



Изучение генетических профилей растений винограда, сохраняемых под наименованием дагестанского сорта 'Хатми'

Е. Т. Ильницкая¹, М. В. Макаркина¹, Р. Э. Казахмедов², Е. А. Кожевников¹, Т. Д. Козина¹

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

²Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Дагестанская селекционная опытная станции виноградарства и овощеводства – филиал Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия, Дербент, Республика Дагестан, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Тарасовна Ильницкая, ilnitskaya79@mail.ru

Актуальность. Традиционно описание сортов винограда – задача ампелографии. Однако ряд форм винограда, известных как разные сорта, имеют схожий фенотип. Молекулярно-генетическая характеристика наиболее точный инструмент для сортовой идентификации. Разработка ДНК-паспортов сортов – первый этап работы в данном направлении. При наличии обширной базы ДНК-профилей винограда можно определять сортовую принадлежность неизвестных форм, подтверждать или опровергать сортовое соответствие посадочного материала. 'Хатми' – автохтонный дагестанский сорт винограда. В международной базе ДНК-паспортов сортов винограда *ITVC* представлен профиль сорта 'Khatmi'. Однако при внедрении методов ДНК-анализа в изучение винограда для ряда древних сортов было определено, что под одним наименованием возделывались разные сорта, для других была выявлена определённая вариабельность генотипов. **Цель работы:** изучить выборку растений сорта 'Хатми' из разных мест произрастания в Дагестане с вовлечением в анализ микросателлитных локусов, стандартных для генотипирования винограда, оценить уровень генетического сходства образцов и уточнить ДНК-профиль 'Хатми'. **Материал и методы.** Молекулярно-генетическое исследование проведено на 10 образцах из разных популяций 'Хатми'. Сбор материала производили на коллекционных участках Дагестанской селекционной опытной станции виноградарства и овощеводства и Дагестанской опытной станции ВИР, а также в производственных насаждениях. Экстракция ДНК выполнена из гербарных образцов с помощью СТАВ-метода, использованы верхушки молодых побегов винограда. Генотипирование образцов проведено методом полимеразной цепной реакции с использованием стандартного набора праймеров для 9 микросателлитных (SSR) маркеров VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZAG62 и VrZAG79, рекомендованных международной организацией винограда и вина (OIV) для ДНК-паспортизации винограда. Разделение продуктов амплификации и оценка их размеров проведены с помощью капиллярного электрофореза на генетическом анализаторе ABI Prism 3130. **Результаты.** Проведено генотипирование 10 образцов винограда, произрастающих в Дагестане под наименованием 'Хатми', включая образцы из разных коллекций и мест промышленного разведения, а также клоновые вариации этого сорта и предполагаемые клоновые вариации. ДНК-профили изученных образцов имели отличия в две пары нуклеотидов в одном из локусов при сравнении с ДНК-профилем 'Khatmi', представленным в международной базе ДНК паспортов сортов винограда *ITVC*. Определено, что образец под наименованием 'Хатми крупноягодный' является близкородственным сорту 'Хатми' по своему генотипу, но, вероятно, представляет собой клоновую вариацию другого аборигенного сорта Дагестана – 'Коз узюм'. **Заключение.** Уточнён ДНК-профиль аборигенного дагестанского сорта винограда 'Хатми'.

Ключевые слова: ДНК-профиль, аборигенный сорт винограда, клоны, SSR-маркеры

Благодарности: Молекулярно-генетическое исследование было выполнено на оборудовании центра коллективного пользования Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия по направлению «Геномные и пост-геномные технологии» в рамках темы государственного задания № 0498-2022-0001.

Для цитирования: Ильницкая Е.Т., Макаркина М.В., Казахмедов Р.Э., Кожевников Е.А., Козина Т.Д. Изучение генетических профилей растений винограда, сохраняемых под наименованием дагестанского сорта 'Хатми'. *Биотехнология и селекция растений*. 2023;6(1):6-12. DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-03

Прозрачность финансовой деятельности. Авторы не имеют финансовой заинтересованности в представленных материалах или методах. Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы. Мнение журнала нейтрально к изложенным материалам, авторам и их месту работы.

Original article

DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-o3

A study of genetic profiles of grape plants preserved under the name of Dagestan variety 'Khatmi'

Elena T. Ilnitskaya¹, Marina V. Makarkina¹, Ramidin E. Kazahmedov², Evgeny A. Kozhevnikov¹, Tatiana D. Kozina¹

¹North-Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking, Krasnodar, Russia

²North-Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking, Dagestan breeding experimental station of viticulture and vegetable growing – a branch of the North-Caucasian Federal Scientific Center for Horticulture, Viticulture, Winemaking, Derbent, Republic of Dagestan, Russia

Corresponding author: Elena T. Ilnitskaya, ilnitskaya79@mail.ru

Background. Traditionally, the description of grape varieties is a task of ampelographic studies. However, several different grape cultivars have similar phenotypic traits. Molecular genetic characterization is the most accurate tool for cultivar identification. The development of DNA fingerprinting of varieties is the first step in this direction. An extensive database of DNA profiles of grape genotypes makes it possible to determine the varietal affiliation of unknown forms, confirm or refute the varietal correspondence of planting material. 'Khatmi' is an autochthonous grape variety from Dagestan. The profile of 'Khatmi' is presented in the *IVC* international database of DNA fingerprints for grape varieties. However, an application of DNA analysis methods in grape variety studies has determined that several ancient varieties were cultivated under one name, while for others a certain variability of genotypes was observed. **The objectives** of the work were to study samples of 'Khatmi' plants from different places of growth in Dagestan by standard microsatellite loci used for grape genotyping, to assess the level of genetic similarity of the samples, and to refine the DNA profile of 'Khatmi'.

Materials and methods. Molecular genetic study was carried out on 10 samples from different 'Khatmi' populations. The material was picked from the collection sites of Dagestan breeding experimental station of viticulture and vegetable growing and the Dagestan Experiment Station of VIR, as well as from production plantations. DNA was extracted from herbarium specimens of young grape shoot tips by the CTAB method. The samples were genotyped by polymerase chain reaction using a standard set of primers for 9 microsatellite markers VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZAG62 and VrZAG79 recommended by the International Organization of Grapes and Wine (OIV) for grapevine DNA fingerprinting. Amplification products were separated, and their sizes were assessed using capillary electrophoresis on an ABI Prism 3130 genetic analyzer. **Results.** Genotyping was done for 10 samples of grapes growing in Dagestan under the name 'Khatmi', including samples from different collections and places of industrial cultivation, as well as clonal variations of this variety and putative clonal variations. The two base pair differences within one of the loci distinguished the DNA profiles of the analyzed samples from that of 'Khatmi' presented in the international grape varieties database *IVC*. It was determined that the sample under the name 'Khatmi krupnoyagodnyi' is closely related to 'Khatmi' variety by its genotype, but probably represents a clonal variation of 'Koz uzyum', another local variety of Dagestan. **Conclusion.** The DNA profile of the local Dagestan grape variety 'Khatmi' has been refined.

Keywords: DNA profile, local grape variety, clones, SSR markers

Acknowledgments: The molecular genetic research was carried out on the equipment of the collective use center of North-Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking in the field of Genomic and post-genomic technologies within the framework of the State Assignment, Topic No.0498-2022-0001.

For citation: Ilnitskaya E.T., Makarkina M.V., Kazahmedov R.E., Kozhevnikov E.A., Kozina T.D. A study of genetic profiles of grape plants preserved under the name of Dagestan variety 'Khatmi'. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2023;6(1):6-12. (In Russ.). DOI: 10.30901/2658-6266-2023-1-o3

Financial transparency. The authors have no financial interest in the presented materials or methods. The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work. The journal's opinion is neutral to the presented materials, the authors, and their employers.

© Ilnitskaya E.T., Makarkina M.V., Kazahmedov R.E., Kozhevnikov E.A., Kozina T.D., 2023

Введение

‘Хатми’ – автохтонный дагестанский столовый сорт винограда среднего периода созревания, районирован в Северо-Кавказском регионе с 1965 года. Выведен ряд клонов данного сорта. На неукрывных, обильно орошаемых виноградниках южного Дагестана ‘Хатми’ относится к числу урожайных сортов. Рост растений сорта сильный даже в засушливых условиях. Важно отметить, что сорт достаточно толерантен к корневой филлоксеры – урожай растений возрастом 25-26 лет в 2012-2013 годах на фоне заражения филлоксерой достигал 5-7 кг/куст. В Дагестане ‘Хатми’ является излюбленным столовым сортом местного населения. Ко времени перезревания ягод их сахаристость нередко достигает 24-25 г/дм³ при очень низкой кислотности, что позволяет делать из ‘Хатми’ вина полудесертного типа высокого качества. До 1985 года насаждения сорта занимали большие площади в Дагестане, однако, в настоящее время посадки сорта значительно сократились (не более 10 га в республике), а также сорт сохраняется в коллекциях Дагестанской селекционной опытной станции виноградарства и овощеводства (ДСО-СВиО) и Опытной станции ВИР.

Традиционно описание сортов винограда – задача ампелографии (от греческого *ampelos* – виноградная лоза и *graphos* – описание), которая заключается в сравнительном анализе морфологических признаков листьев, верхушек побегов, грозди и ягод. Однако некоторые сорта винограда имеют схожие фенотипы. В настоящее время молекулярно-генетический метод является наиболее точным инструментом для сортовой идентификации винограда, определения сортов-синонимов и сортов-омонимов в коллекциях (This et al., 2004; Baránková et al., 2020; Bibi et al., 2020; Nebish et al., 2021; Barrias et al., 2023; Dumitru et al., 2023). Например, при исследовании ампелографически и при помощи SSR-маркеров (Dumitru et al., 2023) 23-х образцов автохтонного белого винограда, хранящихся в румынской коллекции зародышевой плазмы *ex situ*, A.M.I. Dumitru с соавторами определили два варианта синонимии: Gordan = Zemoasă, Galbenă de Odobesti = Zghihařă de Nuși. При изучении 163 образцов с острова Крит (Греция) A.C. Bibi с соавторами (Bibi et al., 2020) идентифицировали 10 случаев синонимов и 10 групп омонимов. В 2023 году S. Barrias и соавторы (Barrias et al., 2023) с помощью SSR и SNP маркеров провели анализ 19 сортов винограда, произрастающих на старом винограднике в Португалии под определенными наименованиями, и установили, что 10 образцов соответствуют одноименным профилям (или одному из синонимов) из базы данных ДНК-паспортов сортов винограда IVC (IVC, 2023); для восьми образцов сортовая принадлежность, определенная ампелографически, не совпала с данными SSR-анализа, причем два из них имели цвет ягоды, не совпадающий с проявлением этого признака у образца, сорт которого был определен с помощью молекулярных маркеров. Один из этих образцов оказался уникальным.

Его родословную удалось реконструировать по данным ДНК-анализа.

Целью данного исследования было уточнить ДНК-профиль считающегося аборигенным для Дагестана сорта ‘Хатми’. Для реализации цели необходимо было изучить выборку растений, относимых к данному сорту, из разных мест произрастания в Дагестане и оценить уровень их генетического сходства по микросателлитным (SSR) локусам, стандартным для генотипирования винограда. Во исполнение поставленных задач, нами было проведено генотипирование 10 образцов винограда под наименованием ‘Хатми’, произрастающих в Дагестане, включая образцы из разных коллекций и мест промышленного разведения, а также клоновые вариации этого сорта и предполагаемые клоновые вариации.

Материал и методы

Молекулярно-генетическое исследование проводили на 10 образцах винограда сорта ‘Хатми’ и его клонов. Материал был передан Дагестанской селекционной опытной станцией виноградарства и овощеводства (ДСО-СВиО) в 2021 году. Сбор материала сортообразцов и клонов ‘Хатми’ производили на коллекционных участках ДСОСВиО и Дагестанской опытной станции ВИР 1997 и 2003 годов посадок, а также производственных насаждений ДСОСВиО 1985 (1 в таблице) и 1997 (2 в таблице) годов закладки.

Экстракцию ДНК проводили из образцов гербария СТАВ-методом, в основе которого лежит лизис клеток буфером на основе СТАВ (ЦТАБ – цетилтриметиламмонийбромид) (Rogers et al., 1985). Для приготовления пробы ДНК для одного сорта или клона использовали несколько верхушек молодых побегов с 2-3 растений.

Для генотипирования использовали стандартный для ДНК-профилирования винограда набор праймеров для амплификации девяти микросателлитных маркеров VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, VrZAG62 и VrZAG79 (OIV, 2019), меченых флуоресцентными красителя (FAM, TAMRA или R6G) на 5' конце прямого праймера.

Полимеразную цепную реакцию (ПЦР) проводили в амплификаторе Eppendorf MasterCycler nexus GX2 (Германия). В составе 20 мкл смеси для ПЦР использовали следующие компоненты: 50-100 нг матрицы ДНК, 1,75 ед. активности Taq-полимеразы (СибЭнзайм, Новосибирск), 1х буфер для Taq-полимеразы с сульфатом аммония и магнием, 1 мкл 2%BCA (бычий сывороточный альбумин), dNTP по 0,2 ммоль (СибЭнзайм, Новосибирск), и 4 пмоль каждого праймера (ООО «Синтол», Москва).

ПЦР проводили с использованием двух программ амплификации: 1) для маркеров VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27 – начальная денатурация при 95°C в течение 3 минут, далее 34 цикла (денатурация при 95°C в течение 30 секунд; отжиг при 55°C в течение 30 секунд; элонгация при 72°C в течение 45 секунд), финальная элонгация

при 72°C в течение 30 минут; 2) для маркеров VVMD25, VVMD28, VVMD32, VrZAG62, VrZAG79 – начальная денатурация при 95°C в течение 4 минут, далее 34 цикла (денатурация при 95°C в течение 30 секунд; отжиг при 58°C в течение 30 секунд; элонгация при 72°C в течение 40 секунд), финальная элонгация при 72°C в течение 30 минут.

Для разделения продуктов амплификации использовали капиллярный автоматический генетический анализатор ABI Prism 3130 (США, Калифорния). Электрофореграммы были подвергнуты обработке с применением программы GeneMapper v 4.1. Результаты определения размера фрагментов для каждого образца были соотнесены с аллельным профилем референсного сорта ‘Пино

нуар’, который по анализируемым локусам принят за стандарт.

Результаты и обсуждение

Нами выполнена ДНК-паспортизация образцов сорта ‘Хатми’ и его клонов по 9 микросателлитным локусам (полный набор SSR-маркеров, рекомендуемый для ДНК-паспортизации сортов винограда *Vitis vinifera* L.). Все полученные ДНК-профили сравнивали с ДНК-профилем сорта ‘Khatmi’ (‘Хатми’), занесенным в международную Базу данных ДНК-паспортов сортов винограда *ITVC*, образец 6167 (*ITVC*, 2023), и в целом проводили анализ на предмет совпадений с известными генотипами

Таблица. Микросателлитные ДНК-профили сорта винограда ‘Хатми’ и его клонов, анализируемых в данном исследовании, и сортов ‘Khatmi’ и ‘Koz uzyum’ из Базы данных *ITVC*

Table. Microsatellite DNA profiles of grape variety ‘Khatmi’ and its clones analyzed in this study, as well as of ‘Khatmi’ and ‘Koz uzyum’ varieties from the *ITVC* database

Образец/Sample	Маркер/marker								
	VVS2	VVMD5	VVMD7	VVMD25	VVMD27	VVMD28	VVMD32	VrZag62	VrZag79
‘Khatmi’ (6167, <i>ITVC</i>)	135 143	224 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми’ производство (1***)	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми’ производство (2)	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми’ (ВИР)	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми урожайный’ (1)	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми урожайный’ (2)	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми’ клон (46р.) №2	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми’ клон (47р.) №3	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми’ клон 9 №7	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми’ коллекция ДСОСВиО	135 143	226 238	249 249	241 255	186 195	258 260	250 272	200 200	251 257
‘Хатми крупноягодный’ (ВИР)	135 137*	236 238	249 249	239 241	186 195	258 258	248 272	200 200	251 257
‘Koz uzyum’ (<i>ITVC</i>)**	135 137	236 238	249 249	239 241	186 195	234 258	272 272		

Примечания:

*жирным шрифтом выделены варианты аллелей у исследованных образцов, составляющих отличие от эталонного профиля сорта ‘Khatmi’, включенного в международную Базу ДНК-паспортов сортов винограда *ITVC* (*ITVC*, 2023)

** микросателлитный профиль ‘Koz uzyum’ (*ITVC*, 2023) выделен серым фоном.

сортов, включенными в IVC.

Из 10 проанализированных образцов 9 показали соответствие ДНК-профилю 'Khatmi', представленному в IVC, за исключением отличия в две пары нуклеотидов (пн) по одной аллели в локусе VVMD5, а у одного образца определён иной ДНК-профиль, а именно 'Хатми крупноягодный' (ВИР) (см. таблица).

Отличия в две пары нуклеотидов в локусе VVMD5 могут быть следствием мутации в микросателлитном локусе, обусловленной проскальзыванием ДНК-полимеразы на число пар нуклеотидов мотива (короткого повтора) SSR-маркера в процессе репликации (у VVMD5 он составляет 2 или 4 пн) (Crespan et al., 2004; Pelsy, 2010; Hocquigny et al., 2011; Spotar et al., 2021; Villano et al., 2022). Данное явление отмечено у древних и длительно культивируемых сортов, к которым и относят считающийся аборигенным для Дагестана сорт 'Хатми'; с этим явлением связывают накопление мутаций (Pelsy et al., 2010). Так, например, Спотарь с соавторами (Spotar et al., 2021), проанализировав несколько сортов винограда западно-европейского происхождения, произрастающих в Крыму, выявили отличия в две пн в локусе VVMD27 в одном из образцов (Spotar et al., 2021).

Образец 'Хатми крупноягодный' близок 'Хатми', но имеет отличия от всех остальных образцов по одной паре аллелей в трёх локусах из девяти проанализированных нами. В наше исследование данный образец был включён как предполагаемый клон 'Хатми'. Вероятно, он мог быть потомком данного аборигенного сорта или иметь очень близкий генотип, возможно, вследствие происхождения от одних и тех же родительских форм.

Аллельный поиск возможных сортов-родственников образцов 'Хатми крупноягодный' в базе данных IVC выявил следующее: образцом, наиболее близким по генотипу к 'Хатми крупноягодный' (ВИР), является дагестанский аборигенный сорт 'Koz uzyum' ('Коз узюм') – идентичные аллели в пяти SSR-локусах VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, и в двух локусах есть по одной общей аллели. Можно предположить, что гомозигота 258:258 у 'Хатми крупноягодный' по SSR-локусу VVMD28 является мутацией, связанной с проскальзыванием ДНК-полимеразы. Сходная по механизму возникновения мутация могла возникнуть и у 'Коз узюма' по VVMD32 (272:272) (Hocquigny et al., 2011). По локусам VrZag62 и VrZag79 данные в IVC не представлены. Фенотипически сорта 'Хатми' и 'Коз узюм' схожи (Peytel', 1954; Peytel', 1966). Можно предположить, что 'Хатми крупноягодный' (ВИР) является клоновой вариацией сорта винограда 'Коз узюм'.

Совпадение ДНК-профилей 'Хатми' и 'Хатми урожайный' по оцениваемым 9 микросателлитным локусам ожидаемо, так как 'Хатми урожайный' – спонтанный соматический мутант (клон) сорта 'Хатми', который был выделен на Дагестанской селекционной опытной станции виноградарства и овощеводства. Более того, можно сказать, что полученные в этом исследовании данные

подтверждают, что 'Хатми урожайный' – действительно является клоновой вариацией сорта 'Хатми'. Сорт 'Хатми урожайный' отличается от исходного сорта очень высокая урожайность, сорт введён в реестр селекционных достижений, допущенных к использованию в РФ в 2006 году. Аналогичная ситуация по ДНК-профилям с тремя образцами предполагаемых клонов ('Хатми' клон (46р.) №2, 'Хатми' клон (47р.) №3, 'Хатми' клон 9 №7). Полное совпадение ДНК-профилей по 9 микросателлитным локусам наблюдается у сортов-клонов (Regner et al., 2000; Imazio et al., 2002; Regner et al., 2006; Röckel, 2017).

Заключение

Уточнён ДНК-профиль аборигенного дагестанского сорта винограда 'Хатми': VVS2^{135 143} VVMD5^{226 238} VVMD7^{249 249} VVMD25^{241 255} VVMD27^{186 195} VVMD28^{258 260} VVMD32^{250 272} VrZAG62^{200 200} VrZAG79^{251 257}. При анализе выборки растений сорта и его клонов по 9 микросателлитным локусам, используемым для ДНК-паспортизации *V. vinifera*, показаны отличия в две пары нуклеотидов одного локуса от ДНК-профиля 'Khatmi', представленного в международной базе ДНК паспортов сортов винограда IVC. Определено, что образец под наименованием сорт 'Хатми крупноягодный', сохраняемый в коллекции Дагестанской опытной станции ВИР, является близким родственником сорту 'Хатми', но, вероятно, представляет собой клоновую вариацию другого аборигенного сорта Дагестана – сорта 'Коз узюм'.

References/Литература

- Baránková K., Sotolář R., Baránek M. Identification of rare traditional grapevine cultivars using SSR markers and their geographical location within the Czech Republic. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2020;56(2):71-78. DOI: 10.17221/61/2019-CJGPB
- Barrias S., Pereira L., Rocha S., de Sousa T.A., Ibáñez J., Martins-Lopes P. Identification of Portuguese traditional grapevines using molecular marker-based strategies. *Scientia Horticulturae*. 2023;311:111826. DOI: 10.1016/j.scienta.2023.111826
- Bibi A.C., Gonias E.D., Doulis A.G. Genetic diversity and structure analysis assessed by SSR markers in a large collection of Vitis cultivars from the Island of Crete, Greece. *Biochemical Genetics*. 2020;58(2):294-321. DOI: 10.1007/s10528-019-09943-z
- Crespan M. Evidence on the evolution of polymorphism of microsatellite markers in varieties of *Vitis vinifera* L. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;108(2):231-237. DOI: 10.1007/s00122-003-1419-5
- Dumitru A.M.I., Manolescu A.E., Sumedrea D.I., Popescu C.F., Cosmulescu S. Genetic diversity of some autochthonous white grape varieties from Romanian germplasm collections. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*. 2023;59(2):55-66. DOI: 10.17221/45/2022-CJGPB
- Hocquigny S., Pelsy F., Dumas V., Kindt S., Heloir M-C., Merdinoğlu D. Diversification within grapevine cultivars goes through chimeric states. *Genome*. 2011;47(3):579-589. DOI: 10.1139/g04-006
- Imazio S., Labra M., Grassi F., Winfield M., Bardini M., Scienza A. Molecular tools for clone identification: the case of the grapevine cultivar 'Traminer'. *Plant Breeding*. 2002;121(6):531-535. DOI: 10.1046/j.1439-0523.2002.00762.x
- Nebish A., Tello J., Ferradás Y., Aroutiounian R., Martínez-Zapater J.M., Ibáñez J. SSR and SNP genetic profiling of Armenian grape cul-

- tivars gives insights into their identity and pedigree relationships. *OENO One*. 2021;55(4):101-114. DOI: 10.20870/oeno-one.2021.55.4.4815
- OIV (International Organisation of Vine and Wine) (2019). "OIV protocol for identification of varieties," in Resolution OIV-VITI 609-2019. Available at: <https://www.oiv.int/public/medias/6886/oiv-viti-609-2019-en.pdf> [accessed June 01, 2023].
- Peytel' M.YA. Koz uzyum. In: *Ampelography of the USSR. V. 3. Ampelography proper. Standard and perspective varieties of grapes (Ampelografiya SSSR. T. 3. Chastnaya ampelografiya. Standartnyye i perspektivnyye sorta vinograda)*. A. M. Frolov-Bagreev (ed.). Moscow; 1954. p.266-273. [in Russian] (Пейтель М.Я. Коз узюм. В кн.: *Ампелогрaфия СССР. Т. 3. Частная ампелогрaфия. Стандартные и перспективные сорта винограда* / под ред. А.М. Фролова-Багреева. Москва; 1954. С.266-273).
- Peytel' M.YA. Khatmi. In: *Ampelography of the USSR. Rare grape varieties. Vol. 3. Ampelography proper. Rare domestic and foreign grape varieties (Ampelografiya SSSR. Maloraspromstranennyye sorta vinograda. T. 3. Chastnaya ampelografiya. Maloraspromstranennyye otechestvennyye i zarubezhnyye sorta vinograda)*. A. M. Negrul' (ed.). Moscow; 1966. p.327-330. [in Russian] (Пейтель М.Я. Хатми. В кн.: *Ампелогрaфия СССР. Малораспространенные сорта винограда. Т. 3. Частная ампелогрaфия. Малораспространенные отечественные и зарубежные сорта винограда* / под ред. А.М. Негруль. Москва; 1966. С.327-330).
- Pelsy F. Molecular and cellular mechanisms of diversity within grapevine varieties. *Heredity*. 2010;104:331-340. DOI: 10.1038/hdy.2009.161
- 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(6):1219-1231. DOI: 10.1007/s00122-009-1250-8
- Regner F., Hack R., Santiago Blanco J.L. Highly variable *Vitis* microsatellite loci for the identification of Pinot Noir clones. *Vitis*. 2006;45(2):85-91. DOI: 10.5073/vitis.2006.45.85-91
- Regner F., Wiedeck E., Stadlbauer A. Differentiation and identification of White Riesling clones by genetic markers. *Vitis*. 2000;39(3):103-107.
- Röckel F. Färberreben (Teinturiers) sowie rote Farbmутanten weißer Qualitätsrebsorten entstanden durch VvmybA-bedingte Mutationen am Beerenfarbokus [dissertation]. Julius Kühn-Institut, Bundesforschungsinstitut für Kulturpflanzen; 2017. DOI: 10.5073/dissjki.2017.007
- Rogers S.O., Bendich A.J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues. *Plant Molecular Biology*. 1985;19(1):69-76. DOI: 10.1007/BF00020088
- Spotar G.YU., Blinova S.A., Shvartsev A.A., Alekseyev YA., Gorislavets S.M. Features of identification grape varieties and clones of Western European origin. *Magarach. Viticulture and Winemaking*. 2021;23(2):125-133. [in Russian] DOI: 10.35547/IM.2021.23.2.004
- This P., Jung A., Boccacci P., Borrego J., Botta R., Costantini L., Crespan M., Dangi 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 cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*. 2004;109:1448-1458. DOI: 10.1007/s00122-004-1760-3
- Villano C., Aiese Cigliano R., Esposito S., D'Amelia V., Iovene M., Carputo D., Aversano R. DNA-Based technologies for grapevine biodiversity exploitation: state of the art and future perspectives. *Agronomy*. 2022;12(2):491. DOI: 10.3390/agronomy12020491
- IVTC. Microsatellites by profile. *Vitis International Variety Catalogue IVTC*. Julius Kuhn institut, 2023. Available at: URL: <https://www.vivc.de/index.php?r=eva-analysis-mikrosatelliten-vive%2F-index> [accessed June 01, 2023].

Информация об авторах

Елена Тарасовна Ильницкая, кандидат биологических наук, заведующая лабораторией сортоизучения и селекции винограда, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия (ФГБНУ СКФНЦСВВ), Россия 350901, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, 39, ilnitskaya79@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2446-0971>

Марина Викторовна Макаркина, младший научный сотрудник лаборатории сортоизучения и селекции винограда, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия (ФГБНУ СКФНЦСВВ), 350901 Россия, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, 39, konec_citatu@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3397-0666>

Рамидин Эфендиевич Казахмедов, доктор биологических наук, заместитель директора по науке, ведущий научный сотрудник, заведующий лабораторией биотехнологии, физиологии и продуктов переработки винограда, Дагестанская селекционная опытная станции виноградарства и овощеводства – филиал Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия (ДСОСВиО), 368601 Россия, г. Дербент, ул. Вавилова, 9, Республика Дагестан, kre_05@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0613-4662>

Евгений Анатольевич Кожевников, младший научный сотрудник селекционно-биотехнологической лаборатории, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия (ФГБНУ СКФНЦСВВ), 350901 Россия, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, 39, zhenya.kozhevnikov.2017@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1305-3614>

Татьяна Дмитриевна Козина, младший научный сотрудник лаборатории сортоизучения и селекции винограда, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия (ФГБНУ СКФНЦСВВ), 350901 Россия, г. Краснодар, ул. им. 40-летия Победы, 39, tiaanta@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2908-6461>

Information about the authors

Elena T. Ilnitskaya, Cand. Sci. (Biology), Head of Laboratory, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking (NCFSCHVW), 39, 40-letiya Pobedy Street, Krasnodar, 350901 Russia, ilnitskaya79@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2446-0971>

Marina V. Makarkina, Junior Research Associate, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking (NCFSCHVW), 39, 40-letiya Pobedy Street, Krasnodar, 350901 Russia, konec_citatu@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3397-0666>

Ramidin E. Kazahmedov, Dr. Sci. (Biology), Deputy Chief for Science, Leading Research Associate, Head of Biotechnology, Physiology and Grape Processing Products Laboratory, Dagestan Breeding Experimental Station of Viticulture and Vegetable Growing – a branch of the North Caucasus Federal Scientific Center for Horticulture, Viticulture, Winemaking (DBESV&VG), 9, Vavilova Street, Dербent, Republic of Dagestan, 368601 Russia, kre_05@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-0613-4662>

Evgeny A. Kozhevnikov, Junior Research Associate, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking (NCFSCHVW), 39, 40-letiya Pobedy Street, Krasnodar, 350901 Russia, zhenya.kozhevnikov.2017@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1305-3614>

Tatiana D. Kozina, Junior Research Associate, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Winemaking (NCFSCHVW), 39, 40-letiya Pobedy Street, Krasnodar, 350901 Russia, tiaanta@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2908-6461>

Вклад авторов: все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Contribution of the authors: the authors contributed equally to this article.

Конфликт интересов: авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interests: the authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 20.02.2023; одобрена после рецензирования 05.03.2023; принята к публикации 25.03.2023.

The article was submitted on 20.02.2023; approved after reviewing on 05.03.2023; accepted for publication on 25.03.2023.