«Магарач». Виноградарство и виноделие. 2026;28(1):7-14
Magarach. Viticulture and Winemaking. 2026;28(1):7-14

УДК 634.84

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Агробиологическая оценка продуктивности насаждений, заложенных протоклонами сортов винограда Алиготе, Рислинг и Шардоне

Петров В.С.[1]✉, Ильницкая Е.Т.[1], Чурсин И.А.[2], Кожевников Е.А.[1], Козина Т.Д.[1]

[1] Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Краснодар, Россия;

[2] ООО Агрофирма «Южная»

✉petrov_53@mail.ru

Аннотация. В условиях потепления климата, учащении погодных аномалий, влияющих на стабильность и уровень плодоношения винограда, актуальным является выделение и использование генотипов для создания высокоадаптивных и продуктивных насаждений. Цель – выделение, отбор и оценка клонов-кандидатов по агробиологическим данным и ДНК-профилированию генотипов сортов винограда Алиготе, Шардоне и Рислинг, проявляющих повышенную адаптивность к климатическим изменениям в Северо-Западном Предкавказье. Для изучения и выделения протоклонов проводили оценку генотипов по агробиологии и урожайности винограда. Выделенные протоклоны прогенотипированы. Для ДНК-анализа брали материал с 3 кустов каждого варианта. Образцы ДНК были получены на основе использования ЦТАБ. Молекулярно-генетический анализ выполнен по 12 микросателлитным локусам: по девяти стандартным для генотипирования винограда (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZAG62, VrZAG79, VVMD25, VVMD28, VVMD32) и трем дополнительным, которые были определены как полиморфные в генотипах ряда клонов и исходных сортов (VVMD30, VMC3A9, VMC5G7). Информация о ДНК-профилях исходных сортов взята из международной базы данных ДНК-паспортов винограда VIVC. Аллельные комбинации по локусам VVMD30, VMC3A9, VMC5G7 определены для каждого сорта и их протоклонов. В условиях повышенной солнечной инсоляции и дефицита атмосферных осадков на всех этапах изучения сохранялись стабильно высокие агробиологические показатели и урожайность винограда у протоклонов ЗА 11-79-37 сорта Алиготе, ЗШ 137-44 сорта Шардоне, РЮЧ 38-67, РЮЧ 39-39 сорта Рислинг. Данные генотипы охарактеризованы как клоны соответствующих сортов, адаптированные к изменчивым агроклиматическим условиям. ДНК-профилирование по 12 высокополиморфным микросателлитным локусам не выявило различий между генотипами изучаемых протоклонов и исходных сортов. Учитывая стабильно высокую адаптивность и продуктивность, выделенные протоклоны являются перспективными к практическому использованию в агроэкологических условиях Северо-Западного Предкавказья.

Ключевые слова: виноград; изменение климата; протоклоны; адаптивность; продуктивность; стабильность.

Для цитирования: Петров В.С., Ильницкая Е.Т., Чурсин И.А., Кожевников Е.А., Козина Т.Д. Агробиологическая оценка продуктивности насаждений, заложенных протоклонами сортов винограда Алиготе, Рислинг и Шардоне // «Магарач». Виноградарство и виноделие. 2026;28(1):7-14.

ORIGINAL RESEARCH

Agrobiological assessment of productivity of the vineyards established with protoclones of ‘Aligote’, ‘Riesling’ and ‘Chardonnay’ grape varieties

Petrov V.S.[1]✉, Ilnitskaya E.T.[1], Chursin I.A.[2], Kozhevnikov E.A.[1], Kozina T.D.[1]

[1] North Caucasus Federal Scientific Centre of Horticulture, Viticulture, Winemaking, Krasnodar, Russia;

[2] LLC Agrofirm “Yuzhnaya”

✉petrov_53@mail.ru

Abstract. In conditions of climate warming, increasing frequency of weather anomalies affecting the stability and level of grape fruiting, it is important to identify and use genotypes in order to create highly adaptive and productive plantings. The aim was to isolate, select and assess candidates for clones based on agrobiological data and DNA profiling of their genotypes of ‘Aligote’, ‘Chardonnay’ and ‘Riesling’ grape varieties showing increased adaptability to climatic changes in the Northwestern Ciscaucasia. To study and identify protoclones, genotypes were evaluated according to agrobiology and cropping capacity of grapes. The identified protoclons were genotyped. For DNA analysis, material was taken from 3 bushes of each variant. DNA samples were obtained using CTAB. The molecular genetic analysis was performed using 12 microsatellite loci: nine standard ones for grape genotyping (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZAG62, VrZAG79, VVMD25, VVMD28, VVMD32), and three additional ones, which were determined to be polymorphic in the genotypes of a number of clones and source varieties (VVMD30, VMC3A9, VMC5G7). Information about the DNA profiles of original varieties was taken from the international database of DNA passports of grapes VIVC. Allelic combinations at the VVMD30, VMC3A9, and VMC5G7 loci were determined for each variety and their protoclones. In conditions of increased solar insolation and precipitation deficiency, at all stages of the study, consistently high agrobiological indicators and cropping power were maintained at the protoclones ЗА 11-79-37 of ‘Aligote’ variety, ЗШ 137-44 ‘Chardonnay’ variety, РЮЧ 38-67, РЮЧ 39-39 ‘Riesling’ variety. These genotypes are characterized as clones of the corresponding varieties adapted to variable agro-climatic conditions. DNA profiling at 12 highly polymorphic microsatellite loci revealed no differences between the genotypes of the studied protoclones and the initial varieties. Given their consistently high adaptability and productivity, the identified protoclones are promising for practical use in agroecological conditions of the Northwestern Ciscaucasia.

Key words: grapes; climate change; protoclones; adaptability; productivity; stability.

For citation: Petrov V.S., Ilnitskaya E.T., Chursin I.A., Kozhevnikov E.A., Kozina T.D. Agrobiological assessment of productivity of the vineyards established with protoclones of ‘Aligote’, ‘Riesling’, and ‘Chardonnay’ grape varieties. Magarach. Viticulture and Winemaking. 2026;28(1):7-14 (*in Russian*).

© Петров В.С., Ильницкая Е.Т., Чурсин И.А.,
Кожевников Е.А., Козина Т.Д., 2026

Введение

Виноград – одна из древнейших и экономически значимых сельскохозяйственных культур в мире [1]. Характерное свойство виноградной лозы – высокая мутабельность генотипов. Это свойство является основой клоновой селекции, успешно применяемой во многих странах, где возделывают данную культуру. Направленность проводимого отбора клонов может быть разной – повышение урожайности, выделение генотипов с определенной ароматикой или особенностями вкуса, поиск форм с более крупной ягодой или сдержанной силой роста и т.д. Кроме улучшения показателей продуктивности и качества, клоновая селекция решает вопросы и повышения адаптивности сортов к агроклиматическим условиям той или иной зоны.

Изменения климата привлекли большое внимание ученых во всем мире к решению вопроса адаптации растений винограда к наблюдаемым явлениям [2]. В настоящее время актуальны работы по поиску клонов с повышенной адаптивностью к негативным тенденциям климатических изменений [3–5].

Результативность клоновой селекции, как правило, выше в насаждениях длительно культивируемых сортов. Например, есть предположение, что древний сорт Пино нуар, имеющий несколько сотен различных клонов, вегетативно размножается более 2000 лет [6]. Клоновая селекция как инструмент сортоулучшения, а именно – выделение биотипов, наиболее адаптированных к определенным условиям выращивания, особо востребована для сортов-интродуцентов для конкретного региона.

Краснодарский край – крупнейшый виноградопроизводящий и винодельческий регион России. Примерно 60 % виноградников края сосредоточено в Темрюкском районе. Около половины сортимента составляют классические европейские сорта для высококачественного виноделия. Сорта Алиготе, Шардоне и Рислинг – одни из наиболее востребованных для производства белых вин. Работа по клоновой селекции в насаждениях этих сортов в Темрюкском районе была начата сотрудниками Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия (СКФНЦСВВ) в 2005 г. [7, 8]. Выделение местных клонов популярных сортов и внедрение их в производство позволит получать вина традиционно высокого качества и оптимизировать издержки производства.

При возделывании винограда в процессе спонтанных мутаций в насаждениях появляются как ослабленные лозы с низкой продуктивностью и качеством ягод, так и, напротив, с повышенным адаптивным потенциалом к биотическим и абиотическим стресс-факторам, высокой продуктивностью и качеством винограда. В таких виноградниках могут быть выделены отдельные растения-клоны, отличающиеся от исходного сорта набором положительных характеристик, закрепленных на генетическом уровне. Если положительные изменения имеют ненаследственную природу, то вегетативному потомству они передаваться не будут. По этой причине изучают вегетативное потомство генотипа – предполагаемого клона в нескольких поколениях и оценивают стабильность проявления желаемых признаков.

Также в клоновой селекции возможно присутствие такого явления, как длительные модификации, по современным представлениям – трансгенерационное эпигенетическое наследование. Феномен длительных модификаций предполагает сохранение свойств выделенных маточных растений на протяжении ряда поколений. Длительные модификации представляют собой временные изменения компонентов цитоплазмы вследствие онтогенетической предетерминации и указывают на то, что составные части цитоплазмы не просто изменяются однократно, но могут в этом виде авторепродуцироваться [9].

ДНК-анализ в клоновой селекции может быть использован как для определения сортосоответствия выделенного растения (чтобы исключить примесь морфологически схожего сорта), так и для выявления отличий клонов от генотипа исходного сорта. Проверка сортового соответствия проводится по микросателлитным (SSR) маркерам, стандартным для ДНК-паспортизации винограда, с помощью этих же маркеров иногда выявляются отличия и в ДНК-профилях клонов [10].

В результате исследований, направленных на поиск более информативных маркеров для клонов сортов, был определен ряд микросателлитных локусов, проявляющих полиморфизм в генотипах исходного сорта и клонов, однако универсальных эффективных ДНК-маркеров не было выявлено [11–15].

Целью данной работы является выделение, отбор и оценка клонов-кандидатов по агробиологическим данным и ДНК-профилированию генотипов сортов винограда Алиготе, Шардоне и Рислинг, проявляющих повышенную адаптивность к климатическим изменениям в Северо-Западном Предкавказье.

Материалы и методы исследования

Объект исследований – протоклоны белых технических сортов винограда: Алиготе, Шардоне, Рислинг.

Выделение протоклонов осуществляли поэтап-

но. В 2005–2008 гг. в Черноморской агроэкологической зоне виноградарства Краснодарского края в АФ «Южная» (станица Тамань) по результатам оценки исходных кустов, выделенных в промышленных насаждениях по стабильно наблюдавшимся положительным отличиям, были отобраны растения-кандидаты в клоны для их размножения и изучения в вегетативном потомстве. Высадка первого потомства вегетативных клонов в количестве 10 корнесобственных саженцев каждого протоклона произведена в 2009 г. на клоноиспытательном участке Анапской зональной опытной станции виноградарства и виноделия (АЗОСВиВ, г.-к. Анапа). Параллельно в 2009–2014 г. продолжали наблюдения за маточными кустами протоклонов. Второе потомство вегетативных клонов в 2014 г. было привито на 14-летнем подвое Кобер 5ББ на клоноиспытательном участке в АФ «Южная». Первое потомство вегетативных клонов изучали в 2014–2016 гг., второе – оценивали в два этапа в 2015–2016 гг. и в 2025 г. В 2025 г. для дальнейшего изучения были отобраны варианты, которые по результатам предыдущих наблюдений стабильно выделялись по комплексу хозяйственно ценных показателей.

Для изучения протоклонов использовали общепринятые в виноградарстве методы клоновой селекции [16]. Оценку проводили по количеству распустившихся глазков, побегов, соцветий, гроздей, коэффициентам плодоношения и плодоносности, средней массе грозди, продуктивности побега и урожайности винограда [17].

Варианты протоклонов, которые были отобраны по результатам оценки предыдущих лет и включены в изучение в 2025 г., были прогенотипированы. Для ДНК-анализа брали материал (молодые верхушки побегов) с 3 кустов каждого варианта. Образцы ДНК были получены методом на основе использования ЦТАБ (цетилтриметиламмоний бромид).

Молекулярно-генетический анализ образцов протоклонов выполнен по 12 микросателлитным локусам: по девяти стандартным для генотипирования винограда (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VrZAG62, VrZAG79, VVMD25, VVMD28, VVMD32) и трем дополнительным, которые были определены как полиморфные в генотипах ряда клонов и исходных сортов (VVMD30, VMC3A9, VMC5G7) [11]. Информация о ДНК профилях исходных сортов исследуемых протоклонов по 9 стандартным для паспортизации микросателлитным локусам взята из международной базы данных ДНК-паспортов винограда VIVC [18]. Аллельные комбинации по локусам VVMD30, VMC3A9, VMC5G7 определены для каждого сорта и их протоклонов в исследовании.

Амплификация маркерных участков выполнена на приборе Eppendorf MasterCycler nexus GX2 (Германия). В работе использовались 2 программы амплификации, включающие следующие ступени: начальная денатурация – 3 мин. при 95 °С, 34 цикла: денатурация – 30 с при 95 °С, отжиг – 30 с при 55 °С, элонгация – 45 с при 72 °С, финальная элонгация – 30 мин. при 72 °С (для маркеров VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27); начальная денатурация – 4 мин. при 95 °С, 34 цикла: денатурация – 30 с при 95 °С, отжиг – 30 с при 58 °С, элонгация – 40 с при 72 °С, финальная элонгация 20 мин. при 72 °С (для маркеров VrZAG62, VrZAG79, VVMD25, VVMD28, VVMD30, VVMD32, VMC3A9, VMC5G7). ПЦР осуществляли в 20 мкл, содержащей 50–100 нг матрицы ДНК, 4 мкл 5х qPCRmix-HS (ЗАО «Евроген») и 4 пмоль каждого праймера (ООО «Синтол», Москва).

Продукты ПЦР разделяли методом капиллярного гель-электрофореза на автоматическом генетическом анализаторе Нанофор 05 (Институт аналитического приборостроения РАН, г. Санкт-Петербург, Россия). Полученные данные обрабатывали при помощи программы GenMarker v 3.1.

Молекулярно-генетические анализы выполнены с использованием оборудования центра коллективного пользования СКФНЦСВВ по направлению «Геномные и постгеномные технологии».

Результаты и их обсуждение

На фоне глобального потепления климата в Северо-Западном Предкавказье отмечается повышение температуры воздуха при дефиците осадков, увеличение частоты аномальных погодных явлений, что создает условия для выявления форм с повышенной адаптивностью к данным стрессовым факторам.

Экстремальные проявления погодных условий на клоноиспытательных участках в Анапе и на Тамани в период оценки первого и второго вегетативного потомства наблюдались преимущественно во время активного роста и созревания ягод винограда (острый дефицит атмосферных осадков на фоне критически высоких температур). В 2025 г. в АФ «Южная» максимальная температура была отмечена в первой (37 °С) и третьей (36 °С) декаде июля. Недобор осадков наблюдался в июле и августе – 6 мм при среднемноголетних (1991–2020 гг.) значениях 35 и 41 мм соответственно.

Среди биотипов сорта Алиготе в первом потомстве вегетативных клонов изучали 6 вариантов, которые выделялись по положительным фенотипическим характеристикам (сила роста, фитосанитарное состояние) на клоноиспытательном

Таблица 1. Агробиологические характеристики и показатели продуктивности протоклонов сорта Алиготе

Table 1. Agrobiological characteristics and productivity indicators of 'Aligote' protoclones

Протоклоны	Количество побегов, шт./куст	Плодоносных побегов, %	Количество гроздей, шт./куст	Коэффициенты		Продуктивность побега, г/побег	Урожайность, кг/куст
				$К_1$	$К_2$		
первое потомство вегетативных клонов, АЗОСВиВ, 2014–2016 гг.							
ЗА 11-71-3	20,0	40,0	13,0	0,65	1,63	грозди увяленые	
ЗА 11-79-37	17,2	64,53	23,0	1,34	2,07	158,72	2,73
ЗА 11-91-15	15,3	67,32	16,3	1,07	1,58	167,21	2,55
Среднее по 6 вариантам	17,4	56,0	17,7	1,03	1,84	133,88	2,28
$НСР_{05}$	1,2	–	1,8	0,4	0,4	6,2	0,7
второе потомство вегетативных клонов, АФ «Южная», 2015–2016 гг.							
ЗА 11-71-3	18,6	93,0	30,2	1,62	1,74	253,37	4,70
ЗА 11-79-37	17,5	85,71	25,1	1,43	1,67	223,43	3,91
ЗА 11-91-15	17,6	82,95	27,5	1,56	1,88	243,34	4,29
Среднее по 5 вариантам	16,4	86,9	25,4	1,56	1,8	243,91	3,94
$НСР_{05}$	1,5	–	1,8	0,4	0,3	4,7	0,7
второе потомство вегетативных клонов, АФ «Южная», 2025 г.							
ЗА 11-71-3	63,0	71,42	67,0	1,06	1,49	173,97	10,96
ЗА 11-79-37	82,5	81,21	100,0	1,21	1,49	177,45	14,64
ЗА 11-91-15	55,3	59,67	47,0	0,85	1,42	125,61	6,94
Среднее по 9 вариантам	66,9	70,9	71,3	1,04	1,46	159,01	10,85
$НСР_{05}$	4,7	–	6,5	0,5	0,2	6,8	2,5

Примечание. $К_1$ – коэффициент плодоношения; $К_2$ – коэффициент плодоносности (в табл. 2 и 3)

участке в г.-к. Анапа (2014–2016 гг.). По результатам оценки агробиологических показателей были определены три протоклона, которые характеризовались наибольшей урожайностью в изучаемой группе, в том числе ЗА 11-91-15 и ЗА 11-79-37 (табл. 1).

Во втором потомстве вегетативных клонов на клоноиспытательном участке в станице Тамань в 2015–2016 гг. проводили оценку пяти вариантов размноженных протоклонов. В 2025 г. в изучение включили потомство трех протоклонов, остальные были отбракованы как нестабильные по агробиологическим показателям и урожайности. Высокие агробиологические показатели и продуктивность винограда сохранились у протоклона ЗА 11-79-37.

Учитывая стабильность агробиологических показателей и урожайности вегетативных клонов в нестабильных погодных условиях с частым проявлением повышенной солнечной инсоляции и острого дефицита атмосферных осадков, протоклон ЗА 11-79-37 можно рекомендовать для закладки промышленных насаждений винограда в условиях умеренно-континентального климата Северо-Западного Предкавказья.

Среди вариантов сорта Рислинг на всех этапах изучения по совокупности положительных признаков выделялись протоклоны РЮЧ 38-67 и РЮЧ 39-39. Они превосходили другие варианты по количеству плодоносных побегов и гроздей, коэффициенту плодоношения, продуктивности побега и урожайности (табл. 2). Таким образом, протоклоны РЮЧ 38-67 и РЮЧ 39-39 перспективны для размножения и практического использования в насаждениях винограда в регионе.

Среди насаждений винограда сорта Шардоне изначально для оценки вегетативных клонов было отобрано 10 вариантов. По результатам изучения биотипов сорта Шардоне, можно отметить, что на всех этапах стабильно высокие агробиологические показатели и продуктивность винограда сохранялись у протоклона ЗШ 137-44 (табл. 3). Также по своим характеристикам выделяется

Таблица 2. Агробиологические характеристики и показатели продуктивности протоклонов сорта Рислинг

Table 2. Agrobiological characteristics and productivity indicators of 'Riesling' protoclones

Протоклон	Количество побегов, шт./куст	Плодоносных побегов, %	Количество гроздей, шт./куст	Коэффициенты		Продуктивность побега, г/побег	Урожайность, кг/куст
				K_1	K_2		
первое потомство вегетативных клонов, АЗОСВиВ, 2014–2016 гг.							
РЮЧ 18-36	19,2	77,1	30,3	1,58	2,04	105,37	2,02
РЮЧ 38-67	18,1	92,82	37,8	2,08	2,25	184,23	3,34
РЮЧ 39-39	19,5	96,92	39,4	2,02	2,09	174,87	3,41
Среднее по 10 вариантам	16,4	90,7	29,6	1,81	2,01	157,83	2,59
$НСР_{05}$	1,1	–	1,8	0,3	0,2	3,4	0,5
второе потомство вегетативных клонов, АФ «Южная», 2015–2016 гг.							
РЮЧ 18-36	21,1	99,5	45,0	2,13	2,25	157,72	3,32
РЮЧ 38-67	24,8	93,95	50,7	2,04	2,18	168,28	4,17
РЮЧ 39-39	24,4	92,62	43,3	1,77	1,92	150,41	3,67
Среднее по 7 вариантам	21,1	82,4	39,1	1,68	2,12	150,71	3,18
$НСР_{05}$	1,2	–	2,2	0,4	0,4	3,1	0,6
второе потомство вегетативных клонов, АФ «Южная», 2025 г.							
РЮЧ 18-36	62,8	89,17	92,0	1,46	1,64	61,20	9,21
РЮЧ 38-67	81,0	76,54	94,0	1,16	1,52	80,52	12,09
РЮЧ 39-39	56,5	77,87	73,0	1,29	1,66	108,31	11,74
Среднее	66,8	80,95	86,3	1,33	1,60	83,34	11,01
$НСР_{05}$	4,5	–	4,3	0,5	0,3	6,1	1,6

Таблица 3. Агробиологические характеристики и показатели продуктивности протоклонов сорта Шардоне

Table 3. Agrobiological characteristics and productivity indicators of 'Chardonnay' protoclones

Протоклоны	Количество побегов, шт./куст	Плодоносных побегов, %	Количество гроздей, шт./куст	Коэффициенты		Продуктивность побега, г/побег	Урожайность, кг/куст
				K_1	K_2		
первое потомство вегетативных клонов, АЗОСВиВ, 2014–2016 гг.							
ЗШ 137-44	16,3	66,87	19,2	1,18	1,76	153,37	2,50
ЗШ 138-44	12,4	59,67	13,0	1,05	1,75	120,16	1,49
ЗШ 168-25	7,3	53,42	7,3	1,00	1,87	98,63	0,72
Среднее по 10 вариантам	14,1	65,8	16,4	1,14	1,73	144,98	2,05
$НСР_{05}$	1,3	–	1,5	0,2	0,2	3,3	0,6
второе потомство вегетативных клонов, АФ «Южная», 2015–2016 гг.							
ЗШ 137-44	20,9	97,6	38,8	1,86	1,90	259,47	5,41
ЗШ 138-44	28,8	81,6	46,5	1,61	1,98	226,39	6,52
ЗШ 168-25	25,3	88,53	38,6	1,53	1,72	213,44	5,40
Среднее по 4 вариантам	24,8	90,2	40,8	1,65	1,83	229,34	5,69
$НСР_{05}$	1,9	–	2,1	0,4	0,4	4,8	0,8
второе потомство вегетативных клонов, АФ «Южная», 2025 г.							
ЗШ 137-44	53,0	69,81	55,0	1,04	1,49	140,38	7,44
ЗШ 138-44	65,0	61,53	50,0	0,77	1,25	115,69	7,52
ЗШ 168-25	68,0	55,88	50,0	0,74	1,32	82,35	5,60
Среднее	62,0	62,7	51,7	0,85	1,35	112,81	6,85
$НСР_{05}$	3,5	–	2,1	0,5	0,4	6,8	1,3

Таблица 4. Результаты генотипирования
Table 4. Genotyping results

Образец	Идентифицированные аллели SSR-локусов, пары нуклеотидов											
	VVS2	VVMD5	VVMD7	VVMD25	VVMD27	VVMD28	VVMD32	VrZAG62	VrZAG79	VVMD30	VMC5G7	VMC3A9
Алиготе (исходный сорт)	133 137	230 242	239 239	239 239	180 190	228 236	240 272	194 196	243 245	105 113	195 211	88 140
ЗА 11-79-37	133 137	230 242	239 239	239 239	180 190	228 236	240 272	194 196	243 245	105 113	195 211	88 140
ЗА 11-71-3	133 137	230 242	239 239	239 239	180 190	228 236	240 272	194 196	243 245	105 113	195 211	88 140
ЗА 11-91-15	133 137	230 242	239 239	239 239	180 190	228 236	240 272	194 196	243 245	105 113	195 211	88 140
Рислинг (исходный сорт)	143 151	228 236	249 257	249 255	182 190	228 234	252 272	194 204	243 245	119 125	195 213	88 88
ЧПБ 39-39	143 151	228 236	249 257	249 255	182 190	228 234	252 272	194 204	243 245	119 125	195 213	88 88
ЧПБ 18-36	143 151	228 236	249 257	249 255	182 190	228 234	252 272	194 204	243 245	119 125	195 213	88 88
ЧПБ 38-67	143 151	228 236	249 257	249 255	182 190	228 234	252 272	194 204	243 245	119 125	195 213	88 88
Шардоне (исходный сорт)	133 143	228 236	243 243	237 255	182 190	228 236	240 250	188 188	243 259	105 113	196 218	78 140
ЗШ 137-44	133 143	228 236	243 243	237 255	182 190	228 236	240 250	188 188	243 259	105 113	196 218	78 140
ЗШ 168-25	133 143	228 236	243 243	237 255	182 190	228 236	240 250	188 188	243 259	105 113	196 218	78 140
ЗШ 138-44	133 143	228 236	243 243	237 255	182 190	228 236	240 250	188 188	243 259	105 113	196 218	78 140

ЗШ 138-44, но уступает варианту ЗШ 137-44 по доле плодоносных побегов, коэффициенту плодоношения и продуктивности побега. Наблюдаемые положительные характеристики ЗШ 137-44 позволяют рекомендовать его для практического использования в насаждениях винограда Северо-Западного Предкавказья.

Проводимая дегустационной комиссией СКФНЦСВВ органолептическая оценка столовых вин, приготовленных методом микровиноделия из урожая изучаемых вариантов протоклонов, подтверждала соответствие образцов вин сортовым характеристикам.

Генотипирование микросателлитными маркерами стандартными для ДНК-паспортизации винограда образцов протоклонов, отобранных для агробиологической оценки в 2025 г. по положительным характеристикам среди ранее выделенных вариантов, показало полное соответствие генотипов исходным сортам (табл. 4).

Исследования F. Pelsy и др. показали эффективность микросателлитных маркеров VMC3a9, VMC5g7, VVS2, VVMD30 и VVMD32 в выявлении полиморфизма клонов [11]. Анализ изучаемых нами генотипов по локусам VMC3a9, VMC5g7, VVMD30 не выявил различий с генотипами исходных сортов.

Надо отметить, что полное соответствие ДНК-профилей клонов по стандартным для генотипирования сортов винограда маркерам – достаточно частое явление. Наиболее известный пример – группа сортов Пино: Пино нуар, Пино блан, Пино гри – имеют идентичные ДНК-паспорта являясь клоновыми вариациями генотипа, в котором му-

тации привели к изменению цвета ягод [19]. Таким образом, получены данные ДНК-паспортов генотипов, рекомендуемых нами к размножению и закладке промышленных насаждений в Северо-Западном Предкавказье: ЗА 11-79-37 сорта Алиготе, ЗШ 137-44 сорта Шардоне, РЮЧ 38-67 и РЮЧ 39-39 сорта Рислинг, соответствуют известным ДНК-паспортам сортов Алиготе, Шардоне, Рислинг.

Выводы

По результатам многолетних наблюдений и изучения вегетативных клонов в двух поколениях в условиях потепленения умеренно-континентального климата выделены адаптированные со стабильно высоким плодоношением биотипы сортов винограда Алиготе, Рислинг и Шардоне.

В условиях повышенной солнечной инсоляции и дефицита атмосферных осадков на всех этапах изучения сохранялись стабильно высокие агробиологические показатели и урожайность винограда у протоклонов ЗА 11-79-37 сорта Алиготе, ЗШ 137-44 сорта Шардоне, РЮЧ 38-67, РЮЧ 39-39 сорта Рислинг. Данные генотипы могут быть охарактеризованы как клоны соответствующих сортов, адаптированные к местным агроклиматическим условиям. ДНК-профилирование по 12 высокополиморфным микросателлитным локусам не выявило различий между генотипами изучаемых протоклонов и исходных сортов. Учитывая стабильно высокую адаптивность и продуктивность, выделенные протоклоны являются перспективными к практическому использованию в агроэкологических условиях Северо-Западного Предкавказья.

Источник финансирования

Исследование выполнено при финансовой поддержке Кубанского научного фонда, ООО АФ «Южная» в рамках проекта № НТИП-25.1/5.

Financing source

The research was carried out with the financial support of the Kuban Scientific Foundation, LLC Agrofirm “Yuzhnaya” within the framework of NTIP-25.1/5 project.

Конфликт интересов

Не заявлен.

Conflict of interests

Not declared.

Список литературы / References

1. Dong Y., Duan S., Xia Q., Liang Z., Dong X., Margaryan K. Dual domestications and origin of traits in grapevine evolution. Science. 2023;379(6635):892-901. DOI 10.1126/science.add8655.
2. Santos J.A., Fraga H., Malheiro A.C., Moutinho-Pereira J., Dinis L.-T., Correia C., Moriondo M., Leolini L., Dibari C., Costafreda-Aumedes S., Kartschall T., Menz C., Molitor D., Junk J., Beyer M., Schultz H.R. A review of the potential climate change impacts and adaptation options for European viticulture. Applied Sciences. 2020;10(9):3092. DOI 10.3390/app10093092.
3. van Leeuwen C., Sgubin G., Bois B., Ollat N., Swingedouw D., Zito S., Gambetta G.A. Climate change impacts and adaptations of wine production. Nature Reviews Earth & Environment. 2024;5(4):258-275. DOI 10.1038/s43017-024-00521-5.
4. Ranca A.M., Cosma T.S., Tănase A.M. Improving the assortment of table grape cultivars with new clones with increased adaptability to the current climate changes. Romanian Journal of Horticulture. 2022;3:157-164. DOI 10.51258/RJH.2022.18.
5. Mairata A., Tortosa I., Douthe C., Escalona J.M., Pou A., Medrano H. Comparing selection criteria to select grapevine clones by water use efficiency. Agronomy. 2022;12:1963. DOI 10.3390/agronomy12081963.
6. Jackson R.S. Wine science: food science and technology. Academic Press, San Diego. 2000:1-475.
7. Ильницкая Е.Т., Нудьга Т.А., Петров В.С., Сундырева М.А., Даурова Е.А., Гугучкина Т.И., Ветер Ю.А. Протоклоны сорта Шардоне в насаждениях ЗАО «Мирный» // Виноделие и виноградарство. 2010;5:45.
Ilnitskaya E.T., Nud'ga T.A., Petrov V.S., Sundyreva M.A., Daurova E.A., Guguchkina T.I., Veter Yu.A. Protoclones of Chardonnay grape variety in the plantings of CJSC ”Mirniy”. Winemaking and Viticulture. 2010;5:45 (*in Russian*).
8. Петров В.С., Ильницкая Е.Т., Нудьга Т.А., Сундырева М.А., Даурова Е.А., Гугучкина Т.И., Музыченко А.Б. Протоклоны винограда сортов Алиготе, Саперави и Цимлянский черный в АФ «Фанагория-агро» // Виноделие и виноградарство. 2010;4:26-27.
Petrov V.S., Ilnitskaya E.T., Nud'ga T.A., Sundyreva M.A., Daurova E.A., Guguchkina T.I., Muzychenko A.B. Protoclones grape taps Aligote, Saperavi and Tsymlyans'kyi black in AF Phanagoria-agro. Winemaking and Viticulture. 2010;4:26-27 (*in Russian*).
9. Клименко В.П. Генетическая интерпретация клоновой селекции винограда // «Магарач». Виноградарство и виноделие. 2019;21(4):282-288. DOI 10.35547/IM.2019.21.4.001.
Klimenko V.P. Genetic interpretation of clone selection of grapes. Magarach. Viticulture and winemaking. 2019;21(4):282-288. DOI 10.35547/IM.2019.21.4.001 (*in Russian*).
10. Resolution OIV-VITI 702-2023. Publication of the 3rd edition of “OIV descriptor list of grape vine varieties and Vitis species”. OIV, 2023. https://www.oiv.int/node/3028/download/pdf (date of access: 22.04.2026).
11. 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. Theoretical and Applied Genetics. 2010;120:1219-1231. DOI 10.1007/s00122-009-1250-8.
12. Regner F., Hack R., Santiago J.L. Highly variable Vitis microsatellite loci for the identification of Pinot Noir clones. Vitis. 2006;45(2):85-91.
13. Moncada X., Hinrichsen P. Limited genetic diversity among clones of red wine cultivar 'Carmenère' as revealed by microsatellite and AFLP markers. Vitis. 2007;46(4):174-180.
14. Regner F., Wiedeck E., Stadlbauer A. Differentiation and identification of White Riesling clones by genetic markers. Vitis. 2000;39(3):103-107.

15. Vignani R., Bowers J.E., Meredith C.P. Microsatellite DNA polymorphism analysis of clones of Vitis vinifera 'Sangiovese'. Scientia Horticulturae. 1996;65:163-169. DOI 10.1016/0304-4238(95)00865-9.

16. Технологии производства элитного посадочного материала и виноградной продукции, отбора лучших протоклонов винограда. Краснодар: ООО РИА «АлВи-Дизайн». 2005:1-256.

Technologies for the production of elite planting material and grape products, and the selection of the best grape protoplasts. Krasnodar: RIA AlVi-Design LLC. 2005:1-256 (*in Russian*).

17. Петров В.С., Алейникова Г.Ю., Марморштейн А.А. Методы исследований в виноградарстве. Краснодар: ФГБНУ СКФНЦСВВ. 2021:1-147.

Petrov V.S., Aleynikova G.Yu., Marmorstein A.A. Research methods in viticulture. Krasnodar: FSBSI NCFSCHVW. 2021:1-147 (*in Russian*).

18. Vitis international variety catalogue (VIVC). Julius Kuhn-Institute. http://www.vivc.de (date of access: 22.04.2026).

19. Vitis international variety catalogue (VIVC). Julius Kuhn-Institute. Microsatellite Data of Varieties. https://www.vivc.de/index.php?r=eva-analysis-mikrosatelliten-vivc%2Fresultmsatvar&EvaAnalysisMikrosatellitenVivcSearch%5Bleitname_list%5D=&EvaAnalysisMikrosatellitenVivcSearch%5Bleitname_list%5D%5B%5D=PINOT+BLANC&EvaAnalysisMikrosatellitenVivcSearch%5Bleitname_list%5D%5B%5D=PINOT+GRIS&EvaAnalysisMikrosatellitenVivcSearch%5Bleitname_list%5D%5B%5D=PINOT+NOIR&EvaAnalysisMikrosatellitenVivcSearch%5BName_in_bibliography%5D= (date of access: 22.04.2026).

Информация об авторах

Валерий Семенович Петров, д-р с.-х. наук, вед. науч. сотр. лаб. управления воспроизводством в ампелоценозах и экосистемах; е-мейл: petrov_53@mail.ru; https://orcid.org/0000-0003-0856-7450;

Елена Тарасовна Ильницкая, канд. биол. наук, зав. лаб. сортоизучения и селекции винограда; е-мейл: ilnitskaya79@mail.ru; https://orcid.org/0000-0002-2446-0971;

Иван Александрович Чурсин, зам. генерального директора по сельскому хозяйству;

Евгений Анатольевич Кожевников, аспирант, мл. науч. сотр. лаб. сортоизучения и селекции винограда; е-мейл: zhenya.kozhevnikov.2017@bk.ru;

Татьяна Дмитриевна Козина, аспирант, мл. науч. сотр. лаб. сортоизучения и селекции винограда; е-мейл: tiaanta@yandex.ru.

Information about the authors

Valeriy S. Petrov, Dr. Agric. Sci., Leading Staff Scientist, Laboratory of Reproduction Management in Ampelocenoses and Ecosystems; e-mail: petrov_53@mail.ru; https://orcid.org/0000-0003-0856-7450;

Elena T. Ilnitskaya, Cand. Biol. Sci., Head of the Laboratory of Grape Variety Research and Breeding; e-mail: ilnitskaya79@mail.ru; https://orcid.org/0000-0002-2446-0971;

Ivan A. Chursin, Deputy Director General for Agriculture;

Evgeniy A. Kozhevnikov, Postgraduate, Junior Staff Scientist, Laboratory of Grape Variety Research and Breeding; e-mail: zhenya.kozhevnikov.2017@bk.ru;

Tatjana D. Kozina, Postgraduate, Junior Staff Scientist, Laboratory of Grape Variety Research and Breeding; e-mail: tiaanta@yandex.ru.

Статья поступила в редакцию 22.04.2026, одобрена после рецензии14.05.2026, принята к публикации 30.10.2026.