

УДК 634.8:581.167:631.532

О. М. КАРАСТАН, н. с.,  
Н. А. МУЛЮКІНА, д. с.-г. н., зав. від.,  
Г. В. ПЛАЧИНДА, м. н. с.,  
О. С. ПАПІНА, м. н. с.,  
ННЦ «Інститут виноградарства і виноробства ім. В. Є. Таїрова»  
e-mail: olga\_tashoglo@ukr.net

### **ІДЕНТИФІКАЦІЯ ТА ПОХОДЖЕННЯ БЕЗНАСІННЄВИХ СОРТІВ ВИНОГРАДУ З КОЛЕКЦІЇ ННЦ «ІНСТИТУТ ВИНОГРАДАРСТВА І ВИНОРОБСТВА ІМ. В. Є. ТАІРОВА»**

*Отримали алельні характеристики для дев'яти мікросателітних локусів (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, ZAG79 та ZAG62) безнасіньєвих сортів винограду з колекції ННЦ «Інститут виноградарства і виноробства ім. В. Є. Таїрова». Підтверджене походження сортів Інтерлейкін, Мечта, Кишмиш ОСГІ, Ромулус, Рушакі та спростована наявність відносин «нащадок – батьківський сорт» між сортами Белградський безнасіньєвий та Дим'ят.*

Ключові слова: мікросателітний аналіз, SSR, виноград, безнасіньєвість.

**Вступ.** Динамічний розвиток споживчого ринку постійно потребує нових сортів винограду із поліпшеними характеристиками якості та товарності. Зокрема, збільшується попит на безнасіньєві сорти, оскільки наявність насіння у ягодах впливає на вибір споживача [1]. Давні та більшість сучасних таких сортів мають відносно невеликий розмір ягід, що погіршує товарний вигляд продукції та зумовлює помірну урожайність [2], тому головним пріоритетом сучасної селекції винограду за ознакою безнасіньєвості є створення крупноплідних сортів та ще й ранньострокових за досяганням.

Селекційний процес за класичними методами потребує значних матеріальних вкладень, праці та часу через тривалу ювенільну фазу рослин та низький відсоток вищеплення безнасіньєвих генотипів у гібридних популяціях. Залучення нових технологій та методів, таких як відновлення ембріону (*embryo rescue*) в умовах *in vitro* та використання молекулярних маркерів ДНК на ранніх етапах розвитку рослин, дозволяє значно підвищити ефективність та скоротити тривалість добору за ознакою безнасіньєвості [3].

Маркер-супутній добір (*Marker assisted selection* — добір за допомогою маркерів) — відносно нова технологія, що дає можливість оцінювати гібридний матеріал та добирати бажані генотипи на стадіях ювенільно-

го розвитку рослин, «виграючи» при цьому від 2 до 4 років у процесі виведення сорту [3]. Обов'язковою умовою застосування такого добору є точна ідентифікація рослин-донорів ознаки безнасінності, оскільки внаслідок близькоспоріднених схрещувань виникає фенотипова подібність та існує велика кількість синонімічних назв (від 10 до 15 тисяч), серед яких лише близько 5 тисяч власне сортів [4].

Серед усіх існуючих молекулярних маркерів послідовності мікросателітів виявилися одними з найбільш зручних та ефективних для дослідження винограду [5–12], і в різних країнах були розроблені сотні мікросателітних маркерів, більшість із яких знаходяться у відкритому доступі [13–19].

Завдяки економічному та культурному значенню, а також відносно невеликому розміру (467,5 Мб) генома виноград став однією з перших сільськогосподарських культур, для яких була секвенована [20, 21] послідовність ядерного генома. Дослідники виявили 30434 генів, що склали біля 43 % ДНК, при цьому значущі послідовності становили лише 6,3 % (33,6 Мб).

Серед повторюваних послідовностей були знайдені 73853 мікросателіти з довжиною мотиву від 2 до 8 п.о., що склали 1,8 Мб генома винограду. Незважаючи на значну кількість мікросателітних локусів, більшість з них не відповідають нормам [23] щодо властивостей мікросателітних маркерів та непридатні для створення праймерних пар. На сьогоднішній день на різних напрямках дослідження винограду використовуються загалом близько 400 мікросателітних маркерів, серед яких дев'ять (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD27, ZAG62, ZAG79, VVMD25, VVMD28 та VVMD32) рекомендовані як стандартний ряд для ідентифікації сортів винограду [17, 23].

Інформація щодо алельних характеристик за мікросателітними локусами створює матеріал для подальших досліджень генетичного різноманіття в популяціях винограду, оцінки та використання існуючих колекцій сортів, оптимізації селекційного процесу шляхом маркер-супутнього добору, аналізу родоводів давніх сортів та ін.

**Мета роботи:** мікросателітний аналіз безнасінних сортів винограду для виявлення їхньої ідентичності за походженням.

**Матеріали та методи.** Рослинний матеріал: сорти винограду з колекції нашого інституту — Белградський безнасінний, Кишмиш ОСГІ, Мечта, Рушакі, Русалка 1, Русалка 3, Флейм сідлс, Інтерлейкін, Ромулус. ДНК виділяли із замороженого (-20 °С) листового матеріалу з використанням комерційного набору DNA Plant Kit (QIAGEN) за методикою виробника. Якість та кількість виділеної ДНК оцінювали електрофорезом у 0,8 %-му агарозному гелі.

ПЛР проводили із використанням 9 мікросателітних маркерів: VVS2, ZAG62, ZAG79, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVMD28, VVMD25, VVMD32. Капілярний електрофорез продуктів ПЛР (полімеразна ланцюгова реакція)

здійснювали на аналізаторі ДНК ABI Prizm 310 (Applied Biosystems). Розміри алелів мікросателітних фрагментів визначали за допомогою стандарту молекулярної маси ABI LIZ та комп'ютерної програми Gene Mapper 4.0.

Інформація щодо походження досліджуваних безнасінневих сортів (табл. 1) колекції інституту була залучена з європейської бази даних Vitis International Varieties Catalogue (VIVC) [24].

Таблиця 1

Походження досліджуваних безнасінневих сортів винограду

Сорт	Походження	Країна походження
Кишмиш ОСГІ	Чауш рожевий х Кишмиш чорний	Україна
Мечта	Чауш рожевий х Кишмиш чорний	Україна
Русалка 1	гібрид (Чауш рожевий х Італія) х Недельчев Магватлана (Султаніна х Італія)	Болгарія
Русалка 3	Мірний (Катта Курган х Победа) х Недельчев Магватлана	Болгарія
Флейм сідлс	гібрид (Кардинал х Султаніна) х (гібрид (Ред Малага х Тіфафіхі Ахмер) х гібрид (Мускат александрійський х Султаніна))	США
Інтерлейкін	Султаніна х Онтаріо	США
Ромулус	Султаніна х Онтаріо	США
Белградський безнасінневий	Дим'ят х суміш пилку	Сербія
Рушакі	Султаніна х Мхалі	Вірменія

**Результати дослідження та обговорення.** В роботі наведені результати мікросателітного аналізу 9 сортів з колекції (табл. 2).

Сорти Каберне Совіньон та Шардоне були використані як референтні з метою порівняння отриманих алельних характеристик з результатами генотипування в інших лабораторіях.

Для аналізу ймовірного батьківства алельні характеристики за окремими локусами трьох сортів (Кишмиш чорний, Султаніна та Дим'ят) були залучені з літературних джерел європейського Каталогу сортів «Vitis» [24] та італійської бази мікросателітних профілів Grapevine Microsatellite Collection (GMC) [25].

Згідно з VIVC, для сорту Белградський безнасінневий батьківським є болгарський сорт Дим'ят. Визначені нами алельні характеристики сорту Белградський безнасінневий повністю узгоджуються з даними, раніше отриманими Bergamini C. та ін. [26].

Порівняльний аналіз мікросателітних профілів сортів Белградський безнасінневий та Дим'ят показав відсутність спільних алелів у трьох (VVS2, VVMD5, ZAG79) із шести досліджених локусів, що дозволяє говорити про відсутність родинних зв'язків між зазначеними сортами. Разом із тим Белградський безнасінневий виявив спільні алелі у кожному з дев'яти досліджених локусів із сортом української селекції Мечта. Відповідно до

європейської бази даних «Vitis», рік гібридизації батьківських форм сорту Белградський безнасінневий — 1972, а сорту Мечта — 1959, що свідчить про можливість існування у них родинних зв'язків. У подальшому для підтвердження або спростування походження Белградського безнасінневого від сорту Мечта будуть отримані алельні характеристики за розширеною панеллю мікросателітних локусів (загалом до 20 маркерів).

Генетичні характеристики вірменського сорту Рушакі відповідають раніше опублікованим [27] та показали 61,1 % (11 з 18) однакових алелів із сортом Султаніна. Мікросателітний профіль сорту Мхалі не був використаний через відсутність у відкритих літературних джерелах.

Отримані нами алельні характеристики болгарських безнасінневих сортів Русалка 1 та Русалка 3 повністю співпадають із генотипами, виявленими у 2004 році болгарськими дослідниками [28]. Аналіз походження даних сортів не був проведений через відсутність генотипів батьківських форм.

Північноамериканський сорт Флейм сідлс, що має складне походження та не є прямим нащадком сорту Султаніна, також виявив 61,1 % однакових алелів із ним. Це може пояснюватися випадковим успадкуванням [29] найбільш поширених алелів, що також входять до складу генома сорту Султаніна. Слід зазначити, що мікросателітний профіль сорту Флейм сідлс, отриманий у нашому дослідженні, повністю узгоджуються із наведеними в базах даних [24, 25].

Сорти Кишмиш ОСГІ та Мечта походять від батьківської пари Чауш рожевий — Кишмиш чорний. Аналіз отриманих алельних характеристик виявив спільні алелі в усіх локусах обох досліджуваних сортів та їхніх ймовірних батьків. Кишмиш ОСГІ показав 61,1 % (11 з 18) однакових алелів із сортом Чауш рожевий та 55,5 % (10 з 18) із сортом Кишмиш чорний. Для сорту Мечта ці показники склали аналогічні значення — 61,1 та 55,5 % відповідно. При порівнянні генотипів сортів Кишмиш ОСГІ та Мечта було виявлено 55,5 % однакових алелів (10 з 18).

Сорти Інтерлейкін та Ромулус також походять від спільної батьківської пари Султаніна–Онтаріо; вони виявили однакові алелі в усіх досліджених локусах з батьківським сортом Султаніна. Мікросателітний профіль сорту Онтаріо не був знайдений у відкритих літературних джерелах.

Генотип сорту Інтерлейкін показав 10 однакових алелів з 18 досліджених із сортом Султаніна, що склало 55,5 %, а генотип сорту Ромулус — 9 із 18 алелів (50 %). Цікаво зауважити, що генотипи Інтерлейкіна та Ромулуса виявили більшу подібність між собою, ніж з генотипом батьківського сорту, та показали 72,2 % (13 з 18) однакових алелів.

За допомогою алельних характеристик сортів Інтерлейкін та Ромулус ми зробили спробу реконструювати генотип сорту Онтаріо (табл. 2). Чотири з дев'яти локусів (VVS2, VVMD28, ZAG79 та VVMD32) виявилися гетерозиготними, для решти локусів був визначений лише 1 алель.

Таблиця 2

Розміри алелів (п. о.) 9 мікросателітних локусів досліджуваних та залучених з літературних та інших джерел сортів винограду

№	Сорт	VWS 2		ZAG62		VWMD 7		WMD 27		VWMD 5		WMD 25		VWMD 28		ZAG 79		VWMD 32	
		135	137	190	204	251	251	178	182	229	237	244	258	224	240	250	254	252	274
1	Белградський безна- сінневий	125	153	190	206	249	255	178	182	237	241	252	232	250	250	266	252	252	274
2	Інтерлейкін	137	153	198	204	251	251	176	178	237	249	252	240	252	250	254	252	274	274
3	Мечта	137	153	190	190	251	255	176	191	237	241	252	224	240	252	254	252	266	266
4	Кишмиш ОСГІ	127	153	190	206	241	249	178	182	237	241	244	236	250	250	250	242	252	252
5	Ромулус	135	157	202	206	249	251	176	182	237	239	242	250	264	246	258	252	274	274
6	Русалка 1	147	157	190	202	251	255	176	191	241	243	242	242	250	258	260	252	274	274
7	Русалка 3	153	153	190	190	241	249	176	178	237	241	252	224	242	250	262	252	274	274
8	Рушакі	135	153	190	190	241	255	178	182	237	239	244	250	250	250	254	252	274	274
9	Флейм сідлс	153	159	190	204	251	255	178	191	237	237	248	224	252	250	254	252	252	252
10	Кишмиш чорний <sup>1,2</sup>	147	153	190	190	241	255	178	191	237	237	242	224	250	250	262	252	252	252
11	Султаніна <sup>1,2,3</sup>	145	145	190	206	241	251	176	178	243	249	-	-	-	240	262	-	-	-
12	Дим'ят <sup>3</sup>	137	145	190	198	251	251	176	176	241	249	252	240	264	252	254	266	274	274
13	Чауш рожевий	139	145	190	198	241	245	178	186	237	241	242	224	234	246	248	242	274	274
14	Шардоне	141	153	190	196	241	241	172	186	235	243	242	240	242	250	250	242	242	242
15	Каберне Совіньон	125	127	-	206	-	249	-	182	-	241	-	232	236	250	266	242	252	252
	Онтаріо *																		

Примітка: джерела, дані з яких були використані для підтвердження ідентичності досліджуваних безнасіневих сортів винограду: 1 — [27], 2 — [25]; 3 — [24]; \* — реконструйований генотип сорту Онтаріо.

Звертає увагу значна подібність генотипів Інтерлейкіна та Ромулуса (72,2 % однакових алелів) у порівнянні з аналогічною парою нащадків одних батьків — сортами Кишмиш ОСГІ та Мечта (55,5 %). Крім того, за літературними даними [30], сорт Гленора (Онтаріо х Кишмиш чорний) за локусом VVMD5 має генотип 237:241, в якому алель 241 п. о. був отриманий від сорту Онтаріо. Це може свідчити про гомозиготність локусів ZAG62, VVMD5, VVMD7, VVMD25 та VVMD27 сорту Онтаріо, що достеменно буде виявлено в результаті генотипування сорту Онтаріо або аналізу генотипів його сортів-нащадків, кількість яких, за інформацією бази даних «Vitis», складає двадцять два.

**Висновки.** За результатами дослідження отримані алельні характеристики дев'яти мікросателітних локусів для дев'яти безнасінневих виноградних сортів з колекції ННЦ «Інститут виноградарства і виноробства ім. В. Є. Таїрова».

Для сортів Інтерлейкін, Мечта, Кишмиш ОСГІ, Ромулус, Рушакі підтверджено відносини «батьківський сорт — нащадок» із сортами, що зазначені як батьківські у європейському каталозі «Vitis».

Сорт Белградський безнасінневий не показав родинних зв'язків із зазначеним батьківським сортом Дим'ят та виявив значну подібність генотипу до безнасінневого сорту української селекції Мечта.

У подальших дослідженнях планується виявити походження сорту Белградський безнасінневий, використати отримані дані генотипування за мікросателітними локусами для аналізу генетичного різноманіття сортів з колекції ННЦ «Інститут виноградарства і виноробства ім. В. Є. Таїрова» та апробування технології маркер-супутнього добору за ознакою безнасінності у селекційному процесі.

#### СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ

1. Радчевский П. П. Бессемянные сорта винограда / П. П. Радчевский, Л. П. Трошин // Кубан. гос. аграр. ун-т. — Краснодар, 2008. — 160 с.
2. Смирнов К. В. Виноградарство / К. В. Смирнов, Т. И. Калмыкова, Г. С. Морозова; под ред. К. В. Смирнова. — М.: Агропромиздат, 1987. — 367 с.
3. Marker assisted selection for seedlessness in table grape breeding / E. Karagac, A. Vargas, M. T. de Andrés [et al.] // Tree Genetics & Genomes. — 2012. — Vol. 8, № 5. — P. 1003–1015.
4. This P. Historical origins and genetic diversity of wine grapes / P. This, T. Lacombe, M. R. Thomas // Trends in Genetics. — 2006. — Vol. 22. — P. 511–519.
5. Meredith C. P. Grapevine Genetics: Probing the Past and Facing the Future / C. P. Meredith // Agriculturae Conspectus Scientificus. — 2001. — Vol. 66, № 1. — P. 21–25.
6. Thomas M. R. Microsatellite repeats in grapevine reveal DNA polymorphism when analyzed as sequence-tagged sites (STSs) / M. R. Thomas, N. S. Scott // Theoretical and Applied Genetics. — 1993. — Vol. 86. — P. 985–990.
7. Grapevine fingerprinting using microsatellite repeats / G. Cipriani, G. Frazza, E. Peterlunger, R. Testolin // Vitis. — 1994. — Vol. 33, № 4. — P. 211–215.

8. Genotyping of grapevine and rootstock cultivars using microsatellite markers / K. M. Sefc, F. Regner, J. Glossl, H. Steinkellner // *Vitis*. — 1998. — Vol. 37, № 1. — P.15–20.
9. Microsatellite variability in grapevine cultivars from different European regions and evaluation of assignment testing to assess the geographic origin of cultivars / K. M. Sefc, M. S. Lopes, F. Lefort, R. Botta [et al.] // *Theoretical and Applied Genetics*. — 2000. — Vol. 100. — P. 498–505.
10. Use of sequence-tagged microsatellite site markers for characterizing table grape cultivars / E. M. Sanchez-Escribano, J. P. Martin, J. Carreno, J. L. Cenis // *Genome*. — 1999. — № 42. — P. 87–93.
11. Genetic structure, origins, and relationships of grapevine cultivars application of microsatellite markers in grapevine and olives from the Castilian Plateau of Spain. / J. C. Santana, M. Heuertz, C. Arranz [et al.] // *American Journal of Enology and Viticulture*. — 2010. — Vol. 61, № 2. — P. 214–241.
12. 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 / G. Cipriani, A. Spadotto, I. Jurman, [et al.] // *Theoretical and Applied Genetics*. — 2010. — Vol. 121, № 8. — P. 1569–1585.
13. High throughput analysis of grape genetic diversity as a tool for germplasm collection management / V. Laucou, T. Lacombe, F. Dechesne [et al.] // *Theoretical and Applied Genetics*. — 2011. — Vol. 122, № 6. — P. 1233–1245.
14. Isolation and characterization of new polymorphic simple sequence repeat loci in grape (*Vitis vinifera* L.) / J. E. Bowers, G. S. Dangl, R. Virnani, C. P. Meredith // *Genome*. — 1996. — Vol. 39. — P. 628–633.
15. A set of microsatellite markers with long core repeat optimized for grape (*Vitis* spp.) genotyping / G. Cipriani, M. T. Marrazzo, G. Di Gaspero [et al.] // *BMC Plant Biology*. — 2008. — Vol. 8. — P. 127.
16. Development and characterization of a large set of microsatellite markers in grapevine (*Vitis vinifera* L.) suitable for multiplex PCR / D. Merdinoglu, G. Butterlin, L. Bevilacqua [et al.] // *Molecular Breeding*. — 2005. — Vol. 15, № 4. — P. 349–366.
17. Bowers J. E. Development and characterization of additional microsatellite DNA markers for grape / J. E. Bowers, G. S. Dangl, C. P. Meredith // *Am. J. Enology Vitic.* — 1999. — Vol. 50, № 3. — P. 243–246.
18. Identification of microsatellite sequences in *Vitis riparia* and their applicability for genotyping of different *Vitis* species / K. M. Sefc, F. J. Regner, E. Turetschek [et al.] // *Genome*. — 1999. — Vol. 42, № 3. — P. 367–373.
19. Lefort, F. Genetic comparison of Greek cultivars of *Vitis vinifera* L. by nuclear microsatellite profiling / F. Lefort, K. K. A. Roubelakis-Angelakis // *American Journal of Enology and Viticulture*. — 2001. — Vol. 52, № 2. — P. 101–108.
20. The grapevine genome sequence suggests ancestral hexaploidization in major angiosperm phyla / O. Jaillon, J. M. Aury, B. Noel [et al.] // *Nature*. — 2007. — Vol. 449. — P. 463–467.
21. A high quality draft consensus sequence of the genome of a heterozygous grapevine variety [Електронний ресурс] / R. Velasco, A. Zharkikh, M. Troggio [et al.] // *Plos One*. — 2007. — Vol. 2, № 12. — Режим доступу: <http://www.biomedsearch.com/attachments/00/18/09/47/18094749/pone.0001326.pdf>

22. Isolation of (AC)*n*-microsatellites in *Vitis vinifera* L. and analysis of genetic background in grapevines under marker assisted selection / G. Di Gaspero, G. Cipriani, M. T. Marrazzo [et al.] // *Molecular Breeding*. — 2005. — Vol. 15, № 1. — P. 11–20.
23. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars / P. This, A. Jung, J. Borrego [et al.] // *Theoretical Applied Genetic*. — 2004. — Vol. 109. — P. 1448–1458.
24. *Vitis International Variety Catalogue* [Електронний ресурс]. — Режим доступу: <http://www.vivc.de/>
25. *Grapevine Microsatellite Collection* [Електронний ресурс]. — Режим доступу: <http://meteo.iasma.it/genetica/gmc.html>
26. Validation assay of p3\_VvAGL11 marker in a wide range of genetic background for early selection of stenospermocarpy in *Vitis vinifera* L. / C. Bergamini, M. F. Cardone, A. Anaclerio [et al.] // *Mol Biotechnol*. — 2013. — Vol. 54, № 3. — P. 1021–1030.
27. Riaz S. Identification of mildew resistance in wild and cultivated Central Asian grape germplasm / S. Riaz, J. M. Boursiquot, G. S. Dangl [et al.] // *BMC Plant Biol*. — 2013. — Vol. 13. — P. 149.
28. Genotyping of Bulgarian *Vitis vinifera* L. cultivars by microsatellite analysis / T. Hvarleva, K. Rusanov, F. Lefort [et al.] // *Vitis*. — 2004. — Vol. 43, № 1. — P. 27–34.
29. *Microsatellite markers for grapevine: A state of the art* / K. M. Sefc, F. Lefort, S. Grando / K. A. Roubelakis-Angelakis editor / Amsterdam: Kluwer Publishers. — 2001. — P. 433–463.
30. Characterization of Iranian grapevine cultivars using microsatellite markers / R. Fatahi, A. Ebadi, N. Bassil [et al.] // *Vitis*. — 2003. — Vol. 42, № 4. — P. 185–192.

Надійшла 04.11.2014.

UDC 634.8:581.167:631.532

**Karastan O. M., Mulyukina N. A., Plachinda G. V., Papina O. S.** NSC «Tairov Research Institute of Viticulture and Wine-Making»

### **THE IDENTIFICATION AND ORIGIN OF NSC «TAIROV RESEARCH INSTITUTE OF VITICULTURE AND WINE-MAKING» COLLECTION SEEDLESS GRAPE VARIETIES**

The dynamic development of the consumer market increases the demand for seedless grape varieties, since the presence of seeds in the berries affects consumer choice. Most modern seedless varieties have relatively small size of the berries, so one of main priorities for current grape breeding is to create early-ripening seedless grapevines with large berry size. The classical breeding is extremely resource and time consuming process, therefore application of new technologies such as embryo rescue and screening by DNA molecular markers can significantly improve the efficiency and reduce the terms of



seedless varieties creating. The base of successful breeding is accurate identification of cultivars involved in hybridization. Microsatellite markers are one of the most reliable tools for varieties differentiation.

PCR was conducted by using the set of nine microsatellite markers (VVS2, VrZAG62, VrZAG79, VVMD5, VVMD7, VVMD27, VVMD28, VVMD25 and VVMD32). The alleles were detected on a DNA analyzer ABI Prizm 310 (Applied Biosystems) by the program GENE MAPPER 4.0.

Origin of cultivars Kishmish OSHI, Mechta, Rushaki, Interlaken, Romulus was confirmed according to Vitis International Variety Catalogue (VIVC). Because of parent cultivars absence the origin of varieties Rusalka 1, Rusalka 3 and Flame seedless could not be verified. Cultivar Beogradska bessemena demonstrated no relationships «parent — descendent» with cultivar Dymyat as it was described in VIVC. While Beogradska bessemena showed common alleles at all investigated loci with Ukrainian cultivar Mechta. In the future Beogradska bessemena possible origin from Mechta will be studied more thoroughly.

УДК 634.8:581.167:631.532

**Карастан О. М., Мулюкина Н. А., Плачинда Г. В., Папина Е. С.**

**ИДЕНТИФИКАЦИЯ И ПРОИСХОЖДЕНИЕ БЕССЕМЯННЫХ СОРТОВ  
ВИНОГРАДА ИЗ КОЛЛЕКЦИИ ННЦ «ИНСТИТУТ ВИНОГРАДАРСТВА  
И ВИНОДЕЛИЯ ИМ. В. Е. ТАИРОВА»**

Получили аллельные характеристики для девяти микросателлитных локусов (VVS2, VVMD5, VVMD7, VVMD25, VVMD27, VVMD28, VVMD32, ZAG79 и ZAG62) бессемянных сортов винограда из коллекции ННЦ «Институт виноградарства и виноделия им. В. Е. Таирова». Подтверждено происхождение сортов Интерлейкин, Мечта, Кишмиш ОСХИ, Ромулус, Рушаки и опровергнуто наличие отношений «потомок — родительский сорт» между сортами Белградский бессемянный и Димьят.