

Изучение полиморфизма экзона гена *VvAGL11* сорта винограда Кишмиш черный на основе результатов секвенирования нового поколения (NGS) биоинформатическими методами

Спотарь Г.Ю.[✉], Спотарь Е.Н., Гориславец С.М., Авидзба А.М., Лиховской В.В.

Всероссийский национальный научно-исследовательский институт виноградарства и виноделия «Магарач» РАН, Россия, 298600, Республика Крым, г. Ялта, ул. Кирова, 31

[✉]probud@mail.ru

Аннотация. На основании результатов секвенирования NGS генома древнего сорта Кишмиш черный с помощью биоинформатических методов была получена последовательность локуса гена *VvAGL11* (chr18) – гена-кандидата на бессемянность у винограда. В данной работе исследован полиморфизм экзона 7 гена *VvAGL11*, где ранее был описан SNP 26 889 437, как предполагается, приводящий к бессемянности в результате миссенс-мутации – замены аминокислоты аргинин на лейцин. В последовательности исследуемого бессемянного сорта по сравнению с референсной последовательностью семенного сорта Пино черный в рассматриваемом локусе размером 200 п.н., включающем в себя экзон 7 и частично интроны 6 и 7 гена *VvAGL11*, найдено восемь SNP без вставок и делеций, пять SNP непосредственно в экзоне 7. Семь из восьми обнаруженных SNP описаны ранее для бессемянного сорта Султанина и происходящих от него сортов. Было подтверждено наличие целевого SNP 26 889 437 (A/C), вызывающего миссенс-мутацию. Семенной сорт Пино черный в этой позиции имеет гомозиготу (C/C). В обнаруженных SNP экзона 7 бессемянные сорта Кишмиш черный и Султанина гетерозиготны, в отличие от семенного сорта Пино черный, который гомозиготен. Последовательность сорта Кишмиш черный в рассматриваемом локусе гена *VvAGL11* идентична последовательности сорта Султанина, кроме позиции 26 889 350 (интрон 7), в которой у исследуемого сорта выявлена гетерозигота (T/C), а сорт Султанина имеет гомозиготу (T/T). В данном исследовании на основе генотипа бессемянного сорта Кишмиш черный был подтвержден вывод Royo C. с соавт. (2018) о наличии SNP в позиции chr18: 26 889 437 у всех бессемянных сортов, который является предполагаемой причиной возникновения бессемянности винограда.

Ключевые слова: NGS; биоинформатические методы; бессемянность; ген *VvAGL11*; экзон 7; миссенс-мутация.

Для цитирования: Спотарь Г.Ю., Спотарь Е.Н., Гориславец С.М., Авидзба А.М., Лиховской В.В. Изучение полиморфизма экзона гена *VvAGL11* сорта винограда Кишмиш черный на основе результатов секвенирования нового поколения (NGS) биоинформатическими методами // «Магарач». Виноградарство и виноделие. 2022;24(4):302-307. DOI 10.34919/IM.2022.56.54.001.

ORIGINAL RESEARCH

Study of polymorphism of *VvAGL11* gene exon in grape variety 'Kishmish Chernyi' based on the results of next generation sequencing (NGS) using bioinformatic methods

Spotar G.Yu.[✉], Spotar E.N., Gorislavets S.M., Avidzba A.M., Likhovskoi V.V.

All-Russian National Research Institute of Viticulture and Winemaking Magarach of the RAS, 31 Kirova str., 298600 Yalta, Republic of Crimea, Russia

[✉]probud@mail.ru

Abstract. Based on the results of NGS of the genome of ancient variety 'Kishmish Chernyi' using bioinformatic methods, the sequence of *VvAGL11* (chr18) gene locus, as a candidate gene for seedlessness trait in grapes, was obtained. In this work, the polymorphism of exon 7 of the *VvAGL11* gene, where SNP 26 889 437 was previously described, is studied, which is supposed to lead to seedlessness as a result of a missense mutation - the replacement of amino acids arginine with leucine. In the sequence of the studied seedless variety, compared with the reference sequence of the seeded one 'Pinot Noir', in the 200 bp locus under consideration, which includes exon 7 and partially introns 6 and 7 of the *VvAGL11* gene, eight SNPs were found without insertions and deletions, five SNPs directly in exon 7. Seven of eight found SNPs were previously described for the seedless variety 'Sultanina' and the cultivars derived from it. Causing the missense mutation target SNP 26 889 437 (A/C) was confirmed. Seeded variety 'Pinot Noir' in this position is homozygous (C/C). In the SNPs found in exon 7, seedless varieties 'Kishmish Chernyi' and 'Sultanina' are heterozygous, by contrast with the seeded one 'Pino Noir', which is homozygous. The sequence of 'Kishmish Chernyi' variety in the considered locus of the *VvAGL11* gene is identical to the sequence of 'Sultanina' variety, except for the position 26 889 350 (intron 7), in which the studied variety carries heterozygote (T/C), and 'Sultanina' variety - homozygote (T/T). In this study, based on the genotype of seedless variety 'Kishmish Chernyi', the conclusion of Royo C. et al. (2018) on the SNP presence in the position chr18: 26 889 437 in all seedless varieties, which is a hypothetical cause of grape seedlessness, is confirmed.

Key words: NGS; bioinformatic methods; seedlessness; *VvAGL11* gene; exon 7; missense mutation.

For citation: Spotar G.Yu., Spotar E.N., Gorislavets S.M., Avidzba A.M., Likhovskoi V.V. Study of polymorphism of *VvAGL11* gene exon in grape variety 'Kishmish Chernyi' based on the results of next generation sequencing (NGS) using bioinformatic methods. Magarach. Viticulture and Winemaking. 2022;24(4):302-307. DOI 10.34919/IM.2022.56.54.001 (in Russian).

Введение

Применение технологии NGS (next generation sequencing) дает новые перспективы в расширении наших знаний об изменчивости нуклеотидной последовательности генотипа винограда, лежащей в основе изменчивости его фенотипа. Биоинформационные методы, используемые для анализа полученных в результате секвенирования массивов информации в виде нуклеотидных последовательностей, такие как предобработка, выравнивание, фильтрация, анализ вариантов – с приходом технологий NGS стали незаменимы.

Генетические исследования во всем мире направлены на создание новых сортов винограда для удовлетворения рыночного спроса потребителей. Маркетинговые изучения спроса показали, что на устойчивых рынках, таких как в Северной Европе, в отношении столового винограда предпочтение отдается бессемянным сортам. На протяжении веков бессемянность была одной из самых ценных характеристик винограда. Кроме потребления в свежем виде из бессемянного винограда производят сушеную продукцию, а также используют для переработки в пищевой промышленности. В настоящее время наибольшее распространение в мире приобрели бессемянные сорта Султанина, Кримсон сидлесс, Флейм сидлесс, Супериор сидлесс (Саграйон) [1, 2]. Понимание генетической причины бессемянности имеет первостепенное значение для повышения эффективности селекционных программ.

Предполагается, что появление стабильного фенотипа стenosпермокарпической бессемянности вызвано древней соматической мутацией, которая возникла в белоягодном сорте Султанина, также известном у нас как Кишмиш белый овальный или Бессемянный Томпсона (Thompson seedless) в западном полушарии. Очагом его происхождения считаются страны Средней Азии и Ближнего Востока [2, 3]. Фенотип стenosпермокарпической бессемянности обусловлен прекращением на ранних стадиях развития семенной оболочки и эндосперма семени после прохождения процессов опыления и оплодотворения. При этом в ягодах остаются мягкие рудименты из-за отсутствия лигнификации оболочки семени [2, 4, 5].

В результате генетического анализа наследования бессемянности была предложена модель, которая предполагала существование одного доминантного локуса, названного ингибитором развития семян — *SDI* (Seed Development Inhibitor), влияющего на три рецессивных локуса. Позднее при картировании в расщепляющихся (сегрегирующих) популяциях был идентифицирован локус *SDI* в качестве основного локуса количественного признака (QTL) в группе сцепления 18, объясняющий до 70 % фенотипической изменчивости признака [6, 7].

В работе Mejía N. с соавт. (2011) при уточнении локализации QTL при картировании на хромосоме 18 был определен достоверный интервал размером 192 тыс. п.н., который включал в себя ген *VvAGL11* [4]. На основании анализа гомологичного гена мо-

дельного вида арабидопсис – гена фактора транскрипции *MADS-box AGAMOUS-LIKE11 (AGL11)*, ответственного за морфогенез семяпочки и преобразование семенной кожуры, ген *VvAGL11* был признан геном-кандидатом, ответственным за развитие семян (рис. 1) [4, 5, 8, 9].

В последовательности гена *VvAGL11* было выявлено несколько SNP и INDEL как в регуляторных, так и в кодирующих областях гена, которые объясняли до 78 % фенотипической изменчивости массы семян. На основании генетических экспериментов Mejía N. с соавт. (2011) утверждали, что регуляторная область гена оказывает большее влияние на фенотип, чем кодирующая область. Транскрипционный анализ подтвердил предполагаемую роль регуляторной области гена, поскольку ее экспрессия отсутствовала в бессемянных генотипах на ключевых стадиях развития семени [4].

Royo C. с соавт. (2018), используя целевое секвенирование локуса *VvAGL11* в 105 семенных и 5 бессемянных сортах винограда, выявили 448 SNP и 89 вставок-делеций. Из них 124 SNP и 22 вставки-делеции были общими для всех пяти исследуемых бессемянных образцов, происходящих от сорта Султанина. Из всех найденных полиморфизмов только SNP в позиции chr18: 26 889 437 (A/C) был полностью ассоциирован с фенотипом бессемянности. Эта мутация вызывает замену аминокислоты аргинин 197 на лейцин. Данный SNP был также выделен в этом исследовании по результатам анализа проведенного РНК-секвенирования в связи предсказанным негативным эффектом данной миссенс-мутации от замены аминокислоты [2, 10].

Аминокислотная замена расположена в С-концевом домене, характерном для генов *MADS-box*. Несмотря на то, что этот домен является наиболее варибельным, аргинин в этом положении обычно сохраняется в гомологах гена *AGL11* двудольных видов, в связи с чем можно предположить, что эта аминокислота функционально значима [2, 10].

Другие выявленные мутации, рассмотренные как возможные причины бессемянности, были отброшены при анализе повторного секвенирования. Для SNP в положении chr 18: 26 889 399 (C/T), приводящей к аминокислотной замене треонин - аланин, нуклеотид С также присутствовал в 3-х семенных сортах. Вставка поли-GA в интроне 1 была обнаружена в 17 семенных сортах. В предполагаемом промоторе гена делеция AG маркера VMC7F2 обнаружена в 44 семенных сортах, вставка GA маркера p3_VvAGL11 – в 33 семенных сортах, что не подтверждает их роли в возникновении бессемянности, предположенной Mejía с соавт. (2011) [4, 10, 11].

Таким образом, была выделена единственная одонуклеотидная миссенс-мутация в гене *VvAGL11*, приводящая к замене с негативным эффектом аргинина на лейцин, которая полностью связана с фенотипом стenosпермокарпической бессемянности без ложного обнаружения в семенных фенотипах.

Сорт винограда Кишмиш черный, выбранный

Vitis vinifera cultivar PN40024 chromosome 18, 12X, whole genome shotgun sequence

NCBI Reference Sequence: NC_012024.3

[GenBank](#) [FASTA](#)

[Link To This View](#) [Feedback](#)

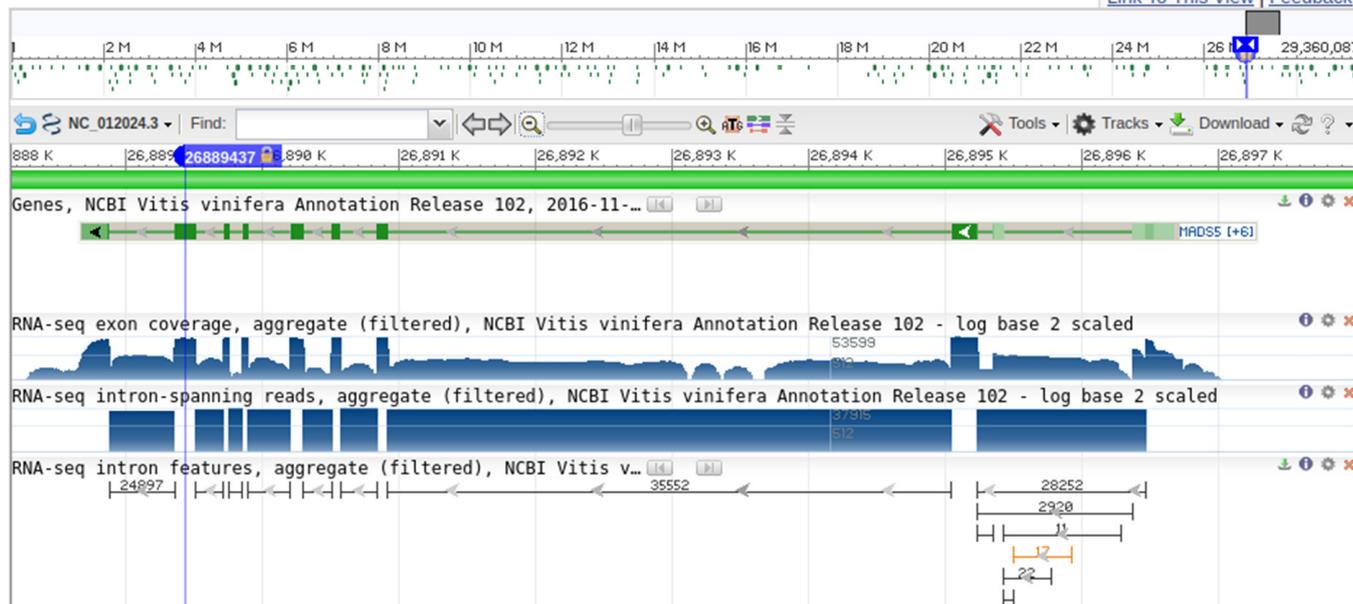


Рис. 1. Графическое представление гена *VvAGL11* с указанием экзонов и интронов и расположением целевого SNP 26 889 437 из базы NCBI

Fig. 1. Graphical presentation of *VvAGL11* gene showing exons and introns and location of the target SNP 26 889 437 from the NCBI database

для исследования, как и Султанина – древний бессемянный сорт винограда. Местом его возникновения является Средняя Азия. Относится к восточной эколого-географической группе сортов винограда (*convar orientalis subconvar antasiatica* Negr). Потребляется в свежем виде и для производства сушеной продукции высокого качества [3].

Кишмиш черный на протяжении XX – начала XXI века часто используется в селекционных программах и является родителем ряда бессемянных сортов (Юбилейный ВИРа, Мечта, Коринка русская, Бессемянный Мельника, Кишмиш ОСХИ, Кишмиш Хишрау, Кишмиш Согдиана, Гленора сидлис, Бьоти сидлис, Саффолк ред, Иниагрейп-ван), а также семенных (Ранний Магарача, Ранний ВИРа, Кибрайский). В каталоге VIVC насчитывается 27 сортов, родителем которых является Кишмиш черный. В связи с чем, выявление у сорта Кишмиш черный генетического полиморфизма локуса, связанного с бессемянностью – основным хозяйственно ценным свойством этого сорта, является важной задачей для дальнейшего ведения селекционных программ. Идентификация точечной мутации в гене *VvAGL11*, приводящей к бессемянности, позволит повысить эффективность селекционных программ на бессемянность винограда с помощью маркеров MAS-селекции.

Целью работы является выявление полиморфизма в экзоне 7 гена-кандидата *VvAGL11*, ответственного за фенотип бессемянности, в частности определение наличия целевого SNP 26 889 437, у сорта Кишмиш черный по сравнению с семенным сортом Пино черный и бессемянным сортом Султанина.

Материалы и методы исследований

Образец для анализа сорта Кишмиш черный был отобран на Ампелографической коллекции ФГБУН «ВНИИВиВ «Магарач» РАН» (пос. Вино, Бахчисарайский р-н, Республика Крым). Выделение ДНК из листьев винограда осуществляли модифицированным СТАБ-методом (2%) [11].

Полногеномное секвенирование образца проведено в Юньнаньском сельскохозяйственном университете (Yunnan Agricultural University), Юньнань, Китай. Геномные библиотеки были подготовлены с использованием набора Novogene NGS DNA Library Prep Kit согласно протоколу. Секвенирование производилось на платформе Illumina Novaseq 6000, размер вставки составляет около 350 п.н. Исходные 2 файла с парными прочтениями содержали всего 62 749 656 прочтений по 150 п.н.

Биоинформационная обработка выполнялась на модернизированном ПК ФГБУН «ВНИИВиВ «Магарач» РАН» с дублированием работ на сервере ООО «Институт биоинформатики».

Проверку качества парных прочтений выполняли в программе FastQC.

Использовалась база данных NCBI для получения референсного генома и аннотаций: *Vitis vinifera* cultivar Pinot Noir PN40024 chromosome 18, 12X, whole genome shotgun sequence; KM401848.1 (*Vitis vinifera* cultivar *Sultanina* agamous like-protein 11 (*AGL11*) gene, *AGL11*-mutant allele [12]). Выравнивание проводилось на последовательность PN40024 Chr 18 и KM401848.1 ген *VvAGL11* с помощью программного пакета BWA с использованием алгоритма BWA-MEM

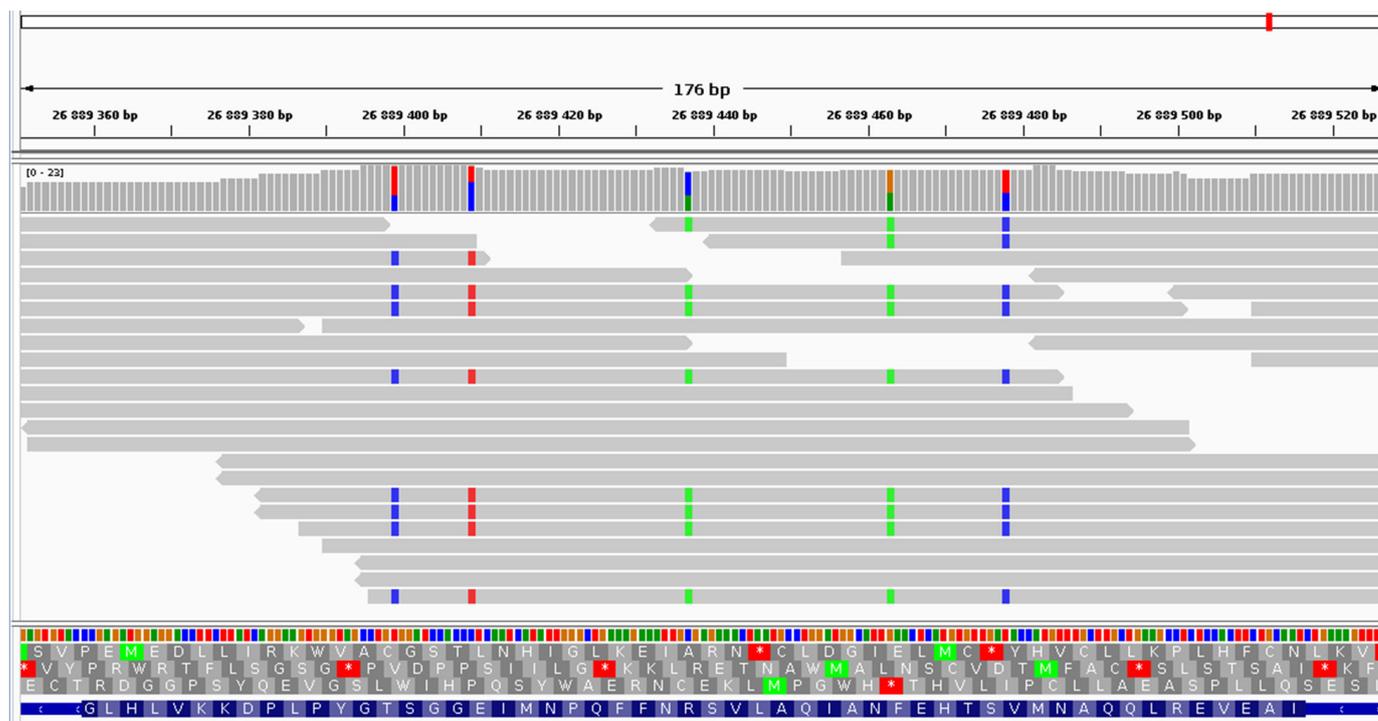


Рис. 2. Выравнивание прочтений сорта Кишмиш черный на референсную последовательность PN40024 12X (chr 18). Экзон 7 гена *VvAGL11* в геномный браузер IGV

Fig. 2. Alignment of readings of 'Kishmish Chernyi' variety to the reference sequence PN40024 12X (chr 18). Exon 7 of *VvAGL11* gene is in the IGV genomic browser

(maximal exact matches). Для обработки применялся набор утилит программного пакета SAMtools. Для визуализации данных использовался геномный браузер IGV (Integrative Genomics Viewer). На этапе поиска вариаций применялась программа VarScan.

Результаты и их обсуждение

По результатам полногеномного секвенирования древнего сорта Кишмиш черный с помощью биоинформатических методов было выполнено выравнивание полученных прочтений на референсную последовательность Chr 18 семенного сорта Пино черный (PN40024) и последовательность гена *VvAGL11* бессемянного сорта Султанина (KM401848.1 *AGL11*-mutant allele) (соответственно рис. 2 и 3).

Референсная последовательность Пино черный PN40024 (chr 18) имеет длину 29 360 087 п.н. Последовательность локуса гена *VvAGL11* сорта Султанина KM401848.1 составляет 8 646 п.н. и располагается на референсной последовательности PN40024 (chr 18) в координатах от 26 888 680 п.н. до 26 897 309 п.н. Ген *VvAGL11* расположен с 26 888 679 п.н. по 26 896 674 п.н. референсной последовательности, размер гена – 7 996 п.н. Экзон 7 гена *VvAGL11*, где расположен целевой SNP, расположен с 26 889 359 п.н. по 26 889 516 п.н. последовательности PN40024 12X (chr 18) и состоит из 158 п.н. Целевой SNP занимает позицию 26 889 437 п.н. на последовательности PN40024 (chr 18) и соответственно – 758 п.н. на последовательности гена *VvAGL11* сорта Султанина KM401848.1 (табл.) [12].

В рассматриваемом нами локусе (26 889 340 п.н. – 26 889 540 п.н.), включающем в себя экзон 7 (CDS 7) и частично интроны 6 и 7, в последовательности со-

рта Кишмиш черный по сравнению с референсной последовательностью сорта Пино черный найдено 8 SNP без вставок и делеций, 5 SNP непосредственно в экзоне 7. По данным работы Rojo C. с соавт. (2018), семенной сорт Пино черный гомозиготен, в отличие от бессемянных сортов Кишмиш черный и Султанина по обнаруженным SNP. У сорта Кишмиш черный из 8 обнаруженных SNP – 7 идентичны SNP бессемянного сорта Султанина и происходящих от него сортов (табл., рис. 2) [10].

В том числе обнаружен целевой SNP 26 889 437 (A/C), приводящий к замене с негативным эффектом аргинина на лейцин, который сцеплен с фенотипом стеноспермокарпической бессемянности (табл., выделен жирным шрифтом). Согласно аннотации, NCBI экзон 7 гена *VvAGL11* кодирует 53 аминокислоты, 27-я аминокислота в генотипе сорта Пино черный, кодируемая триплетом мРНК CGC – аргинин (R) (рис. 2). В связи с однонуклеотидной заменой в одном аллеле сорта Кишмиш черный в позиции 26 889 437 триплетом мРНК CUC кодируется лейцин (L).

В рассматриваемом нами локусе длиной 200 п.н., последовательность сорта Кишмиш черный идентична последовательности сорта Султанина, кроме позиции 26 889 350 (табл.), в которой у исследуемого сорта обнаружена гетерозигота (T/C), а сорт Султанина имеет гомозиготу (T/T). По данному SNP в дальнейших исследованиях можно различить эти древние сорта.

Таким образом, в данном исследовании на основе генотипа бессемянного сорта Кишмиш черный был подтвержден вывод Rojo C. с соавт. (2018) о наличии SNP в позиции chr18: 26 889 437 у всех бессемянных

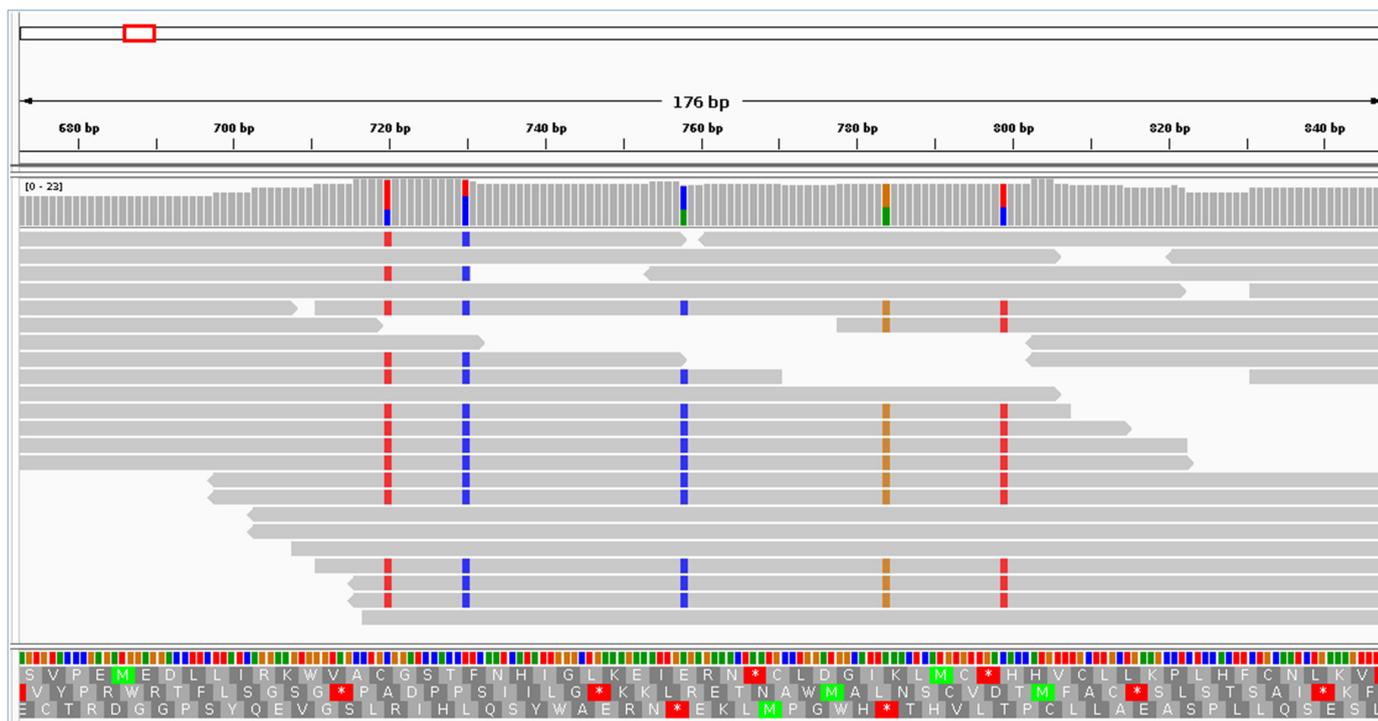


Рис. 3. Выравнивание прочтений сорта Кишмиш черный на последовательность гена VvAGL11 сорта Султанина KM401848.1. Экзон 7 гена в геномный браузер IGV

Fig. 3. Alignment of readings of 'Kishmish Chernyi' variety to the sequence KM401848.1 of VvAGL11 gene of the variety 'Sultanina'. Exon 7 of the gene is in the IGV genomic browser

Таблица. Полиморфизм экзона 7 гена VvAGL11 сорта Кишмиш черный по сравнению с референсной последовательностью сорта Пино черный PN40024 (chr 18) и генотипом сорта Султанина [10]

Table. Polymorphism of exon 7 of 'Kishmish Chernyi' VvAGL11 gene compared to the reference sequence PN40024 (chr 18) of 'Pino Noir' variety and the genotype of 'Sultanina' variety [10]

Референсная последовательность PN40024 сорта Пино черный (семенной)		Генотипом сорта Султанина (бессемянный)		Генотип сорта Кишмиш черный (частота аллеля)	Положение в гене VvAGL11
№ позиции в последовательности PN40024, покрытие	Нуклеотид аллеля / аллеля Пино черный	№ позиции в последовательности KM401848.1, покрытие	Нуклеотид аллеля / аллеля Султанины		
№26889345 11X	A/A	№666 11X	G/A	G(3)/A(8)	Интрон 7
№26889350 11X	T/-	№671 11X	T/T	T(3)/C(8)	Интрон 7
№26889399 22X	T/T	№720 22X	C/T	C(8)/T(14)	CDS 7
№26889409 22X	C/C	№730 22X	T/C	T(8)/C(14)	CDS 7
№26889437 19X	C/C	№758 19X	A/C	A(8)/C(11)	CDS 7
№26889463 20X	G/G	№784 20X	A/G	A(9)/G(11)	CDS 7
№26889478 20X	T/T	№799 20X	C/T	C(9)/T(11)	CDS 7
№26889528 16X	G/G	№849 16X	A/G	A(9)/G(7)	Интрон 6

сортов, который является предполагаемой причиной возникновения фенотипа бессемянности.

Выводы

Подтверждено наличие в экзоне 7 гена VvAGL11 древнего сорта Кишмиш черный SNP 26 889 437 в гетерозиготе (A/C), который приводит к замене с негативным эффектом аминокислоты аргинин на лейцин, и сцеплен с фенотипом стenosпермокарпической бессемянности.

В рассматриваемом локусе экзона 7 гена VvAGL11

размером 200 п.н. в последовательности сорта Кишмиш черный по сравнению с референсной последовательностью сорта Пино черный найдено 8 SNP без вставок и делеций, 5 SNP непосредственно в экзоне 7. В этих SNP бессемянные сорта Кишмиш черный и Султанина гетерозиготны, в отличие от семенного сорта Пино черный, который гомозиготен.

Последовательность сорта Кишмиш черный в рассматриваемом локусе идентична последовательности сорта Султанина, кроме позиции 26 889 350 в

интроне 7, в которой у исследуемого сорта обнаружена гетерозигота (Т/С), а сорт Султанина имеет гомозиготу (Т/Т), что может служить маркером для различия этих сортов и их потомков.

Благодарность: авторы выражают благодарность ООО «Институт биоинформатики», г. Санкт-Петербург (Барбитову Ю., Пантелеевой А.) за плодотворное обучение по биоинформатике.

Источник финансирования

Работа выполнена в рамках государственного задания № 0833-2019-0016 и аспирантской программы.

Financing source

The work was conducted under public assignment No 0833-2019-0016 and postgraduate program.

Конфликт интересов

Не заявлен.

Conflict of interests

Not declared.

Список литературы / References

1. FAO-OIV Focus (2016) Table and Dried Grapes. FAO-OIV Focus 2016. Non-alcoholic products of the vitivinicultural sector intended for human consumption. Published by the Food and Agriculture Organization of the United Nations and the International Organization of Vine and Wine. <https://www.oiv.int/public/medias/5268/fao-oiv-focus-2016.pdf> (Date of application: 05.08.2022).
2. Carbonell-Bejerano P., Royo C., Mauri N., Ibáñez J., Zapater J.M.M. Somatic variation and cultivar innovation in grapevine. *Advances in Grape and Wine Biotechnology*. London: IntechOpen. 2019:1-22. DOI 10.5772/intechopen.86443.
3. Спотарь Г.Ю., Гориславец С.М. Проявление признака бессемянности у группы сортов винограда в агроклиматических условиях ампелографической коллекции ФГБУН «ВНИИВиВ «Магарач» РАН» // «Магарач». Виноградарство и виноделие. 2020;22(4):304-311. DOI 10.35547/IM.2020.57.93.003.
4. Spotar G.Yu., Gorislavets S.M. Display of the seedlessness trait in the group of grape varieties under agroclimatic conditions of the ampelographic collection of FSBSI Institute Magarach of the RAS. *Viticulture and Winemaking*. 2020;22(4):304-311. DOI 10.35547/IM.2020.57.93.003 (in Russian).
4. Mejia N., Soto B., Guerrero M., Casanueva X., Houel C., de los Angeles Miccono M., Ramos R., le Cunff L., Boursiquot J.-M., Hinrichsen O., Adam-Blondon A.-F. Molecular, genetic and transcriptional evidence for a role of VvAGL11 in stenospermocarpic seedlessness in grapevine. *BMC Plant Biology*. 2011;11:57. DOI 10.1186/1471-2229-11-57.
5. Malabarba J., Buffon V., Mariath J.E.A., Gaeta M.L., Dornelas M.C., Margis-Pinheiro M., Pasquali G., Revers L.F. The MADS-box gene Agamous-like 11 is essential for seed morphogenesis in grapevine. *Journal of Experimental Botany*. 2017;68(7):1493-1506. DOI 10.1093/jxb/erx025.
6. Costantini L., Battilana J., Lamaj F., Fanizza G., Grando M.S. Berry and phenology-related traits in grapevine (*Vitis vinifera* L.): From Quantitative Trait Loci to underlying genes. *BMC Plant Biology*. 2008;8:38. DOI 10.1186/1471-2229-8-38.
7. Doligez A., Bertrand Y., Farnos M., Grolier M., Romieu Ch., Esnault F., Dias S., Berger G., François P., Pons Th., Ortigosa P., Roux C., Houel C., Laucou V., Bacilieri R., Péros J.-P., This P. New stable QTLs for berry weight do not colocalize with QTLs for seed traits in cultivated grapevine (*Vitis vinifera* L.). *BMC Plant Biology*. 2013;13:217. DOI 10.1186/1471-2229-13-217.
8. Rahman M.A., Balasubramani S.P., Basha S. M. Molecular characterization and phylogenetic analysis of MADS-box gene VroAGL11 associated with stenospermocarpic seedlessness in muscadine grapes. *Genes*. 2021;12(2):232. DOI 10.3390/genes12020232.
9. Ocarez N., Mejía N. Suppression of the D-class MADS-box AGL11 gene triggers seedlessness in fleshy fruits. *Plant Cell Reports*. 2016;35(1):239-254. DOI 10.1007/s00299-015-1882-x.
10. Royo C., Torres-Pérez R., Mauri N., Diestro N., Cabezas J. A., Marchal C., Lacombe Th., Ibáñez J., Tornel M., Carreño J., Martínez-Zapater J.M., Carbonell-Bejerano P. The major origin of seedless grapes is associated with a missense mutation in the MADS-box gene VviAGL11. *Plant Physiology*. 2018;177(3):1234-1253. DOI 10.1104/pp.18.00259.
11. Di Genova A., Almeida A.M., Muñoz-Espinoza C., Vizoso P., Travisany D., Moraga C., Pinto M., Hinrichsen P., Orellana A., Maass A. Whole genome comparison between table and wine grapes reveals a comprehensive catalog of structural variants. *BMC Plant Biology*. 2014;14:7. DOI 10.1186/1471-2229-14-7.
12. National Center for Biotechnology Information <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/> (Date of application: 05.08.2022).

Информация об авторах

Геннадий Юрьевич Спотарь, аспирант, мл. науч. сотр. лаборатории молекулярно-генетических исследований; e-мэйл: probud@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6725-250X>;

Елена Николаевна Спотарь, мл. науч. сотр. лаборатории молекулярно-генетических исследований; e-мэйл: Elen_persic@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-3050-8505>;

Светлана Михайловна Гориславец, канд. биол. наук, докторант; e-мэйл: goricvet2@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-6749-8048>;

Анатолий Мканович Авидзба, д-р с.-х. наук, канд. экон. наук, академик РАН, профессор; e-мэйл: svodagro@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-2354-1374>;

Владимир Владимирович Лиховской, д-р с.-х. наук, директор ФГБУН «ВНИИВиВ «Магарач» РАН»; e-мэйл: lihovskoy@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-3879-0485>.

Information about authors

Gennadiy Yu. Spotar, Postgraduate, Junior Staff Scientist, Laboratory of Molecular Genetic Research; e-mail: probud@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6725-250X>;

Elena N. Spotar, Junior Staff Scientist, Laboratory of Molecular Genetic Research; e-mail: Elen_persic@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-3050-8505>;

Svetlana M. Gorislavets, Cand. Biol. Sci., Doctoral Candidate; e-mail: goricvet2@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0002-6749-8048>;

Anatoliy M. Avidzba, Dr. Agric. Sci., Cand. Econ. Sci., Academician of the RAS, Professor; e-mail: svodagro@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-2354-1374>;

Vladimir V. Likhovskoi, Dr. Agric. Sci., Director of the FSBSI Institute Magarach of the RAS; e-mail: lihovskoy@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-3879-0485>.

Статья поступила в редакцию 10.08.2022, одобрена после рецензии 09.09.2022, принята к публикации 23.11.2022.