachestvennogo vinodeliya. Krasnodar, 2015. 116 s.

21. Corta seleksii SKZNIISiV dlya importozameshcheniya i sovershenstvovaniya otechestvennogo sortimenta tekhnicheskogo vinograda / E.T. Il'nickaya [i dr.] // Sadovodstvo i vinogradarstvo. 2016. № 5. S. 31-36.

22. Troshin L.P., Nud'ga T.A. Sorta vinograda seleksii SKZNIISiV v centre Kubani // Politematicheskij setevoy elektronnyj nauchnyj zhurnal Kubanskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. 2004. T. 3. S. 199-213.