

Carattere: Marcatore SSR VrZAG62	Code N°
Caractère: Marqueur SSR VrZAG62	OIV 805
Merkmal: SSR-Marker VrZAG62	
Characteristic: SSR-marker VrZAG62	
Carácter: Marcador SSR VrZAG62	

Primer sequence: VrZAG62a: GGT GAA ATG GGC ACC GAA CAC ACG C VrZAG62b: CCA TGT CTC TCC TCA GCT TCT CAG C			
Distanza relativa espressa in paia di basi dall'allele di dimensione n / Distance de paires de bases relative à la taille de l'allele n / Relativer Basenpaarenabstand zur Allelgröße n / Relative base pair distance to allele size n / Distancia relativa en pares de bases al alelo de tamaño n	Varietà di riferimento / Exemples de variétés / Beispielsorten / Example varieties / Ejemplos de variedades		Ulteriori varietà di riferimento / D'autres exemples de variétés / Weitere Beispielsorten / Further example varieties / Otros ejemplos de variedades
	Annotazione ( Codice dell'allele di riferimento) / Notation (code de variété) / Bonitierung (Sortencode) / Notes (Variety code) / Notación (Codigo de variedad)		
n	1MG1	Millardet et Grasset 101 – 14	1
n + 1	44MA1	Malegue 44 – 53	1
n + 2			
n + 4			
n + 6	44Ma2	Malegue 44 – 53	2
n + 8	33C1	Couderc 3309	1
n + 10	FE1	Fercal	1
n + 12	MU1	Muscat à petits grains blancs	B 1
n + 14	CH1	Chardonnay B	1, Pinot N,G,B 1, Traminer RG 1,
n + 16	33C2	Couderc 3309	2, Millardet et Grasset 420 A 1
n + 18	VE1	Veltliner rot RG	1, Barbera N 1
n + 20	CF1	Cabernet franc	N 1, Pinot N,G,B 2, Merlot N 1/2
n + 22	CH2	Chardonnay B	2, Muscat à petits grains blancs B 2
n + 24	JA2	Jacquez	N 2
n + 26	5C1	Teleki 5 C	1, Barbera N 2
n + 28	SCH2	Schwarzmann	2
n + 30	CF2	Cabernet franc	N 2, Silvaner B 2
n + 32			
n + 34			
n + 36	5C2	Teleki 5 C	2
n + 38			
n + 40	11R2	Richter 110	2
n + 42			
n + 44			
n + 46	FE2	Fercal	2

Carattere: Marcatore SSR VrZAG62	Code N°
Caractère: Marqueur SSR VrZAG62	OIV 805
Merkmal: SSR-Marker VrZAG62	
Characteristic: SSR-marker VrZAG62	
Carácter: Marcador SSR VrZAG62	

Indicazioni / Définitions / Definitionen / Definitions / Indicaciones:

- I:** Intervallo approssimativo di peso molecolare degli alleli: da 174 a 220 paia di basi. Metodi diversi di analisi possono tuttavia determinare piccole variazioni delle dimensioni dell'allele (1-2 pb). L'allele più corto ritrovato nell'ambito di Genres 081 è stato arbitrariamente scelto come "n".  
Codice della varietà: CF1 significa allele più corto del Cabernet franc N, CF2 significa allele più lungo del Cabernet franc N, etc..  
Se viene trovato un nuovo allele, ad esempio "n - 2", il codice corrispondente della varietà sarà "1MG1 - 2". Per la codifica delle cultivar in base alla dimensione degli alleli, alcune varietà di riferimento devono essere analizzate come standard nella medesima analisi.  
Non vi sono particolari limitazioni nella scelta del metodo di analisi. Tuttavia: (1) le condizioni di PCR per le varietà di riferimento e i campioni analizzati devono essere le stesse; (2) si raccomanda che in una PCR a 3 fasi la polimerizzazione finale sia di almeno 30 minuti.
- F:** Echelle approximative des tailles: de 174 paires de bases à 220 paires de bases environ. Toutefois, différentes méthodes d'analyses peuvent occasionner de petites variations (1-2 bp) en taille d'allèle. Le plus court allèle trouvé dans le cadre du programme GenRes081 a été arbitrairement désigné par la valeur "n".  
Code variété : CF1 correspond au plus court allèle de Cabernet franc N, CF2 correspond au plus long allèle du Cabernet franc N, etc..  
Si un nouvel allèle est trouvé (exemple, n-2), le code variété correspondant sera "1MG1-2". Pour codifier la longueur de l'allèle de variétés à analyser, les variétés témoins doivent être analysées simultanément.  
Il n'existe pas de restriction sur la méthode ; toutefois, (1) les conditions PCR pour les variétés à analyser et pour les variétés témoins doivent être les mêmes ; (2) il est recommandé que l'étape d'élongation finale de la PCR soit de 30 minutes au minimum.
- D:** Ungefährer Bereich der Stufenleiter: von 174 bis 220 Basenpaaren. Bei Verwendung verschiedener Analysemethoden können geringe Abweichungen (1-2 bp) bei den Allellängen auftreten. Das kürzeste gefundene Allel wurde willkürlich als "n" gewählt.  
Der Sorten-Kode CF1 steht für das kürzere Allel von Cabernet franc N, CF2 steht für das längere Allel von Cabernet franc N, etc..  
Tritt ein neues Allel auf, z. B. "n - 2", würde der entsprechende Sortencode "1MG1 - 2" heißen. Für die Allellängen-Feststellung müssen die hier aufgeführten Beispielsorten in der Analyse als Standards mit aufgetragen werden.  
Methodisch gibt es keine Vorschriften. Jedoch (1) die PCR Bedingungen müssen für Beispielsorten und zu untersuchende Sorten identisch sein, (2) wird empfohlen, dass in der 3-Schritt-PCR der letzte Verlängerungsabschnitt mindestens 30 Minuten beträgt.
- E:** Approximate size range of alleles: from 174 to 220 base pairs. Different methods of analysis may result in small deviations (1-2 bp) in allele size. The shortest allele found within Genres081 has been chosen arbitrarily as being "n".  
Variety code: CF1 means Cabernet franc N shorter allele, CF2 means Cabernet franc N longer allele, etc..  
If a new allele is found, eg. "n - 2", the corresponding variety code would be "1MG1 - 2". For allele size codification of cultivars, some example varieties have to be run as standard within the same analysis.  
There are no restrictions on the method. But (1) the PCR conditions for the example varieties and the varieties to be analysed have to be the same; (2) it is recommended that in a 3-step PCR the final elongation step is at least 30 minutes.
- S:** Rango aproximado de la escala: desde 174 hasta 220 pares de bases. Diferentes métodos de análisis pueden dar origen a pequeñas desviaciones (1-2 pb) en el tamaño del alelo. El alelo menor detectado en Genres081 se ha elegido arbitrariamente como "n".  
Código de variedad: CF1 significa el alelo corto de Cabernet franc N, CF2 significa el alelo largo de Cabernet franc N, etc..  
Si se detecta un nuevo alelo, p.ej. "n - 2", el correspondiente código de variedad sería "1MG1 - 2". Para la codificación de la longitud de alelos de los cultivares, se deben analizar variedades ejemplo como estándar en un mismo análisis.  
No hay restricciones en el método a utilizar, pero: (1) las condiciones de la PCR para las variedades ejemplo y para las variedades a analizar tienen que ser las mismas; (2) se recomienda que en la etapa 3 de la PCR la extensión final dure al menos 30 minutos.