doi: 10.15389/agrobiology.2020.3.523rus

Рис. 2. Секвенирование одинаковых по размеру (850 п.н.) **амплифицированных фрагментов аллелей гена *VvMybA1* у окрашенных** (Каберне Кортис и Сыпун черный) **и неокрашенных** (Шардоне и Сибирьковый) **сортов винограда (*Vitis vinifera* L.)** (Анапская зональная ампелографическая коллекция СКФНЦСВВ).

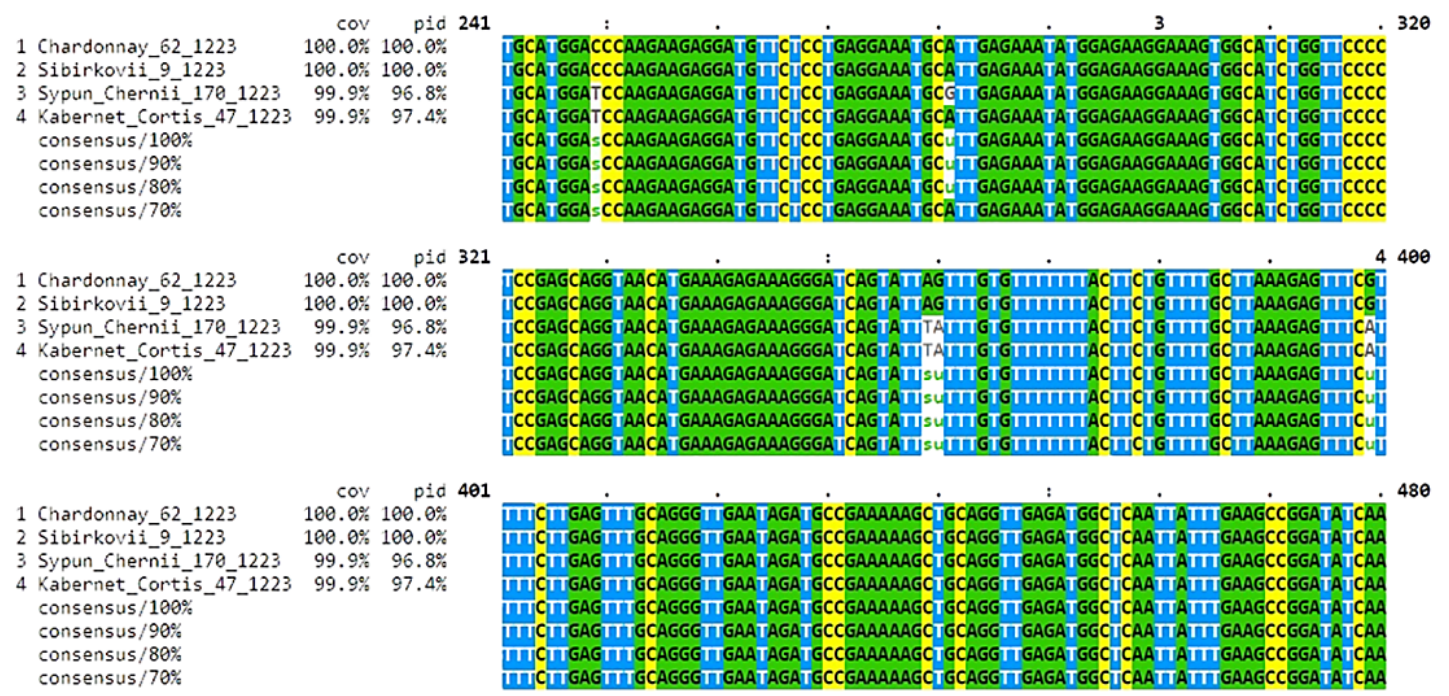

Рис. 3. Анализ участков изученных аллелей гена *VvMybA1* у четырех аборигенных и интродуцированных сортов винограда (*Vitis vinifera* L.) (окрашенные — Каберне Кортис и Сыпун черный, неокрашенные — Шардоне и Сибирьковый) **в программе ClustalO** (Анапская зональная ампелографическая коллекция СКФНЦСВВ). Белым цветом выделены нуклеотидные полиморфизмы, выявленные в результате выравнивания анализируемых последовательностей у четырех генотипов. В 281-й нуклеотидной позиции у сорта Сыпун черный отображена уникальная для выборки нуклеотидная замена, выделенная белым цветом фона.

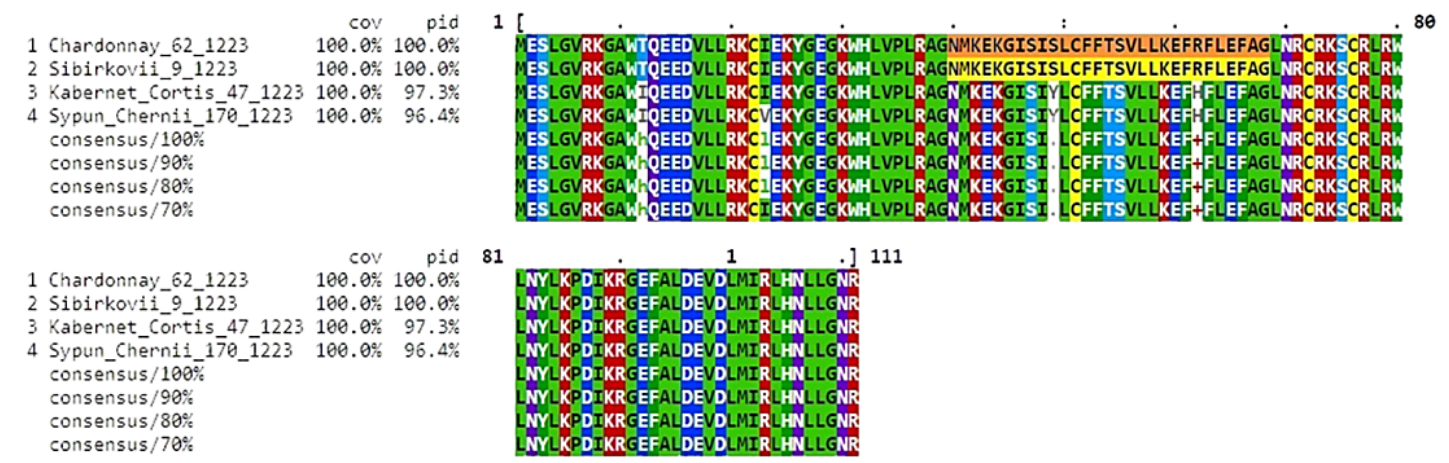

Рис. 5. Выравнивание аминокислотных последовательностей (выделена интронная вставка)**, транслированных с нуклеотидных последовательностей аллелей гена *VvMybA1* у аборигенных и интродуцированных сортов винограда (*Vitis vinifera* L.)** (окрашенные — Каберне Кортис и Сыпун черный, неокрашенные — Шардоне и Сибирьковый) **в программе ClustalO** (Анапская зональная ампелографическая коллекция СКФНЦСВВ)**.** У сорта Сыпун черный в 23-й позиции (выделено белым цветом фона) присутствует аминокислотная замена: изолейцин, характерный для трех остальных сортов, замещен на валин.