

УДК 634.8

06.01.01 – Общее земледелие, растениеводство
(сельскохозяйственные науки)

**АНАЛИЗ СИБСОВ СОРТОВ СТОЛОВОГО
ВИНОГРАДА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ IPBS
МАРКЕРОВ**

Филиппова Юлия Олеговна
студент бакалавр кафедры виноградарства
E-mail: julphi@mail.ru

Миндиарова Виктория Олеговна
студент бакалавр кафедры виноградарства
E-mail: vika-2000m@mail.ru

Савенкова Дарья Сергеевна
студент бакалавр кафедры виноградарства
E-mail: dasha_19.99s@mail.ru

Милованов Александр Валериевич
кандидат биологических наук, старший
преподаватель
E-mail: milovanov1991@mail.ru

Трошин Леонид Петрович
доктор биологических наук, заведующий
кафедрой виноградарства
E-mail: lpTROSHIN@mail.ru
*Кубанский государственный аграрный
университет имени И. Т. Трубилина, Краснодар,
Россия*

Виноград (*Vitis vinifera* L.) – растение, обладающее впечатляющим биохимическим составом для употребления в пищу, которого, могут быть использованы разные части. Поэтому, как известно, данная культура широко распространена по всему миру. Растущий из года в год спрос на продукцию этого сельскохозяйственного растения заставляет создавать новые более устойчивые к воздействию внешних условий и биотическим факторам сорта, а также сорта с лучшими вкусовыми качествами. В этом ученым помогает как традиционная, так и клоновая селекция, с помощью которых, они могут работать с материалом уже доказавших свое качество. Тем не менее, любая работа, в частности селекция, какой бы она не была, начинается с изучения имеющегося генетического материала различного рода маркерными системами. Поэтому, для достижения цели нашей работы – изучения генетического родства между двумя сортами-сибсами винограда, мы взяли вегетативное потомство сортов, созданных селекционером Крайновым В.Н. с использованием сортов Кишмиш лучистый и Талисман, а также отличный от них по цвету, происхождению и

UDC 634.8

06.01.01 - General agriculture, crop production
(agricultural sciences)

**ANALYSIS OF SIBS OF TABLE GRAPE
VARIETIES USING IPBS MARKERS**

Philippova Yulia Olegovna
student
E-mail: julphi@mail.ru

Mindiyarova Victoria Olegovna
student
E-mail: vika-2000m@mail.ru

Savenkova Daria Sergeevna
student
E-mail: dasha_19.99s@mail.ru

Milovanov Alexander Valerievich
cand.Biol.Sci., Senior Lecturer
E-mail: mi-lovanov1991@mail.ru

Troshin Leonid Petrovich
Doctor of Biological Sciences, Head of the
Viticulture Department
E-mail: lpTROSHIN@mail.ru
*Kuban State Agrarian University named after I.T.
Trubilin, Krasnodar, Russia*

Grape (*Vitis vinifera* L.) is a plant with an impressive biochemical composition for human consumption, of which different parts can be used. Therefore, as you know, this culture is widespread throughout the world. The growing demand for the products of this agricultural plant from year to year makes us create new varieties that are more resistant to external conditions and biotic factors, as well as varieties with better taste. There, scientists are assisted by both traditional and clonal selection, with the help of which they can work with material that has already proven their quality. Nevertheless, any work, in particular breeding, whatever it may be, begins with the study of the available genetic material with various kinds of marker systems. Therefore, to achieve the goal of our work - to study the genetic relationship between two sibling grape varieties, we took the vegetative offspring of varieties created by the breeder Krajinov V.N. using the varieties Kishmish Luchisty and Talisman, as well as the Akademik Trubilin grape variety different from them in color, origin and purpose, as an out-group for our research. During the work, the total DNA was isolated from the dried leaves by the CTAB method. We carried out genotyping based on PCR using iPBS markers. The work used the following programs to

назначению сорт винограда Академик Трубилин в качестве аут-группы для наших исследований. В процессе работы, ЦТАБ-методом было выделено тотальное ДНК из высушенных листьев. Генотипирование проводилось на основе ПЦР с применением iPBS маркеров. Для обработки полученных данных были использованы программы: GelPro 3.1 (Media Cybernetics), GenAlEx 6.3 и MEGA7. В результате исследований были получены следующие данные: 628 ДНК бендов было получено всего (с учетом генотипа сорта-контраста), в то время как количество бендов в изучаемых популяциях сибсов было 543. При этом, количество полиморфных бендов оказалось 389 всего. При проведении кластерного анализа мы могли наблюдать, что разделение древа произошло на две основные ветви, что было вполне ожидаемо. Так, в отдельный кластер были выделены родственные сорта Антоний великий и Долгожданный. Проведение анализа методом PCoA дало схожие результаты. Все сорта расположены примерно на равном расстоянии друг от друга. Тем не менее, наблюдалось четкое распределение клонов сортов по группам и выделение в отдельный кластер сорта Академик Трубилин

Ключевые слова: ВИНОГРАД, БИОЛОГИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ, IPBS, РЕТРОТРАНСПОЗОНЫ, СТОЛОВЫЕ СОРТА

process the data obtained: GelPro 3.1 (Media Cybernetics), GenAlEx 6.3, and MEGA7. As a result of the research, the following data were obtained: 628 DNA bands were obtained in total (taking into account the genotype of the contrast cultivar), while the number of bands in the studied populations of siblings was 543. The number of polymorphic bands was 389 in total. Conducting cluster analysis, we have observed that the tree was split into two main branches, which was expected. Thus, the related varieties Anthony Velikii and Dolgozhdannii were allocated to a separate cluster. PCoA analysis had similar results. All varieties are located at approximately equal distance from each other. Nevertheless, there was a clear distribution of clones of varieties into groups and the selection of the variety Akademik Trubilin separately

Keywords: GRAPEVINE, BIOLOGICAL DIVERSITY, SELECTION, GENETIC RESOURCES, IPBS, RETROTRANSPOSONS, TABLE VARIETIES

<http://dx.doi.org/10.21515/1990-4665-163-015>

Введение

Виноград (*Vitis vinifera* L.) – популярное растение, которое издавна любимо человеком и широко используется для приготовления вин, в кулинарии, а также его плоды употребляются в свежем виде. И все это обусловлено тем, что виноград обладает богатым генетико-биологическим разнообразием, включающим в себя такие свойства как разнообразный биохимический состав (витамины, углеводы, клетчатка, жиры, макро- и микроэлементы), вкусовые качества, а также наличие разного размера и формы ягод у столовый и технических сортов [1-4].

Благодаря комфортному для культуры климату, подходящему составу почв Юг России, и, в частности, Краснодарский край, является одним из лучших мест для выращивания винограда. Около 60% всего

<http://ej.kubagro.ru/2020/09/pdf/15.pdf>

винограда России выращивается на Кубани [5-7]. Ценность культуры и постоянно растущий и, конечно же, меняющийся спрос у потребителей, требует непрерывной работы над созданием новых сортов более устойчивых к воздействию внешней среды и с улучшенными вкусовыми качествами. Для этого необходимо как использовать в селекции стародавние сорта винограда, так и изучать и разводить те сорта винограда, которые уже зарекомендовали себя как эффективные [8-10].

Конечно, в современной селекции существуют различные пути улучшения культуры, такие как традиционная селекция и отбор лучших гибридов, так и генетическое модифицирование отдельных особей, а также клоновая селекция. Если же обычная селекция основывается на скрещивании, то основой клоновой селекции является спонтанная мутация. Мутантные особи в процессе размножения становятся родоначальниками клонов – материалом с которыми потом уже работают селекционеры [8, 11]. Тем не менее, любая селекционная работа начинается именно с изучения имеющегося генетического материала.

Таким образом, в данной работе своей целью мы поставили изучение генотипов клонов двух столовых сортов белоягодного винограда (Долгожданный и Антоний великий), имеющих общих родителей и созданных, селекционером-любителем Крайновым В.Н. Помимо этого, для того чтобы более явно увидеть родство изучаемых сортов, в выборку также нами был включен сорт Академик Трубилин как сильно отличающийся от выбранных для изучения сибсов.

Материалы и методы

В нашей работе для сравнения и изучения мы выбрали три сортотипа винограда. В первый сортотип вошли клоны сорта Долгожданный: Долгожданный 6-8, Долгожданный 6-9, Долгожданный Ф. Второй сортотип представлен клонами сорта Антоний великий: Антоний великий 30-5, Антоний великий 30-6, Антоний великий Ф. Третий сортотип

представлен одним клоном сорта Академик Трубилин, который выбран для создания аут-группы анализа, как сильно отличный от изучаемых столовых сортов (сорт обладает техническими характеристиками, а также отличительным окрасом ягод (темно синий)).

Для нашего исследования были отобраны верхушечные листья, которые были транспортированы охлажденными в термоконтейнере. При помощи ЦТАБ-метода [12-14] из листьев выделялось ДНК, которое далее использовалось в исследованиях.

Параметры ПЦР реакции были выбраны в соответствии с Kalendar and Shulman [15-17]. Для амплификации были использованы молекулярные маркеры: 2230, 2074, 2078, 2228, 2373, 2237, 2415, 2075 [19-20], Vine-1, Tvv-1 [20-21]. Электрофоретическое разделение продуктов амплификации маркеров проводили в 6% ПААГ, в течение 7 часов, при силе тока 70А и мощности 70В.

Подсчет количества бендов проводился в программе GelPro 3.1 (Media Cybernetics). Обработка результатов (подсчет количества, число частных и полиморфных бендов, а также РСoА анализ) проводилась в программе GenAIEx 6.3 [22]. Кластерное древо строилось в программе MEGA7 [23] и, в качестве метода кластеризации, был выбран стандартный метод UPGMA.

Результаты

В результате работы с помощью десяти молекулярных маркеров были изучены три сортотипа винограда: Долгожданный, Антоний великий и Академик Трубилин. Амплификация ДНК генотипов выбранных сортов винограда с маркером 2230 выявила всего 42 бенда, при этом минимальное количество бендов (4 шт.) показали такие клоны как Долгожданный 6-9, Долгожданный, Долгожданный Ф, Антоний великий и Антоний великий Ф. В то время как сорта Академик Трубилин и Антоний великий 30-б показали наибольшее количество бендов – 6. Последующая амплификация

выделенной ДНК с маркером 2074 выявила всего 83 бенда, при этом минимальное количество бендов – 7 показал сорт Долгожданный Ф. Наибольшее количество бендов (14) выявлено у сорта Академик Трубилин. Амплификация с маркером 2078 выявила всего 51 бенд, при этом наибольшее количество ДНК бендов – 8 показал сорт Академик Трубилин. Наименьшее количество бендов (5) выявил сорт Долгожданный и его клоны, а также Антоний великий Ф. При амплификации генотипов с маркером 2228 наибольшее количество бендов (5) было выявлено у клонов Антоний великий 30-6 и Антоний великий Ф. Меньшее количество бендов (4) выявили остальные сорта: Академик Трубилин, Долгожданный, Антоний великий и их клоны. Исследование выбранных генотипов с использованием маркера 2373 выявило всего 60 бендов, при этом наименьшее количество бендов - 5 показал сорт Антоний великий 30-5, в то время как наибольшее количество бендов (12) при амплификации с данным маркером показал сорт Академик Трубилин. Использование ДНК-маркера 2237 выявило всего 116 бендов, при этом минимальное количество – 7 показал клон Долгожданный 6-9. Наибольшее же количество бендов – 16 показал клон этого же сорта Долгожданный Ф. Изучение выбранных генотипов с использованием маркера 2415 выявило всего 45 бендов, при этом наибольшее количество бендов (6) показали такие сорта как Академик Трубилин и Долгожданный. А наименьшее количество бендов (4) показали клоны сорта Долгожданный: Долгожданный 6-9 и Долгожданный Ф. Амплификация выбранных генотипов с маркером 2075 выявила всего 87 бендов, при этом наибольшее количество бендов было выявлено у клона Антоний великий 30-6. В свою очередь, наименьший показатель по количеству бендов (8) показал клон Антоний великий Ф. Использование ДНК-маркера Vine-1 выявило всего 58 бендов, при этом минимальное количество бендов (5) было выявлено у клонов сорта Долгожданный, а именно: Долгожданный 6-9, Долгожданный, Долгожданный Ф. При этом,

наибольшее количество бендов (8) показал сорт Академик Трубилин. Также, изучение выбранных генотипов с применением маркера Tvv-1 выявило всего 48 ДНК бендов. При этом наименьшее количество бендов (4) было у сорта Долгожданный: Долгожданный 6-8, Долгожданный 6-9, Долгожданный и Долгожданный Ф. Наибольшее же количество бендов – 7 показали клоны сорта Антоний великий: Антоний великий 30-6, Антоний великий и Антоний великий Ф.

Интересно, что в нашем исследовании мы наблюдали неожиданный факт: количество сгенерированных бендов у технического сорта винограда Академик Трубилин при амплификации с большинством молекулярных маркеров было значительно выше, чем в других исследуемых генотипах. К сожалению, пока что мы не можем объяснить данный факт, но, полагаем, что это может быть связано с принадлежностью сортов к разным направлениям использования, так как селекция столовых сортов шла менее интенсивно, нежели технических. И, соответственно, это предполагает, что данный сорт имеет более сложную родословную в сравнении с другими сортами, взятыми в этом исследовании. Тем не менее, данное предположение должно быть проверено и подтверждено научными данными по сравнению генетического разнообразия столовых и технических сортов.

Таблица 1 – ОБЩАЯ СТАТИСТИКА ПО ВЫЯВЛЕННЫМ ДНК БЕНДАМ

	Название	Г	Г	Г	Г	Г	Г	Г	Г
1	Академик Трубилин	0	85						
2	Долгожданный 6-8	1	73						
3	Долгожданный 6-9	1	58						
4	Долгожданный	1	67						
5	Долгожданный Ф	1	64	262	75	28.96%	0.179	0.124	32
6	Антоний Великий 30-5	2	68						
7	Антоний Великий 30-6	2	73						
8	Антоний Великий	2	71						
9	Антоний Великий Ф	2	69	281	78	28.05%	0.170	0.117	36
	Всего		628	543	389	61.99%			68

Как мы можем видеть из таблицы 1, всего в данном исследовании было выявлено 628 ДНК бендов. Среднее же количество бендов на генотип было 69. Минимальное число бендов (58) при амплификации со всеми молекулярными маркерами было сгенерировано генотипом клона Долгожданный 6-9, в то время как максимальное количество сгенерированных ДНК бендов – 85 было у генотипа сорта Академик Трубилин, как уже упоминалось ранее.

Как известно, сорта Долгожданный и Антоний великий являются родственниками так как у них общие родители (Кишмиш лучистый и Талисман), и, соответственно, созданы селекционером-любителем В.Н. Крайновым. Можно сделать вывод, что именно из-за родственных связей и, очевидно, похожих по своему строению генотипов количество бендов в этих двух популяциях примерно одинаковое. Также, при сравнении этих двух популяций мы можем видеть, что количество полиморфных генов, также мало отличается (75 и 78) это может быть объяснено тем, что исследуемые сорта выведены недавно. Общее же количество генов обеспечивающих разнообразие признаков равно 153. Полиморфные гены, в процентном содержании, у сортоотипов Долгожданный и Антоний великий были равны 28,96% и 28,05%, соответственно. Следовательно, как мы можем видеть, что внутриклоновая полиморфность довольно низкая, что было ожидаемым для относительно недавно выведенных сортов. При этом интересно заметить, что общее процентное содержание полиморфных бендов во всех исследуемых генотипах вместе с генотипом Академик Трубилин, было равно 61,99%. Содержание частных бендов в популяциях 1 и популяции 2 составило 32 и 36, соответственно, всего – 68. В целом, результаты анализа частот встречаемости аллелей в двух популяциях столовых сортов отображены на Рисунке 1.

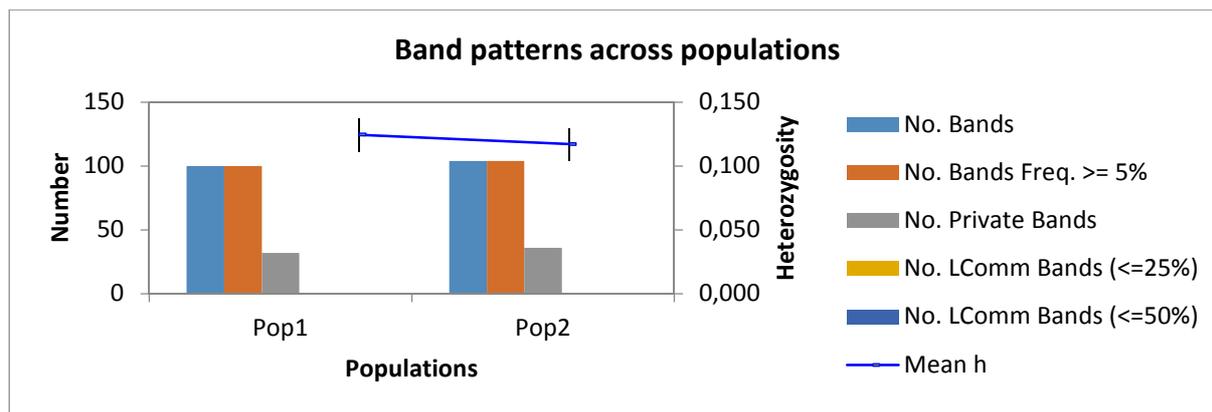


Рисунок 1 – Анализ частот встречаемости аллелей в двух популяциях столовых сортов

Далее, для того чтобы проанализировать генетическое родство изученных сортов и их клонов, мы провели кластерный анализ с использованием параметров UPGMA метода.

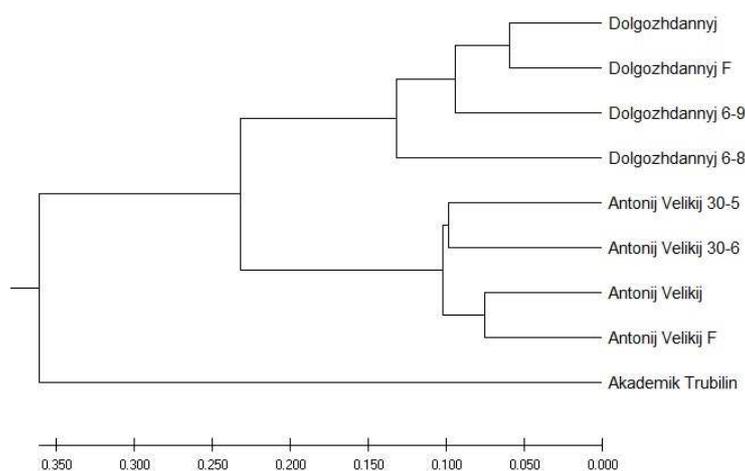


Рисунок 2 – Кластеризация изученных генотипов методом UPGMA

Как мы можем видеть, на кластерном древе (рисунок 2) в отдельную ветвь, как и предполагалось, выделился сорт Академик Трубилин. Вторая же ветвь, в свою очередь, разделилась на два подкластера в которые вошли сортотипы наших исследуемых родственных популяций. Данные подкластеры сортотипов программой были разделены на группы отдельных клонов представленных популяций. При этом, не смотря на крайне близкое родство между двумя сортами, не наблюдается смешение

между отдельными генотипами и их ложного попадания в соседний кластер.

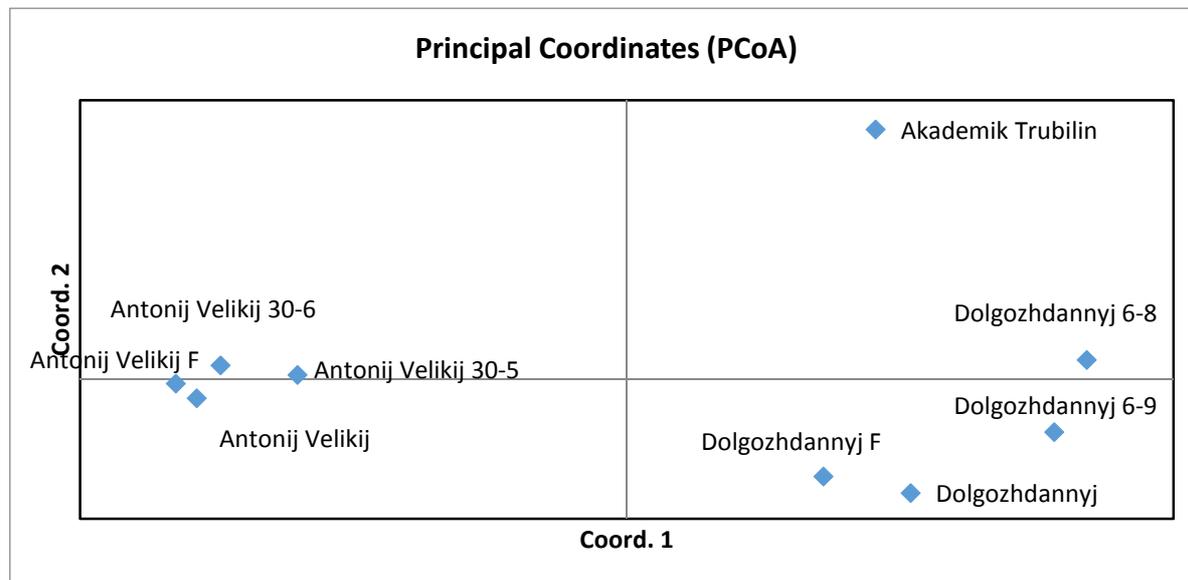


Рисунок 3 – PCoA анализ исследуемых популяций винограда

Также, нами был проведен PCoA анализ (рисунок 3) для того чтобы получить больше информации разными возможными методами о распределении изученных генотипов между собой. Как мы видим, каждая группа клонов из популяций сконцентрирована в одной части координатной прямой. Как мы предполагаем, из-за небольшого количества сортов клоны двух родственных сортов (Антоний великий и Долгожданный) и сорт с отличительными признаками (Академик Трубилин) расположением напоминает равносторонний треугольник. Это не означает, что предполагаемые нами родственные сорта в равной степени генетически схожи с сортом, выбранным как аут-группа, данное расположение сортов на координатной плоскости объясняется малой выборкой генотипов. Конечно, если бы в исследование были включены другие сорта с неродственными генотипами, то данные сорта оказались бы значительно ближе друг к другу из-за генетической близости. В этом смысле построение кластерного дерева дает более ясное нахождение клонов на генетическом уровне.

Выводы

Таким образом, с использованием iPBS маркеров было изучено восемь клонов столового бело-ягодного винограда селекции В.Н. Крайнова, а также один клон технического винограда с темными ягодами. Всего было получено 628 ДНК, в частности количество бендов у сортогрупп Антоний великий и Долгожданный их оказалось – 543, из которых 153 были полиморфными. Достаточно низкое содержание полиморфных бендов по сравнению с общим количеством говорит о том, что исследуемые сорта имеют небольшое количество аллелей, которые бы отличали клоны друг от друга, что объясняется тем, что сорта выведены относительно недавно. Также, построение кластерного дерева, выделило сорт Академик Трубилин в отдельный макрокластер, что было вполне ожидаемо. В свою очередь, сорта Антоний великий и Долгожданный выделены в отдельную ветвь, которая была поделена еще раз на отдельные клоны. Также, мы провели РСoA анализ, результаты которого также распределили сорта и клоны по родству на координатной плоскости. Таким образом, при построении кластерного дерева было выявлено близкое расположение родственных бело-ягодных столовых сортов и отделение сорта, выбранного как аут-группа, в отдельный кластер.

Литература

1. Баротова Н. М., Кароматов И. Д. Виноград пищевой, профилактический и лечебный продукт //Биология и интегративная медицина. – 2018. – №. 1.
2. Кароматов И. Д., Абдувохидов А. Т. Лечебные свойства косточек винограда и виноградного масла (обзор литературы) //Биология и интегративная медицина. – 2018. – №. 1.
3. Дул В. Н., Чупарина, Е. В., Даргаева, Т. Д., Копытько, Я. Ф., Сокольская, Т. А. Виноград культурный *vitis vinifera* L. – новый источник макро- и микроэлементов //Вестник Воронежского государственного университета. Серия: География. Геоэкология. – 2010. – №. 2. – С. 76-78.
4. Тарабрина И. В. Краткая технологическая оценка исследуемых столовых сортов винограда среднего и позднего сроков созревания //Восточно-Европейский журнал передовых технологий. – 2015. – №. 5 (11). – С. 54-61.
5. Шутова И. А., Яни А. В. Виноградарство и виноделие Краснодарского края //Экономика и современный менеджмент: теория и практика. – 2013. – №. 26.

6. Прохорова В. В., Алуян С. В. Методические основы формирования винодельческого кластера на территории Краснодарского края //Вестник Адыгейского государственного университета. Серия 5: Экономика. – 2015. – №. 2 (160).

7. Толмачева О. И., Филатова С. А. Виноградарство и виноделие Кубани: состояние и перспективы развития //Вестник Адыгейского государственного университета. Серия 5: Экономика. – 2011. – №. 2.

8. Трошин Л. П. Методология клоновой селекции винограда //Формы и методы повышения экономической эффективности регионального садоводства и виноградарства. Организация исследований и их координация. Часть. – 2001. – Т. 2. – С. 92-94.

9. Айвазян П. К., Докучаева Е. Н. Селекция виноградной лозы //Киев: Изд-во Украинской академии сельскохозяйственных наук. – 1960. – С. 288-296.

10. Трошин Л. П., Музыченко А. Б., Мисливский А. И. Новации виноградарства России. 3. Клоновая селекция винограда //Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. – 2009. – №. 54.

11. Васылык И. А. Эффективные методы клонового отбора //Магарач. Виноградарство и виноделие. – 2008. – №. 3. – С. 7-9.

12. Porebski S., Bailey L. G., Baum B. R. Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components //Plant molecular biology reporter. – 1997. – Т. 15. – №. 1. – С. 8-15.

13. Lodhi M. A., Ye, G. N., Weeden, N. F., & Reisch, B. I. A simple and efficient method for DNA extraction from grapevine cultivars and Vitis species //Plant Molecular Biology Reporter. – 1994. – Т. 12. – №. 1. – С. 6-13.

14. Nazhad N. R., Solouki M. Separation of DNA for molecular markers analysis from leaves of the Vitis vinifera //Pakistan journal of biological sciences: PJBS. – 2008. – Т. 11. – №. 11. – С. 1436-1442.

15. Kalendar R., Antonius, K., Smýkal, P., & Schulman, A. H. iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation //Theoretical and Applied Genetics. – 2010. – Т. 121. – №. 8. – С. 1419-1430.

16. Барышева И. А., Тулаева М. И., Чисников В. С. Исследование внутрисортовой изменчивости ДНК винограда ПДРФ и ПЦР методами //Цитология и генетика. – 2003. – Т. 37. – №. 6. – С. 31-38.

17. Kalendar R., Schulman A. H. Transposon-based tagging: IRAP, REMAP, and iPBS //Molecular Plant Taxonomy. – Humana Press, Totowa, NJ, 2014. – С. 233-255.

18. D’Onofrio C., De Lorenzis, G., Giordani, T., Natali, L., Cavallini, A., & Scalabrelli, G. Retrotransposon-based molecular markers for grapevine species and cultivars identification //Tree Genetics & Genomes. – 2010. – Т. 6. – №. 3. – С. 451-466

19. Kalendar R. et al. iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation //Theoretical and Applied Genetics. – 2010. – Т. 121. – №. 8. – С. 1419-1430.

20. D’Onofrio C. et al. Retrotransposon-based molecular markers for grapevine species and cultivars identification //Tree Genetics & Genomes. – 2010. – Т. 6. – №. 3. – С. 451-466.

21. Guo D. L. et al. Molecular diversity analysis of grape varieties based on iPBS markers //Biochemical Systematics and Ecology. – 2014. – Т. 52. – С. 27-32.

22. Танавар М., Келестание А.Р., Хосени С.А. Программное обеспечение для анализа генетического разнообразия // Int J Farming and Allied Sci. - 2014. - Т. 3. - №. 5. - С. 462-466.

23. Кумар С., Стехер Г., Тамура К. MEGA7: анализ молекулярно-эволюционной генетики, версия 7.0 для больших наборов данных // Молекулярная биология и эволюция. - 2016. - Т. 33. - №. 7. - С. 1870-1874.

References

1. Barotova N. M., Karomatov I. D. Vinograd pishhevoj, profilakticheskij i lechebnyj produkt //Biologija i integrativnaja medicina. – 2018. – №. 1.
2. Karomatov I. D., Abduvohidov A. T. Lechebnye svojstva kostoček vinograda i vinogradnogo masla (obzor literatury) //Biologija i integrativnaja medicina. – 2018. – №. 1.
3. Dul V. N., Chuparina, E. V., Dargaeva, T. D., Kopyt'ko, Ja. F., Sokol'skaja, T. A. Vinograd kul'turnyj vitis vinifera l. – novyj istochnik makro- i mikrojelementov //Vestnik Voronezhskogo gosudarstvennogo universiteta. Serija: Geografija. Geojekologija. – 2010. – №. 2. – S. 76-78.
4. Tarabrina I. V. Kratkaja tehnologicheskaja ocenka issleduemyh sto-lovyh sortov vinograda srednego i pozdnego srokov sozrevanija //Vostochno-Evropejskij zhurnal peredovyh tehnologij. – 2015. – №. 5 (11). – S. 54-61.
5. Shutova I. A., Jani A. V. Vinogradarstvo i vinodelie Krasnodar-skogo kraja //Jekonomika i sovremennyj menedzhment: teorija i praktika. – 2013. – №. 26.
6. Prohorova V. V., Alujan S. V. Metodicheskie osnovy formirovanija vinodel'cheskogo klastera na territorii Krasnodarskogo kraja //Vestnik Adygejskogo gosudarstvennogo universiteta. Serija 5: Jekonomika. – 2015. – №. 2 (160).
7. Tolmacheva O. I., Filatova S. A. Vinogradarstvo i vinodelie Kubani: sostojanie i perspektivy razvitija //Vestnik Adygejskogo gosudarstvennogo universiteta. Serija 5: Jekonomika. – 2011. – №. 2.
8. Troshin L. P. Metodologija klonovoj selekcii vinograda //Formy i metody povyshenija jekonomicheskoj jeffektivnosti regional'nogo sadovodstva i vinogradarstva. Organizacija issledovanij i ih koordinacija. Chast'. – 2001. – Т. 2. – S. 92-94.
9. Ajvazjan P. K., Dokuchaeva E. N. Selekcija vinogradnoj lozy //Kiev: Izd-vo Ukrainskoj akademii sel'skohozjajstvennyh nauk. – 1960. – S. 288-296.
10. Troshin L. P., Muzychenko A. B., Mislivskij A. I. Novacii vinogradarstva Rossii. 3. Klonovaja selekcija vinograda //Politematicheskij setevoj jelektronnyj nauchnyj zhurnal Kubanskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. – 2009. – №. 54.
11. Vasylyk I. A. Jefferktivnye metody klonovogo otbora //Magarach. Vinogradarstvo i vinodelie. – 2008. – №. 3. – S. 7-9.
12. Porebski S., Bailey L. G., Baum B. R. Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components //Plant molecular biology reporter. – 1997. – Т. 15. – №. 1. – S. 8-15.
13. Lodhi M. A., Ye, G. N., Weeden, N. F., & Reisch, B. I. A simple and efficient method for DNA extraction from grapevine cultivars and Vitis species //Plant Molecular Biology Reporter. – 1994. – Т. 12. – №. 1. – S. 6-13.
14. Nazhad N. R., Solouki M. Separation of DNA for molecular markers analysis from leaves of the Vitis vinifera //Pakistan journal of biological sciences: PJBS. – 2008. – Т. 11. – №. 11. – S. 1436-1442.
15. Kalendar R., Antonius, K., Smykal, P., & Schulman, A. H. iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation //Theoretical and Applied Genetics. – 2010. – Т. 121. – №. 8. – S. 1419-1430.
16. Barysheva I. A., Tulaeva M. I., Chisnikov V. S. Issledovanie vnutrisortovoj izmenchivosti DNK vinograda PDRF i PCR metodami //Citologija i genetika. – 2003. – Т. 37. – №. 6. – S. 31-38.

17. Kalendar R., Schulman A. H. Transposon-based tagging: IRAP, REMAP, and iPBS //Molecular Plant Taxonomy. – Humana Press, Totowa, NJ, 2014. – S. 233-255.
18. D’Onofrio C., De Lorenzis, G., Giordani, T., Natali, L., Cavallini, A., & Scalabrelli, G. Retrotransposon-based molecular markers for grapevine species and cultivars identification //Tree Genetics & Genomes. – 2010. – T. 6. – №. 3. – S. 451-466
19. Kalendar R. et al. iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation //Theoretical and Applied Genetics. – 2010. – T. 121. – №. 8. – S. 1419-1430.
20. D’Onofrio C. et al. Retrotransposon-based molecular markers for grapevine species and cultivars identification //Tree Genetics & Genomes. – 2010. – T. 6. – №. 3. – S. 451-466.
21. Guo D. L. et al. Molecular diversity analysis of grape varieties based on iPBS markers //Biochemical Systematics and Ecology. – 2014. – T. 52. – S. 27-32.
22. Tanavar M., Kelestanie A.R., Hoseni S.A. Programmnoe obespechenie dlja analiza geneticheskogo raznoobrazija // Int J Farming and Allied Sci. - 2014. - T. 3. - №. 5. - S. 462-466.
23. Kumar S., Steher G., Tamura K. MEGA7: analiz molekuljarno-jevoljucionnoj genetiki, versija 7.0 dlja bol'shijh naborov dannyh // Molekuljarnaja biologija i jevoljucija. - 2016. - T. 33. - №. 7. - S. 1870-1874.