

УДК 575.11: 575.174.015.3

DOI 10.30679/2219-5335-2019-5-59-12-20

**УТОЧНЕНИЕ ПРОИСХОЖДЕНИЯ
НЕКОТОРЫХ СОРТОВ ВИНОГРАДА
ОТЕЧЕСТВЕННОЙ СЕЛЕКЦИИ
ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ
ПРОФИЛЯМ**

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

Макаркина Марина Викторовна
младший научный сотрудник
лаборатории сортоизучения
и селекции винограда

Токмаков Сергей Вячеславович
канд. биол. наук
научный сотрудник
лаборатории селекционно-
биотехнологической

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

Молекулярные маркеры позволяют идентифицировать сорта, изучать их происхождение, выявлять синонимы, омонимы и примеси в коллекциях. ДНК-паспорта сортов винограда представляют собой профили генотипов по набору микросателлитных (SSR) локусов. SSR-маркеры VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVS2, VrZAG62 и VrZAG79 составляют минимальный основной набор в работах по ДНК-паспортизации сортов винограда. С использованием указанного набора SSR-маркеров нами проведено генотипирование сортов винограда Бархатный, Достойный, Красностоп АЗОС, Красностоп анапский, Филлоксероустойчивый Джемете селекции Анапской зональной станции виноградарства

UDC 575.11: 575.174.015.3

DOI 10.30679/2219-5335-2019-5-59-12-20

**CLARIFICATION OF THE ORIGIN
OF SOME LOCAL BREEDING
GRAPE VARIETIES
AT THE MICROSATELLITE
PROFILES**

Ilnitskaya Elena Tarasovna
Cand. Biol. Sci.
Head of Laboratory of Cultivar's study
and Breeding of Grapes

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

Tokmakov Sergey Vyacheslavovich
Cand. Biol. Sci.
Research Associate
of Breeding and Biotechnology
Laboratory

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

Molecular markers make it possible to identify varieties, study their origin, and identify synonyms, homonyms, and impurities in the collections. DNA passports of grape varieties present the genotype profiles for a set of microsatellite (SSR) loci. SSR markers VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVS2, VrZAG62 and VrZAG79 are the minimum basic set in the work on DNA-passportization of grape varieties. Using this indicated set of SSR markers, we genotyped the varieties of Barkhatny, Dostoyny, Krasnostop AZOS, Krasnostop Anapskiy and Phillokseroustoychivy Dzhemetete grapes from the Anapa Zonal Station of Viticulture and Winemaking

и виноделия и сорта Мускат гамбургский, включенного в исследование как одна из родительских форм сортов Бархатный и Достойный. Основным методом, применяемым в работе, – полимеразная цепная реакция (ПЦР) с разделением продуктов реакции на автоматическом генетическом анализаторе ABI Prism 3130. В качестве контроля для уточнения размеров идентифицированных аллелей в работе использовали ДНК референсных сортов Шардоне и Каберне Совиньон. ДНК выделяли методом ЦТАБ из апикальных листьев молодых побегов. Анализ генотипов осуществляли на ДНК из смеси растительного материала 3-5 типичных растений по каждому сорту. Генотипы исследуемых сортов показали различные комбинации аллелей по изученным микросателлитным локусам. В результате анализа ДНК-профилей нами выявлено, что сорт винограда Достойный имеет происхождение отличное от заявляемого, а именно – сорт Мускат гамбургский не является его родительской формой, в то же время подтвердилось, что другой родительской формой является Филлоксероустойчивый Джемете. Полученные ДНК-профили сортов могут быть использованы для их идентификации, проверки чистосортности маточных насаждений и посадочного материала, защите авторских прав.

Ключевые слова: ДНК-МАРКЕРЫ, SSR-АНАЛИЗ, СОРТА ВИНОГРАДА, МИКРОСАТЕЛЛИТНЫЙ ПРОФИЛЬ

and also of the Muscat Hamburg variety included in the study as one of the parental forms of Barkhatny and Dostoyny varieties. The main method, which was used in the work, is polymerase chain reaction (PCR) with the separation of reaction products on an ABI Prism 3130 automated genetic analyzer. DNA of the Chardonnay and Cabernet Sauvignon reference varieties was used as a control to refine the sizes of identified alleles. DNA was isolated by the CTAB method from the apical leaves of young shoots. Genotype analysis was carried out on DNA from a mixture of plant material of 3-5 typical plants for each variety. The genotypes of the studied varieties showed the different combinations of alleles on the studied microsatellite loci. As a result of DNA profiles analysis, we revealed that the Dostoyny grape variety has a different origin, namely the Muscat Hamburg is not its parent form, at the same time it was confirmed that the other parent form is Phillokseroustoychivy Dzhemetete. The obtained DNA profiles of varieties can be used to identify them, verify the variety pure of uterine plantation and planting material, and protect the author's rights.

Key words: DNA-MARKERS, SSR-ANALYSIS, GRAPE VARIETIES, MICROSATELLITE PROFILE

Введение. Культурный виноград *Vitis vinifera* subsp. *sativa* D. C. является одной из наиболее ценных и распространенных плодово-ягодных культур в мире. На сегодняшний день насчитывается свыше 20 тысяч оригинальных генотипов винограда, и процесс пополнения генофонда винограда новыми сортами и клонами продолжается. Традиционно описание растений винограда проводится по ампелографическим признакам, набор ампелографических характеристик позволяет отличить один сорт

от остальных. Однако существуют формы с высокой степенью схожести морфологических признаков, внешне практически не различимые.

Стремительное развитие молекулярной биологии перевело на другой уровень процесс идентификации сортов винограда: ДНК-профили служат основой для достоверного определения генотипов, дополняя традиционные ампелографические описания и агробιологические характеристики. Молекулярные маркеры позволяют идентифицировать сорта, изучать их происхождение, выявлять синонимы, омонимы и примеси в коллекциях [1-7].

Наиболее часто для ДНК-паспортизации сортов используют микросателлитные маркеры. Микросателлиты (SSR – simple sequence repeats; STR – simple tandem repeats) – тандемные повторы простых последовательностей в структуре ДНК, распространены повсеместно в геноме высших растений и наследуются по кодоминатному типу. Источник полиморфизма микросателлитных последовательностей – сайт-специфическое варьирование длины повтора, что обусловлено различием в числе единиц повтора.

Так, ДНК-паспорта сортов винограда представляют собой профили генотипов по набору микросателлитных локусов. В настоящее время SSR-маркеры VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVS2, VrZAG62 и VrZAG79 составляют минимальный основной набор в работах по ДНК-паспортизации сортов винограда [8]. Генотипирование образцов по микросателлитным локусам позволяет уточнить происхождение сортов, восстановить родословную [9-14]. При изучении генетически близких образцов, когда полиморфизма минимального набора SSR-маркеров может быть недостаточно, число анализируемых микросателлитных локусов увеличивают [15-18].

Целью нашей работы было генотипирование, методом микросателлитного анализа, ряда востребованных сортов винограда селекции Анапской зональной опытной станции виноградарства и виноделия (АЗОСВиВ) и их родительских форм, изучение наследования SSR-аллелей и уточнение родства изучаемых сортов с предполагаемыми родительскими формами на основе полученных данных.

Объекты и методы исследований. Основным методом, применяемым в работе, – полимеразная цепная реакция (ПЦР) с разделением продуктов реакции на автоматическом генетическом анализаторе ABI Prism 3130, что позволяет получить высокоточные данные. В исследовании использовали SSR-маркеры VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVS2, VrZAG62 и VrZAG79. ДНК выделяли методом ЦТАБ из апикальных листьев молодых побегов [19]. ПЦР проводили по стандартному протоколу, по ранее отработанным нами параметрам [20]. Анализ генотипов осуществляли на ДНК из смеси растительного материала 3-5 типичных растений по каждому сорту.

Проведено микросателлитное профилирование сортов винограда Бархатный, Достойный, Красностоп АЗОС, Красностоп анапский, Мускат гамбургский, Филлоксероустойчивый Джемете, произрастающих на Анапской ампелографической коллекции. В качестве контроля для уточнения размеров идентифицированных аллелей в работе использовали ДНК референсных сортов Шардоне и Каберне Совиньон, аллельный состав которых по изучаемым SSR-локусам известен [8].

Обсуждение результатов. Выполнено микросателлитное профилирование генотипов сортов винограда Бархатный, Достойный, Красностоп АЗОС, Красностоп анапский, Мускат гамбургский, Филлоксероустойчивый Джемете (табл.).

Микросателлитные ДНК-профили сортов винограда

Сорт	Аллели SSR-локусов, п.н.											
	VVS2		VVMD7		VVMD27		VVMD5		VrZAG62		VrZAG79	
Каберне Совиньон	139	151	240	240	175	189	234	242	188	194	248	248
Шардоне	137	143	240	244	181	189	236	240	188	196	244	246
Бархатный	135	151	248	250	179	183	230	240	186	186	248	256
Мускат гамбургский	135	149	248	250	179	185	234	240	186	192	240	256
Достойный	125	133	240	254	181	189	224	242	188	200	244	248
Ф/У Джемете	125	143	240	254	175	181	238	242	200	200	238	248
Красностоп АЗОС	125	145	240	254	175	189	224	238	188	200	238	244
Красностоп анапский	133	145	240	266	189	189	224	248	188	196	244	256

Указанные сорта – результат селекционной работы АЗОСВиВ, кроме сорта Мускат гамбургский, который включен в исследование как одна из родительских форм изучаемых генотипов.

Каждый сорт показал отличные от других сортов комбинации аллелей по исследуемым микросателлитным локусам. Таким образом, распознавательной способности минимального набора микросателлитных маркеров достаточно для дифференциации исследованных генотипов.

Ниже приводятся данные о происхождении анализируемых сортов винограда, согласно литературным данным:

Бархатный (Кировабадский столовый х Мускат гамбургский) – технический сорт винограда среднего срока созревания, ценится за качество приготовляемых из его урожая вин, обладающих выраженным мускатным ароматом, переходящем во вкусе в нежно-цитронные тона.

Красноstop анапский выделен в результате клоновой селекции стародавнего донского сорта Красноstop золотовский, сохранил качество исходного сорта обладает значительно более высокой продуктивностью.

Достойный (Филлоксероустойчивый Джемете х Мускат гамбургский) – технический сорт винограда позднего срока созревания, имеет высокую устойчивость к корневой форме филлоксеры и может выращиваться в корнесобственной культуре.

Красноstop АЗОС (Филлоксероустойчивый Джемете х Красноstop анапский) также характеризуется толерантностью к корневой форме филлоксеры и при этом имеет повышенную устойчивость к морозу, относится к техническим сортам среднего срока созревания.

Проведённый SSR-анализ ДНК из растений сортов винограда подтверждает происхождение сорта Красноstop АЗОС от сортов Филлоксероустойчивый Джемете и Красноstop анапский. В таблице в микросателлитном профиле генотипа Красноstop АЗОС аллели, унаследованные от Фил-

локсероустойчивого Джемете, выделены подчеркиванием, а обычным шрифтом представлены размеры аллелей, унаследованные от сорта Красностоп анапский. Показано полное соответствие ДНК-профиля генотипам родительских форм.

Согласно микросателлитному анализу одной из родительских форм сорта Бархатный с высокой вероятностью является Мускат гамбургский, однако анализ генотипа второго заявляемого родителя нами не проведен. В таблице в ДНК-профиле сорта Бархатный курсивом указаны аллели, унаследованные от Муската гамбургского.

Анализ генотипа сорта Достойный показал, что происхождение этого сорта отличается от заявляемого. Аллели, унаследованные от сорта Филлоксероустойчивый Джемете, выделены в ДНК-профиле в таблице подчеркиванием, что подтверждает, что одной из родительских форм является Филлоксероустойчивый Джемете. Так, генотип сорта Достойный унаследовал по локусу VVS2 аллель размером в 125 пар нуклеотидов от родителя Филлоксероустойчивый Джемете; по локусу VVMD7 – унаследованной может быть, как аллель 240, так и 254, так как обе аллели данного размера присутствуют в генотипе Филлоксероустойчивого Джемете; в локусе VVMD27 унаследована аллель в 181 пар оснований, по VVMD5 – 242; VrZAG62 – 200; VrZAG79 – 248 (см. табл.).

Однако второй родительской формой никак не может быть сорт Мускат гамбургский. В генотипе сорта Достойный ни в одном из шести изученных SSR-локусов не выявлено аллелей, идентифицированных в генотипе сорта Мускат гамбургский (см. табл.). Таким образом, сорт Достойный является результатом скрещивания Филлоксероустойчивого Джемете с иным сортом, но не с сортом Мускат гамбургский.

Выводы. Минимальный набор микросателлитных маркеров для ДНК-паспортизации *V. vinifera* L. показал информативность в генотипиро-

вании сортов Бархатный, Достойный, Красностоп АЗОС, Красностоп анапский, Мускат гамбургский и Филлоксероустойчивый Джемете. Показана наследуемость аллелей по SSR-локусам от родительских форм. Также проведенные исследования выявили, что сорт винограда Достойный имеет происхождение, отличное от заявляемого. Приведенные ДНК-профили могут быть использованы для идентификации изученных сортов, проверки чистосортности маточных насаждений и посадочного материала, а также для защиты авторских прав.

Литература

1. 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.
2. Pelsy F., Hocquigny S., Moncada X., Barbeau G., Forget D., Hinrichsen P., Merdinoglu D. An extensive study of the genetic diversity within seven French wine grape variety collections // *Theor. Appl. Genet.* 2010. Vol. 120. P. 1219-1231.
3. Mihaljević M.Ž., Šimon S., Pejić I., Carka F., Sevo R., Kojić A., Gaši F., Tomić L., Jovanović Cvetković T., Maletić E., Preiner D., Božinović Z., Savin G., Cornea V., Maraš V., Tomić Mugoša M., Botu M., Popa A., Beleski K. Molecular characterization of old local grapevine varieties from South East European countries // *Vitis*. 2013. Vol. 52(2). P. 69-76.
4. Maul E., Töpfer R., Carka F., Cornea V., Crespan M., Dallakyan M., de Andrés Domínguez T., de Lorenzis G., Dejeu L., Goryslavets S., Grandó M.S., Hovannisyan N., Hudcovicova M., Hvarleva T., Ibáñez J., Kiss E., Kocsis L., Lacombe T., Laucou V., Maghradze D., Maletić E., Melyan G., Mihaljević M.Z., Muñoz-Organero G., Musayev M., Nebish A., Popescu C.F., Regner F., Risovanna V., Ruisa S., Salimov V., Savin G., Schneider G., Stajner N., Ujma-juridze L., Failla O. Identification and characterization of grapevine genetic resources maintained in Eastern European Collections // *Vitis*. 2015. Vol. 54 (Special issue). P. 5-12.
5. Drori E., Rahimi O., Henig Y., Lorenzi S., Brauner H., Marrano A., Amar Z., Netzer Y., Failla O., Grandó M.S. Ampelographic and genetic characterization of an initial Israeli grapevine germplasm collection // *Vitis*. 2015. Vol. 54 (Special issue). P. 107-110.
6. Marrano A., Grzeskowiak L., Sanz P., Lorenzi S., Prazzoli M., Arzumanov A., Amanova M., Failla O., Maghradze D., Grandó M.S. Genetic diversity and relationships in the grapevine germplasm collection from Central Asia // *Vitis*. 2015. Vol. 54 (Special issue). P. 233-237.
7. Ильницкая Е.Т., Супрун И.И., Наумова Л.Г., Токмаков С.В., Ганич В.А. Характеристика некоторых аборигенных дагестанских сортов винограда методом SSR-анализа и по основным ампелографическим признакам листьев // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2017. Т. 21. № 6. С. 617-622.
8. This P., Jung A., Voccacci P., Borrego J., Botta R., Costantini L., Crespan M., Dangl G. S., Eisenheld C., Ferreira-Monteiro F., Grandó 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.
9. Гориславец С., Рисованная В., Vacilieri R., Hausman J.-F., Heuertz M. Изучение родословной близкородственных украинских технических сортов винограда с использованием микросателлитных маркеров // *Цитология и генетика*. 2010. № 2. С. 29-37.

10. Sefc K.M., Steinkellner H., Glossl J., Kampfer S., Regner F. Reconstruction of a grapevine pedigree by microsatellite analysis // *Theoretical and Applied Genetics*. 1998. Vol. 97. P. 227-231.
11. Bowers J.E., Boursiquot J. M., This P., Chu K., Johansson H., Meredith C. Historical genetics: The parentage of Chardonnay, Gamay and other wine grapes of northeastern France // *Science*. 1999. Vol. 285. P. 1562-1565.
12. Akkak A., Boccacci P., Botta R. «Cardinal» grape parentage: a case of a breeding mistake // *Genome*. 2007. Vol. 50. P. 325-328.
13. Vouillamoz J.F., Schneider A., Grando M.S. Microsatellite analysis of Alpine grape cultivars (*Vitis vinifera* L.): Alleged descendants of Pliny the Elder's Raetica are genetically related // *Genet. Resour. Crop. Ev.* 2007. Vol. 54. P. 1095-1104.
14. Storchi P., Armanni A., Randellini L., Giannetto S., Meneghetti S., Crespan M. Investigations on the identity of «Canaiolo bianco» and other white grape varieties of central Italy // *Vitis*. 2011. Vol. 50(2). P. 59-64.
15. This P. Microsatellite markers analysis // *Minutes of the First Grape Gen06 Workshop March 22nd and 23rd, 2007 INRA, Versailles (France)*. P. 3-42.
16. Cipriani G., Spadotto A., Jurman I., Di Gaspero G., Crespan M., Meneghetti S., Frare E., Vignani R., Cresti M., Morgante M., Pezzotti M., Pe E., Policriti A., Testolin R. The SSR-based molecular profile of 1005 grapevine (*Vitis vinifera* L.) accessions uncovers new synonymy and parentages, and reveals a large admixture amongst varieties of different geographic origin // *Theoretical and Applied Genetics*. 2010. Vol. 121(8). P. 1569-1585.
17. van Heerden C.J., Burger P., Prins R. Microsatellite-based DNA fingerprinting of selected grapevine cultivars // *South African Journal of Enology and Viticulture*. 2018. Vol. 39(1). P. 58-66.
18. Merdinoglu D., Butterlin G., Bevilaqua L., Chiquet V., Adam-Blondon A.-F., Decroocq S. Development and characterization of a large set of microsatellite markers in grapevine (*Vitis vinifera* L.) suitable for multiplex PCR // *Mol. Breed.* 2005. Vol. 15. P. 349-366.
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: ГНУ СКЗНИИСиВ, 2015. 116 с.

References

1. 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.
2. Pelsy F., Hocquigny S., Moncada X., Barbeau G., Forget D., Hinrichsen P., Merdinoglu D. An extensive study of the genetic diversity within seven French wine grape variety collections // *Theor. Appl. Genet.* 2010. Vol. 120. P. 1219-1231.
3. Mihaljević M.Ž., Šimon S., Pejić I., Carka F., Sevo R., Kojić A., Gaši F., Tomić L., Jovanović Cvetković T., Maletić E., Preiner D., Božinović Z., Savin G., Cornea V., Maraš V., Tomić Mugoša M., Botu M., Popa A., Beleski K. Molecular characterization of old local grapevine varieties from South East European countries // *Vitis*. 2013. Vol. 52(2). P. 69-76.
4. Maul E., Töpfer R., Carka F., Cornea V., Crespan M., Dallakyan M., de Andrés Domínguez T., de Lorenzis G., Dejeu L., Goryslavets S., Grando M.S., Hovannisyan N., Hudcovicova M., Hvarleva T., Ibáñez J., Kiss E., Kocsis L., Lacombe T., Laucou V., Maghradze D., Maletić E., Melyan G., Mihaljević M.Z., Muñoz-Organero G., Musayev M., Nebish A., Popescu C.F., Regner F., Risovanna V., Ruisa S., Salimov V., Savin G., Schneider G., Stajner N., Ujmajuridze L., Failla O. Identification and characterization of grapevine genetic resources maintained in Eastern European Collections // *Vitis*. 2015. Vol. 54 (Special issue). P. 5-12.

5. 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.
6. Marrano A., Grzeskowiak L., Sanz P., Lorenzi S., Prazzoli M., Arzumanov A., Amanova M., Failla O., Maghradze D., Grando M.S. Genetic diversity and relationships in the grapevine germplasm collection from Central Asia // *Vitis*. 2015. Vol. 54 (Special issue). P. 233-237.
7. Il'nickaya E.T., Suprun I.I., Naumova L.G., Tokmakov S.V., Ganich V.A. Harakteristika nekotoryh aborigennyh dagestanskih sortov vinograda metodom SSR-analiza i po osnovnym ampelograficheskim priznakam list'ev // *Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii*. 2017. T. 21. № 6. S. 617-622.
8. This P., Jung A., Boccacci P., Borrego J., Botta R., Costantini L., Crespan M., Dangl G. S., Eisenheld C., Ferreira-Monteiro F., Grando S., Ibañez J., Lacombe T., Laucou V., Magalhaes 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.
9. Gorislavec S., Risovannaya V., Bacilieri R., Hausman J.-F., Heuertz M. Izuchenie rodoslovnoj blizkorodstvennyh ukrainskih tekhnicheskikh sortov vinograda s ispol'zovaniem mikrosatellitnyh marke-rov // *Citologiya i genetika*. 2010. № 2. S. 29-37.
10. Sefc K.M., Steinkellner H., Glossl J., Kampfer S., Regner F. Reconstruction of a grapevine pedigree by microsatellite analysis // *Theoretical and Applied Genetics*. 1998. Vol. 97. R. 227-231.
11. Bowers J.E., Boursiquot J. M., This P., Chu K., Johansson H., Meredith C. Historical genetics: The parentage of Chardonnay, Gamay and other wine grapes of northeastern France // *Science*. 1999. Vol. 285. R. 1562-1565.
12. Akkak A., Boccacci P., Botta R. «Cardinal» grape parentage: a case of a breeding mistake // *Genome*. 2007. Vol. 50. P. 325-328.
13. Vouillamoz J.F., Schneider A., Grando M.S. Microsatellite analysis of Alpine grape cultivars (*Vitis vinifera* L.): Alleged descendants of Pliny the Elder's Raetica are genetically related // *Genet. Resour. Crop. Ev.* 2007. Vol. 54. P. 1095-1104.
14. Storchi P., Armanni A., Randellini L., Giannetto S., Meneghetti S., Crespan M. Investigations on the identity of «Canaiolo bianco» and other white grape varieties of central Italy // *Vitis*. 2011. Vol. 50(2). P. 59-64.
15. This P. Microsatellite markers analysis // *Minutes of the First Grape Gen06 Workshop March 22nd and 23rd, 2007 INRA, Versailles (France)*. P. 3-42.
16. Cipriani G., Spadotto A., Jurman I., Di Gaspero G., Crespan M., Meneghetti S., Frare E., Vignani R., Cresti M., Morgante M., Pezzotti M., Pe E., Policriti A., Testolin R. The SSR-based molecular profile of 1005 grapevine (*Vitis vinifera* L.) accessions uncovers new synonymy and parentages, and reveals a large admixture amongst varieties of different geographic origin // *Theoretical and Applied Genetics*. 2010. Vol. 121(8). P. 1569-1585.
17. van Heerden C.J., Burger P., Prins R. Microsatellite-based DNA fingerprinting of selected grapevine cultivars // *South African Journal of Enology and Viticulture*. 2018. Vol. 39(1). P. 58-66.
18. Merdinoglu D., Butterlin G., Bevilaqua L., Chiquet V., Adam-Blondon A.-F., Decroocq S. Development and characterization of a large set of microsatellite markers in grapevine (*Vitis vinifera* L.) suitable for multiplex PCR // *Mol. Breed.* 2005. Vol. 15. P. 349-366.
19. Rogers S.O., Bendich A.J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues // *Plant Molecular Biology*. 1985. R.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: GNU SKZNIISiV, 2015. 116 s.