

УДК 634.8.091: 575.113

UDC 634.8.091: 575.113

DOI 10.30679/2219-5335-2022-1-73-124-133

DOI 10.30679/2219-5335-2022-1-73-124-133

**ДНК-МАРКЕРНОЕ ОПРЕДЕЛЕНИЕ
ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ
К ОИДИУМУ *REN3* И *REN9*
В ЭЛИТНЫХ ФОРМАХ ВИНОГРАДА
СЕЛЕКЦИИ СКФНЦСВВ**

**DNA MARKER DETECTION
OF *REN3* AND *REN9* POWDERY
MILDEW RESISTANCE GENES
IN ELITE GRAPEVINES
OF NCFSCHVW BREEDING**

Ильницкая Елена Тарасовна
канд. биол. наук
зав. лабораторией сортоизучения
и селекции винограда

Ильницкая Елена Тарасовна
Cand. Biol. Sci.
Head of Laboratory of Cultivar's study
and Breeding of Grapes

Макаркина Марина Викторовна
младший научный сотрудник
лаборатории сортоизучения
и селекции винограда

Makarkina Marina Victorovna
Junior Research Associate
of Laboratory of Cultivar's Study
and Breeding of Grapes

Козина Татьяна Дмитриевна
лаборант-исследователь
лаборатории сортоизучения
и селекции винограда

Kozina Tatiana Dmitrievna
Laboratory Assistant-Researcher
of Laboratory of Cultivar's study
and Breeding of Grapes

Кожевников Евгений Анатольевич
младший научный сотрудник
селекционно-биотехнологический
лаборатории

Kozhevnikov Evgeniy Anatol'evich
Junior Research Associate
of Selection and Biotechnological
Laboratory

Пята Елена Георгиевна
младший научный сотрудник
лаборатории сортоизучения
и селекции винограда

Pyata Elena Georgievna
Junior Research Associate
of Laboratory of Cultivar's Study
and Breeding of Grapes;

*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, Winemaking»,
Krasnodar, Russia*

Мучнистая роса винограда или оидиум – одно из наиболее распространенных и экономически значимых заболеваний винограда. Возбудителем заболевания является биотрофный аскомицет *Erysiphe necator*. Мучнистая роса является глобальным заболеванием, которое снижает урожайность и качество винограда, нанося

Powdery mildew of grapes or oidium is one of the most common and economically significant diseases of grapes. The causative agent of the disease is biotrophic ascomycete *Erysiphe necator*. Powdery mildew is a global disease that reduces the yield and quality of grapes, while causing

при этом значительный ущерб виноградарству по всему миру. Большинство культивируемых сортов винограда восприимчивы к этому патогену, поэтому для снижения уровня заболеваемости, используют обработку пестицидами. Устойчивостью к оидиуму обладают, в основном, генотипы северо-американских и азиатских сортов винограда. Поиск доноров резистентности к оидиуму и последующее создание новых устойчивых и качественных сортов винограда, является одной из основных задач селекции винограда. Возделывание устойчивых сортов позволит сократить использование пестицидов, что в дальнейшем даст возможность перейти к более экологически безопасному промышленному виноградарству. В настоящее время идентифицирован ряд локусов устойчивости к оидиуму (более 10), также сконструированы ДНК-маркеры, пригодные для выявления аллельного состояния этих генов. Большой вклад среди идентифицированных локусов устойчивости к оидиуму имеют гены *Ren3* и *Ren9*. В исследовании были задействованы элитные технические формы винограда селекции СКФНЦСВВ, генотипы которых потенциально могут содержать локусы устойчивости к оидиуму (Тана 19, Тана 72, Тана 73, Тана 74, Тана 82, Тана 92). Для идентификации генов, обуславливающих генетическую резистентность к оидиуму, были задействованы специфические кодоминантные SSR-маркеры GF15-42, ScORGF15-02, позволяющие идентифицировать ген *Ren3*, и SSR-маркер CenGen6 для идентификации гена *Ren9*. В качестве положительного контроля в работе использовали ДНК сорта Seyve Villard 12-375, который имеет аллели устойчивости. Работа проведена методом ПЦР, с разделением продуктов реакции при помощи метода капиллярного электрофореза на автоматическом генетическом анализаторе Нанофор 05. В результате ДНК-маркерного анализа определено, что генотип элитной формы Тана 92 содержит ген *Ren9*, гены *Ren3* и *Ren9* определены в формах Тана 73 и Тана 74.

significant damage to viticulture around the world. Most cultivated grape varieties are susceptible to this pathogen, therefore, pesticide treatment is used to reduce the incidence of disease. Resistance to powdery mildew is mainly found in the genotypes of North American and Asian grape varieties. The search for donors of resistance to powdery mildew and the subsequent creation of new resistant and high-quality grape varieties is one of the main tasks of grape breeding. Cultivation of resistant varieties will reduce the use of pesticides, which in the future will make it possible to switch to more environmentally safe industrial viticulture. At present, a number of loci of resistance to powdery mildew (more than 10) have been identified, and DNA markers have been constructed that are suitable for identifying the allelic status of these genes. Among the identified loci of resistance to powdery mildew, *Ren3* and *Ren9* genes have a large contribution. The study involved elite technical forms of grapes of the NCFSCHVW breeding, the genotypes of which could potentially contain loci of resistance to powdery mildew (Tana 19, Tana 72, Tana 73, Tana 74, Tana 82, Tana 92). To identify the genes that cause genetic resistance to powdery mildew, specific codominant SSR markers GF15-42, ScORGF15-02 were used to identify the *Ren3* gene, and SSR marker CenGen6 to identify the *Ren9* gene. As a positive control, we used the DNA of the cultivar Seyve Villard 12-375, which has resistance alleles. The work was carried out by the PCR method, with the separation of reaction products using the method of capillary electrophoresis on an automatic genetic analyzer Nanofor 05. As a result of DNA marker analysis, it was determined that the genotype Tana 92 contain the *Ren9* gene. The *Ren3* and *Ren9* genes has been identified in grapevine Tana 73 and Tana 74.

Ключевые слова: ВИНОГРАД,
ДНК-МАРКЕРЫ, СЕЛЕКЦИЯ,
УСТОЙЧИВОСТЬ К ОИДИУМУ

Key words: GRAPE,
DNA-MARKERS, BREEDING,
RESISTANCE TO POWDERY MILDEW

Введение. Виноград – одна из наиболее экономически важных многолетних культур в мире. В настоящее время ведущим регионом в России, производящим виноград и натуральные вина, является Краснодарский край [1]. Значительный ущерб виноградарству наносят грибковые болезни, поскольку они могут привести к гибели большей части урожая. Одним из таких заболеваний является оидиум или мучнистая роса виноградных лоз.

Возбудителем данного заболевания является *Erysiphe necator* Schwein. (ранее *Uncinula necator*) – биотрофный аскомицет, который колонизирует эпидермальные клетки фотосинтетических тканей и распространяется через последующие бесполое циклы [2, 3]. Мучнистая роса поражает листья, побеги, цветы и ягоды, при этом заражение ягод вызывает их растрескивание, а также происходит повышение кислотности сока и снижение содержания антоцианов и сахара. Поражение сортов винограда данным патогеном приводит к значительной потере урожая и качества, поскольку инфицированные ягоды не пригодны для виноделия или потребления в свежем виде [4].

В настоящее время для защиты винограда от оидиума широко используются фунгициды. Однако частое применение фунгицидов является дорогостоящим и может приводить к вредным последствиям для окружающей среды и здоровья человека. Поэтому важной задачей селекции является создание генетически устойчивых к оидиуму сортов винограда. Большинство культивируемых сортов винограда *V. vinifera* восприимчивы к мучнистой росе, за некоторыми исключениями [5, 6]. Устойчивость к *Erysiphe necator* характерна, в основном, для северо-американских (*V. riparia*, *V. aestivalis*, *V. rupestris*, *V. berlandieri* и др.), а также азиатских (*V. romanetii*, *V. piasezkii* и др.) видов винограда [7-9].

На современном этапе развития науки наследование устойчивости изучают на молекулярно-генетическом уровне. Согласно опубликованным данным, в настоящее время в генотипах различных сортов винограда идентифицированы более 10 крупных и менее значимых локусов резистентности, которые отвечают за устойчивость к оидиуму, они имеют общую символику *Run* (устойчивость к *Uncinula necator*) и *Ren* (устойчивость к *Erysiphe necator*) [10-15].

Локус устойчивости *Ren3* был впервые описан Fischer et al. (2004) в гибридной популяции «Regent» × «Lemberger» и дополнительно охарактеризован Welter et al. (2007) [16, 17]. Позднее, в ходе картирования локуса *Ren3* в той же гибридной популяции, Zandler и его коллеги (2017) обнаружили локус резистентности *Ren9* [14]. Локусы *Ren3* и *Ren9* локализованы на 15 хромосоме, также выявлены ДНК-маркеры, рекомендуемые для определения аллельного состояния этих генов [13, 17].

Объекты и методы исследований. Исследования проводили на гибридных формах селекции СКФНЦСВВ, перспективных для приготовления белых вин: Тана 19 (Зала дендь × Бейсуг), Тана 72 (Сейв Виллар 12-309 × Мускат кубанский), Тана 73 (Мускат кубанский × Вертеш Чилага), Тана 74 (Сейв Виллар 12-309 × Мускат кубанский), Тана 82 (Сейв Виллар 12-309 × Мускат кубанский), Тана 92 (Зала дендь × Мцване).

Материалом для выделения ДНК послужили верхушки молодых побегов растений. Экстракцию ДНК производили методом на основе использования буфера ЦТАБ (цетилтриметиламмоний бромид) [18]. Для идентификации генов были задействованы SSR-маркеры GF15-42, ScORGF15-02 для детекции гена *Ren3*, SenGen6 для гена *Ren9*. Амплификацию проводили в приборе «BioRad» с использованием реагентов производства ООО «Сиб-Энзим-М» (Россия, Москва). В смесь ПЦР общим объемом 20 мкл входили следующие компоненты: 50-70 нг нативной ДНК, 1,5 единицы Tag-

полимеразы, стабилизирующий 1x буфер для полимеразы с сульфатом аммония и магнием, 0,2 каждого dNTP, флуоресцентно меченые праймеры.

Аmplификация маркеров GF15-42, ScORGF15-02 проходила согласно оптимизированному протоколу SSR58: начальная денатурация – 3 минуты при 95 °С и 34 цикла при следующих условиях: денатурация – 20 секунд при 95 °С, отжиг – 20 секунд при 58 °С, элонгация – 40 секунд при 72 °С и этап финальной элонгации – 15 минут при 72 °С. Программа амплификации маркера SenGen6 включала следующие этапы: начальная денатурация – 3 минуты при 95 °С, и далее 34 цикла с заданными параметрами: денатурация – 30 секунд при 95 °С, отжиг – 30 секунд при 55 °С, элонгация – 45 секунд при 72 °С, финальная элонгация – 4 минуты при 72 °С.

Размер полученных продуктов ПЦР идентифицировали при помощи метода капиллярного электрофореза на автоматическом генетическом анализаторе Нанофор 05 (Институт аналитического приборостроения РАН, Санкт-Петербург, Россия). Для постановки анализа использовали: маркер молекулярного веса СД-450, деионизованный Hi-Di формамид, и линейный полимер ПДМА-4 8М мочевины (ООО «Синтол», Москва). Размер ампликонов оценивали на полученных в ходе анализа электрофореграммах при помощи программного обеспечения GeneMarker. Молекулярно-генетические исследования выполнены на оборудовании центра коллективного пользования СКФНЦСВВ.

Обсуждение результатов. С помощью сцепленных ДНК-маркеров была проведена идентификация аллельного состояния локусов устойчивости к оидиуму в гибридных формах винограда Тана 19, Тана 72, Тана 73, Тана 74, Тана 82 и Тана 92. Включённые в исследование формы винограда являются перспективными генотипами для качественного виноделия [19-21]. В целом элитные формы были отобраны из гибридного фонда как образцы с положительными характеристиками, в том числе с повышенной

устойчивостью к грибным болезням. Все изучаемые формы имеют межвидовое происхождение и могли бы унаследовать локусы устойчивости от североамериканских видов, которые есть в их родословных.

Для идентификации аллели *Ren3* устойчивости к оидиуму в работе были использованы маркеры GF15-42 и ScORGF15-02, целевыми фрагментами которых являются ПЦР-продукты размером 199 и 242 пар нуклеотидов (п.н.), соответственно. Наличие аллели устойчивости *Ren9* определяется детекцией ПЦР-фрагмента 287 п.н. при анализе CenGen6 маркером. В качестве положительного контроля использовали ДНК генотипа Seyve Villard 12-375 (Сейв Виллар 12-375), который несёт данные гены устойчивости, согласно литературным данным. Целевые фрагменты, коррелирующие с наличием в генотипах аллелей устойчивости, были обнаружены при анализе трех форм (табл.).

Результаты ДНК-маркерного анализа генов *Ren3* и *Ren9* в ДНК изучаемых форм винограда

Генотип	Происхождение	<i>Ren3</i>		<i>Ren9</i>
		GF15-42	ScORGF15-02	CenGen6
		Идентифицированные аллели, п.н.		
Сейв Виллар 12-375	Зейбель 6468 x Зейбель 6905	199	242	276: 287
Тана 19	Зала дендь x Бейсуг	183:193	240	263:275
Тана 72	Сейв Виллар 12-309 x Мускат кубанский	191:193	240	263:272
Тана 73	Мускат кубанский x Вертеш Чилага	183: 199	242	272: 287
Тана 74	Сейв Виллар 12-309 x Мускат кубанский	199	242	271: 287
Тана 82	Сейв Виллар 12-309 x Мускат кубанский	191	240	277:285
Тана 92	Зала дендь x Мцване	191	242	272: 287

Таким образом, по результатам ДНК-маркерного анализа было определено наличие гена *Ren3* в формах Тана 73 и Тана 74. Ген *Ren9* определён в формах Тана 73, Тана 74, Тана 92.

Тана 73 – техническая форма винограда, полученная от скрещивания сортов Мускат кубанский х Вертеш Чилага. Срок созревания среднепоздний, сила роста кустов большая. Гроздь коническая, со средней массой 250 г. Ягоды средние, округлой формы, желто-зеленые.

Тана 74 – техническая форма винограда ранне-среднего периода созревания, получена в потомстве от скрещивания сортов Сейв Виллар 12-309 х Мускат кубанский. Кусты среднерослые. Гроздь цилиндро-коническая, средняя масса порядка 110 г. Ягоды средние, округлые, белые, с лёгким загаром на солнечной стороне, имеют мускатный аромат.

Тана 92 – техническая форма винограда, полученная от скрещивания сортов Зала дендь х Мцване. Срок созревания ранне-средний, кусты среднерослые. Гроздь коническая, часто крылатая. Средняя масса грозди 214 г. Ягоды средние, округлые, желто-зеленые.

Выводы. Методами ДНК-маркерного анализа выполнена оценка генотипов элитных гибридных форм винограда селекции СКФНЦСВВ Тана 19, Тана 72, Тана 73, Тана 74, Тана 82 и Тана 92 на наличие локусов устойчивости к оидиуму *Ren3* и *Ren9*. Изученные формы винограда перспективны для производства качественных белых вин. Тана 92 обладает геном устойчивости *Ren9*, Тана 73 и Тана 74 несут *Ren3* и *Ren9*, согласно ДНК-маркерному анализу. Данные элитные формы могут быть использованы в дальнейшей селекционной работе как источники локусов устойчивости, так как обладают и другими ценными агробиологическими характеристиками.

Литература

1. Современные методологические аспекты организации селекционного процесса в садоводстве и виноградарстве / под общ. ред. Г.В. Еремина. Краснодар: СКЗНИИСИВ, 2012. 569 с.

2. Gadoury D. M., Cadle Davidson L.A.N.C.E., Wilcox W.F., Dry I.B., Seem R.C., Milgroom M.G. Grapevine powdery mildew (*Erysiphe necator*): a fascinating system for the study of the biology, ecology and epidemiology of an obligate biotroph // Mol Plant Pathol. 2012. Vol. 13(1). P. 1-16. DOI: 10.1111/j.1364-3703.2011.00728.x
3. W. Qiu, A. Feechan, I. Dry. Current understanding of grapevine defense mechanisms against the biotrophic fungus (*Erysiphe necator*), the causal agent of powdery mildew disease Horticulture Research. 2015. 2, P. 1-9. <https://doi.org/10.1038/hortres.2015.20>
4. A. Calonsec, P. Cartolaro, C. Poupot, D. Dubourdieu, P. Darriet. Effects of *Uncinula necator* on the yield and quality of grapes (*Vitis vinifera*) and wine // Plant Pathol. 2004. 53(4), P. 434-445. <http://dx.doi.org/10.1111/j.0032-0862.2004.01016.x>
5. Hoffmann S, Di Gaspero G, Kovács L, Howard S, Kiss E, Galbács Z, Testolin R, Kozma P. Resistance to *Erysiphe necator* in the grapevine «Kishmish vatkana» is controlled by a single locus through restriction of hyphal growth // Theoretical and applied genetics. 2008. Vol. 116(3). P. 427- 438. DOI:10.1007/s00122-007-0680-4
6. Barba P., Cadle-Davidson L., Harriman J., Glaubitz J.C., Brooks S., Hyma K., & Reisch B. (2014). Grapevine powdery mildew resistance and susceptibility loci identified on a high-resolution SNP map // Theoretical and applied genetics, 127(1), P. 73-84. DOI: 10.1007/s00122-013-2202-x
7. Alleweldt G., Possingham J.V. Progress in grapevine breeding // Theor. Appl. Genet. 1988. Vol. 75. P. 669-673.
8. L. Cadle-Davidson, D. Chicoine, N. Consolie. Variation Within and Among *Vitis* spp. for Foliar Resistance to the Powdery Mildew Pathogen *Erysiphe necator* Plant disease. 2011. Vol. 95(2), P. 202-211 <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-10-0092>
9. Y. Wan, H. Schwaninger, P. He, Y. Wang. Comparison of resistance to powdery mildew and downy mildew in Chinese wild grapes // Vitis. 2007. Vol. 46(3), P. 132-136. <https://doi.org/10.5073/vitis.2007.46.132-136>
10. J. Pauquet, A. Bouquet, P. This, A. F. Adam-Blondon. Establishment of a local map of AFLP markers around the powdery mildew resistance gene Run1 in grapevine and assessment of their usefulness for marker assisted selection // Theoretical and applied genetics. 2001. 103, P. 1201-1210. <https://doi.org/10.1007/s001220100664>
11. M.A. Dalbó, G.N. Ye, N.F. Weeden, W.F. Wilcox, B.I. Reisch. Marker-assisted Selection for Powdery Mildew Resistance in Grapes // J. Am. Soc. Horticult. Sci. 2001. Vol. 126(1), P. 83-89. <https://doi.org/10.21273/JASHS.126.1.83>
12. D. Pap, S. Riaz, I. B. Dry, A. Jermakow, A.C. Tenschler, D. Cantu, R. Oláh, M.A. Walker. Identification of two novel powdery mildew resistance loci, *Ren6* and *Ren7*, from the wild Chinese grape species *Vitis piasezkii* // BMC Plant Biology. 2016. Vol. 16(1), P. 1-19. DOI: 10.1186/s12870-016-0855-8
13. E. Zyprian, I. Ochßner, F. Schwander, S. Šimon, L. Hausmann, M. Bonow-Rex, P. Moreno-Sanz, M.S. Grando, S. Wiedemann-Merdinoglu, D. Merdinoglu, R. Eibach, R. Töpfer. Quantitative trait loci affecting pathogen resistance and ripening of grapevines // Mol Genet Genomics. 2016. Vol. 291(4), P. 1573-94. <https://doi.org/10.1007/s00438-016-1200-5>
14. D. Zandler, P. Schneide, R. Töpfe, E. Zyprian. Fine mapping of *Ren3* reveals two loci mediating hypersensitive response against *Erysiphe necator* in grapevine // Euphytica. 2017. Vol. 213(68), P. 1029. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1857-9>
15. S.L. The, J. Fresnedo-Ramírez, M.D. Clark, D.M. Gadoury, Q. Sun, L. Cadle-Davidson, J.J. Luby. Genetic dissection of powdery mildew resistance in interspecific half-sib grapevine families using SNP-based maps // Molecular Breeding. 2017. Vol. 37(1), P. 1-16. <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0586-4>

16. В.М. Fischer, I. Salakhutdinov, M. Akkurt, R. Eibach, K. Edwards, R. Töpfer, E.M. Zyprian. Quantitative trait locus analysis of fungal disease resistance factors on a molecular map of grapevine // *Theor. Appl. Genet.* 2004. Vol. 108(3), P. 501-515. doi:10.1007/s00122-003-1445-3
17. L.J. Welter, N. Göktürk-Baydar, M. Akkurt, E. Maul, R. Eibach, R. Töpfer, E.M. Zyprian. Genetic mapping and localization of quantitative trait loci affecting fungal disease resistance and leaf morphology in grapevine (*Vitis vinifera* L.) // *Molecular Breeding.* 2007. Vol. 20(4), P. 359-374. <https://doi.org/10.1007/s11032-007-9097-7>
18. S.O. Rogers, A.J. Bendich. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues // *Plant Mol. Biol.* 1985. Vol. 19(1), P. 69-76. <https://doi.org/10.1007/BF00020088>
19. Пята Е.Г., Ильницкая Е.Т., Шелудько О.Н., Прах А.В. Перспективные гибриды винограда для белого виноделия // *Виноделие и виноградарство.* 2020. № 1. С. 34-38. <https://elibrary.ru/item.asp?id=42713632>.
20. Ильницкая Е.Т., Пята Е.Г., Алейникова Г.Ю., Прах А.В. Перспективность новых гибридных форм селекции СКФНЦСВВ для качественного белого виноделия // *Научные труды СКФНЦСВВ.* Т. 19. Краснодар: СКФНЦСВВ, 2018. С. 105-108.
21. Ильницкая Е.Т., Антоненко М.В., Пята Е.Г., Макаркина М.В., Прах А.В. Изучение потенциала новых селекционных форм винограда для качественного виноделия // *Магарач. Виноградарство и виноделие.* 2018. Т. 3. С. 71-73.

References

1. *Sovremennye metodologicheskie aspekty organizacii selekcionnogo processa v sado-vodstve i vinogradarstve / pod obshch. red. G.V. Eremina.* Krasnodar: SKZNIISIV, 2012. 569 s.
2. Gadoury D. M., Cadle Davidson L.A.N.C.E., Wilcox W.F., Dry I.B., Seem R.C., Milgroom M.G. Grapevine powdery mildew (*Erysiphe necator*): a fascinating system for the study of the biology, ecology and epidemiology of an obligate biotroph // *Mol Plant Pathol.* 2012. Vol. 13(1). P. 1-16. DOI: 10.1111/j.1364-3703.2011.00728.x
3. W. Qiu, A. Feechan, I. Dry. Current understanding of grapevine defense mechanisms against the biotrophic fungus (*Erysiphe necator*), the causal agent of powdery mildew disease *Horticulture Research.* 2015. 2, P. 1-9. <https://doi.org/10.1038/hortres.2015.20>
4. A. Calonec, P. Cartolaro, C. Poupot, D. Dubourdieu, P. Darriet. Effects of *Uncinula necator* on the yield and quality of grapes (*Vitis vinifera*) and wine // *Plant Pathol.* 2004. 53(4), P. 434-445. <http://dx.doi.org/10.1111/j.0032-0862.2004.01016.x>
5. Hoffmann S, Di Gaspero G, Kovács L, Howard S, Kiss E, Galbács Z, Testolin R, Kozma P. Resistance to *Erysiphe necator* in the grapevine «Kishmish vatkana» is controlled by a single locus through restriction of hyphal growth // *Theoretical and applied genetics.* 2008. Vol. 116(3). P. 427- 438. DOI:10.1007/s00122-007-0680-4
6. Barba P., Cadle-Davidson L., Harriman J., Glaubitz J.C., Brooks S., Hyma K., & Reisch B. (2014). Grapevine powdery mildew resistance and susceptibility loci identified on a high-resolution SNP map // *Theoretical and applied genetics,* 127(1), P. 73-84. DOI: 10.1007/s00122-013-2202-x.
7. Alleweldt G., Possingham J.V. Progress in grapevine breeding // *Theor. Appl. Genet.* 1988. Vol. 75. P. 669-673.
8. L. Cadle-Davidson, D. Chicoine, N. Consolie. Variation Within and Among *Vitis* spp. for Foliar Resistance to the Powdery Mildew Pathogen *Erysiphe necator* Plant disease. 2011. Vol. 95(2), P. 202-211 <https://doi.org/10.1094/PDIS-02-10-0092>

9. Y. Wan, H. Schwaninger, P. He, Y. Wang. Comparison of resistance to powdery mildew and downy mildew in Chinese wild grapes // *Vitis*. 2007. Vol. 46(3), P. 132-136. <https://doi.org/10.5073/vitis.2007.46.132-136>
10. J. Pauquet, A. Bouquet, P. This, A. F. Adam-Blondon. Establishment of a local map of AFLP markers around the powdery mildew resistance gene *Run1* in grapevine and assessment of their usefulness for marker assisted selection // *Theoretical and applied genetics*. 2001. 103, P. 1201-1210. <https://doi.org/10.1007/s001220100664>
11. M.A. Dalbó, G.N. Ye, N.F. Weeden, W.F. Wilcox, B.I. Reisch. Marker-assisted Selection for Powdery Mildew Resistance in Grapes // *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 2001. Vol. 126(1), P. 83-89. <https://doi.org/10.21273/JASHS.126.1.83>
12. D. Pap, S. Riaz, I. B. Dry, A. Jermakow, A.C. Tenschler, D. Cantu, R. Oláh, M.A. Walker. Identification of two novel powdery mildew resistance loci, *Ren6* and *Ren7*, from the wild Chinese grape species *Vitis piasezkii* // *BMC Plant Biology*. 2016. Vol. 16(1), P. 1-19. DOI: 10.1186/s12870-016-0855-8
13. E. Zyprian, I. Ochßner, F. Schwander, S. Šimon, L. Hausmann, M. Bonow-Rex, P. Moreno-Sanz, M.S. Grando, S. Wiedemann-Merdinoglu, D. Merdinoglu, R. Eibach, R. Töpfer. Quantitative trait loci affecting pathogen resistance and ripening of grapevines // *Mol Genet Genomics*. 2016. Vol. 291(4), P. 1573-94. <https://doi.org/10.1007/s00438-016-1200-5>.
14. D. Zandler, P. Schneide, R. Töpfe, E. Zyprian. Fine mapping of *Ren3* reveals two loci mediating hypersensitive response against *Erysiphe necator* in grapevine // *Euphytica*. 2017. Vol. 213(68), P. 1029. <https://doi.org/10.1007/s10681-017-1857-9>.
15. S.L. The, J. Fresnedo-Ramírez, M.D. Clark, D.M. Gadoury, Q. Sun, L. Cadle-Davidson, J. J. Luby. Genetic dissection of powdery mildew resistance in interspecific half-sib grapevine families using SNP-based maps // *Molecular Breeding*. 2017. Vol. 37(1), P. 1-16. <https://doi.org/10.1007/s11032-016-0586-4>
16. B.M. Fischer, I. Salakhutdinov, M. Akkurt, R. Eibach, K. Edwards, R. Töpfer, E.M. Zyprian. Quantitative trait locus analysis of fungal disease resistance factors on a molecular map of grapevine // *Theor. Appl. Genet.* 2004. Vol. 108(3), P. 501-515. doi:10.1007/s00122-003-1445-3
17. L.J. Welter, N. Göktürk-Baydar, M. Akkurt, E. Maul, R. Eibach, R. Töpfer, E.M. Zyprian. Genetic mapping and localization of quantitative trait loci affecting fungal disease resistance and leaf morphology in grapevine (*Vitis vinifera* L.) // *Molecular Breeding*. 2007. Vol. 20(4), P. 359-374. <https://doi.org/10.1007/s11032-007-9097-7>
18. S.O. Rogers, A.J. Bendich. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues // *Plant Mol. Biol.* 1985. Vol. 19(1), P. 69-76. <https://doi.org/10.1007/BF00020088>
19. Pyata E.G., Il'nickaya E.T., Shelud'ko O.N., Prah A.V. Perspektivnye gibridy vinograda dlya belogo vinodeliya // *Vinodelie i vinogradarstvo*. 2020. № 1. S. 34-38. <https://elibrary.ru/item.asp?id=42713632>.
20. Il'nickaya E.T., Pyata E.G., Alejnikova G.Yu., Prah A.V. Perspektivnost' novykh gibridnykh form selekcii SKFNCSVV dlya kachestvennogo belogo vinodeliya // *Nauchnye trudy SKFNCSVV*. T. 19. Krasnodar: SKFNCSVV, 2018. C. 105-108.
21. Il'nickaya E.T., Antonenko M.V., Pyata E.G., Makarkina M.V., Prah A.V. Izuchenie potenciala novykh selekcionnykh form vinograda dlya kachestvennogo vinodeliya // *Magarach. Vinogradarstvo i vinodelie*. 2018. T. 3. S. 71-73.