

ГЕНЕТИКА КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ И ИХ ДИКИХ РОДИЧЕЙ

Научная статья
УДК 634.8:575.18:575.113.2
DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-124-132



Аллельное разнообразие SSR-локуса VVIB23, сцепленного с полом цветка, в генотипах дикорастущего винограда Краснодарского края

Е. Т. Ильницкая¹, М. В. Макаркина¹, Е. А. Кожевников¹, И. В. Горбунов²

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

² Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Анапская зональная опытная станция виноградарства и виноделия, Анапа, Россия

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

Актуальность. Изучение дикорастущего винограда представляет интерес с точки зрения расширения знаний о генетическом разнообразии генофонда культуры, поиска новых источников устойчивости. Одно из основных отличий диких форм от культивируемых заключается в типе репродуктивной системы: дикий виноград представлен однополыми формами и опыляется перекрестно, в то время как культурные лозы являются, за редким исключением, гермафродитами и способны к самоопылению. В настоящее время определен ДНК-маркер, позволяющий определять пол цветка винограда.

Материалы и методы. Тридцать шесть генотипов дикорастущих лоз винограда, отобранных в 2019–2021 гг. на территории Заповедника «Утриш» в окрестностях города Геленджика и в государственном природном заказнике «Красный лес» (правый берег реки Кубань), изучили с помощью ДНК-маркера VVIB23 к гену *Sex*, определяющему пол цветка. Исследование выполнено методом ПЦР с оценкой результатов на генетическом анализаторе «Нанофор 05».

Результаты. Установлено, что исследуемые образцы винограда вариабельны по SSR-локусу VVIB23 – обнаружено 7 типов аллелей. В 14 генотипах выявлено наличие аллелей, соответствующих мужскому типу цветка, в 21 – женскому. ПЦР-фрагмент, размер которого по литературным данным коррелирует с гермафродитизмом, не был обнаружен, что характерно для диких генотипов. Методом ДНК-маркерного анализа не удалось определить пол цветка одного образца.

Заключение. По данным ДНК-маркерного анализа определено, что изучаемые дикорастущие образцы винограда являются двудомными формами.

Ключевые слова: дикий виноград, мужской тип цветка, женский тип цветка, ген *Sex*, ДНК-маркер VVIB23, полиморфизм

Благодарности: работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований и Администрации Краснодарского края (грант № 19-416-230025 p_a).

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Для цитирования: Ильницкая Е.Т., Макаркина М.В., Кожевников Е.А., Горбунов И.В. Аллельное разнообразие SSR-локуса VVIB23, сцепленного с полом цветка, в генотипах дикорастущего винограда Краснодарского края. *Труды по прикладной ботанике, генетике и селекции*. 2023;184(4):124-132. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-124-132

GENETICS OF CULTIVATED PLANTS AND THEIR WILD RELATIVES

Original article

DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-124-132

Allelic diversity of the SSR locus VVIB23 linked to the flower sex in wild-growing grapevine genotypes of Krasnodar TerritoryElena T. Ilnitskaya¹, Marina V. Makarkina¹, Evgeny A. Kozhevnikov¹, Ivan V. Gorbunov²¹North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, Krasnodar, Russia²North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, Anapa Zonal Experiment Station of Viticulture and Wine-making, Anapa, Russia**Corresponding author:** Elena T. Ilnitskaya, ilnitskaya79@mail.ru

Background. Studying wild-growing grapevines is of interest because it expands the knowledge on the genetic diversity within the gene pool and helps to search for new resistance sources. One of the main differences between wild vines and cultivars is the type of their reproductive system: wild grapes are represented by cross-pollinated dioecious vines, while cultivated ones are, with rare exceptions, hermaphrodites capable of self-pollination. A DNA marker applicable to determine the grape flower sex has been identified.

Materials and methods. The VVIB23 DNA marker to the *Sex* gene determining the flower sex was used to study 36 genotypes of wild-growing grapes selected in 2019–2021 within the Utrish Nature Reserve near Gelendzhik and the Krasny Les State Nature Reserve on the right bank of the Kuban River. PCR technique was applied, and the results were evaluated on a Nano-for 05 genetic analyzer.

Results. The studied grapevine accessions were found to be variable for the VVIB23 SSR locus: 7 types of alleles were identified. Alleles corresponding to the male flower type were present in 14 genotypes, and those corresponding to the female type in 21. A PCR fragment whose size, according to the published data, correlated with hermaphroditism was not found, which is typical for wild genotypes. The DNA marker analysis failed to determine the flower sex of one accession.

Conclusion. The results of the DNA marker analysis showed that the studied wild-growing grapevine genotypes were dioecious forms.

Keywords: wild grapes, male flower type, female flower type, the *Sex* gene, DNA marker VVIB23, polymorphism

Acknowledgements: this work was supported by the Russian Foundation for Basic Research and the Krasnodar Territory Administration (Grant No. 19-416-230025 p_a).

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

For citation: Ilnitskaya E.T., Makarkina M.V., Kozhevnikov E.A., Gorbunov I.V. Allelic diversity of the SSR locus VVIB23 linked to the flower sex in wild-growing grapevine genotypes of Krasnodar Territory. *Proceedings on Applied Botany, Genetics and Breeding*. 2023;184(4):124-132. DOI: 10.30901/2227-8834-2023-4-124-132

Введение

Виноград является одной из лидирующих культур в мировом сельском хозяйстве. Среди всего биоразнообразия виноградной лозы наибольший интерес в экономическом и социально-историческом аспектах представляет вид *Vitis vinifera* L. Принято считать, что данный вид появился в Евразии примерно 65 млн лет назад (This et al., 2008). По современной номенклатуре *V. vinifera* подразделяют на два подвида: *V. vinifera* subsp. *sylvestris* (Gmel.) Hegi, объединяющий дикие лозы, и *V. vinifera* subsp. *sativa* (DC.) Hegi (= subsp. *vinifera*), включающий культивируемые сорта.

Популяции дикорастущих форм винограда представлены одичалыми культурными лозами и непосредственно дикими формами. Изучение дикого винограда интересно с точки зрения расширения знаний о генетическом разнообразии генофонда, а также может быть полезно для поиска источников ценных признаков (устойчивости к абиотическим и биотическим стрессовым факторам).

Исследование дикорастущих форм винограда в настоящее время проводится как по ампелографическим признакам, так и молекулярно-генетическими методами (Popescu et al., 2013; Biagini et al., 2014; Karataş et al., 2014; Doulati-Baneh et al., 2015; Benito et al., 2017; Zdunić et al., 2020; Küpe et al., 2021; Jahnke et al., 2021).

Одно из основных отличий диких форм от культивируемых заключается в типе репродуктивной системы: дикие формы винограда являются однополыми и опыляются перекрестно, в то время как одомашненные лозы являются, за редким исключением, гермафродитами и способны к самоопылению.

Согласно модели А. J. Antcliff (1980), считается, что пол цветка винограда определяется одним главным локусом с тремя возможными аллелями – Н (Hermaphrodite, гермафродитный), F (Female, женский) и М (Male, мужской). Согласно его теории, мужская аллель доминирует над гермафродитной, которая, в свою очередь, доминирует над женской. Таким образом, цветки, несущие аллель М, демонстрируют мужской фенотип, и только растения, имеющие аллель F в гомозиготном состоянии, производят женские цветки.

Локус *Sex*, определяющий пол цветка виноградной лозы, был определен в нескольких исследованиях по генетическому картированию популяций различного генетического происхождения. Так, М. А. Dalbó et al. (2000) идентифицировали ген *Sex* на 2-й хромосоме при картировании популяции от скрещивания Horizon (Seyval × Schuyler) × Illinois 547-1 (*V. cinerea* В9 × *V. rupestris* В38). В этом исследовании микросателлитный локус VVS3 был определен как наиболее сцепленный с локусом пола цветка. Позднее, при картировании популяций различного генетического происхождения, S. Riaz et al. (2006) и J. Battilana et al. (2013) показали, что маркер пола цветка VVIB23 имеет наибольшую сцепленность с локусом *Sex*. Кроме того, в ходе изучения полиморфизма маркера VVIB23 J. Battilana et al. (2013) установили, что размеры фрагментов 284, 288 и 304 пн статистически значимо связаны с половыми аллелями Н, F и М соответственно. В связи с этим маркер VVIB23 был предложен для ДНК-маркерного отбора.

Краснодарский край в настоящее время занимает лидирующую позицию в виноградо-винодельческой отрасли Российской Федерации. Возделывание винограда на территории края велось и в давние исторические време-

на (Fisenko et al., 1979). Однако научной информации об изучении дикорастущего винограда в регионе крайне мало. Нами проводятся исследования в данном направлении.

В процессе экспедиционных исследований территории Краснодарского края вдоль Черноморского побережья (Большой Утриш, окрестности Геленджика) и реки Кубань (Красный лес) были обнаружены и описаны 36 экземпляров дикорастущего винограда (Gorbunov et al., 2020; Gorbunov et al., 2021; Gorbunov et al., 2022; Pnitskaya et al., 2022). Для части образцов удалось морфологически определить тип цветка, для других образцов такой возможности не было.

Цель данной работы – с помощью ДНК-маркера VVIB23 определить пол цветка у найденных дикорастущих образцов винограда, сопоставить данные имеющейся морфологической и молекулярно-генетической оценки и изучить полиморфизм данного локуса в генотипах исследуемого дикорастущего винограда.

Материалы и методы

Аллельное состояние гена *Sex*, обуславливающего пол цветка, изучалось на 36 генотипах дикорастущих форм винограда, отобранных на территории Краснодарского края в 2019–2021 гг. вдоль побережья Черного моря – Большой Утриш (Водопадная щель (В1-В10), Лобанова щель (Л1-Л6), окрестности Геленджика (Г1-Г7) и реки Кубань (Красный лес) (К1-К5).

В качестве контроля для аллели гермафродитизма использовали ДНК сорта 'Кишмиш Ваткана' (размеры аллелей данного сорта по анализируемому локусу известны) (Riaz et al., 2013), для контроля женского типа цветка – ДНК сорта 'Талисман' (растения данного сорта имеют женский тип цветка) (Krasokhina, Kostrikin, 2006).

Экстракцию ДНК производили при помощи метода с использованием СТАВ (цетилтриметиламмония бромид) из молодых листьев и верхушек виноградного растения (Rogers, Bendich, 1985).

Аллели гена *Sex* определяли при помощи наиболее информативного тесно сцепленного SSR-маркера VVIB23 методом полимеразной цепной реакции (ПЦР), реализованной на амплификаторе MasterCycler nexus GX2 (Eppendorf, Германия), по следующему протоколу: предварительная денатурация при 95°C – 3 мин, затем 34 цикла, состоящих из трех ступеней: денатурация при 95°C – 30 с, отжиг праймеров при 55°C – 30 с, элонгация при 72°C – 45 с; финальная элонгация при 72°C – 4 мин.

Смесь ПЦР объемом 20 мкл включала следующие компоненты: 50–100 нг матрицы ДНК, 1,75 ед. активности Taq-полимеразы («СибЭнзайм», Россия), 1х-буфер для Taq-полимеразы с сульфатом аммония и магнием, dNTP по 0,2 мМ («СибЭнзайм», Россия) и 4 пмоль каждого праймера («Синтол», Россия).

Продукты амплификации разделяли методом капиллярного гель-электрофореза на приборе «Нанофор 05» (Институт аналитического приборостроения РАН, Россия). Полученные первичные данные обрабатывали при помощи ПО GenMarker v 3.1.

Статистическую обработку идентифицированных аллелей проводили в программе GenAlEx 6.5.

Молекулярно-генетические анализы выполнены с использованием оборудования ЦКП Северо-Кавказского федерального научного центра садоводства, виноградарства, виноделия по направлению «Геномные и пост-геномные технологии».

Результаты и обсуждение

Проанализировано ДНК 36 образцов дикорастущего винограда с помощью микросателлитного маркера VVIB23 к гену пола цветка *Sex*. Согласно J. Battilana et al. (2013), размеры фрагментов 284, 288 и 304 пн связаны с половыми аллелями типа цветка H, F и M соответственно. Однако стоит отметить, что размер аллели, коррелирующей с наличием гермафродитизма у винограда, в литературных источниках разнится. Так, S. Riaz et al. (2013) указывают, что фрагмент 282 пары нуклеотидов (пн) отвечает за наличие аллели H. Вероятно, что исследования S. Riaz et al. (2013) и J. Battilana et al. (2013) проводили параллельно и представленные различия являются математической погрешностью, связанной с различными условиями постановки экспериментов (оборудование, реактивы и т. д.). К сожалению, в данных работах не представлены общие аллельные профили контрольных сортов, на которые можно было бы ориентироваться. Однако в статье S. Riaz et al. (2013) есть ДНК-профиль сорта 'Кишмиш Ваткана', аллельный состав которого мы взяли за контроль в нашей работе. Также в работу была включена ДНК сорта 'Талисман', у которого женский тип цветка (Krasokhina, Kostrikin, 2006).

Для удобства определения аллелей пола цветка полученные аллельные профили по локусу VVIB23 мы представили в двух интерпретациях – согласно данным S. Riaz et al. (2013) и J. Battilana et al. (2013) (табл. 1).

В результате генотипирования 36 образцов дикорастущего винограда с помощью маркера VVIB23 было определено наличие аллели M (303 (304) пн) в 14 генотипах. В одном образце (Л1) ни одну известную аллель, коррелирующую с полом цветка, не удалось идентифицировать (см. табл. 1). Можно отметить, что аллель 308 пн, которая определена в Л1, ранее обнаруживалась исключительно в дикорастущих образцах с мужским типом цветка из Азербайджана и Армении, согласно данным S. Riaz et al. (2018), однако данная аллель, согласно литературным данным, не определена как аллель, размер которой коррелирует с полом цветка.

В изучаемой выборке более чем у трети образцов (Л2, Л3, В1-В5, В8, А2, Ш5, Г6, Г7) есть как аллель F, так и аллель M (на рисунке 1 представлен аллельный профиль образца В2). В этих случаях мы определили пол цветка как мужской, основываясь на теории A. J. Antcliff (1980), описанной выше.

В одном образце из Атмачевой щели (А1) была определена аллель 288 (290), на 2 нуклеотида отличающаяся

Таблица 1. Идентифицированные аллели микросателлитного локуса VVIB23, сцепленного с геном пола цветка *Sex*

Table 1. Identified alleles of the microsatellite locus VVIB23 linked to the flower *Sex* gene

Образец / Accession	Аллель 1 / Allele 1	Аллель 2 / Allele 2	Пол цветка по данным ДНК-анализа / Flower sex according to the DNA analysis	Пол цветка по фенотипической оценке / Flower sex according to phenotypic evaluation
	Riaz (Battilana)	Riaz (Battilana)		
Кишмиш Ваткана (контроль) / Kishmish Vatkana (control)	282 (284)	299 (300)	H	♂♀
Талисман (контроль) / Talisman (control)	288 (290)	307 (309)	F	♀
Л1 / L1	308 (310)	308 (310)	-	-
Л2 / L2	286 (288)	303 (304)	M	-
Л3 / L3	286 (288)	303 (304)	M	-
Л4 / L4	286 (288)	286 (288)	F	-
Л5 / L5	286 (288)	286 (288)	F	-
Л6 / L6	286 (288)	286 (288)	F	-
В1 / V1	286 (288)	303 (304)	M	♂
В2 / V2	286 (288)	303 (304)	M	♂
В3 / V3	286 (288)	303 (304)	M	♂
В4 / V4	286 (288)	303 (304)	M	♂
В5 / V5	286 (288)	303 (304)	M	♂
В6 / V6	286 (288)	294 (296)	F	-

Таблица 1. Окончание

Table 1. The end

Образец / Accession	Аллель 1 / Allele 1	Аллель 2 / Allele 2	Пол цветка по данным ДНК-анализа / Flower sex according to the DNA analysis	Пол цветка по фенотипической оценке / Flower sex according to phenotypic evaluation
	Riaz (Battilana)	Riaz (Battilana)		
B7 / V7	286 (288)	294 (296)	F	♀
B8 / V8	286 (288)	303 (304)	M	-
B9 / V9	286 (288)	286 (288)	F	♀
B10 / V10	286 (288)	286 (288)	F	♀
A1	288 (290)	294 (296)	F	-
A2	286 (288)	303 (304)	M	♂
A3	286 (288)	308 (310)	F	♂
Ш1 / Sh1	286 (288)	308 (310)	F	-
Ш2 / Sh2	286 (288)	308 (310)	F	-
Ш3 / Sh3	286 (288)	298 (300)	F	♀
Ш4 / Sh4	286 (288)	298 (300)	F	♀
Ш5 / Sh5	286 (288)	303 (304)	M	♂
Г1 / G1	286 (288)	286 (288)	F	-
Г2 / G2	286 (288)	286 (288)	F	♀
Г3 / G3	294 (296)	303 (304)	M	♂
Г4 / G4	286 (288)	286 (288)	F	♀
Г5 / G5	286 (288)	286 (288)	F	♀
Г6 / G6	286 (288)	303 (304)	M	♂
Г7 / G7	286 (288)	303 (304)	M	♂
K1	286 (288)	286 (288)	F	♀
K2	286 (288)	308 (310)	F	♀
K3	286 (288)	286 (288)	F	♀
K4	286 (288)	286 (288)	F	-
K5	292 (294)	303 (304)	M	♂

Примечание: полужирным выделены аллели, коррелирующие с формированием определенного пола цветка; F, ♀ – женский тип цветка; M, ♂ – мужской тип цветка; H, ♂♀ – гермафродитный тип цветка

Note: alleles correlating with the formation of a certain flower sex are boldfaced; F, ♀ – female flower type; M, ♂ – male flower type; H, ♂♀ – hermaphrodite flower type

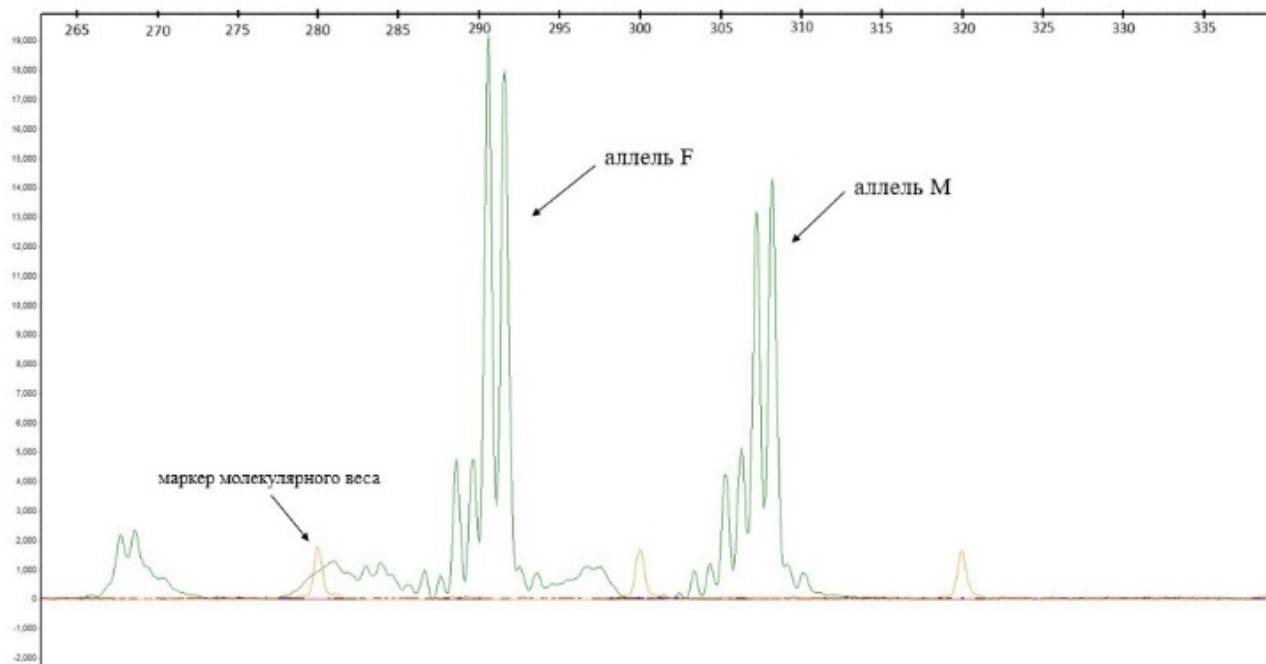


Рис. 1. Визуализация идентифицированных аллелей в образце В2 из Водопадной щели (мужской тип цветка)
Fig. 1. Visualization of the identified alleles in accession B2 from Vodopadnaya Shchel (male flower type)

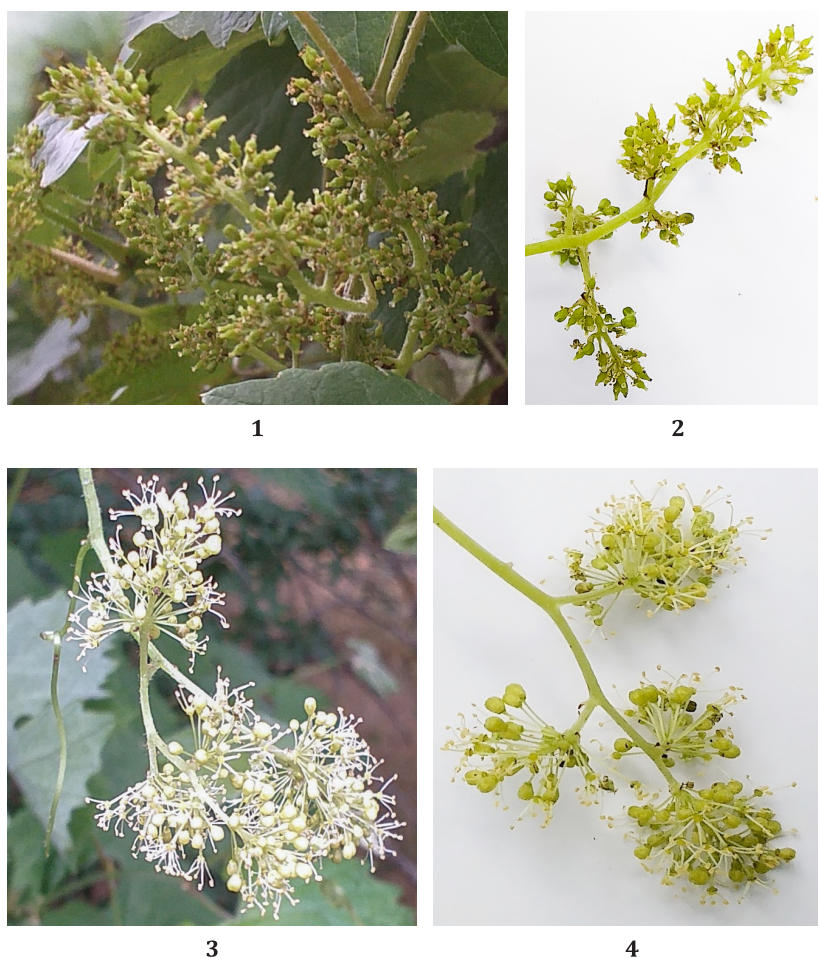


Рис. 2. Тип цветка у изучаемых образцов: 1, 2 – женский тип цветка у образца Ш3;
 3, 4 – мужской тип цветка у образца Ш5 (Широкая щель, заповедник «Утриш»)
Fig. 2. Flower types in the studied accessions: 1, 2 – female flower type in accession Sh3;
 3, 4 – male flower type in accession Sh5 (Shirokaya Shchel, Utrish Nature Reserve)

от размера аллели, коррелирующей с женским типом цветка у диких форм. Однако данный образец мы отнесли к женскому типу цветка в соответствии с контрольным образцом ('Талисман'), в котором также была определена аллель 288 (290), – данный сорт имеет цветки женского типа. Разницу в 2 нуклеотида можно связать с полиморфизмом локуса в культурных и диких формах. Этот факт также отмечен в исследованиях J. Battilana et al. (2013): в образцах сортов с женским типом цветка были определены генотипы, которые подтверждают связь между фрагментом 290 пн в локусе VVIB23 и половой аллелью F в культурных сортах: 'Dattier Noir' (290–290 пн), 'Picolit' (288–290 пн) и 'Moscato Rosa' (290–302 пн) (Battilana et al., 2013). Таким образом, аллель размером 288 (290) пн также коррелирует с аллельным состоянием гена *Sex*, определяющим формирование женского пола цветка. Учитывая вышеизложенное, аллельный профиль женского типа цветка определен в 21 генотипе.

Аллели размером 282 (284) пн, коррелирующие с наличием гермафродитизма, в исследуемых генотипах не выявлены (см. табл. 1). У ряда анализируемых образцов пол цветка удалось определить фенотипически (Gorbunov et al., 2022; Ilnitskaia et al., 2022) (см. табл. 1, рис. 2).

Полученные данные ДНК-анализа соответствуют морфологическим наблюдениям, за исключением образца А3 (см. табл. 1). J. Battilana et al. (2013) отмечают, что эффективность маркера составляет около 95%. В наших исследованиях сопоставление имеющихся фенотипических и генетических данных подтверждает эффективность маркерной системы.

Изучаемая выборка генотипов в целом характеризуется относительно высоким полиморфизмом по SSR-локусу VVIB23 – идентифицировано 7 типов аллелей (табл. 2).

Отмечено, что генотипы из разных мест произрастания отличаются по варибельности локуса. Так у 6 из 10 образцов из Водопадной щели ДНК-аллельные профили локуса VVIB23 идентичные (B1–B5, B8), а у образ-

цов из Атмачевой щели (A1–A3) все три профиля различаются, однако данное наблюдение может быть связано с различным количеством образцов в выборках из разных мест (см. табл. 1).

В преобладающем большинстве генотипов определено гетерозиготное состояние по исследуемому локусу, что отразилось на показателях ожидаемой (H_e) и фактической (H_o) гетерозиготности: значения фактической превышают значения ожидаемой (см. табл. 2).

Наиболее часто встречаемой аллелью в локусе VVIB23 является 286 (288) пн (см. рис. 2). К редким (встречаются единично) можно отнести аллели 288 (290) и 292 (294) пн (табл. 3).

Полученные данные соответствуют имеющимся в литературе. Например, в работе S. Riaz et al. (2018) также наиболее встречаемой аллелью в выборке из 403 дикорастущих образцов винограда бассейна Средиземного моря и Центральной Азии была аллель 286, редкой – аллель 293 пн (значение на один нуклеотид больше, чем в нашей выборке, однако данное отличие можно считать погрешностью).

Заключение

Проведен ДНК-анализ 36 генотипов дикорастущих образцов винограда, обнаруженных на территории Краснодарского края, при помощи SSR-маркера VVIB23, сцепленного с геном пола цветка *Sex*. Изучаемые дикорастущие лозы винограда вариабельны по SSR-локусу VVIB23 – обнаружено 7 типов аллелей. Было определено наличие аллелей, соответствующих мужскому типу цветка, в 14 генотипах, женскому – в 21. У одного образца пол цветка определить не удалось. Данные молекулярно-генетического анализа соответствуют морфологическим наблюдениям о поле цветка изучаемых форм, за исключением одного образца. ПЦР-фрагмент размером 282 (284) пн, коррелирующий с наличием аллели гермафродитизма, не был обнаружен, что является характерным для диких генотипов винограда.

Таблица 2. Характеристика микросателлитного локуса VVIB23 в исследуемых генотипах дикорастущего винограда

Table 2. Characterization of the microsatellite locus VVIB23 in the studied wild grapevine genotypes

N	Na	Ne	Ho	He
36	7	2,367	0,639	0,578

Примечание: N – количество образцов; Na – количество выявленных различных аллелей; Ne – эффективное число аллелей; Ho – фактическая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность

Note: N – number of accessions; Na – number of different alleles identified; Ne – number of effective alleles; Ho – observed heterozygosity; He – expected heterozygosity

Таблица 3. Частота встречаемости выявленных аллелей микросателлитного локуса VVIB23 в исследуемой выборке

Table 3. Occurrence frequencies for the identified alleles of the microsatellite locus VVIB23 in the studied set of accessions

Аллель / Allele	286 (288)	288 (290)	292 (294)	294 (296)	298 (300)	303 (304)	308 (310)
Частота встречаемости / Allele frequencies	0,611	0,014	0,014	0,056	0,028	0,194	0,083

References / Литература

- Antcliff A.J. Inheritance of sex in *Vitis*. *Annales del l'Amelioration des Plantes*. 1980;30:113-122.
- Battilana J., Lorenzi S., Moreira F.M., Moreno-Sanz P., Failla O., Emanuelli F. et al. Linkage mapping and molecular diversity at the flower sex locus in wild and cultivated grapevine reveal a prominent SSR haplotype in hermaphrodite plants. *Molecular Biotechnology*. 2013;54(3):1031-1037. DOI: 10.1007/s12033-013-9657-5
- Benito A., Muñoz-Organero G., de Andrés M.T., Ocete R., García-Muñoz S., López M.A. et al. *Ex situ* ampelographical characterisation of wild *Vitis vinifera* from fifty-one Spanish populations. *Australian Journal of Grape and Wine Research*. 2017;23(1):143-152. DOI: 10.1111/ajgw.12250
- Biagini B., De Lorenzis G., Imazio S., Failla O., Scienza A. Italian wild grapevine (*Vitis vinifera* L. subsp. *sylvestris*) population: insights into eco-geographical aspects and genetic structure. *Tree Genetics and Genomes*. 2014;10(5):1369-1385. DOI: 10.1007/s11295-014-0767-4
- Dalbó M.A., Ye G.N., Weeden N.F., Steinkellner H., Sefc K.M., Reisch B.I. A gene controlling sex in grapevines placed on a molecular marker-based genetic map. *Genome*. 2000;43(2):333-340. DOI: 10.1139/g99-136
- Doulati-Baneh H., Mohammadi S.A., Labra M., De Mattia F., Bruni I., Mezzasalma V. et al. Genetic characterization of some wild grape populations (*Vitis vinifera* subsp. *sylvestris*) of Zagros mountains (Iran) to indentify a conservation strategy. *Plant Genetic Resources*. 2015;13(1):27-35. DOI: 10.1017/S1479262114000598
- Fisenko Yu.F., Fisenko V.N., Kovalenko F.A. Winemaking in Kuban (Vinodeliye Kubani). Krasnodar: Krasnodar Book Publishers; 1979. [in Russian] (Фисенко Ю.Ф., Фисенко В.Н., Коваленко Ф.А. Виноделие Кубани. Краснодар: Краснодарское книжное издательство; 1979).
- Gorbunov I.V., Ilnitskaya E.T., Lukyanov A.A., Makarkina M.V., Mikhailovsky S.S., Pankin M.I. The Kuban grapes wild forms growing on the Red Forest nature reserve territory. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 2021;677:042072. DOI: 10.1088/1755-1315/677/4/042072
- Gorbunov I.V., Ilnitskaya E.T., Lukyanov A.A., Mikhailovsky S.S., Makarkina M.V., Pankin M.I. et al. Variety of wild-growing grapes of the Utrish reserve. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 2020;548:042050. DOI: 10.1088/1755-1315/548/4/042050
- Gorbunov I.V., Lukyanova A.A., Lifanov I.V., Vinogradova S.V. Phenotypic and genotypic features of wild forms of Kuban grapes. *Vestnik of Kazan State Agrarian University*. 2022;3(67):5-10. [in Russian] (Горбунов И.В., Лукьянова А.А., Лифанов И.В., Виноградова С.В. Фенотипические и генотипические особенности дикорастущих форм винограда Кубани. *Вестник Казанского государственного аграрного университета*. 2022;3(67):5-10). DOI: 10.12737/2073-0462-2022-5-10
- Ilnitskaya E.T., Makarkina M.V., Gorbunov I.V., Kotlyar V.K., Kozhevnikov E.A. Morphological and genetic characteristics of wild-growing vines on Tonkiy Cape territory of Gelendzhik City. *Fruit Growing and Viticulture of South Russia*. 2022;75(3):85-96. [in Russian] (Ильницкая Е.Т., Макаркина М.В., Горбунов И.В., Котляр В.К., Кожевников Е.А. Морфологические и генетические характеристики дикорастущих форм винограда на территории Тонкого мыса города Геленджик. *Плодоводство и виноградарство Юга России*. 2022;75(3):85-96). DOI: 10.30679/2219-5335-2022-3-75-85-96
- Jahnke G., Nagy Z.A., Koltai G., Oláh R., Májer J. Morphological, phenological and molecular diversity of woodland grape (*Vitis sylvestris* Gmel.) genotypes from the Szigetköz, Hungary. *Mitteilungen Klosterneuburg*. 2021;71(1):90-98.
- Karatas D.D., Karatas H., Garcia-Muñoz S. Morphological characterization of endangered wild grapevine *Vitis vinifera* ssp. *silvestris* in Eastern Turkey. *Journal of the American Pomological Society*. 2014;68(1):14-23.
- Krasokhina S.I., Kostrikin I.A. New table grape variety Talisman (Novy stolovy sort vinograda Talisman). *Horticulture and Viticulture*. 2006;(1):23. [in Russian] (Красохина С.И., Кострикин И.А. Новый столовый сорт винограда Талисман. *Садоводство и виноградарство*. 2006;(1):23).
- Küpe M., Ercisli S., Jovanović-Cvetković T., Eydurán S.P., Ayed R.B. Molecular characterization of wild grapes from northeastern part of Turkey. *Genetika*. 2021;53(1):93-102. DOI: 10.2298/GENSR2101093K
- Popescu C.F., Dejeu L.C., Ocete R.R. Preliminary characterization of wild grapevine populations (*Vitis vinifera* ssp. *sylvestris*) grown along the Danube River. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*. 2013;41(2):472-477. DOI: 10.15835/nbha4129317
- Riaz S., Boursiquot J.M., Dangl G.S., Lacombe T., Laucou V., Tenscher A.C. et al. Identification of mildew resistance in wild and cultivated Central Asian grape germplasm. *BMC Plant Biology*. 2013;13:149. DOI: 10.1186/1471-2229-13-149
- Riaz S., De Lorenzis G., Velasco D., Koehmstedt A., Maghradze D., Bobokashvili Z. et al. Genetic diversity analysis of cultivated and wild grapevine (*Vitis vinifera* L.) accessions around the Mediterranean basin and Central Asia. *BMC Plant Biology*. 2018;18(1):137. DOI: 10.1038/s41438-020-0335-z
- Riaz S., Krivanek A.F., Xu K., Walker M.A. Refined mapping of the Pierce's disease resistance locus, *PdRI*, and *Sex* on an extended genetic map of *Vitis rupestris* × *V. arizonica*. *Theoretical and Applied Genetics*. 2006;113(7):1317-1329. DOI: 10.1007/s00122-006-0385-0
- 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
- This P., Lacombe T., Thomas M.R. Historical origins and genetic diversity of wine grapes. *Trends in Genetics*. 2006;22(9):511-519. DOI: 10.1016/j.tig.2006.07.008
- Zdunić G., Lukšić K., Nagy Z.A., Mucalo A., Hančević K., Radić T. et al. Genetic structure and relationships among wild and cultivated grapevines from Central Europe and part of the Western Balkan Peninsula. *Genes*. 2020;11(9):962. DOI: 10.3390/genes11090962

Информация об авторах

Елена Тарасовна Ильницкая, кандидат биологических наук, заведующая лабораторией, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, 350901 Россия, Краснодар, ул. 40 лет Победы, 39, ilnitskaya79@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2446-0971>

Марина Викторовна Макаркина, младший научный сотрудник, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, 350901 Россия, Краснодар, ул. 40 лет Победы, 39, konec_citatu@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3397-0666>

Евгений Анатольевич Кожевников, младший научный сотрудник, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, 350901 Россия, Краснодар, ул. 40 лет Победы, 39, zhenya.kozhevnikov.2017@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1305-3614>

Иван Викторович Горбунов, кандидат биологических наук, научный сотрудник, Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства, виноделия, Анапская зональная опытная станция виноградарства и виноделия – филиал СКФНЦСВВ, 353456 Россия, Анапа, Пионерский проспект, 36, wunsch27@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4702-9148>

Information about the authors

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

Marina V. Makarkina, Associate Researcher, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, 39 40 let Pobedy St., Krasnodar 350901, Russia, konec_citatu@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-3397-0666>

Evgeny A. Kozhevnikov, Associate Researcher, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, 39 40 let Pobedy St., Krasnodar 350901, Russia, zhenya.kozhevnikov.2017@bk.ru, <https://orcid.org/0000-0003-1305-3614>

Ivan V. Gorbunov, Cand. Sci. (Biology), Researcher, North Caucasian Federal Scientific Center of Horticulture, Viticulture, Wine-making, Anapa Zonal Experiment Station of Viticulture and Wine-making, branch of the NCFSCSHVW, 36 Pionersky Ave., Anapa 353456, Russia, wunsch27@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-4702-9148>

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 29.12.2022; одобрена после рецензирования 09.07.2023; принята к публикации 05.12.2023. The article was submitted on 29.12.2022; approved after reviewing on 09.07.2023; accepted for publication on 05.12.2023.