УДК 634.723.1:575.113.2
Код ВАК 4.1.2
https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1993-2008

Совершенствование инструментов генетической идентификации смородины черной с использованием микросателлитных маркеров

М. В. Модоров[1]✉, О. А. Киселева[1], Е. М. Чеботок[1], А. О. Савина[1], М. А. Полежаева[2]
[1] Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия
[2] Институт экологии растений и животных Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия
✉*E-mail: mmodorov@gmail.com*

Аннотация. Генетические тесты активно используют для индивидуальной идентификации особей, а также подтверждения и восстановления родословных. Для ягодных культур генетическая идентификация необходима для обеспечения сортовой чистоты и защиты прав оригинатора, позволяет устанавливать родителей в случае свободного опыления культуры либо при использовании оригинатором смеси пыльцы. **Цель** работы – совершенствование технологии мультиплексной ПЦР для генетической идентификации сортообразцов смородины черной. **Методы** работы опираются на использование выложенных в открытый доступ данных о полных последовательностях ядерного генома *Ribes nigrum* и применение мультиплексной ПЦР с последующим анализом размеров продуктов амплификации. Дана оценка показателей генетического разнообразия 48 сортообразцов смородины черной, а именно количества аллелей в локусе (*N*), эффективного количества аллелей на локус (*Ne*), ожидаемой гетерозиготности (*He*), индексов индивидуальной идентификации *PI*, PI_{sibs} и индексов исключения родителей *P1*, *P2* и *P3*. **Научная новизна.** Дана характеристика 51 микросателлитного локуса, ранее предложенного для популяционно-генетических исследований смородины, с учетом новых сведений о прочтенных геномах, уточнена локализация локусов, описаны вырожденные праймеры и мотивы микросателлитов; отобрано 8 локусов (*g2-B20*, *e4-D03*, *e3-B02*, *g1-L12*, *g1-K04*, *g2-J08*, *g2-H21*, *g2-G12*), которые могут быть проанализированы с использованием мультиплексной реакции «в одной пробирке», подобраны условия этой реакции. **Результаты.** Проанализирована изменчивость 48 сортообразцов смородины черной из коллекции Свердловской селекционной станции садоводства, приведены генетические профили этих сортов. Индексы индивидуальной идентификации для всей панели маркеров составляют $PI = 3{,}6 \times 10^{-6}$, $PI_{sibs} = 4{,}9 \times 10^{-3}$, индексы исключения родителей: *P1* = 0,977, *P2* = 0,870, *P3* = 0,998. Предложенный мультиплекс может быть использован для индивидуальной идентификации особей смородины черной, отобранных в панмиксной популяции. Для генетической идентификации сиблингов необходимо использовать дополнительные локусы. Мультиплекс можно использовать для подтверждения достоверности происхождения сортообразцов от двух родителей.

Ключевые слова: *Ribes nigrum*, SSR, индекс индивидуальной идентификации, индекс исключения, мультиплекс, генетический профиль, микросателлит, геном

Благодарности. Исследования проведены в рамках выполнения государственного задания НИОКР по теме № 0532-2026-0017 «Мобилизация генетических ресурсов плодовых и ягодных культур с внедрением молекулярно-генетических технологий для развития продовольственной безопасности и формирования технологического суверенитета в регионах с суровыми климатическими условиями».

Для цитирования: Модоров М. В., Киселева О. А., Чеботок Е. М., Савина А. О., Полежаева М. А. Совершенствование инструментов генетической идентификации смородины черной с использованием микросателлитных маркеров // Аграрный вестник Урала. 2026. Т. 26, № 10. С. 1993–2008. https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1993-2008.

Дата поступления статьи: 08.08.2026, ***дата рецензирования:*** 10.09.2026, ***дата принятия:*** 24.09.2026.

© Modorov M. V., Kiseleva O. A., Chebotok M. A., Savina A. O., Polezhaeva M. A., 2026

Improvement of genetic identification tools for black currant using microsatellite markers

M. V. Modorov[1]✉, O. A. Kiseleva[1], E. M. Chebotok[1], A. O. Savina[1], M. A. Polezhaeva[2]
[1] Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Science, Ekaterinburg, Russia
[2] Institute of Plant and Animal Ecology of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia
✉*E-mail: mmodorov@gmail.com*

Abstract. Genetic tests are widely employed for individual identification, as well as for pedigree reconstruction and confirmation. For berry crops, it is necessary to ensure cultivar purity and protect the rights of the originator, and to be able to establish parentage in the case of open pollination of the crop or when the originator uses a pollen mixture. **The purpose** of the study is to improve the PCR multiplex for the genetic identification of blackcurrant cultivars (*Ribes nigrum* L.). **Methods.** Using open-access data on the complete nuclear genome sequences of *R. nigrum*, we improved the PCR multiplex. Genetic diversity parameters and indices were calculated for the sample, including the number of alleles per locus (*N*), the effective number of alleles per locus (*Ne*), expected heterozygosity (*He*), individual identification indices (*PI*, PI_{sibs}), and parentage exclusion indices (P1, P2, and P3). **Scientific novelty.** We characterized 51 microsatellite loci previously proposed for population genetic studies of currant, refined locus localization, and described degenerate primers and microsatellite motifs; additionally, we selected eight loci (*g2-B20*, *e4-D03*, *e3-B02*, *g1-L12*, *g1-K04*, *g2-J08*, *g2-H21*, *g2-G12*) suitable for one-tube multiplex analysis and optimized the reaction conditions. **Results.** The article describes the variability of 48 blackcurrant cultivars from the collection of the Sverdlovsk Breeding Station of Horticulture and provides genetic profiles of these cultivars. Individual identification indices for the entire marker panel are $PI = 3.6 \times 10^{-6}$ and $PI_{sibs} = 4.9 \times 10^{-3}$; parentage exclusion indices are $P1 = 0.977$, $P2 = 0.870$, and $P3 = 0.998$. The PCR multiplex is proposed for individual identification of blackcurrant selected in a panmictic population. Additional loci should be used for genetic identification of siblings. The multiplex is suitable for confirming the authenticity of the parentage of cultivar samples from two parents.

Keywords: *Ribes nigrum,* SSR, individual identification index, exclusion index, multiplex, genetic profile, microsatellite, genome

Acknowledgments. The study was conducted as part of the State Assignment on the topic No. 0532-2026-0017, “Mobilization of genetic resources of fruit and berry crops using molecular-genetic technologies to enhance food security and establish technological sovereignty in regions with harsh climatic conditions”.

For citation: Modorov M. V., Kiseleva O. A., Chebotok M. A., Savina A. O., Polezhaeva M. A. Improvement of genetic identification tools for blackcurrant using microsatellite markers. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2026; 26 (10): 1993–2008. https://doi.org/10.32417/1997-4868-2026-26-10-1993-2008. (In Russ.)

Date of paper submission: 08.08.2026, ***date of review:*** 10.09.2026, ***date of acceptance:*** 24.09.2026.

Постановка проблемы (Introduction)

Смородина – одна из самых популярных ягодных культур [1]. Среди представителей различных видов смородин наиболее востребованными как для промышленного, так и любительского садоводства являются сорта, полученные на основе смородины черной (*Ribes nigrum* L.) [2; 3]. Как и для других культур, для нее важно обеспечение сортовой чистоты. Современным методом быстрого и точного определения сортовой принадлежности растений является генетическая идентификация, для проведения которой хорошо подходят микросателлитные маркеры ядерного генома (simple sequence repeat, SSR-маркеры или микросателлиты) [4–8].

Число исследований, посвященных анализу изменчивости микросателлитных локусов смородины черной, не очень велико [3; 9–16]. Почти во всех них были использованы маркеры, предложенные в двух работах Р. Бреннана с соавторами, в которых был описан 51 SSR-локус [2; 10]. Для большинства этих локусов в 2008 и 2014 годах была определена позиция на генетических картах [10; 17].

В 2024 году для решения задачи генетической идентификации смородины черной нами была разработана мультиплексная реакция, включающая 8 SSR-маркеров [16]. Мультиплекс имел недостатки, затрудняющие интерпретацию фореграмм в одном из локусов. За непродолжительный период, про-

©Модоров М. В., Киселева О. А., Чеботок Е. М., Савина А. О., Полежаева М. А., 2026

шедший с выполнения этой работы, в свободный доступ на сайте Национального центра биотехнологической информации США (NCBI) было выложено три прочтенных ядерных генома *R. nigrum*. Новые данные существенно расширяют возможности популяционно-генетических исследований черной смородины. С их помощью можно дать более детальное описание ранее разработанных локусов, а именно определить их позицию и мотивы, сравнить последовательности в области «посадки» праймеров, обнаружить выпадения или вставки нуклеотидов, влияющих на длину фрагментов, помимо мутаций в числе мотивов, а также разработать более специфичные праймеры. Кроме решения задач индивидуальной или сортовой идентификации, микросателлитные локусы хорошо подходят для решения вопросов, связанных с подтверждением и восстановлением родословных [18; 19].

Цель работы – совершенствование технологии мультиплексной реакции-для генетической идентификации сортообразцов смородины черной.

Методология и методы исследования (Methods)

Характеристика исследуемых локусов

В настоящее время в NCBI выложены три ядерных генома *R. nigrum*. Один собран до уровня хромосом (GCA_965278215.1), два – до уровня скаффолд (GCA_965278195.1, GCA_965236665.1). Мы провели определение мест «посадки» прямого и обратного праймеров для каждого из 51 локуса, предложенных в работах Р. Бреннана [2; 10], с использованием приложения BLAST внутри базы данных NCBI (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi). В качестве референса для выявления комплементарной локализации последовательностей праймеров использовали ядерный геном со сборкой до уровня хромосом. Оценили число таких «посадочных» мест для каждого праймера и выявляли межпраймерные области размером от 100 до 400 пар нуклеотидов (п. н.). Далее с использованием BLAST определяли комплементарные данным межпраймерным областям последовательности в двух оставшихся геномах, после чего проводили выравнивание последовательностей, включающих места «посадки» праймеров и межпраймерные области во всех трех геномах, используя алгоритм ClustalO в программе Unipro UGEN v.40.0 [20]. Отмечали наличие генетической изменчивости в местах «посадки» праймеров, размер фрагментов межпраймерных областей и характер тандемных повторов в них, опираясь на геном более полной сборки GCA_965278215.1 (таблица 1).

Получение новых данных об изменчивости микросателлитных локусов. Место проведения исследований – Свердловская селекционная станция садоводства УНУ «Генофонд плодовых, ягодных и декоративных культур на Среднем Урале» (Свердловская ССС ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН, Екатеринбург), Лаборатория молекулярной генетики плодовых и ягодных культур.

Объекты – 48 сортообразцов, у которых была проанализирована изменчивость 12 микросателлитных локусов: *g2-B20*, *g1-D11*, *g2-H21*, *g1-P21*, *g3-A17*, *g1-L12*, *g1-B02*, *g2-J11*, *g1-P08*, *g1-F04*, *g1-H09*, *g1-G11*. По результатам тестов для мультиплексной реакции было отобрано 8 маркеров, включая локусы, протестированные нами ранее, а именно *g1-K04*, *g2-J08*, *e4-D03*, *e3-B02*, *g2-G12* (таблица 2) [16].

ДНК выделяли CTAB-методом с модификацией в виде двойной очистки смесью с изоамилхлороформом [21]. ПЦР проводили в реакционной смеси объемом 10 мкл: 1X Tersus Plus буфер и 1X смеси Tersus полимераз (Евроген, РФ), 0.2 мМ каждого dNTP, 1,75 мМ $MgCl_2$, 10-100 нг ДНК. Финальный состав и концентрации 8 пар праймеров приведены в таблице 2. 5’-конец каждого прямого (F) праймера был помечен одним из четырех флуорофоров: FAM, R6G, TAMRA или ROX. Термоциклирование с использованием прибора CFX96 Touch (Bio-Rad, USA) вели по следующему протоколу: 98 °C – 3 мин., затем 4 цикла [98 °C – 30 с, 60 °C – 90 с, 72 °C – 60 с], затем 31 цикл [95 °C – 30 с, 60 °C – 90 с, 72 °C – 60 с], финальная элонгация в течение 30 минут при 68 °C. Длины амплифицированных фрагментов определяли на генетическом анализаторе «Нанофор-05» («Синтол», РФ) в присутствии размерного стандарта S-550 («Гордиз», РФ). Электрофореграммы расшифровывали в программе GeneMapper® Software Version 4.0 (Applied Biosystems, USA).

Статистическая обработка данных

Для определения величины генетического разнообразия выборки оценивали количество аллелей в локусе (*N*), эффективное количество аллелей на локус (*Ne*) и ожидаемую гетерозиготность (*He*). Определяли вероятность случайного совпадения генотипов растений как по каждому локусу, так и для всей панели маркеров: рассчитали индекс *PI* (вероятность обнаружения особей с идентичным генотипом в панмиксной популяции) и индекс PI_{sibs} (характеризует эту вероятность в группе сиблингов) [22]. Рассчитывали индексы исключения родителей *P1*, *P2* и *P3* [18; 19]. Индекс *P1* описывает ситуацию, в которой точно известен один из родителей (например, материнское растение) и тестируется растение, от которого предположительно была получена пыльца. В случае если у потенциального отца и потомка в локусе есть сходная аллель, индекс покажет вероятность того, что подобное совпадение случайно. Индекс *P2* – тестируется один из родителей, а информация о втором родителе отсутствует. Индекс *P3* при одновременном тестировании двух родителей. Все расчеты проведены в программе GenAlEx v. 6.51b2 [23].

Таблица 1

Характеристика микросателлитных локусов черной смородины, предложенных в работах Р. Бреннана с соавторами, с учетом информации о трех прочтенных геномах *R. nigrum*

№	Название локуса и его позиция согласно (Brennan, et al., 2002; Brennan, et al., 2008; Russell, et al., 2014)		Позиция и мотив локуса, характеристика праймеров в геноме *R. nigrum* GCA_965278215.1			Длина фрагментов в трех прочтенных геномах, п. н.	LG**
			Хромосома: позиция	Мотив	Число мест «посадки» *F*/*R* праймеров в геноме*		
1	*e3-M04*	3: 63.68	1: 10 611 913 – 10 612 243	$(AT)_4(GA)_4(AG)_{16}(GA)_5$	0 (1, 0) / 1	331, 337	Ia
2	*RJL-1*		1: 16 725 571 – 16 725 734	$(TCA)_4$	1 / 0 (1)	167	Ia
3	*g2-B20*	3: 59.86	1: 81 663 731 – 81 663 885	$(TG)_6(AG)_{11}$	1/ 1	155, 157	Ib
4	*g1-O17*	1: 39.28	1: 95 887 479 – 95 887 689	$(TC)_{16}$	33 / 1	201, 211	Ib/Ic
5	*e4-D03*	3: 0.50	1: 127 778 764 – 127 778 966	$(CT)_7$	1 / 1	203, 209	Ic
6	*e3-B02*	5: 6.70	2: 7 051 726 – 7 051 892	$(CTT)_6$	3 / 1	167	IIa
7	*RJL-4*		2: 35 537 737 – 35 537 934	$(GAA)_4$	1 / 1	198	IIa
8	*g2-N20*	5: 35.55	2: 42 247 337 – 42 247 570	$(TC)_{10}(GCATA)_2(GCAGA)_1$	1 / 1	234, 249	IIa
9a	*g1-A01 (= RJL-2)*	5: 40.68	2: 100 027 065 – 100 027 275	$(AG)_9$	1 / 0 (1)	211	IIb
9b	*g1-L12 (= RJL-11)*	5: 40.75	2: 100 027 065 – 100 027 283	$(AG)_9$	1 / 1	219	IIb
10	*gr2-J05*	1: 46.62	2: 115 731 986 – 115 732 165	(CT)8	1 / 1	180	IIb
11	*g1-E03*	1: 45*	3: 28 656 595 – 28 656 833	$(CT)_{15}$	1 / 1	237, 239	IIIa
12	*g1-K04 (= RJL-6)*	1: 39.78	3: 79 423 584 – 79 423 876	$(GA)_6(GA)_{14}$	1 / 1	291, 293, 297	IIIb
13	*e1-O20*	1: 45.62	3: 86 880 056 – 86 880 249	$(AT)_7$	1 / 1	194	IIIb
14	*g2-D05*	1: 51.1	3: 99 008 096 – 99 008 277	$(GA)_{14}(TGG)_3$	1 (0, 0) / 0 (1)	177, 182, 183	IIIb
15a	*RJL-5*		3: 100 283 791 – 100 284 056	$(CT)_{13}(CTTT)_2(TA)_4$	1 / 1	266, 276, 288	IIIb
15b	*g1-P05*	1: 53.54	3: 100 283 853 – 100 284 056	$(CT)_{13}(CTTT)_2(TA)_4$	1 / 1	204, 214, 226	IIIb
16	*g1-M07 (= RJL-7)*	1: 55.91	3: 102 033 053 – 102 033 268	$(CT)_{13}(CT)_{12}$	0 (1) / 1	216, 222	IIIb
17	*g1-P08 (= RJL-10)*	4: 61.35	5: 16 170 398 – 16 170 666	$(TC)_6(TC)_4$	4 / 0 (1)	269	Va
18	*gr1-F07*	2: 55.08	5: 64 301 024 – 64 301 196	$(TC)_8(TC)_8(CT)_6(TC)_8$	1 / 1 (5)	173	Vb
19	*g1-P01*	2: 54.47	5: 72 211 104 – 72 211 358	$(CT)_{18}(CT)_6(TC)_4(TC)_4$	4 / 1	239, 249, 255	Vb
20	*g2-J08*	2: 55.04	5: 84 748 755 – 84 748 912	$(AG)_9(CATCTT)_5$	1/ 1	158	Vb
21	*e2-L15*	5: 53*	5: 88 578 006 – 88 578 164	$(AAG)_4$	1 / 2	159	Vb
22	*g1-G06*	2: 51.5 2: 54.13	5: 95 665 033 – 95 665 265	$(TC)_4(TC)_4(CGT)_4$	77 / 1	196	Vb
23	*g2-H21*	4: 64.01	6: 4 922 672 – 4 922 916	$(AG)_6(AG)_7(TA)_6$	9 / 1	243, 245	VIa
24	*g2-L17*	4: 62.30	6: 6 226 494 – 6 226 651	$(CT)_9(CT)_4(CT)_4(AG)_4$	1/1	145, 158	VIa
25	*gr2-N15*	4: 61.47	6: 10 699 962 – 10 700 201	$(CAA)_4(CAT)_4$	2 / 5	232, 235, 240	VIa
26	*e1-O21*	4: 61.56	6: 12 326 100 – 12 326 393	$(TG)_5(TA)_6(CTT)_8$	1/1	291, 294	VIa
27	*gr2-N24*	4: 61.40	6: 73 246 917 – 73 247 130	$(TGA)_4(TGA)_5$	1 / 1	214	VIb

28	*g2-J11*	7: 69.60	7: 17 107 002 – 17 107 167	$(CT)_{21}$	1 / 0 (11)	168, 185	VIIa
29	*g2-G12*	7: 69.44	7: 23 588 027 – 23 588 212	$(AG)_{12}$	1 / 1	174, 186	VIIa
30	*RJL-3*		7: 41 385 816 – 41 385 953	$(AG)_{15}$	1 / 0 (1)	138	VIIa
31	*g1-I02*	6: 16.60	7: 53 183 087 – 53 183 292	$(TC)_6(CT)_{10}$	0 (1) / 1	206	VIIa
32	*g1-G11*	7: 69.58	7: 53 685 102 – 53 685 331	$(CTG)_5$	1 / 4	230	VIIa
33	*g3-A17*	7: 69.51	7: 58 389 514 – 58 389 651	$(AG)_{12}$	1 (0) / 2	132, 138	VIIa
34	*g1-D11*	6: 15.15	8: 38 212 761 – 38 212 996	$(TC)_{10}$	1 / 2	234, 236	VIIIa
35	*e1-O01*	6: 16.61	8: 51 959 935 – 51 960 076	$(AG)_9$	1 / 1	142, 148	VIIIa
36	*g1-P21*	6: 37.02 6: 39.84	8: 77 947 003 – 77 947 174	$(CT)_{12}(CT)_4$	0 (1) / 1	143, 172	VIIIa
37	*g2-M19*	3: 60.09 3: 61.08	1: 81 583 025 – 81 583 251 1: 81 588 524 – 81 588 786 1: 81 592 631 – 81 592 919		3 / 0 (7)		
38	*g1-O02*	5: 54.95	2: 103 952 050 – 103 952 219 6: 99 805 254 – 99 805 382	$(CT)_8(CT)_8$ $(CT)_{10}$	0 (4)/ 2	173 132, 133, 134	
39	*g2-P03*	1: 41.46 1: 43.29	3: 87 733 807 – 87 734 099 3: 87 987 811 – 87 988 040	$(TC)_4(TC)_{11}$ $(TC)_4(TC)_8$	13 / 2 (0)		
40	*RJL-8*		1: 5 226 459 – 5 226 651 1: 111 826 033 – 111 826 225 3: 110 155 106 – 110 155 292 3: 110 208 513 – 110 208 705 8: 72 882 613 – 72 882 805				
41	*RJL-9*		1: 14 964 291 – 14 964 495 1: 18 811 126 – 18 811 328 2: 8 880 784 – 8 880 986 2: 29 101 646 – 29 101 848 4: 3 334 710 – 3 334 914 4: 96 639 257 – 96 639 461 5: 60 419 138 – 60 419 342 8: 45 530 468 – 45 530 670				
42	*g1-B02*	2: 54.44	5: 61 029 800 – 61 032 558 5: 61 051 106 – 61 053 864		6 / 2	2758 2758	
43	*g1-F04*	4: 60.89 4: 61.43			144 / 57		
44	*g1-H09*	5: 38.99			184 / 7		

*Примечание. * В скобках указано число мест в геноме, комплементарных последовательностям праймеров, приведенным в таблице 3. ** Группы сцепления выделены нами (см. текст).*

Table 1

Characterization of microsatellite loci of blackcurrant proposed in the works of R. Brennan, et al. (2002, 2008), taking into account information from three sequenced R. nigrum genomes

No.	Locus name and its position according to (Brennan, et al., 2008; Brennan, et al., 2008; Russell, et al., 2014)		Position and motif of the locus, characterization of primers in the R. nigrum genome GCA_965278215.1			Fragment length in three sequenced genomes, bp	LG**
			Ch: position	Microsatellite repeat units	Number of F/R primer binding sites in the genome*		
1	e3-M04	3: 63.68	1: 10 611 913 – 10 612 243	$(AT)_4(GA)_4(AG)_{16}(GA)_5$	0 (1, 0) / 1	331, 337	Ia
2	RJL-1		1: 16 725 571 – 16 725 734	$(TCA)_4$	1 / 0 (1)	167	Ia
3	g2-B20	3: 59.86	1: 81 663 731 – 81 663 885	$(TG)_6(AG)_{11}$	1/ 1	155, 157	Ib
4	g1-O17	1: 39.28	1: 95 887 479 – 95 887 689	$(TC)_{16}$	33 / 1	201, 211	Ib/ Ic
5	e4-D03	3: 0.50	1: 127 778 764 – 127 778 966	$(CT)_7$	1 / 1	203, 209	Ic
6	e3-B02	5: 6.70	2: 7 051 726 – 7 051 892	$(CTT)_6$	3 / 1	167	IIa
7	RJL-4		2: 35 537 737 – 35 537 934	$(GAA)_4$	1 / 1	198	IIa
8	g2-N20	5: 35.55	2: 42 247 337 – 42 247 570	$(TC)_{10}(GCATA)_2(GCAGA)_1$	1 / 1	234, 249	IIa
9a	g1-A01 (= RJL-2)	5: 40.68	2: 100 027 065 – 100 027 275	$(AG)_9$	1 / 0 (1)	211	IIb
9b	g1-L12 (= RJL-11)	5: 40.75	2: 100 027 065 – 100 027 283	$(AG)_9$	1 / 1	219	IIb
10	gr2-J05	1: 46.62	2: 115 731 986 – 115 732 165	(CT)8	1 / 1	180	IIb
11	g1-E03	1: 45*	3: 28 656 595 – 28 656 833	$(CT)_{15}$	1 / 1	237, 239	IIIa
12	g1-K04 (= RJL-6)	1: 39.78	3: 79 423 584 – 79 423 876	$(GA)_6(GA)_{14}$	1 / 1	291, 293, 297	IIIb
13	e1-O20	1: 45.62	3: 86 880 056 – 86 880 249	$(AT)_7$	1 / 1	194	IIIb
14	g2-D05	1: 51.1	3: 99 008 096 – 99 008 277	$(GA)_{14}(TGG)_3$	1 (0, 0) / 0 (1)	177, 182, 183	IIIb
15a	RJL-5		3: 100 283 791 – 100 284 056	$(CT)_{13}(CTTT)_2(TA)_4$	1 / 1	266, 276, 288	IIIb
15b	g1-P05	1: 53.54	3: 100 283 853 – 100 284 056	$(CT)_{13}(CTTT)_2(TA)_4$	1 / 1	204, 214, 226	IIIb
16	g1-M07 (= RJL-7)	1: 55.91	3: 102 033 053 – 102 033 268	$(CT)_{13}(CT)_{12}$	0 (1) / 1	216, 222	IIIb
17	g1-P08 (= RJL-10)	4: 61.35	5: 16 170 398 – 16 170 666	$(TC)_6(TC)_4$	4 / 0 (1)	269	Va
18	gr1-F07	2: 55.08	5: 64 301 024 – 64 301 196	$(TC)_8(TC)_8(CT)_6(TC)_8$	1 / 1 (5)	173	Vb
19	g1-P01	2: 54.47	5: 72 211 104 – 72 211 358	$(CT)_{18}(CT)_6(TC)_4(TC)_4$	4 / 1	239, 249, 255	Vb
20	g2-J08	2: 55.04	5: 84 748 755 – 84 748 912	$(AG)_9(CATCTT)_5$	1/ 1	158	Vb
21	e2-L15	5: 53*	5: 88 578 006 – 88 578 164	$(AAG)_4$	1 / 2	159	Vb
22	g1-G06	2: 51.5 2: 54.13	5: 95 665 033 – 95 665 265	$(TC)_4(TC)_4(CGT)_4$	77 / 1	196	Vb
23	g2-H21	4: 64.01	6: 4 922 672 – 4 922 916	$(AG)_6(AG)_7(TA)_6$	9 / 1	243, 245	VIa
24	g2-L17	4: 62.30	6: 6 226 494 – 6 226 651	$(CT)_9(CT)_4(CT)_4(AG)_4$	1/1	145, 158	VIa
25	gr2-N15	4: 61.47	6: 10 699 962 – 10 700 201	$(CAA)_4(CAT)_4$	2 / 5	232, 235, 240	VIa
26	e1-O21	4: 61.56	6: 12 326 100 – 12 326 393	$(TG)_5(TA)_6(CTT)_8$	1/1	291, 294	VIa

27	gr2-N24	4: 61.40	6: 73 246 917 – 73 247 130	$(TGA)_4(TGA)_5$	1 / 1	214	VIb
28	g2-J11	7: 69.60	7: 17 107 002 – 17 107 167	$(CT)_{21}$	1 / 0 (11)	168, 185	VIIa
29	g2-G12	7: 69.44	7: 23 588 027 – 23 588 212	$(AG)_{12}$	1 / 1	174, 186	VIIa
30	RJL-3		7: 41 385 816 – 41 385 953	$(AG)_{15}$	1 / 0 (1)	138	VIIa
31	g1-I02	6: 16.60	7: 53 183 087 – 53 183 292	$(TC)_6(CT)_{10}$	0 (1) / 1	206	VIIa
32	g1-G11	7: 69.58	7: 53 685 102 – 53 685 331	$(CTG)_5$	1 / 4	230	VIIa
33	g3-A17	7: 69.51	7: 58 389 514 – 58 389 651	$(AG)_{12}$	1 (0) / 2	132, 138	VIIa
34	g1-D11	6: 15.15	8: 38 212 761 – 38 212 996	$(TC)_{10}$	1 / 2	234, 236	VIIIa
35	e1-O01	6: 16.61	8: 51 959 935 – 51 960 076	$(AG)_9$	1 / 1	142, 148	VIIIa
36	g1-P21	6: 37.02 6: 39.84	8: 77 947 003 – 77 947 174	$(CT)_{12}(CT)_4$	0 (1) / 1	143, 172	VIIIa
37	g2-M19	3: 60.09 3: 61.08	1: 81 583 025 – 81 583 251 1: 81 588 524 – 81 588 786 1: 81 592 631 – 81 592 919		3 / 0 (7)		
38	g1-O02	5: 54.95	2: 103 952 050 – 103 952 219 6: 99 805 254 – 99 805 382	$(CT)_8(CT)_8$ $(CT)_{10}$	0 (4)/ 2	173 132, 133, 134	
39	g2-P03	1: 41.46 1: 43.29	3: 87 733 807 – 87 734 099 3: 87 987 811 – 87 988 040	$(TC)_4(TC)_{11}$ $(TC)_4(TC)_8$	13 / 2 (0)		
40	RJL-8		1: 5 226 459 – 5 226 651 1: 111 826 033 – 111 826 225 3: 110 155 106 – 110 155 292 3: 110 208 513 – 110 208 705 8: 72 882 613 – 72 882 805				
41	RJL-9		1: 14 964 291 – 14 964 495 1: 18 811 126 – 18 811 328 2: 8 880 784 – 8 880 986 2: 29 101 646 – 29 101 848 4: 3 334 710 – 3 334 914 4: 96 639 257 - 96 639 461 5: 60 419 138 – 60 419 342 8: 45 530 468 – 45 530 670				
42	g1-B02	2: 54.44	5: 61 029 800 – 61 032 558 5: 61 051 106 – 61 053 864		6 / 2	2758 2758	
43	g1-F04	4: 60.89 4: 61.43			144 / 57		
44	g1-H09	5: 38.99			184 / 7		

*Note. * The number of sites in the genome complementary to the primer sequences listed in Table 3 is indicated in parentheses. ** Linkage groups were identified by us (see text).*

Таблица 2

Характеристика микросателлитных локусов мультиплексной панели маркеров

Локус	Ch	LG	Флуорофор	Диапазон длин фрагментов, п. н.	Концентрация праймеров, мкМ
g2-B20	1	Ib	FAM	126–160	0,03
e4-D03	1	Ic	R6G	198–246	0,12
e3-B02	2	IIa	ROX	164–173	0,40
g1-L12	2	IIb	ROX	217–231	0,40
g1-K04	3	IIIb	R6G	286–300	0,71
g2-J08	5	Vb	R6G	156–162	0,03
g2-H21	6	VIa	FAM	247–261	0,04
g2-G12	7	VIIa	TAMRA	172–190	0,47

Примечание. Chr. – номер хромосомы смородины черной в геноме drRibNigr1.hap1.1, LG – группы сцепления.

Table 2

Characterization of microsatellite loci of a multiplex marker panel

Loci	*Ch*	*LG*	*Fluorophore*	*Fragment length range, bp*	*Primer concentration, μM*
g2-B20	*1*	*Ib*	*FAM*	*126–160*	*0,03*
e4-D03	*1*	*Ic*	*R6G*	*198–246*	*0,12*
e3-B02	*2*	*IIa*	*ROX*	*164–173*	*0,40*
g1-L12	*2*	*IIb*	*ROX*	*217–231*	*0,40*
g1-K04	*3*	*IIIb*	*R6G*	*286–300*	*0,71*
g2-J08	*5*	*Vb*	*R6G*	*156–162*	*0,03*
g2-H21	*6*	*VIa*	*FAM*	*247–261*	*0,04*
g2-G12	*7*	*VIIa*	*TAMRA*	*172–190*	*0,47*

Note. Chr. – blackcurrant chromosome number in drRibNigr1.hap1.1 genome, LG – linkage groups.

Таблица 3

Корректировка последовательности праймеров, предложенных в работах Р. Бреннана с соавторами [2; 10], с учетом информации о последовательностях трех прочтенных геномов *Ribes nigrum*

№	Локус	Последовательность праймера, предложенная Р. Бреннаном с соавторами	Последовательность праймера, комплементарная геному
1	*e3-M04 F*	CTTACCCACCCCACCACC	CTTCCCCACCCCACCACA CTTACCCACCCCACCACA
2	*RJL-1 R*	GTGACCTGGGGTTGAGATTG	GACACCTGGGGTTGAGATTG
9a	*g1-A01 R*	CGTAGCCACGTAGTTCCACA	CGTAACCACGTAGTTCCACA
14	*g2-D05 F*	ACCACCGCACCACTTTAGTC	ACCACCGCACCACTTTAGTC ACCACCGCACCACTTTTGTC ACAACCGCACCACTTTTGTC
14	*g2-D05 R*	TGGCTGCACAATCACTTCTC	TGGCTGCACAATCACTTCTC TGGCTGCACGATCACTTCTC
16	*g1-M07 F*	TCCCGTTACTGGAGTGGTGT	TCCCGTTAGTGGAGTGGTGT
17	*g1-P08 R*	GCTCCAGATCTGCCATTAGC	GCTCCAGATCTGCCATCAGA
18	*gr1-F07 R*	TGAGGAGAAAGAGAGAGGGAGA	TGAGGAGAAAGAGAGAGGGAGA AGAGGAGAAAGAGAGAGGGAGA
28	*g2-J11 R*	GCCGACACTATGGTAAGGGA	GCCGACACCGTGGTGAGGGA
30	*RJL-3 R*	CTAGGGAAGACACGGTGGTG	CTAGAGAAGACACGGTGGTG
31	*g1-I02 F*	TGAATATCAGACCGCCATCA	TGAATATCAAACCGCCATCA
33	*g3-A17 F*	GTTCCAGATTGCCAAAGTCG	GTTCCAGATTGCCAAAGTCG GTTCCAAATTGCCAAAGTCG
36	*g1-P21 F*	ATTCGTGAGGCGTTTTCATC	ATTCGCGAGGCGTTTTCATC
37	*g2-M19 R*	CTCGGCTGCTACCTTGTTGT	TTCGGCTGCTACCTTGTTGT
38	*g1-O02 F*	ACCTGCGTCTGTCGACTTTT	ACTTGCGTCTGTCGACTTTT
39	*g2-P03 R*	AGGTGTGAAACTGGAGCCAT	AGGTGTGAAACTGGAGCCAT AGGTGTGAAACTAGAGCCAT

Примечание. Номер локуса соответствует номеру в таблице 1. Подчеркиванием показаны нуклеотиды, по которым последовательности различаются.

Table 3

Adjustment of the primer sequences proposed in the works of R. Brennan, et al. [2; 10], taking into account information on the sequences of three sequenced Ribes nigrum genomes

No.	*Loci*	*The primer sequence proposed by R. Brennan, et al.*	*The primer sequence complementary to the genome*
1	*e3-M04 F*	*CTTACCCACCCCACCACC*	*CTTCCCCACCCCACCACA* *CTTACCCACCCCACCACA*
2	*RJL-1 R*	*GTGACCTGGGGTTGAGATTG*	*GACACCTGGGGTTGAGATTG*
9a	*g1-A01 R*	*CGTAGCCACGTAGTTCCACA*	*CGTAACCACGTAGTTCCACA*
14	*g2-D05 F*	*ACCACCGCACCACTTTAGTC*	*ACCACCGCACCACTTTAGTC* *ACCACCGCACCACTTTTGTC* *ACAACCGCACCACTTTTGTC*
14	*g2-D05 R*	*TGGCTGCACAATCACTTCTC*	*TGGCTGCACAATCACTTCTC* *TGGCTGCACGATCACTTCTC*
16	*g1-M07 F*	*TCCCGTTACTGGAGTGGTGT*	*TCCCGTTAGTGGAGTGGTGT*
17	*g1-P08 R*	*GCTCCAGATCTGCCATTAGC*	*GCTCCAGATCTGCCATCAGA*
18	*gr1-F07 R*	*TGAGGAGAAAGAGAGAGGGAGA*	*TGAGGAGAAAGAGAGAGGGAGA* *AGAGGAGAAAGAGAGAGGGAGA*
28	*g2-J11 R*	*GCCGACACTATGGTAAGGGA*	*GCCGACACCGTGGTGAGGGA*
30	*RJL-3 R*	*CTAGGGAAGACACGGTGGTG*	*CTAGAGAAGACACGGTGGTG*
31	*g1-I02 F*	*TGAATATCAGACCGCCATCA*	*TGAATATCAAACCGCCATCA*
33	*g3-A17 F*	*GTTCCAGATTGCCAAAGTCG*	*GTTCCAGATTGCCAAAGTCG* *GTTCCAAATTGCCAAAGTCG*
36	*g1-P21 F*	*ATTCGTGAGGCGTTTTCATC*	*ATTCGCGAGGCGTTTTCATC*
37	*g2-M19 R*	*CTCGGCTGCTACCTTGTTGT*	*TTCGGCTGCTACCTTGTTGT*
38	*g1-O02 F*	*ACCTGCGTCTGTCGACTTTT*	*ACTTGCGTCTGTCGACTTTT*
39	*g2-P03 R*	*AGGTGTGAAACTGGAGCCAT*	*AGGTGTGAAACTGGAGCCAT* *AGGTGTGAAACTAGAGCCAT*

Note. The locus number corresponds to the number in Table 1. The nucleotides that differ between the sequences are indicated by underlining.

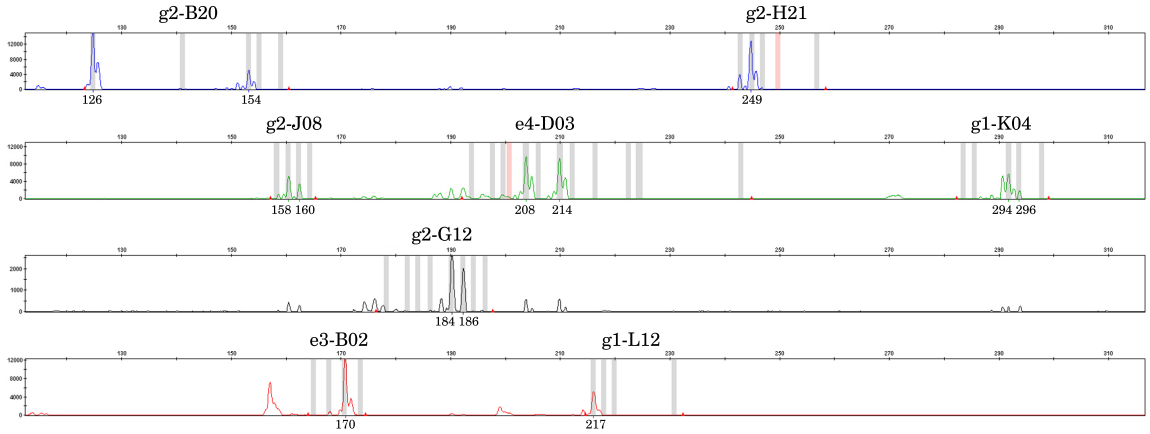


Рис. 1. Результат электрофоретического разделения ПЦР-продукта мультиплексной реакции сорта Фортуна
Fig. 1. Electrophoregram of one-tube multiplex PCR products of the cultivar Fortuna

Результаты (Results)

Биоинформатический анализ. Для двух из 51 проанализированного SSR локуса, а именно *g1-F04, g1-H09*, последовательности прямых (F) праймеров комплементарны более 140 последовательностям генома GCA_965278215.1. В связи с множественными местами «посадки» локализация данных локусов в геноме затруднительна (таблица 1). Использование этих локусов в мультиплексной реакции нецелесообразно из-за высокой вероятности появления неспецифичных фрагментов. Каждая из пар праймеров для локусов *g2-M19*, *g1-O02*, *g2-P03*, *RJL-8*, *RJL-9* ограничивает более одного фрагмента размером от 100 до 300 п. н., что затрудняет их использование в мультиплексной реакции. Пара праймеров локуса *g1-B02* ограничивает два участка генома *R. nigrum*, при этом дает фрагменты размером 2758 п. н., что, вероятно, обусловлено дупликацией фрагмента.

Генетическая изменчивость в зоне «посадки» праймеров. Для 16 проанализированных локусов отмечены различия между последовательностями праймеров, предложенными в работах Р. Бреннана с соавторами [2; 10] и соответствующими местами «посадки» в последовательностях полных ядерных геномов. При анализе этих маркеров целесообразно использовать вырожденные праймеры, иначе велика вероятность получения нуль-аллелей, т. е. отсутствие ампликона по причине неспособности «посадки» праймера на соответствующую последовательность матрицы, особенно при высоких температурах на стадии отжига. Предложенные варианты праймеров представлены в таблице 3.

Анализ локализации локусов на хромосомах. Лучшим решением для мультиплекса является включение в него локусов, локализованных на различных хромосомах. Поскольку гаплоидный геном смородины черной включает только 8 хромосом, при желании использовать в тесте более 8 маркеров возникает необходимость отбирать локусы, расположенные в пределах одной хромосомы. Мы приняли, что в одну панель маркеров могут быть включены локусы, удаленные друг от друга на расстояние более 40 миллионов п. н. При установлении подобных границ 33 кандидатных локуса делятся на 12 групп сцепления (LG) (таблица 1). Отметим, что для большинства локусов их распределение по хромосомам, описанное нами в таблице 1 и приведенное ранее в работах [10; 17], совпадает. Однако для 5 локусов, а именно *g1-O17*, *gr2-J05*, *g1-P08*, *e2-L15*, *g1-I02*, были выявлены несовпадения локализации на уровне хромосом (таблица 1).

Индели в межпраймерных областях. При сравнении локусов в трех геномах были отмечены вариации в их последовательностях. Так для локуса *g1-M07 (= RJL-7)* отмечена вставка «TT», в локусе *g1-P21* – индел «ACTTT» и в локусе *g2-L17* вставка «CCTCC» в геноме GCA_965278195.1. В локусе *g2-J11* – индел «C» в геноме GCA_965278215.1. Эти локусы могут быть использованы для решения задач индивидуальной идентификации либо подтверждения родословных. Однако при оценке генетического сходства сортообразцов они могут привести к искажению реально существующих величин генетического сходства, так как фрагменты сходной длины будут иметь различное количество мотивов.

Характеристика локусов, включенных в мультиплекс. Отбор локусов происходил исходя из распределения по группам сцепления, отсутствия полиморфизма в местах «посадки» праймеров, а также в продуктах локуса, обусловленного мутациями иного характера, чем повторы мотива. Также учитывали длины фрагментов, меченых флуорофорами для возможности использования «в одной пробирке». В итоге в мультиплекс включено восемь маркеров, расположенных на шести хромосомах (таблицы 2, 4, рис. 1).

Количество аллелей в локусах варьировало от 4 до 11, суммарно составляя 48, ожидаемая гетерозиготность 0,26–0,82. Генетические профили 48 сортообразцов по 8 локусам мультиплекса приведены в таблице 5. Индексы индивидуальной идентификации для всей панели маркеров: $PI = 3{,}6 \times 10^{-6}$, $PI_{sibs} = 4{,}9 \times 10^{-3}$, индексы исключения родителей – $P1 = 0{,}977$, $P2 = 0{,}870$, $P3 = 0{,}9984$. Значения индексов для каждого локуса приведены в таблице 4.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

Предложенный нами мультиплекс для выборки 48 сортообразцов показал индекс индивидуальной идентификации $PI = 3{,}6 \times 10^{-6}$, т. е. вероятность совпадения генетического профиля у двух особей, отобранных из панмиксной популяции, составляет 36 событий на 10 млн сравнений. Для решения задачи индивидуальной идентификации 10 000 сортообразцов подобный «запас прочности» можно считать достаточным. В то же время индекс $PI_{sibs} = 4{,}9 \times 10^{-3}$, т. е. вероятность совпадения генетических профилей в выборке сиблингов составляет 49 событий на 10 тысяч сравнений (каждое двухсотое сравнение генотипов ожидаемо покажет их сходство). Следовательно, при работе с выборками, доля сиблингов в которых высока, дифференцирующей силы предложенной панели маркеров может оказаться недостаточно. В связи с этим актуально дальнейшее совершенствование SSR-мультиплекса. Потенциальными кандидатами для его расширения служат локусы, локализованные на четвертой и восьмой хромосоме *R. nigrum* согласно нумерации NCBI Genome assembly GCA_965278215.1 (на данный момент маркеры, лежащие на этих хромосомах, не представлены в сформированной нами панели).

Локусы, локализованные в четвертой хромосоме *R. nigrum*, в работах Р. Бреннана с соавторами [2; 10] не предложены. В восьмой хромосоме локализованы три локуса *g-D11*, *e1-O01*, *g1-P21*, из которых изменчивость первого низка (собственные неопубликованные данные), а размеры фрагментов двух других совпадают с размерами маркеров, включенных в предложенный мультиплекс (таблица 1). Таким образом, необходим дизайн новых маркеров либо редизайн старых, а именно подбор новых праймеров, увеличивающий размер фрагментов, для локусов *e1-O01* и *g1-P21*.

Мультиплекс, предложенный нами ранее, имел сопоставимые значения индексов индивидуальной идентификации, а именно: $PI = 1{,}6 \times 10^{-7}$ и $PI_{sibs} = 1{,}7 \times 10^{-3}$ [16]. Однако вследствие затруднений с расшифровкой ряда локусов он был более сложен для рутинной работы.

Таблица 4

Индексы генетического разнообразия, индивидуальной идентификации особей и исключения родителей в выборке 48 сортообразцов смородины черной из коллекции Свердловской селекционной станции садоводства ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН

Локус	Индексы							
	N	*Ne*	*He*	*PI*	*PIsibs*	*P1*	*P2*	*P3*
g2-B20	5	2,6	0,63	0,20	0,49	0,37	0,21	0,54
e4-D03	11	4,6	0,79	0,08	0,38	0,59	0,42	0,80
e3-B02	4	2,0	0,52	0,34	0,58	0,22	0,13	0,34
g1-L12	4	1,80	0,45	0,37	0,62	0,22	0,10	0,34
g1-K04	5	2,2	0,55	0,25	0,54	0,31	0,16	0,49
g2-J08	4	2,5	0,61	0,22	0,50	0,35	0,19	0,51
g2-H21	5	1,4	0,26	0,56	0,76	0,14	0,03	0,24
g2-G12	8	5,3	0.82	0,06	0,36	0,63	0,45	0,79

Примечание. N – число аллелей, Ne – эффективное число аллелей на локус, He – ожидаемая гетерозиготность, PI – индекс вероятности идентичности особей, PIsibs – индекс вероятности идентичности для сибсов, P1, P2, P3 – индексы исключение родителей.

Table 4

Indices of genetic diversity, individual identification, and parentage exclusion in 48 blackcurrant cultivar accessions from the collection of the Sverdlovsk Breeding Station of Horticulture (Ural Federal Agrarian Research Centre UB RAS)

Loci	*Indices*							
	N	*Ne*	*He*	*PI*	*PIsibs*	*P1*	*P2*	*P3*
g2-B20	*5*	*2.6*	*0.63*	*0.20*	*0.49*	*0.37*	*0.21*	*0.54*
e4-D03	*11*	*4.6*	*0.79*	*0.08*	*0.38*	*0.59*	*0.42*	*0.80*
e3-B02	*4*	*2.0*	*0.52*	*0.34*	*0.58*	*0.22*	*0.13*	*0.34*
g1-L12	*4*	*1.80*	*0.45*	*0.37*	*0.62*	*0.22*	*0.10*	*0.34*
g1-K04	*5*	*2.2*	*0.55*	*0.25*	*0.54*	*0.31*	*0.16*	*0.49*
g2-J08	*4*	*2.5*	*0.61*	*0.22*	*0.50*	*0.35*	*0.19*	*0.51*
g2-H21	*5*	*1.4*	*0.26*	*0.56*	*0.76*	*0.14*	*0.03*	*0.24*
g2-G12	*8*	*5.3*	*0.82*	*0.06*	*0.36*	*0.63*	*0.45*	*0.79*

Note. N – number of alleles, Ne – effective number of alleles per locus, He – expected heterozygosity, PI – probability of identity index for individuals, PIsibs – probability of identity between sibs, P1, P2, P3 – parentage exclusion indexes.

Таблица 5

Генетические профили сортообразцов черной смородины

№	Сортообразец	Локусы							
		g2-B20	*g2-H21*	*g2-J08*	*e4-D03**	*g1-K04*	*g2-G12*	*e3-B02*	*g1-L12*
1	Аккорд	154/154	247/249	158/158	205/214	294/296	172/190	167/167	217/219
2	Алтайская поздняя	126/156	247/249	156/158	210/214	288/300	172/180	167/167	221/221
3	Валовая	126/154	249/249	158/160	208/214	294/296	184/186	167/170	217/217
4	Василиса	154/154	247/249	158/162	205/214	294/296	180/190	167/167	217/219
5	Воевода	126/154	249/249	160/162	205/208	294/294	180/184	167/170	217/217
6	Вымпел	126/154	249/249	156/160	208/228	294/294	184/190	170/170	217/221
7	Дабрадзея	126/154	249/249	158/160	220/220	294/294	180/188	167/170	217/221
8	Дар Смольяниновой	126/154	249/261	160/160	204/228	294/300	186/186	167/167	217/217
9	Десертная Огольцовой	126/154	249/249	156/160	205/214	294/294	180/190	167/167	217/217
10	Доброхот	126/154	249/249	158/160	208/208	294/296	184/186	170/170	217/217
11	Добрый Джинн	154/154	249/249	158/158	214/220	294/294	184/190	167/167	217/217
12	Драгун	154/160	249/249	156/160	202/202	294/294	180/184	167/170	217/217
13	Elo	154/156	249/249	156/158	204/208	294/296	180/184	167/167	217/221
14	Казкова	154/156	247/249	156/158	208/214	294/300	172/180	167/170	217/221
15	Капель	156/160	247/249	156/158	n216/220	294/294	190/190	167/170	217/221
16	Козацька	154/160	249/249	158/158	202/220	294/294	190/190	167/170	217/221
17	Краса Львова	154/154	247/249	158/158	202/214	294/296	172/186	170/170	221/221
18	Креолка	126/154	249/249	158/158	208/208	294/294	180/186	167/170	217/221
19	Ладушка	126/156	247/249	160/160	205/208	294/300	186/190	167/173	217/217
20	Литвиновская	126/154	249/249	160/160	208/228	294/300	186/190	167/167	217/217

21	Лучия	126/154	249/249	158/158	208/214	294/300	184/186	167/167	217/219
22	Мавлади	154/160	249/249	158/158	214/214	294/294	172/190	167/167	217/221
23	Очарование	126/156	249/249	158/158	205/214	294/294	172/188	167/167	217/217
24	Память Калининой	126/126	249/249	158/160	208/214	294/296	180/184	170/173	217/221
25	Пилот	126/154	249/249	158/160	214/214	294/296	184/186	170/170	217/217
26	Подарок Астахова	126/154	249/249	160/160	208/228	294/294	180/180	167/167	217/217
27	Рада	154/154	249/254	156/158	208/210	294/296	180/186	167/170	217/219
28	Руслан	126/160	249/249	156/160	216/246	286/294	178/190	167/167	217/221
29	Сафиевська	126/154	249/249	158/158	208/214	294/300	180/190	167/170	217/221
30	Светлолистная	154/154	249/249	158/158	208/n228	294/296	186/190	167/170	217/221
31	Селеченская	126/154	249/249	160/160	202/208	294/300	180/190	167/167	217/217
32	Славянка	154/154	249/249	158/158	214/214	294/294	188/190	170/170	217/217
33	Спас	126/160	249/261	158/158	n220/246	286/294	172/180	164/167	221/221
34	Старатель	154/154	249/249	158/160	214/214	294/296	184/186	167/170	217/217
35	Тарзан	126/154	249/249	158/160	208/208	294/296	184/184	170/170	217/217
36	Удалец	126/154	249/249	158/160	214/214	294/294	186/190	167/170	217/217
37	Фортуна	126/154	249/249	158/160	208/214	294/296	184/186	170/170	217/217
38	Церера	154/156	249/249	158/162	208/228	294/294	180/180	170/170	217/217
39	Hanfeng	126/142	249/251	156/162	214/214	288/294	172/172	167/170	217/231
40	Черноокая	154/154	247/249	158/158	214/228	294/296	184/190	167/170	221/221
41	Чудное мгновенье	142/154	249/249	156/158	198/202	286/296	176/188	167/167	221/221
42	Ben Sarek	154/156	247/251	158/158	208/208	294/294	184/184	167/170	217/221
43	Karri	154/156	249/249	156/158	204/208	300/300	172/184	167/167	217/221
44	1-2-010-13	154/154	249/249	158/160	214/214	294/294	184/186	167/170	217/217
45	3-1-05-08	126/154	249/249	158/160	214/214	294/296	186/186	167/170	217/217
46	3-4-05-08	126/154	249/249	158/158	208/214	296/300	186/186	167/167	217/217
47	3-5-05-08	126/154	249/249	158/160	214/214	296/296	184/184	167/167	217/217
48	7-54-00-03	154/154	249/249	156/158	202/214	294/294	184/190	170/170	217/217

*Примечание. * Буква n перед размером фрагмента указывает на то, что фрагмент, соответствующий аллели на фореграмме, имеет относительно небольшую высоту.*

Table 5

Genetic profiles of black currant cultivars

No.	*Cultivar*	*Loci*							
		g2-B20	*g2-H21*	*g2-J08*	*e4-D03**	*g1-K04*	*g2-G12*	*e3-B02*	*g1-L12*
1	*Akkord*	*154/154*	*247/249*	*158/158*	*205/214*	*294/296*	*172/190*	*167/167*	*217/219*
2	*Altayskaya pozdnyaya*	*126/156*	*247/249*	*156/158*	*210/214*	*288/300*	*172/180*	*167/167*	*221/221*
3	*Valovaya*	*126/154*	*249/249*	*158/160*	*208/214*	*294/296*	*184/186*	*167/170*	*217/217*
4	*Vasilisa*	*154/154*	*247/249*	*158/162*	*205/214*	*294/296*	*180/190*	*167/167*	*217/219*
5	*Voevoda*	*126/154*	*249/249*	*160/162*	*205/208*	*294/294*	*180/184*	*167/170*	*217/217*
6	*Vympel*	*126/154*	*249/249*	*156/160*	*208/228*	*294/294*	*184/190*	*170/170*	*217/221*
7	*Dabradzeya*	*126/154*	*249/249*	*158/160*	*220/220*	*294/294*	*180/188*	*167/170*	*217/221*
8	*Dar Smol'yaninovoy*	*126/154*	*249/261*	*160/160*	*204/228*	*294/300*	*186/186*	*167/167*	*217/217*
9	*Desertnaya Ogol'tsovoy*	*126/154*	*249/249*	*156/160*	*205/214*	*294/294*	*180/190*	*167/167*	*217/217*
10	*Dobrokhot*	*126/154*	*249/249*	*158/160*	*208/208*	*294/296*	*184/186*	*170/170*	*217/217*
11	*Dobryy Dzhinn*	*154/154*	*249/249*	*158/158*	*214/220*	*294/294*	*184/190*	*167/167*	*217/217*
12	*Dragun*	*154/160*	*249/249*	*156/160*	*202/202*	*294/294*	*180/184*	*167/170*	*217/217*
13	*Elo*	*154/156*	*249/249*	*156/158*	*204/208*	*294/296*	*180/184*	*167/167*	*217/221*
14	*Kazkova*	*154/156*	*247/249*	*156/158*	*208/214*	*294/300*	*172/180*	*167/170*	*217/221*
15	*Kapel'*	*156/160*	*247/249*	*156/158*	*n216/220*	*294/294*	*190/190*	*167/170*	*217/221*
16	*Kozats'ka*	*154/160*	*249/249*	*158/158*	*202/220*	*294/294*	*190/190*	*167/170*	*217/221*
17	*Krasa L'vova*	*154/154*	*247/249*	*158/158*	*202/214*	*294/296*	*172/186*	*170/170*	*221/221*
18	*Kreolka*	*126/154*	*249/249*	*158/158*	*208/208*	*294/294*	*180/186*	*167/170*	*217/221*
19	*Ladushka*	*126/156*	*247/249*	*160/160*	*205/208*	*294/300*	*186/190*	*167/173*	*217/217*
20	*Litvinovskaya*	*126/154*	*249/249*	*160/160*	*208/228*	*294/300*	*186/190*	*167/167*	*217/217*
21	*Luchiya*	*126/154*	*249/249*	*158/158*	*208/214*	*294/300*	*184/186*	*167/167*	*217/219*
22	*Mavladi*	*154/160*	*249/249*	*158/158*	*214/214*	*294/294*	*172/190*	*167/167*	*217/221*
23	*Ocharovanie*	*126/156*	*249/249*	*158/158*	*205/214*	*294/294*	*172/188*	*167/167*	*217/217*
24	*Pamyat' Kalininoy*	*126/126*	*249/249*	*158/160*	*208/214*	*294/296*	*180/184*	*170/173*	*217/221*
25	*Pilot*	*126/154*	*249/249*	*158/160*	*214/214*	*294/296*	*184/186*	*170/170*	*217/217*

26	*Podarok Astakhova*	126/154	249/249	160/160	208/228	294/294	180/180	167/167	217/217
27	*Rada*	154/154	249/254	156/158	208/210	294/296	180/186	167/170	217/219
28	*Ruslan*	126/160	249/249	156/160	216/246	286/294	178/190	167/167	217/221
29	*Safievs'ka*	126/154	249/249	158/158	208/214	294/300	180/190	167/170	217/221
30	*Svetlolistnaya*	154/154	249/249	158/158	208/n228	294/296	186/190	167/170	217/221
31	*Selechenskaya*	126/154	249/249	160/160	202/208	294/300	180/190	167/167	217/217
32	*Slavyanka*	154/154	249/249	158/158	214/214	294/294	188/190	170/170	217/217
33	*Spas*	126/160	249/261	158/158	n220/246	286/294	172/180	164/167	221/221
34	*Staratel'*	154/154	249/249	158/160	214/214	294/296	184/186	167/170	217/217
35	*Tarzan*	126/154	249/249	158/160	208/208	294/296	184/184	170/170	217/217
36	*Udalets*	126/154	249/249	158/160	214/214	294/294	186/190	167/170	217/217
37	*Fortuna*	126/154	249/249	158/160	208/214	294/296	184/186	170/170	217/217
38	*Tserera*	154/156	249/249	158/162	208/228	294/294	180/180	170/170	217/217
39	*Hanfeng*	126/142	249/251	156/162	214/214	288/294	172/172	167/170	217/231
40	*Chernookaya*	154/154	247/249	158/158	214/228	294/296	184/190	167/170	221/221
41	*Chudnoe mgnoven'e*	142/154	249/249	156/158	198/202	286/296	176/188	167/167	221/221
42	*Ben Sarek*	154/156	247/251	158/158	208/208	294/294	184/184	167/170	217/221
43	*Karri*	154/156	249/249	156/158	204/208	300/300	172/184	167/167	217/221
44	*1-2-010-13*	154/154	249/249	158/160	214/214	294/294	184/186	167/170	217/217
45	*3-1-05-08*	126/154	249/249	158/160	214/214	294/296	186/186	167/170	217/217
46	*3-4-05-08*	126/154	249/249	158/158	208/214	296/300	186/186	167/167	217/217
47	*3-5-05-08*	126/154	249/249	158/160	214/214	296/296	184/184	167/167	217/217
48	*7-54-00-03*	154/154	249/249	156/158	202/214	294/294	184/190	170/170	217/217

*Note. * The letter n before the fragment size indicates that the allele has a relatively small height.*

Индексы исключения родителей, рассчитанные для анализируемой нами панели маркеров, составляют *P1* = 0,977, *P2* = 0,870 и *P3* = 0,998. Значение *P2* свидетельствует о том, что у 13 % двух случайно взятых сортообразцов в каждом из восьми локусов будет общая аллель. Мы считаем данную вероятность высокой, поэтому использовать предложенную панель маркеров для выводов о родословных при наличии только одного родителя малоэффективно. Однако вероятность случайного совпадения генотипов двух потенциальных родителей и потомка произойдет только в 16 из 10 тыс. тестов (индекс *P3*). Таким образом, мультиплекс позволяет проводить подтверждение родословной, но его недостаточно для ее восстановления. Значение индекса *P1* свидетельствует о высокой вероятности выявления отца при происхождении сорта путем опыления материнского растения смесью пыльцы.

Из 51 ранее описанного маркера перспективными для проведения популяционно-генетических исследований с использованием мультиплексной реакции являются только 33. Для 16 описанных локусов нами был проведен дизайн праймеров, использование которых должно привести к снижению числа отмечаемых нуль-аллелей. Были подобраны условия реакции, позволяющие проводить анализ 8 несцепленных SSR-локусов смородины черной, и определены генетические профили 48 сортообразцов из коллекции Свердловской селекционной станции садоводства ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН. Число аллелей в анализируемых локусах варьировало от 4 до 11, суммарно составляя 48. Ожидаемая гетерозиготность равнялась 0,26–0,82. Индексы индивидуальной идентификации для всей панели маркеров составили $PI = 3{,}6 \times 10^{-6}$, $PI_{sibs} = 4{,}9 \times 10^{-3}$, индексы исключения родителей: *P1* = 0,977, *P2* = 0,870, *P3* = 0,998. Предложенный мультиплекс может быть использован для установления отца при использовании для опыления смеси пыльцы, а также для подтверждения происхождения при двух известных родителях.

Библиографический список

1. Петрова С. Н., Кузнецова А. А. Состав плодов и листьев смородины черной *Ribes nigrum* (обзор) // Химия растительного сырья. 2014. № 4. С. 43–50. DOI: 10.14258/jcprm.201404221.

2. Brennan R., Jorgensen L., Woodhead M., Russell J. Development and characterization of SSR markers in *Ribes species* // Molecular Ecology Notes. 2002. No. 2. Pp. 327–330. DOI: 10.1046/j.1471-8286.2002.00233.x

3. Sun X., Fu Q., Qin D., Xiong J., Quan X., Guo H., Tang J., Huo J., Zhu C. Genetic diversity assessment and core germplasm screening of blackcurrant (*Ribes nigrum*) in China via expressed sequence tag–simple sequence repeat markers // International Journal of Molecular Sciences. 2025. Vol. 26, No. 5. Article number 2346. DOI: 10.3390/ijms26052346.

4. Bassil N., Bidani A., Nyberg A., Hummer K., Rowland L.J. Microsatellite markers confirm identity of blueberry (*Vaccinium* spp.) plants in the USDA-ARS National Clonal Germplasm Repository collection // Genetic Resources and Crop Evolution. 2020. Vol. 67. Pp. 393–409. DOI: 10.1007/s10722-019-00873-8.

5. Zurn J. D., Nyberg A., Montanari S., Postman J., Neale D., Bassil N. A new SSR fingerprinting set and its comparison to existing SSR- and SNP-based genotyping platforms to manage *Pyrus* germplasm resources // Tree Genetics & Genomes. 2020. Vol. 16. Article number 72. DOI: 10.1007/s11295-020-01467-7.

6. Cmejlova J., Rejlova M., Paprstein F., Cmejla R. A new one-tube reaction kit for the SSR genotyping of apple (*Malus* × *domestica* Borkh.) // Plant Science. 2021. Vol. 303. Article number. 110768. DOI: 10.1016/J.plantsci.2020.110768.

7. Sekridova A. V., Shilov I. A., Kislin E. N., Malyuchenko O. P., Kharchenko P. N. The technology of genetic identification of varieties and wild-growing forms of grapes based on multilocus microsatellite analysis // Applied Biochemistry and Microbiology. 2022. Vol. 58, No. 9. Pp. 1050–1059. DOI: 10.1134/S0003683822090083.

8. Testolin R., Messina R., Cipriani G., De Mori G. SSR-based DNA fingerprinting of fruit crops // Crop Science. 2022. Vol. 63. Pp. 390–459. DOI: 10.1002/csc2.20896.

9. Antonius K., Karhu S., Kaldmae H., Lacis G., Rugenius R., Baniulis D., Sasnauskas A., Schulte E., Kuras A., Korbin M., Gunnarsson A., Werlemark G., Ryliskis D., Todam-Andersen T., Kokk L., Jarve K. Development of the Northern European *Ribes* core collection based on a microsatellite (SSR) marker diversity analysis // Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization. 2012. Vol. 10, No. 1. Pp. 70–73. DOI: 10.1017/S1479262111000980.

10. Brennan R., Jorgensen L., Hackett C., Woodhead M., Gordon S., Russell J. The development of a genetic linkage map of black currant (*Ribes nigrum* L.) and the identification of regions associated with key fruit quality and agronomic traits // Euphytica. 2008. Vol. 161. Pp. 19–34. DOI: 10.1007/s10681-007-9412-8.

11. Cavanna M., Marinoni D. T., Beccaro G. L., Bounous G. Microsatellite-based evaluation of *Ribes* spp. germplasm // Genome. 2009. Vol. 52, No. 10. Pp. 839–848. DOI: 10.1139/G09-057.

12. Должикова М. А., Пикунова А. В., Толпекина А. А., Князев С. Д., Бахотская А. Ю. Идентификация сортов смородины черной (*Ribes nigrum* L.) на основании полиморфизма микросателлитных локусов // Вестник Российской сельскохозяйственной науки. 2020. № 3. С. 26–29. DOI: 10.30850/vrsn/2020/3/26-29.

13. Межнина О. А., Урбанович О. Ю. Анализ вариабельности микросателлитных локусов у представителей рода смородины (*Ribes* L.), выращиваемых в Беларуси // Весці Нацыянальнай акадэміі навук Беларусі. Серыя біялагічных навук. 2017. № 3. С. 45–54.

14. Palmieri L., Grando M.S., Sordo M., Grisenti M., Martens S., Giongo L. Establishment of molecular markers for germplasm management in a worldwide provenance *Ribes* spp. Collection // Plant Omics. 2013. Vol. 6, No. 3. Pp. 165–174.

15. Пикунова А. В., Князев С. Д., Бахотская А. Ю., Кочумова А. А. Полиморфизм микросателлитных локусов у сортов черной смородины (*Ribes nigrum* L.) из коллекции ВНИИСПК // Сельскохозяйственная биология. 2015. № 50 (1). С. 46–54. DOI: 10.15389/agrobiology.2015.1.46rus.

16. Модоров М. В., Киселева О. А., Полежаева М. А., Чеботок Е. М. Разработка мультиплексного набора микросателлитных маркеров для генетической идентификации черной смородины (*Ribes nigrum* L.) // Биотехнология и селекция растений. 2024. № 7 (4). С. 68–81. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-4-o6.

17. Russell J., Hackett Ch., Hedley P., Liu H., Milne L., Bayer M., Marshall D., Jorgensen L., Gordon S., Brennan R. The use of genotyping by sequencing in black currant (*Ribes nigrum*): developing high-resolution linkage maps in species without reference genome sequences // Molecular Breeding: New Strategies in Plant Improvement. 2014. Vol. 33. Pp. 835–849. DOI: 10.1007/s11032-013-9996-8.

18. Jamieson A., Taylor St. C. S. Comparisons of three probability formulae for parentage exclusion // Animal Genetics. 1997. Vol. 28. Pp. 397–400. DOI: 10.1111/j.1365-2052.1997.00186.x.

19. Модоров М. В., Ткаченко И. В., Клещева А. А., Севостьянов М. Ю. Номенклатура маркеров и контроль ошибок первого и второго рода при проведении генетических экспертиз достоверности происхождения крупного рогатого скота с использованием фрагментного анализа // Генетика. 2024. № 60 (12). С. 3–15. DOI: 10.1134/S1022795424701175.

20. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M., the UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit // Bioinformatics. 2012. Vol. 28. Pp. 1166–1167. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts091.

21. Devey M. E., Bell J. C., Smith D. N., Neale D. B., Moran G. F. A genetic linkage map for *Pinus radiata* based on RFLP, RAPD and microsatellite markers // Theoretical and Applied Genetics. 1996. Vol. 92. Pp. 673–679. DOI: 10.1007/BF00226088.

22. Waits L. P., Luikart G., Taberlet P. Estimating the probability of identityamong genotypes in natural populations: cautions and guidelines // Molecular Ecology. 2001. Vol. 10, No. 1. Pp. 249–256. DOI: 10.1046/j.1365-294X.2001.01185.x.

23. Peakall R., Smouse P. E. GenAlEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research // Molecular Ecology Notes. 2006. Vol. 6. Pp. 288–295. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.

Об авторах:

Макар Васильевич Модоров, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0001-6182-233X, AuthorID 178678. *E-mail: mmodorov@gmail.com*

Ольга Анатольевна Киселева, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0002-8619-6416, AuthorID 830382. *E-mail: kiselevaolga@inbox.ru*

Мария Алексеевна Полежаева, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Институт экологии растений и животных Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0001-9729-2617, AuthorID 155670. *E-mail: polezhaevam@mail.ru*

Елена Михайловна Чеботок, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0001-5942-6178, AuthorID 501549. *E-mail: sadovodnauka@mail.ru*

Анастасия Олеговна Савина, младший научный сотрудник, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0001-5942-6178, AuthorID 1272779. *E-mail: soven_444@mail.ru*

References

1. Petrova S. N., Kuznetsova A. A. Composition of fruits and leaves of black currant *Ribes nigrum* (review). *Chemistry of Plant Materials*. 2014; 4: 43–50. DOI: 10.14258/jcprm.201404221. (In Russ.)

2. Brennan R., Jorgensen L., Woodhead M., Russell J. Development and characterization of SSR markers in *Ribes species*. *Molecular Ecology Notes.* 2002; 2: 327–330. DOI: 10.1046/j.1471-8286.2002.00233.x.

3. Sun X., Fu Q., Qin D., Xiong J., Quan X., Guo H., Tang J., Huo J., Zhu C. Genetic diversity assessment and core germplasm screening of blackcurrant (*Ribes nigrum*) in China via expressed sequence tag-simple sequence repeat markers. *International Journal of Molecular Sciences*. 2025; 26 (5): 2346. DOI: 10.3390/ijms26052346.

4. Bassil N., Bidani A., Nyberg A., Hummer K., Rowland L. J. Microsatellite markers confirm identity of blueberry (*Vaccinium* spp.) plants in the USDA-ARS National Clonal Germplasm Repository collection. *Genetic Resources and Crop Evolution.* 2020; 67: 393-409. DOI: 10.1007/s10722-019-00873-8.

5. Zurn J. D., Nyberg A., Montanari S., Postman J., Neale D., Bassil N. A new SSR fingerprinting set and its comparison to existing SSR- and SNP-based genotyping platforms to manage *Pyrus* germplasm resources. *Tree Genetics & Genomes.* 2020; 16: 72. DOI: 10.1007/s11295-020-01467-7.

6. Cmejlova J., Rejlova M., Paprstein F., Cmejla R. A new one-tube reaction kit for the SSR genotyping of apple (*Malus* × *domestica* Borkh.). *Plant Science.* 2021; 303: 110768. DOI: 10.1016/j.plantsci.2020.110768.

7. Sekridova A. V., Shilov I. A., Kislin E. N., Malyuchenko O. P., Kharchenko P. N. The technology of genetic identification of varieties and wild-growing forms of grapes based on multilocus microsatellite analysis. *Applied Biochemistry and Microbiology*. 2022; 58 (9): 1050–1059. DOI: 10.1134/S0003683822090083.

8. Testolin R., Messina R., Cipriani G., De Mori G. SSR-based DNA fingerprinting of fruit crops. *Crop Science*. 2022; 63: 390–459. DOI: 10.1002/csc2.20896.

9. Antonius K., Karhu S., Kaldmae H., Lacis G., Rugenius R., Baniulis D., Sasnauskas A., Schulte E., Kuras A., Korbin M., Gunnarsson A., Werlemark G., Ryliskis D., Todam-Andersen T., Kokk L., Jarve K. Development of the Northern European *Ribes* core collection based on a microsatellite (SSR) marker diversity analysis. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization.* 2012; 10 (1): 70–73. DOI: 10.1017/S1479262111000980.

10. Brennan R., Jorgensen L., Hackett C., Woodhead M., Gordon S., Russell J. The development of a genetic linkage map of black currant (*Ribes nigrum* L.) and the identification of regions associated with key fruit quality and agronomic traits. *Euphytica*. 2008; 161: 19–34. DOI: 10.1007/s10681-007-9412-8.

11. Cavanna M., Marinoni D. T., Beccaro G. L., Bounous G. Microsatellite-based evaluation of *Ribes* spp. germplasm. *Genome.* 2009; 52 (10): 839–848. DOI: 10.1139/G09-057.

12. Dolzhikova M. A., Pikunova A. V., Tolpekina A. A., Knyazev S. D., Bakhotskaya A. Yu. Identification of blackcurrant varieties (*Ribes nigrum* L.) based on microsatellite locus polymorphism. *Vestnik of the Russian Agricultural Science*. 2020; 3: 26–29. DOI: 10.30850/vrsn/2020/3/26-29. (In Russ.)

13. Mezhnina O. A., Urbanovich O. Yu. Analysis of microsatellite loci variability *Ribes* L. representatives grown in Belarus. *Proceedings of the National Academy of Sciences of Belarus. Biological Series.* 2017; 3: 45–54. (In Russ.)

14. Palmieri L., Grando M. S., Sordo M., Grisenti M., Martens S., Giongo L. Establishment of molecular markers for germplasm management in a worldwide provenance *Ribes* spp. collection. *Plant Omics.* 2013; 6 (3): 165–174.

15. Pikunova A. V., Knyazev S. D., Bakhotskaya A. Yu., Kochumova A. A. Microsatellite loci polymorphism in Russian black currant (*Ribes nigrum* L.) varieties from collection of All-Russian Research Institute of Breeding Fruit Crops. *Agricultural Biology*. 2015; 50 (1): 46–54. DOI: 10.15389/agrobiology.2015.1.46rus. (In Russ.)

16. Modorov M. V., Kiseleva O. A., Polezhaeva M. A., Chebotok E. M. Development of multiplex microsatellite markers set for black currant (*Ribes nigrum* L.) genetic identification. *Plant Biotechnology and Breeding*. 2024; 7 (4): 68–81. DOI: 10.30901/2658-6266-2024-4-o6. (In Russ.)

17. Russell J., Hackett Ch., Hedley P., Liu H., Milne L., Bayer M., Marshall D., Jorgensen L., Gordon S., Brennan R. The use of genotyping by sequencing in black currant (*Ribes nigrum*): developing high-resolution linkage maps in species without reference genome sequences. *Molecular Breeding: New Strategies in Plant Improvement*. 2014; 33: 835–849. DOI: 10.1007/s11032-013-9996-8.

18. Jamieson A., Taylor St. C. S. Comparisons of three probability formulae for parentage exclusion. *Animal Genetics*. 1997; 28: 397–400. DOI: 10.1111/j.1365-2052.1997.00186.x.

19. Modorov M. V., Tkachenko I. V., Kleshcheva A. A., Sevostyanov M. Yu. Marker nomenclature and control of Type I and Type II errors in cattle parentage verification using microsatellite markers. *Russian Journal of Genetics*. 2024; 60 (12): 1593–1602. DOI: 10.1134/S1022795424701175. (In Russ.)

20. Okonechnikov K., Golosova O., Fursov M., the UGENE team. Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*. 2012; 28: 1166–1167. DOI: 10.1093/bioinformatics/bts091.

21. Devey M. E., Bell J. C., Smith D. N., Neale D. B., Moran G. F. A genetic linkage map for *Pinus radiata* based on RFLP, RAPD and microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics.* 1996; 92: 673–679. DOI: 10.1007/BF00226088.

22. Waits L. P., Luikart G., Taberlet P. Estimating the probability of identityamong genotypes in natural populations: cautions and guidelines. *Molecular Ecology*. 2001; 10 (1): 249–256. DOI: 10.1046/j.1365-294X.2001.01185.x.

23. Peakall R., Smouse P. E. GenAlEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. 2006; 6: 288–295. DOI: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.

Authors' information:

Makar V. Modorov, candidate of biological sciences, senior researcher at the laboratory of molecular genetic expertise, Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0001-6182-233X, AuthorID 178678. *E-mail: mmodorov@gmail.com*

Olga A. Kiseleva, candidate of biological sciences, senior researcher, Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia;
ORCID 0000-0002-8619-6416, AuthorID 830382. *E-mail: kiselevaolga@inbox.ru*

Elena M. Chebotok, candidate of agricultural sciences, senior researcher, Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia;
ORCID 0000-0001-5942-6178, AuthorID 501549. *E-mail: sadovodnauka@mail.ru*

Anastasiya O. Savina, junior researcher, Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0001-5942-6178, AuthorID 1272779. *E-mail: soven_444@mail.ru*

Mariya A. Polezhaeva, candidate of biological sciences, senior researcher, Institute of Plant and Animal Ecology of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0001-9729-2617, AuthorID 155670. *E-mail: polezhaevam@mail.ru*