

УДК 634.8
EDN LZFXRP

ОРИГИНАЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

Результаты идентификации сортовой принадлежности винограда с использованием SSR-маркеров для хозяйств Крыма в 2024 г.

Спотарь Г.Ю.¹✉, Мироненко А.А.¹, Спотарь Е.Н.¹, Пахомова Е.П.¹, Авидзба А.М.²

¹Всероссийский национальный научно-исследовательский институт виноградарства и виноделия «Магарач» Национального исследовательского центра «Курчатовский институт», г. Ялта, Россия;

²Российская академия наук, Секция хранения и переработки сельскохозяйственной продукции, Москва, Россия.

✉molgenet_lab@magarach-institut.ru

Аннотация. Реализация достоверной идентификации сортовой принадлежности образцов посадочного материала и промышленных насаждений винограда (*Vitis* L.) является одним из условий стабильного развития виноградарско-винодельческой отрасли Российской Федерации. Для хозяйств данной отрасли Крыма в 2024 г. выполнены исследования по идентификации сортовой принадлежности предоставленных образцов винограда в количестве 91 шт. с использованием стандартизированной методики определения сортов на основе 9 SSR-маркеров, разработанной лабораторией молекулярно-генетических исследований. Была установлена сортовая принадлежность 90 образцов (98,9 %), полученный генетический профиль одного образца отсутствовал в базе генотипов. Из поступивших образцов только 18,7 % представляли посадочный материал винограда в виде саженцев, 81,3 % были отобраны в производственных насаждениях винограда. Было установлено, что 14,5 % образцов не соответствуют заявленному заказчиком сорту, что свидетельствует о необходимости ускорения внедрения и более широкого применения молекулярно-генетических методов идентификации сортов при инвентаризации виноградных насаждений и тестировании посадочного материала. Большинство представленных образцов относились к техническим (61,1 %) и универсальным сортам (27,8 %). Доля столовых сортов составляла лишь 3,3 %, доля подвойных сортов – 7,8 %. Подавляющее большинство представленных образцов принадлежали к техническим сортам винограда западноевропейского происхождения: Франция – 64,5 %, Италия – 13,3 %. Количество образцов отечественных сортов составило только 4,5 %, что говорит о недостаточном использовании виноградарскими хозяйствами потенциала местных сортов, в том числе крымских автохтонов – на испытания были представлены только сорта Кокур белый и Кок пандас. При генотипировании обнаружены генетические вариации по одному аллелю в профилях сортов Пино менье (VVS2), Пети Мансен (VVMD32) и Мерло (VVMD27). Были дополнены молекулярно-генетические паспорта до 9 SSR-маркеров у крымских сортов Кок пандас и Цитронный Магарача для идентификации сортовой принадлежности.

Ключевые слова: виноград; посадочный материал; промышленные насаждения; сортовое соответствие; SSR-маркеры; генетический профиль; варибельность SSR-маркеров.

Для цитирования: Спотарь Г.Ю., Мироненко А.А., Спотарь Е.Н., Пахомова Е.П., Авидзба А.М. Результаты идентификации сортовой принадлежности винограда с использованием SSR-маркеров для хозяйств Крыма в 2024 г. // «Магарач». Виноградарство и виноделие. 2025;27(3):216-220. EDN LZFXRP.

ORIGINAL RESEARCH

The results of grapevine varietal identification using SSR markers for Crimean vineyards in 2024

Spotar G.Yu.¹✉, Mironenko A.A.¹, Spotar E.N.¹, Pakhomova E.P.¹, Avidzba A.M.²

¹All-Russian National Research Institute of Viticulture and Winemaking "Magarach" of the National Research Centre "Kurchatov Institute", Yalta, Russia;

²Russian Academy of Sciences, Section of Storage and Processing of Agricultural Products, Moscow, Russia.

✉molgenet_lab@magarach-institut.ru

Abstract. Implementation of reliable varietal identification of planting material samples and industrial vineyards (*Vitis* L.) is one of the conditions for stable development of viticulture and winemaking in the Russian Federation. For Crimean farms of this industry in 2024, the studies on varietal identification of 91 submitted grape samples were carried out using a standardized method for identification grape varieties based on 9 SSR markers, developed by the Laboratory of Molecular Genetic Research. The varietal identification of 90 samples (98.9%) was established, the obtained genetic profile of one sample was absent in the genotype database. Only 18.7% of the submitted samples were represented as a seeding planting material, and the rest 81.3% were selected from industrial vineyards. It was found that 14.3% of samples did not correspond to the variety declared by the customer, indicating the necessity to accelerate the implementation and increased use of molecular genetic methods for identifying varieties in the inventory of vineyards and testing of planting material. Most of the submitted grape samples were of wine (61.1%) and multipurpose (27.8%) varieties. The proportion of table varieties was only 3.3%, rootstock varieties – 7.8%. The overwhelming majority of submitted samples were wine grape varieties of Western European origin: France – 64.5%, Italy – 13.3%. The number of samples of domestic varieties was only 4.5%, indicating insufficient usage by domestic wineries the potential of local varieties, including Crimean autochthons – only 'Kokur Belyi' and 'Kok Pandas' varieties were submitted for testing. Genotyping revealed genetic variations in one allele in the profiles of 'Pinot Meunier' (VVS2), 'Manseng Petit Blanc' (VVMD32) and 'Merlot Noir' (VVMD27) varieties. Molecular genetic passports of Crimean varieties 'Kok Pandas' and 'Tsironnyi Magarach' were completed up to 9 SSR markers for varietal identification.

Key words: grapes; planting material; industrial vineyards; varietal matching; SSR markers; genetic profile; variability of SSR markers.

For citation: Spotar G.Yu., Mironenko A.A., Spotar E.N., Pakhomova E.P., Avidzba A.M. The results of grapevine varietal identification using SSR markers for Crimean vineyards in 2024. Magarach. Viticulture and Winemaking. 2025;27(3):216-220. EDN LZFXRP (in Russian).

Введение

Для успешного развития виноградарско-винодельческой отрасли в Республике Крым и других регионах Российской Федерации требуется точное сортовое соответствие используемого посадочного материала ви-

нограда (*Vitis* L.) и установление чистосортности промышленных насаждений виноградников. Для получения высококачественных марок вин, которые ценятся и востребованы на рынке, требуется использование строго определенных сортов винограда, считающихся потребителями элитными, с которыми традиционно связывают качество получаемой продукции, так как

виноделие является классической отраслью. В связи с этим значимость достоверной и доступной идентификации сортов винограда в виноградарско-винодельческой отрасли трудно переоценить.

У виноградарско-винодельческих хозяйств и организаций возникает необходимость в определении сортовой принадлежности при закупке партии саженцев для подтверждения сортового соответствия; при инвентаризации существующих промышленных виноградников для выявления примесей; в работе питомниководческих центров при производстве и продаже саженцев; при отгрузке винограда или виноматериала для подтверждения качества потребителю; для установления агротехнических условий выращивания насаждений и в других случаях.

Надежным методом идентификации сортов растений является генотипирование с помощью ДНК-маркеров, что позволяет достоверно и сравнительно быстро определить сортовую принадлежность образцов. Среди ДНК-маркеров микросателлитные маркеры (SSR-маркеры) являются наиболее полезными при идентификации сортов винограда. Европейскими научными учреждениями в проектах «GenRes 081» и «GrapeGen06» была разработана и принята система точной идентификации сортов винограда на основе стандартизированного набора из 9 ядерных полиморфных SSR-маркеров, которая получила международное признание. Каждый из 9 SSR-маркеров был включен в качестве дескриптора винограда в «OIV Descriptor list of grape vine varieties and Vitis species» (3rd edition) [1–3].

С начала 2000-х гг. на основе SSR-маркеров в европейских странах интенсивно шел процесс идентификации сортового разнообразия и установления происхождения сортов европейского генофонда винограда и в последующем генофонда стран восточной Европы, Кавказа и Азии. Полученные знания о генотипах сортов были обработаны и собраны в базах европейских стран, таких как Международный каталог сортов винограда «Vitis International Variety Catalogue» (VIVC), находящийся в открытом доступе. В VIVC представлены генетические профили сортов по 9-ти стандартным ядерным SSR-локусам и их хлоротип. Однако в базе VIVC отсутствуют профили некоторых отечественных, а также восточноевропейских и среднеазиатских сортов [4–8].

Лабораторией молекулярно-генетических исследований в 2024 г. на основе предложенного стандартизированного набора из 9 SSR-маркеров была разработана «Методика определения сортовой принадлежности генотипов винограда с помощью микросателлитных маркеров (SSR-маркеров)», прошедшая метрологическую экспертизу в ФГБУ «Всероссийский государственный Центр качества и стандартизации лекарственных средств для животных и кормов» (ФГБУ «ВГНКИ»). Разработанная методика содержит описание всего комплекса работ по пробоподготовке, выделению качественной ДНК винограда, амплификации, генотипированию с помощью фрагментного анализа и интерпретации результатов для точной идентификации сортовой принадлежности образцов

винограда. Кроме этого, лабораторией ведется работа по получению генетических профилей ранее не исследованных сортов при паспортизации образцов Ампелографической коллекции «Магарач» с последующим составлением баз генотипов для их использования при идентификации сортов. Работы по идентификации сортовой принадлежности образцов хозяйств Крыма лабораторией ведутся с 2021 г. Для проведения исследований был выполнен анализ эффективности идентификации с помощью SSR-маркеров сортов и клонов винограда западно-европейского происхождения, в связи с обнаруженной вариабельностью SSR-маркера и сложностью в дифференциации сортов и клонов в сортогруппах Пино, Мерло, Темпранильо [9].

В 2024 г. для многих виноградарско-винодельческих хозяйств Крыма, от ведущих до малых, включая КФХ, а также для поставщиков посадочного материала винограда, лабораторией молекулярно-генетических исследований была проведена идентификация сортовой принадлежности у представленных 91 образцов. Образцы отбирались заказчиком из партий саженцев либо в промышленных насаждениях винограда.

Практическая ценность работы заключается в рассмотрении положительного опыта внедрения в широкую практику виноградарско-винодельческой отрасли Крыма идентификации сортов винограда с помощью SSR-маркеров.

Научной новизной в данном исследовании является анализ обнаруженной вариабельности SSR-маркеров в генетических профилях 3-х сортов на большом количестве исследуемых образцов и дополнение молекулярно-генетических паспортов по 9 SSR-маркерам крымских сортов.

Цель исследования – показать практическую реализацию метода по определению сортовой принадлежности винограда для хозяйств Крыма на основе 9 SSR-маркеров и провести анализ состава поступивших образцов, выявленного несоответствия заявленным сортам и обнаруженной вариабельности в генетических профилях отдельных сортов.

Материалы и методы исследования

Из предоставленных заказчиком образцов в виде молодых листьев винограда либо саженцев и черенков выделение ДНК осуществляли из листьев, либо камбия модифицированным методом на основе СТАВ (2 % cetyltrimethylammonium bromide) с добавлением меркаптоэтанола и поливинилпирролидона [10]. Количество и чистоту выделенной ДНК измеряли на спектрофотометре BioPhotometer plus (Eppendorf, США). Значения коэффициентов, характеризующих чистоту ДНК: $A_{260}/A_{280} > 1,6$; $A_{260}/A_{230} > 1,4$ обеспечивали необходимое качество генотипирования. Для генотипирования сортов использовали стандартный набор из 9 ядерных (nSSR) маркеров: VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZAG62 и VrZAG79 [1, 11].

Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) проводили на амплификаторе T100 (BIO-RAD, США) при следующих условиях: 1) денатурация при 95 °C – 5 мин; 2) 35 циклов: при 95 °C – 30 с (денатурация); 58 °C – 30 с (отжиг); 72 °C – 45 с (элонгация); 3) при 72 °C – 15 мин

(окончательная элонгация). Каждый прямой праймер был помечен на 5'-конце флуоресцентной меткой (6-FAM, 6-TAMRA или 5-R6G). Использовалась мультиплексная ПЦР с внесением в реакционный объем 2–3 пары праймеров от 0,5 до 3 пикомоль каждого праймера. Амплификация была проведена в общем реакционном объеме 15 мкл с использованием 2,5-кратной реакционной смеси (ООО «Синтол»), в реакционный объем вносили 20 нг ДНК.

Разделение продуктов амплификации выполняли методом капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе ABI 3130 (Applied Biosystems, США). Определение длин аллелей проводили в программном приложении GeneMapper (Version 4.0) с использованием размерного стандарта СД-450 (ООО «Синтол»). Стандартизация размеров аллелей была выполнена с применением распространенных референсных сортов согласно рекомендациям VIVC [4].

Исследования проводились согласно «Методике определения сортовой принадлежности генотипов винограда с помощью микросателлитных маркеров (SSR-маркеров)», прошедшей метрологическую экспертизу ФГБУ «ВГНКИ» (экспертного заключения от 17.07.24г. №МЭ 1/0102), в двух повторностях по каждому предоставленному заказчиком образцу.

Результаты и их обсуждение

Из 91 образца винограда, представленного для исследования виноградарско-винодельческими хозяйствами в 2024 г., была идентифицирована сортовая принадлежность у 90 образцов (98,9 %). Один образец как сортовая примесь на промышленном винограднике не был идентифицирован в связи с отсутствием генетического профиля образца либо близкого к нему в базе каталога VIVC. В настоящее время база каталога содержит 6347 генетических профилей сортов и форм, что позволяет за редким исключением идентифицировать сортовую принадлежность всех поступающих образцов винограда [4].

Из поданных образцов только 18,7 % представляли посадочный материал винограда (рис. 1А). Остальные образцы – 81,3 % были отобраны заказчиком из насаждений винограда. Можно отметить, что у виноградарско-винодельческих хозяйств Крыма, а также у поставщиков посадочного материала винограда пока не вошло в системную практику использование современных методов тестирования закупаемого посадочного материала на сортовое соответствие и наличие фитопатогенов, что приводит к последующим для них экономическим издержкам.

При идентификации сортовой принадлежности представленных образцов (91 шт.) было определено, что 14,3 % образцов как посадочного материала, так и промышленных насаждений, не соответствуют заявленному сорту (рис. 1В). В связи с тем, что предоставленные образцы отбирает непосредственно заказчик, сортовое несоответствие может быть больше указанной величины, что говорит о необходимости более широкого применения молекулярно-генетических методов определения сортов при инвентаризации ви-

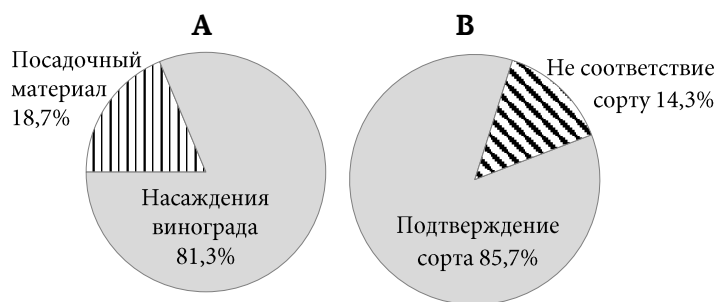


Рис. 1. Характеристика принадлежности образцов и результатов их сортовой идентификации: А – доля в исследуемых образцах посадочного материала и виноградных насаждений; В – доля образцов, подтвердивших сортовое соответствие

Fig. 1. Characteristics of belonging samples and results of their varietal identification: А – proportion of planting material and grape plantings in the studied samples; В – proportion of samples with confirmed varietal matching

ноградных насаждений и тестировании посадочного материала.

Большинство идентифицированных сортов (90 шт.) составляют технические (61,1 %) и универсальные сорта (27,8 %) согласно классификации каталога VIVC, но указанные универсальные сорта чаще используются для производства винопродукции. Доля представленных столовых сортов составляет лишь 3,3 %, доля подвойных сортов – 7,8 % (рис. 2А).

Основная масса образцов винограда, предоставленных на испытания, была западноевропейского происхождения: Франция – 64,5 %, Италия – 13,3 %, Германия 4,5 % (рис. 2В).

Таким образом, подавляющее большинство сортов винограда, которые виноградарско-винодельческие хозяйства представили для исследований – это технические сорта западноевропейского происхождения. Всего за 2024 г. из сортов крымского происхождения на исследования поступило только 3 сорта: Кокур белый, Кок пандас и Цитронный Магарача. Доля этих образцов составила всего 4,5 % от общего количества идентифицированных образцов, что показывает недостаточность использования потенциала местных сортов, в том числе крымских автохтонов.

При проведении генотипирования 90 образцов была выявлена вариабельность генетических профилей у отдельных сортов винограда. Результаты испытаний показали, что генетический профиль по 9 SSR-маркерам образца №1 «Пино меньше» принадлежит к семейству сортов Пино и наиболее близкий профиль из базы генотипов имеют сорта Пино меньше ('Pinot Meunier', VIVC №9278) и его соматическая мутация (сорт 'Meunier Court Maille', VIVC №174) за исключением одного аллеля в локусе маркера VVS2 (таблица, выделен жирным шрифтом). Также приведен профиль родоначальника сортогруппы Пино – сорт Пино черный ('Pinot Noir' №9279), в котором наблюдается различие в одном аллеле локуса маркера VVS2. Отклонение между размерами аллелей генетического профиля опытного образца и профилем референсного сорта можно объяснить вариабельностью SSR-маркеров. Необходимо отметить, что генотипирование с помощью 9 SSR-маркеров в большинстве случаев не позволяет

разделить сорта и формы, произошедшие в результате соматических мутаций из-за наличия у них одинакового генетического профиля, за редким исключением, когда возникают случайные мутации в SSR-маркерах из-за их вариабельности, как у сорта Пино менье, произошедшего от сорта Пино черный [9].

Полученный профиль образца №2 «Пети Мансен» соответствует профилю сорта Пети Мансен ('Manseng Petit Blanc', VIVC №7339) за исключением одного аллеля локуса маркера VVMD32 (табл.).

Профиль образца №3 «Мерло» соответствует профилю сорта Мерло ('Merlot Noir', VIVC №7657) за исключением одного аллеля локуса маркера VVMD27, что ранее было отмечено для этого сорта в исследованиях 2021 г. [9] и объясняется вариабельностью SSR-маркеров. Также был встречен у другого исследуемого образца (№4, табл.) вариант генотипа с размером аллеля 190 пар нуклеотидов (п.н.) маркера VVMD27 как у референсного профиля сорта Мерло из базы VIVC (таблица). Следовательно, в Крыму встречаются образцы сорта Мерло с двумя вариантами аллеля локуса маркера VVMD27.

Таким образом, у 90 идентифицированных образцов (40 сортов) в генетическом профиле, состоящем из 9 SSR-маркеров, у 3-х сортов найдены соматические мутации по одному аллелю, что говорит о довольно редком, но возможном отклонении от референсных генетических профилей, представленных в базах генотипов, в связи с вариабельностью SSR-маркеров (0,74%

Таблица. Обнаруженная вариабельность и дополнение генетических профилей у исследованных образцов винограда в п.н.

Table. Detected variability and supplementation of genetic profiles in the studied grape samples in bp

№ и наименование образцов и соответствующих им сортов из базы VIVC	VVS2		VVMD5		VVMD7		VVMD25		VVMD27		VVMD28		VVMD32		VrZAG62		VrZAG79	
	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2	A1	A2
Обнаруженная вариабельность генетических профилей сортов винограда																		
№1 «Пино менье»	129	137	230	240	239	243	239	249	186	190	218	236	240	272	188	194	239	245
Пино менье ('Pinot Meunier' №9278)	129	151	230	240	239	243	239	249	186	190	218	236	240	272	188	194	239	245
'Meunier Court Maille' №17489	129	151	230	240	239	243	239	249	186	190	218	236	240	272	188	194	239	245
Пино черный ('Pinot Noir' №9279)	137	151	230	240	239	243	239	249	186	190	218	236	240	272	188	194	239	245
№2 «Пети Мансен»	151	155	234	240	239	257	239	249	190	190	234	234	240	276	194	204	247	251
Пети Мансен ('Manseng Petit Blanc' №7339)	151	155	234	240	239	257	239	249	190	190	234	234	240	272	194	204	247	251
№3 «Мерло»	139	151	228	238	239	247	239	249	188	192	228	234	240	240	194	194	259	259
№4 «Мерло»	139	151	228	238	239	247	239	249	190	192	228	234	240	240	194	194	259	259
Мерло ('Merlot Noir' №7657)	139	151	228	238	239	247	239	249	190	192	228	234	240	240	194	194	259	259
Дополнение молекулярно-генетических паспортов сортов Крыма																		
Кок пандас ('Kok Pandas' VIVC №6362)	143	149	230	250	249	249	–	–	182	188	236	258	250	272	–	–	–	–
Кок пандас база института «Магарач»	143	149	230	250	249	249	245	249	182	188	236	258	250	272	192	202	251	259
Цитронный Магарача ('Tsitronnyi Magarach' VIVC №16982)	133	135	230	246	239	247	241	255	180	195	–	–	256	272	188	204	251	255
Цитронный Магарача база Института «Магарач»	133	135	230	246	239	247	241	255	180	195	218	260	256	272	188	204	251	255

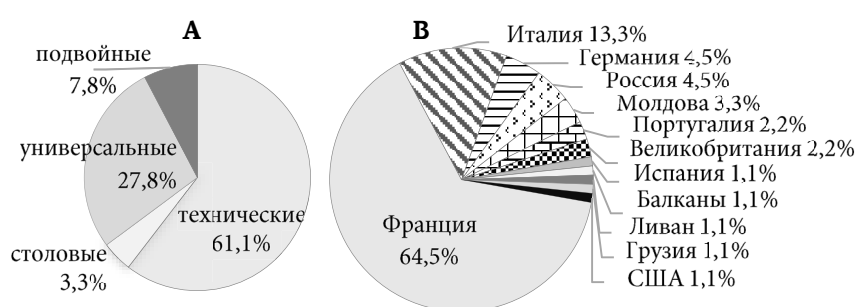


Рис. 2. Характеристика состава идентифицированных сортов поступивших образцов винограда: А – по назначению; В – по происхождению

Fig. 2. Composition characteristics of identified varieties of submitted grape samples: A – by purpose; B – by origin

отклонений от общего количества аллелей).

Для подтверждения сортовой принадлежности образца к автохтонному сорту Крыма Кок пандас был установлен генетический профиль сорта по 9 SSR-маркерам. Используемая для идентификации база генотипов VIVC содержала профиль сорта только по 6 маркерам. Также был дополнен генетический профиль сорта селекции Института «Магарач» – Цитронный Магарача. Профили сортов по 9 SSR-маркерам приводятся в п.н. со стандартизированным размером аллелей согласно рекомендациям VIVC (табл.).

Выводы

Используемая разработанная и стандартизированная методика на основе SSR-маркеров показала эффективность на анонимных образцах и практичность при выполнении массовых испытаний для производственных целей виноградарско-винодельческой

отрасли.

Обнаруженное несоответствие заявленному сорту у 14,3 % испытуемых образцов свидетельствует о необходимости более широкого применения эффективного метода на основе SSR-маркеров в практике идентификации сортов винограда хозяйств Крыма для улучшения ситуации.

Подавляющее большинство исследованных образцов винограда, предоставленных хозяйствами Крыма, относятся к техническим сортам западноевропейского происхождения (Франция – 64,5 %) при доле отечественных сортов, включая автохтонные сорта Крыма – 4,5 %, что показывает недостаточность использования местных сортов винограда.

При генотипировании выявлены довольно редкие, но возможные случаи вариативности генетического профиля образцов по сравнению с профилем из базы генотипов по одному аллелю у образцов сортов Пино менье (VVS2), Пети Мансен (VVM32) и Мерло (VVM27) в связи с вариативностью SSR-маркеров, что необходимо учитывать при идентификации сортов.

Источник финансирования

Работа выполнена в рамках государственного задания № FNZM-2022-0008.

Financing source

The work was conducted under public assignment No. FNZM-2022-0008.

Конфликт интересов

Не заявлен.

Conflict of interests

Not declared.

Список литературы / References

1. This P., Jung A., Boccacci P., Borrego J., Botta R., Costantini L., Crespan M., Dangel G.S., Eisenheld C., Ferreira-Monteiro F., Grando 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 cultivar. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;109(7):1448-1458. DOI 10.1007/s00122-004-1760-3.
2. Bacilieri R., Maghradze D., Grando S., Pejic I., Maul E., Munoz G., Eiras-Dias J., Schneider A., Boselli M., This P. Conservation, characterisation and management of grapevine genetic resources: the European project GrapeGen06. 2010:1-13.

3. International Organisation of Vine and Wine (OIV). Publication of the 3rd edition of "OIV descriptor list of grapevine varieties and Vitis species". 2023. Access mode: <https://www.oiv.int/node/3028> (date of access: 10.08.2025).
4. Vitis International Variety Catalogue VIVC. Julius KuhnInstitut. Access mode: <http://www.vivc.de/index.php> (date of access: 15.08.2025).
5. 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;54:5-12.
6. Maul E., Töpfer R. Vitis International Variety Catalogue (VIVC): A cultivar database referenced by genetic profiles and morphology. *BIO Web of Conferences*. EDP Sciences. 2015;5:01009.
7. Gismondi A., Impei S., Di Marco G., Crespan M., Leonardi D., Canini A. Detection of new genetic profiles and allelic variants in improperly classified grapevine accessions. *Genome*. 2014;57(2):111-118.
8. Ильницкая Е.Т., Токмаков С.В., Супрун И.И. Микросателлитное генотипирование донских аборигенных сортов винограда (*Vitis vinifera* L.). *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2015;18(3):523-529.
9. Илнитская Е.Т., Токмаков С.В., Супрун И.И. Микросателлитное генотипирование донских аборигенных сортов винограда (*Vitis Vinifera* L.) varieties. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2015;18(3):523-529 (*in Russian*).
9. Спотарь Г.Ю., Блинова С.А., Шварцев А.А., Алексеев Я.И., Гориславец С.М. Особенности идентификации сортов и клонов винограда западно-европейского происхождения. «Магарач». *Виноградарство и виноделие*. 2021;23(2):125-133. DOI 10.35547/IM.2021.23.2.004.
- Spotar G.Yu., Blinova S.A., Shvartsev A.A., Alekseyev Ya.I., Gorislavets S.M. Features of identification grape varieties and clones of Western European origin. *Magarach. Viticulture and Winemaking*, 2021;23(2):125-133. DOI 10.35547/IM.2021.23.2.004 (*in Russian*).
10. Rogers S.O., Bendich A.J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues. *Plant Molecular Biology*. 1985;5(2):69-76. DOI 10.1007/BF00020088.
11. Bowers J.E., Dangel G.S., Meredith C.P. Development and characterization of additional microsatellite DNA markers for grape. *American Journal for Enology and Viticulture*. 1999;50:243-246. DOI 10.5344/ajev.1999.50.3.243.

Информация об авторах

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

Анна Алексеевна Мироненко, вед. инженер лаборатории молекулярно-генетических исследований; e-мэйл: annushka.shikhova@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0001-2947-6462>;

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

Евгения Павловна Пахомова, вед. инженер лаборатории молекулярно-генетических исследований; e-мэйл: dublinstar@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0009-6085-0780>;

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>.

Information about the authors

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

Anna A. Mironenko, Leading Engineer, Laboratory of Molecular Genetic Research; e-mail: annushka.shikhova@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0001-2947-6462>;

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

Evgeniya P. Pakhomova, Leading Engineer, Laboratory of Molecular Genetic Research; e-mail: dublinstar@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0009-6085-0780>;

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>.

Статья поступила в редакцию 18.08.2025, одобрена после рецензии 20.08.2025, принята к публикации 20.08.2025.