

Оценка уровня аллельного полиморфизма SSR-маркеров и генетических дистанций некоторых сортов винограда Юга России разных эколого-географических групп

Рисованная В.И.¹, Гориславец С.М.¹, Dr. François Lefort²

¹Всероссийский национальный научно-исследовательский институт виноградарства и виноделия «Магарач» РАН, Россия, Республика Крым, 298600, г. Ялта, ул. Кирова, 31.

²Institut Terre-Nature-Environnement (inTNE) Plantes et pathogènes, 150 route de Presinge, 1254 Jussy, Suisse

Аннотация. Представлены результаты оценки генетического разнообразия 24 местных сортов юга России, поддерживаемых на ампелографической коллекции ФГБУН «ВНИИВиВ «Магарач». ДНК-типирование сортов и оценка аллельного разнообразия выполнено с использованием 9 ядерных (nSSR) и 3 хлоропластных (cpSSR) микросателлитных локусов. Уровень полиморфизма nSSR локусов составил 100 %. Всего было идентифицировано 73 аллеля, в среднем 9.1 аллеля / локус. Минимальное количество аллелей идентифицировано в локусах *ssrVrZAG64* и *ssrZag83*. Наибольшее количество аллелей выявлено в локусе *ssrVvUCH29* (13 аллелей), диапазон размера которых составил 203 п.н. – 309 п.н. В результате анализа полиморфизма cpSSR-локусов идентифицировано 4 хлоротипа: А, В, С, D. Наиболее распространен в группе изученных сортов хлоротип D (58 %). В статье обсуждается происхождение сортов на основе анализа их гаплотипов. По результатами анализа аллельного полиморфизма nSSR-локусов рассчитана матрица генетических дистанций, значения которой находились в диапазоне 0,33–0,94, построена дендрограмма, отражающая взаимоотношения между образцами. По степени генетического сходства выделились 3 основных кластера, в которых наблюдалась дифференциация или тенденция к дифференциации по эколого-географическим группам.

Ключевые слова: виноград; *Vitis vinifera*; микросателлитные локусы; эколого-географические группы.

Для цитирования: Рисованная В.И., Гориславец С.М., François L. Оценка уровня аллельного полиморфизма SSR-маркеров и генетических дистанций некоторых сортов винограда Юга России разных эколого-географических групп // «Магарач». Виноградарство и виноделие, 2021; 23(4):330-335. DOI 10.35547/IM.2021.23.4.004

Assessment of the level of allelic polymorphism of SSR markers and genetic distances of some grape varieties of the South of Russia of different ecological-geographical groups

Risovannaya V.I.¹, Goryslavets S.M.¹, Dr. François Lefort²

¹All-Russian National Research Institute of Viticulture and Winemaking Magarach of the RAS, 31 Kirova Str., 298600 Yalta, Republic of Crimea, Russia

²Institut Terre-Nature-Environnement (inTNE) Plantes et pathogènes, 150 route de Presinge, 1254 Jussy, Suisse

Abstract. The assessment results of genetic diversity of 24 local varieties of the South of Russia, maintained in the ampelographic collection of the FSBSI Institute Magarach are presented. DNA typing of cultivars and assessment of allelic diversity was performed using 9 nuclear (nSSR) and 3 chloroplast (cpSSR) microsatellite loci. The level of polymorphism of nSSR loci was 100%. A total of 73 alleles were identified with an average of 9.1 alleles per locus. The minimal number of alleles was observed in the *ssrVrZAG64* and *ssrZag83* loci. The biggest number of alleles was found in the *ssrVvUCH29* locus (13 alleles), the size range of which was 203 bp-309 bp. As a result of polymorphism analysis of cpSSR loci, 4 chlorotypes were identified: A, B, C, D. Chlorotype D is the most widespread in the group of the studied cultivars (58%). The article discusses the origin of varieties based on the analysis of their haplotypes. Based on the results of the analysis of allelic polymorphism of nSSR loci, a matrix of genetic distances was calculated, the values of which were in the range of 0.33-0.94, and a dendrogram, reflecting the relationship between the samples, was constructed. According to the degree of genetic similarity, 3 main clusters were distinguished, in which differentiation or a tendency towards differentiation by ecological-geographical groups was observed.

Key words: grapes; *Vitis vinifera*; microsatellite loci; ecological-geographical groups.

For citation: Risovannaya V.I., Goryslavets S.M., Lefort F. Assessment of the level of allelic polymorphism of SSR markers and genetic distances of some grape varieties of the South of Russia of different ecological-geographical groups. Magarach. Viticulture and Winemaking. 2021; 23(4):330-335 (in Russian). DOI 10.35547/IM.2021.23.4.004

Введение

Аборигенные сорта винограда, произрастающие в разных регионах, представляют большую ценность как национальный генофонд. Среди аборигенных сортов важное значение имеют сорта, произрастающие на юге материковой части России (Дагестан, Дон) [1].

Большая часть сортов, включённых в исследование, относится к восточно-кавказской подгруппе эколого-географической группы бассейна Черного моря *V. vinifera* *convar. pontica* Negr. *subconvar. ostcaucasica* Al. [2, 3]. Многие аборигенные сорта представляют значительную ценность не только для возделывания и приготовления высококачественных вин, но и для использования в селекционной работе. Так, например,

использование в селекционных программах сортов Цимлянский черный, Плечистик, Сибирьковский, Пухляковский, Брусковатенький позволили получить 33 новых селекционных сорта. Сорт Пухляковский был использован в гибридизации в качестве материнской формы при выведении 14 сортов винограда. При свободном опылении сорта Пухляковский получено 5 сортов [1, 3, 4].

Появление молекулярных маркеров позволило получить новые экспериментальные данные для уточнения вопросов происхождения и генетических взаимоотношений между сортами [5, 6]. SSR-маркеры, использованные в нашем исследовании, являются одной из наиболее эффективных ДНК-маркерных систем, используемых в селекции и генетике для генотипирования, оценки уровня полиморфизма и изучения генетического разнообразия коллекций сортов винограда [7–9]. Изучение российских аборигенных сортов, произрастающих на национальной ампелографической коллекции Института «Магарач», позволит не только оценить генетическое разнообразие, дистанции между сортами, но также выявить синонимы и омонимы, и создать банк данных ДНК-фингерпринтов для изучения и сохранения генетического разнообразия коллекции зародышевой плазмы Института «Магарач», возможного использования в селекционных программах и для получения чистосортной продукции.

Цель данного исследования – генотипирование и изучение генетического разнообразия аборигенных сортов винограда Юга России, поддерживаемых в коллекции зародышевой плазмы Института «Магарач», с использованием технологий ДНК-маркирования.

Материалы и методы исследований

В исследование включена группа из 24 российских аборигенных сортов винограда, в основном технического направления использования, произрастающих на национальной ампелографической коллекции ФГБУН «ВНИИВиВ "Магарач" РАН». Большая часть российских аборигенных сортов включена в «Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию» по Северо-Кавказскому региону РФ (<https://reestr.gossortrf.ru>); клоны этих сортов зарегистрированы в ФГУ «Государственная комиссия по испытанию и охране селекционных достижений» Министерства сельского хозяйства Российской Федерации [3]. Краткая характеристика сортов представлена в табл. 1.

Геномная ДНК экстрагирована из тканей молодого листа в соответствии с методикой [10]. SSR-ПЦР выполнена с использованием 9 ядерных (nSSR) (*ssrVVS2*, *ssrVrZAG21*, *ssrVrZAG47*, *ssrVrZAG62*, *ssrVrZAG64*, *ssrVrZAG79*, *ssrVrZAG83*, *ssrVvUCH11*, *ssrVvUCH29*) и 3 хлоропластных (cpSSR) (*ccmp 3*, *ccmp 5*, *ccmp 10*) микросателлитных локусов [11–13]. ПЦР выполнена на амплификаторе Gradient Mastercycler (Eppendorf, Германия). Реакционная смесь общим объемом 20 мкл включала: 1 мкМ каждого праймера, 100 мкМ каждого dNTP, 1,5 мМ MgCl₂ в буфере, 75 мМ Трис-HCl (pH 9,0), 50 мМ KCl, 20 мМ (NH₄)₂SO₄, 0,5 единицы Taq-полимеразы и 50 нг ДНК-матрицы.

SSR-маркеры были объединены с учетом диапазонов размеров амплифицируемых фрагментов по каждому локусу, согласно температуре отжига пар праймеров; в одном наборе использовали различные флуоресцентные красители. Для всех локусов применяли стандартный протокол амплификации с температурой отжига для всех праймеров 50 °С, за исключением *ssrVrZAG64*, температура отжига которого была 58 °С. В качестве контроля размеров амплифицированных фрагментов были использованы референсные генотипы Шардоне и Каберне-Совиньон. Анализ ПЦР-продуктов выполнен на ABI Prism 3130 (Applied Biosystems) и ALFExpress 2 DNA Sequencer (American Biosciences). Размеры фрагментов определены с помощью программы GeneMapper (v.4) Полиморфизм микросателлитных локусов и генетическое разнообразие рассчитано с использованием программы Popgene (v. 1.32). Генетические дистанции и построение на их основе дендрограммы выполнено с использованием программы DARwin (v.6.0.11).

Обсуждение результатов

В результате фрагментного анализа были получены микросателлитные профили 24 российских аборигенных сортов винограда по 9 nSSR-локусам. Всего идентифицировано 73 аллеля, в среднем 9.1 аллеля/локус. Этот показатель выше средних показателей в выборке дагестанских сортов (7.3 аллеля/локус) [4], проанализированных по 6 SSR-локусам [6] или выборке турецких сортов (7.9 аллеля/локус) [9]. Минимальное количество аллелей идентифицировано в локусах *ssrVrZAG64* (5 аллелей) и *ssrZag83* (4 аллеля) (табл.2). В локусе *ssrVvUCH29* выявлено наибольшее количество аллелей (13 аллелей), диапазон размера которых составил 203–309 п.н. Наиболее часто встречались сорта, в генотипах которых идентифицирован аллель 209 п.н. Ожидаемая гетерозиготность (*He*) составила 0.80. Средняя гетерозиготность (*Ave He*) – 0.78, которая варьировала в диапазоне от 0.6597 (*ssrVrZAG83*) до 0.8559 (*ssrVvUCH29*). Среднее значение фактической гетерозиготности (0.8008) совпадало с ожидаемой (0,8009), т.е. отклонение от равновесия по Харди-Вайнбергу не наблюдалось. Эффективное число аллелей (*Ne*) является мерой генетического разнообразия (Kimura, 1964). Среднее значение *Ne* – 4,91; максимальное – 6,94 (*ssrVvUCH29*); минимальное – 2,94 (*ssrVrZAG83*) (табл. 2).

Уровень полиморфизма локусов составил 100 %. Наиболее часто встречались сорта, в генотипах которых идентифицированы аллели локусов *VVS2*₁₄₄, *ssrVrZAG21*₁₉₀, *ssrVrZAG47*₁₇₂, *ssrVrZAG62*₁₉₅, *ssrVrZAG64*₁₄₃, *ssrVrZAG79*₂₅₀, *ssrVrZAG83*₁₉₄, *ssrVvUCH11*₂₄₂, *UCH29*₂₀₉. Сравнительный анализ микросателлитных профилей ДНК изученных сортов позволил установить, что все сорта имеют уникальные профили, синонимов и омонимов не выявлено.

По результатам полученных микросателлитных профилей по 9 nSSR была рассчитана матрица генетических дистанций, значения которой находились в диапазоне 0.39–0.94. Наибольшая генетическая дистанция выявлена между сортами Красностоп золотовский – Агадаи. Близкая к максимальной дистанция

Таблица 1. Краткая характеристика сортов, включенных в исследование
Table 1. Brief characteristics of varieties included in the study

Сорт	Синонимы	Цвет ягод ¹	Напр. исп. ²	Эколого-географическая группа
Агадаи	Дербент цибил	W	T	<i>convar orientalis</i>
Аг изюм	Астраханский скороспелый, Каттак изюм, Тонкокорый	W	T	<i>convar orientalis</i>
Алый терский	Алый, Алый станичный, Джадуцибил, Кара бар, Местный алый, Чеерцибил, Чееребцибил	B	W	<i>convar pontica</i>
Асыл кара	Венгерка черная, Кизляри, Кизлярский черный, Местный черный, Прасковейский чер.	B	W	<i>convar pontica</i>
Буланый	Ясный, Кубышечный, Кормилец	B	TW	<i>convar orientalis</i>
Бурый	Астраханский красный, Силоградский, Сыпун, Венгерез, Ядреника	B	T	<i>convar orientalis</i>
Варюшкин		B	W	<i>convar pontica</i>
Гюляби дагестанский	Ал-изюм, Баар-цибил, Боз-изюм, Догерек кизил, Марджени, Махбер-баарцинаб-цибил	R	TW	<i>convar pontica</i>
Кайтаги	Амшала, Баарцибил, Гуляб, Халадан – Дагестан	WR	TW	<i>convar pontica</i>
Клинчатый	Зимний	B	T	<i>convar orientalis</i>
Красностоп золотовский	Красностоп, Черный винный	B	W	<i>convar pontica</i>
Кумшацкий белый	Белый крупный, Белый кумшацкий, Кумшацкий	W	WT	<i>convar pontica</i>
Лесной белый марагинский	Меше изюм	W	W	
Махбор-цибил	Махбарцибил («бархатный виноград»)	B	W	<i>convar pontica</i>
Махроватчик		W	W	<i>convar pontica</i>
Нарма	Онгу-юнка-узюм	W	WT	<i>convar orientalis</i>
Плечистик	Винный, Горюн, Летун, Осыпняк, Рогатая кисть, Черный винный	B	W	<i>convar pontica</i>
Пухляковский	Корна белая, Мажорка белая Кечкечечуфехер (Венгрия)	W	TW	<i>convar pontica</i>
Риш баба	Дамские пальчики, Дербент цибил, Ирше, Урудж баба, Эреш, Альван, Дербенди розовый, Гелимбармак, Кизылгелин бармак, Кизылузюм, Ховом	W	T	<i>convar orientalis</i>
Сибирьковский	Сибирек	W	W	<i>convar pontica</i>
Тыгыз	Миатлинский белый, Сыг изюм, Сыг-Нарма, Тыгызак	W	TW	
Шавроны		W	WT	<i>convar pontica</i>
Цикрах		B	W	
Цимлянский чёрный	Грушевый, Грушовый, Рогатая кисть, Хрупкая кисть, Черный винный.	B	W	<i>convar pontica</i>

Примечание: ¹Цвет ягоды: W – ягода неокрашенная (или светлоокрашенная); B – чёрная (тёмноокрашенная); R – насыщенно розовая (красная);

²Направление использования: W – технические сорта; T – столовые сорта; *convar orientalis* Negr. – эколого-географическая группа восточных сортов; *convar pontica* Negr. – эколого-географическая группа бассейна Черного моря.

(0.89) была для сортов Бурый – Красностоп золотовский; Плечистик – Агадаи, Махроватчик, Тыгыз; Варюшкин – Аг-изюм; Тыгыз – Асыл кара; Пухляковский – Алый терский, Аг-изюм и Риш Баба; Красностоп золотовский – Гуляби дагестанский, Плечистик; Алый терский – Сибирьковский. Минимальное значение выявлено между генотипами сортов Бурый – Клинчатый и Кайтаги – Гуляби дагестанский.

На основании матрицы генетических дистанций методом Neighbor Joining построена дендрограмма, отражающая дифференциацию сортов, включенных в исследование (рис.).

Все сорта объединились в 3 основных кластера. В первом кластере выделено 4 подкластера: в первый подкластер вошли четыре сорта столового направления использования, Риш баба, Агадаи, Бурый, кото-

Таблица 2. Характеристика полиморфизма микросателлитных локусов, рассчитанная с использованием программы Popgene 32

Table 2. Characteristics of polymorphism of microsatellite loci, calculated using program Popgene 32

Locus	Na	Ne	Ho	He	Ave He
VVS2	9	4.347	0.7500	0.7863	0.7700
ssrVrZAG21	9	5.434	0.9167	0.8333	0.8160
ssrVrZAG47	9	6.194	0.7917	0.8564	0.8385
ssrVrZAG62	8	5.409	0.8750	0.8324	0.8151
ssrVrZAG64	5	4.129	0.7917	0.7739	0.7578
ssrVrZAG79	9	4.535	0.7083	0.7961	0.7795
ssrVrZAG83	4	2.939	0.6250	0.6738	0.6597
ssrVrUCH11	7	4.251	0.8750	0.7810	0.7648
ssrVrUCH29	13	6.940	0.8750	0.8741	0.8559
Mean	9.1	4.9086	0.8009	0.8008	0.7841
St. Dev		1.208	0.0950	0.0592	0.0579

Примечание: Na – общее число идентифицированных аллелей; Ne – эффективное число аллелей; Ho – фактическая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; Ave He – средняя гетерозиготность; Mean – среднее; St. Dev – стандартное отклонение.

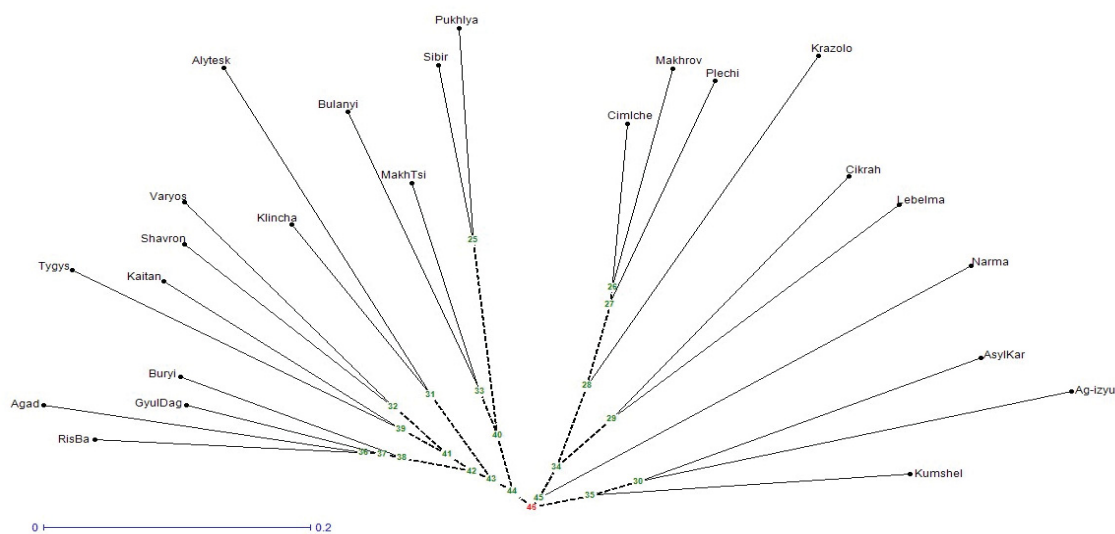


Рис. Дифференциация выборки изученных сортов на основе анализа генетических дистанций с использованием программы DARwin v 6.0 (Neighbor Joining).

Fig. Sample differentiation of the studied varieties based on the analysis of genetic distances using program DARwin v 6.0 (Neighbor Joining).

рые относятся к эколого-географической группе *Convar. orientalis* Negr. В эту же группу вошел сорт Гуляби дагестанский, который относится к *Convar. pontica* Negr. *subconvar. ostcaucasica* Al. Это древний сорт, который широко распространен на виноградниках Дагестана. Предполагают, что он проник из Закавказья [3].

Второй и четвертый подкластер объединил сорта Тыгыз, Кайтаги, Шавраны, Варюшкин, Махбор Цыбил, Сибирьковский и Пухляковский, относящиеся к *Convar. pontica* Negr. *subconvar. ostcaucasica* Al. и сорт Буланы, который относится к *Convar. orientalis subconvar. meridionalibalkanica* Trosch. Предполагают, что Буланы является сеянцем крымского сорта Джеват кара (*Convar. pontica* Negr.). Сравнение SSR-профилей

данных сортов по 9 локусам показало наличие общего аллеля в 8 локусах, что соответствует этой гипотезе. Кроме того, эти сорта очень сходны по фенотипу что, возможно, объясняет размещение сорта в данном подкластере [14].

Третий подкластер объединил два сорта, относящиеся к эколого-географическим группам: Клинкастый (Северный Кавказ, *Convar. orientalis subconvar. antasiatica* Negr.) и дагестанский аборигенный сорт Алы терский (*Convar. pontica* Negr. *subconvar. Ostcaucasica*). Предполагают, что сорт, вероятно, является сеянцем одного из грузинских сортов (*Convar. pontica* Negr.).

Во второй кластер сгруппировались сорта Цимлянский черный, Махроватчик, Плечистик, Крас-

ностоп золотовский, Цыкрах, входящие в таксон *Convar. pontica* Negr. Дагестанский сорт Нарма, относится к *Convar. orientalis subconvar. caspica* Negr. var. *transcaucasica* и примыкает к данному кластеру.

Сорта Асыл кара, Аг изюм и Кумшацкий белый, относящиеся к эколого-географическим группам *Convar. pontica* Negr. *subconvar. ostcaucasica* Al. и *Convar. orientalis subconvar. antasiatica* Negr., объединились в третий кластер, что требует дальнейшего уточнения.

По результатам анализа микросателлитных профилей, синонимов и омонимов среди сортов не выделено. Все SSR-профили были уникальны.

В результате анализа полиморфизма *cpSSR*-локусов в выборке изученных сортов идентифицировано 4 хлоротипа. Наиболее распространен среди изученных сортов хлоротип D (58 %) по классификации Arroyo-García et al. (2006) или хлоротип I по Imazio et al. (2006). Данный хлоротип, по данным Imazio et al. (2006), широко представлен в кавказских образцах [15]. В конце 1-го века до нашей эры Великий шелковый путь разделился там, где река Дон впадает в Азовское море. Возможно, сорта, несущие данный хлоротип, были завезены с Кавказа [2].

Выводы

Использование в наших исследованиях молекулярных маркеров позволило получить новые экспериментальные данные для оценки генетического разнообразия выборки российских аборигенных сортов винограда, поддерживаемых в коллекции зародышевой плазмы Института «Магарач». По результатам анализа микросателлитных профилей, синонимов и омонимов среди сортов не выявлено. Все ДНК-профили были уникальны.

На основе сравнительного анализа матрицы генетических дистанций построена дендрограмма, отражающая дифференциацию изученных сортов винограда по эколого-генетическим группам за исключением сортов Клинчатый, Нарма и Кумшацкий, что требует дальнейшего исследования. Наибольшая генетическая дистанция идентифицирована между сортами Красностоп золотовский и Агадаи.

В результате анализа полиморфизма *cpSSR*-локусов установлено, что у 58% изученных сортов идентифицирован хлоротип D, который наиболее распространен в кавказских образцах.

Источник финансирования

Исследовательская работа выполнена в рамках ГЗ № 0833-2015-0019.

Financing source

The work was conducted under public assignment No. 0833-2015-0019.

Конфликт интересов

Не заявлен.

Conflict of interests

Not declared.

Список литературы

1. Наумова Л.Г., Ганич В.А. Сохранение и изучение генофонда автохтонных донских сортов винограда на коллекции ВНИИВиВ им. Я.И. Потапенко // «Магарач». Виноградарство и Виноделие. 2017;1:9–13.
2. Негруль А. М. Происхождение культурного винограда и

его классификация. В книге: Ампелография СССР. М.: Пищепромиздат, 1946;1:159–216.

3. Трошин Л.П. Аборигенные сорта винограда России. Краснодар: Кубан. гос. аграр. ун-т, 2007:1-256.
4. Ильницкая Е.Т., Токмаков С.В., Супрун И.И., Макаркина М.В. Фингерпринтинг аборигенных дагестанских сортов винограда по данным микросателлитного анализа [Электронный ресурс] // Плодоводство и виноградарство Юга России. 2015;31:01. <http://journal.kubansad.ru/pdf/15/01/02.pdf>.
5. Sefc K.M., Pejić I., Maletić E., Thomas M.R. & Lefort F. Microsatellite Markers For Grapevine: Tools For Cultivar Identification & Pedigree Reconstruction. Roubelakis-Angelakis K.A. (ed.). Grapevine Molecular Physiology & Biotechnology, 2009;2:565. DOI 10.1007/978-90-481-2305-6_21, © Springer Science+Business Media B.V.
6. This P., Jung A., Boccacci P., Borrego J. et al. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars. Theor. Appl. Genet. 2004;109:1448–1458.
7. Layout V., Lacombe T., Dechesne F. et al. High through put analysis of grape genetic diversity as a tool for germ plasm collection management. Theor. Appl. Genet. 2011;122: 1233–1245. DOI: 10.1007/s00122-010-1527-y
8. Cipriani G., Spadotto A., Jurman I., Di Caspero G., Crespan M., Meneghetti S. et al. 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. Theor. Appl. Genet. 2010;121:1569–1585. DOI: 10.1007/s00122-010-1411-9.
9. Karatas H., Karaagac E., Karatas D. Sabit Agaoglu Genetic characterization of grapevine germplasm (*Vitis vinifera* L.) by SSR (simple sequence repeats) in Sanliurfa province, South-East Turkey. Fresenius Environmental Bulletin. 2019;28(5):3835–3842.
10. Lefort F., Douglas G.C. An Efficient micro-method of DNA isolation from mature leaves of four hardwood tree species Acer, Fraxinus, Prunus and Quercus. Ann. For. Sci. 1999;56:259–263.
11. Lefort F., Pelsy F., Schehrer L., Scott K.D. and Merdinoglu D. Assessment of two highly polymorphic microsatellite loci in 103 accessions of *Vitis* species. J. Int. Sci. Vigne Vin. 2003;37(2):67–74.
12. Sefc K.M., Regner F., Tureschek E., Glössi J. and Steinkellner H. Identification of Microsatellite Sequences in *Vitis riparia* and Their Applicability for Genotyping of Different *Vitis* Species. Genome, 1999;42:367–373. <http://dx.doi.org/10.1139/gen-42-3-367>.
13. Arroyo-García R., Ruiz-García L., Bolling L., Ocete R., Lopez M.A. et al. Multiple origins of cultivated grapevine (*Vitis vinifera* L. *Ssp sativa*) based on chloroplast DNA polymorphism. Mol. Ecol. 2006;15:3707–3714. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2006.03049.x
14. Рисованная В.И., Гориславец С.М. К вопросу о генетическом родстве сортов винограда Джебват кара и Буланый // «Магарач». Виноградарство и Виноделие. 2018;2:4–6.
15. Imazio S., Labra M., Grassi F., Scienza A., Failla O. Chloroplast microsatellites to investigate the origin of grapevine. Genet. Res. Crop Evol. 2006;53:1003–1011.

References

1. Naumova L.G., Ganich V.A. Preservation and study of gene pool of autochthonous Don grape varieties in the collection ARRIV&W. Magarach. Viticulture and Winemaking, 2017;1:9–13 (in Russian).

2. Negrul A. M. The origin of cultivated grapes and its classification. In the book: *Ampelography of the USSR*. M.: Pishchepromizdat, 1946;1:159-216 (in Russian).
3. Troshin L.P. Aboriginal grape varieties of Russia. Krasnodar: Kuban State Agrarian University. 2007:1-256 (in Russian).
4. Ilnitskaya E., Tokmakov S., Suprun I., Makarkina M. Fingerprinting of local Dagestan grape cultivars using microsatellite analysis. *Fruit growing and viticulture of South Russia*. 2015;31:01 (in Russian). <http://journal.kubansad.ru/pdf/15/01/02.pdf>
5. Sefc K.M., Pejić I., Maletić E., Thomas M.R. & Lefort F. Microsatellite Markers For Grapevine: Tools For Cultivar Identification & Pedigree Reconstruction. Roubelakis-Angelakis K.A. (ed.). *Grapevine Molecular Physiology & Biotechnology*, 2009;2:565. DOI 10.1007/978-90-481-2305-6_21, © Springer Science+Business Media B.V.
6. This P., Jung A., Boccacci P., Borrego J. et al. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 2004;109:1448-1458.
7. Layout V., Lacombe T., Dechesne F. et al. High through put analysis of grape genetic diversity as a tool for germ plasm collection management. *Theor. Appl. Genet.* 2011;122: 1233-1245. DOI: 10.1007/s00122-010-1527-y
8. Cipriani G., Spadotto A., Jurman I., Di Caspero G., Crespan M., Meneghetti S. et al. 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. *Theor. Appl. Genet.* 2010;121:1569-1585. DOI: 10.1007/s00122-010-1411-9.
9. Karatas H., Karaagac E., Karatas D. Sabit Agaoglu Genetic characterization of grapevine germplasm (*Vitis vinifera* L.) by SSR (simple sequence repeats) in Sanliurfa province, South-East Turkey. *Fresenius Environmental Bulletin*. 2019;28(5):3835-3842.
10. Lefort F., Douglas G.C. An Efficient micro-method of DNA isolation from mature leaves of four hardwood tree species Acer, Fraxinus, Prunus and Quercus. *Ann. For. Sci.* 1999;56:259-263.
11. Lefort F., Pelsy F., Schehrer L., Scott K.D. and Merdinoglu D. Assessment of two highly polymorphic microsatellite loci in 103 accessions of *Vitis* species. *J. Int. Sci. Vigne Vin*. 2003;37(2):67-74.
12. Sefc K.M., Regner F., Tureschek E., Glössi J. and Steinkellner H. Identification of Microsatellite Sequences in *Vitis riparia* and Their Applicability for Genotyping of Different *Vitis* Species. *Genome*, 1999;42:367-373. <http://dx.doi.org/10.1139/gen-42-3-367>.
13. Arroyo-García R., Ruiz-García L., Bolling L., Ocete R., Lopez M.A. et al. Multiple origins of cultivated grapevine (*Vitis vinifera* L. *Ssp sativa*) based on chloroplast DNA polymorphism. *Mol Ecol.* 2006;15:3707-3714. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2006.03049.x
14. Risovannaya V.I., Gorislavets S.M. To the issue of genetic affinity of 'Gevat Kara' and 'Bulannyi' grapes. *Magarach. Viticulture and Winemaking*, 2018;23(2):4-6 (in Russian).
15. Imazio S., Labra M., Grassi F., Scienza A., Failla O. Chloroplast microsatellites to investigate the origin of grapevine. *Genet. Res. Crop Evol.* 2006;53:1003-1011.

Сведения об авторах

Валентина Ивановна Рисованная, канд. биол. наук., вед. науч. сотр. лаборатории молекулярно-генетических исследований; e-мэйл: vrisovan@rambler.ru; <http://orcid.org/0000-0003-2208-798x>;

Светлана Михайловна Гориславец, канд. биол. наук., вед. науч. сотр., зав. лаборатории молекулярно-генетических исследований; e-мэйл: goricvet_2@rambler.ru; <http://orcid.org/0000-0002-6749-8048>;

François Lefort, Dr., Professeur HES ordinaire Responsable de groupe; e-мэйл: francois.lefort@hesge.ch; <https://orcid.org/0000-0002-9977-9952>.

Information about authors

Valentina I. Risovannaya, Cand. Biol. Sci., Leading Staff Scientist of the Laboratory of Molecular-Genetic Research; e-mail: vrisovan@rambler.ru; <http://orcid.org/0000-0003-2208-798x>;

Svitlana M. Goryslavets, Cand. Biol. Sci., Leading Staff Scientist, Head of the Laboratory of Molecular-Genetic Research; e-mail: goricvet_2@rambler.ru; <http://orcid.org/0000-0002-6749-8048>;

François Lefort, Dr., Professeur HES ordinaire Responsable de groupe; e-mail: francois.lefort@hesge.ch; <https://orcid.org/0000-0002-9977-9952>.

Статья поступила в редакцию 10.11.2021 г., одобрена после рецензии 17.11.2021 г., принята к публикации 19.11.2021 г.