

УДК: 636.082:636.294(571.150)

DOI 10.18286/1816-4501-2023-1-128-134

ПОЛИМОРФИЗМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ В НОВОТАЛИЦКОЙ ПОПУЛЯЦИИ МАРАЛОВ

Лубенникова Марина Владимировна, кандидат сельскохозяйственных наук

Афанасьев Константин Александрович, кандидат ветеринарных наук

Афанасьев Виктор Александрович, кандидат ветеринарных наук

ФГБНУ ФАНЦА (отдел ВНИИПО), 656031, г. Барнаул, ул. Шевченко, 160. Тел. (3852) 50-13-40.

E-mail: wniipo@rambler.ru

Ключевые слова: маралы, популяция, гетерозиготность, микросателлиты, локус, маркер, полиморфизм.

В настоящее время в исследованиях генофонда различных пород и популяций, установления их генетической структуры и разнообразия используют различные подходы, в том числе и молекулярно-генетические методы. Генетическая оценка животных стала гораздо эффективнее в связи с открытием семейств повторяющихся последовательностей, дислоцированных по всему геному (минисателлитов и микросателлитов). Целью исследований стало изучение полиморфизма микросателлитных маркеров в новоталицкой популяции маралов. Молекулярно-генетические исследования выполнены совместно с лабораторией биоинженерии на базе Алтайского государственного университета, г. Барнаул. Биоматериал для исследований отобран от маралов-рогачей новоталицкой популяции в филиале «ОС«Новоталицкое» ФГБНУ ФАНЦА. Проведена оценка новоталицкой популяции маралов с использованием метода молекулярно-генетического маркирования (STR-анализ). Изучен полиморфизм микросателлитов ETH225, Hant14, ILSTS06, INRA35 и MM12. Определена частота встречаемости аллельных вариантов и генотипов микросателлитных локусов маралов. Установлено, что число аллелей отдельных локусов в новоталицкой популяции варьирует от 7 (MM12) до 34 (ILSTS06) и составляет в среднем 21,8 аллелей. Всего при анализе 5 локусов обнаружено 109 аллелей. Частота встречаемости аллелей варьирует от 0,005 до 0,448. Наибольшую распространенность среди аллелей 5 локусов в новоталицкой популяции маралов имеет аллель 091 п.н. локуса MM12 и 103 п.н. локуса INRA35. Наиболее распространенным генотипом является 091/091 локуса MM12. Данные микросателлитного анализа ДНК маралов могут быть использованы для разработки планов селекционно-племенной работы, оценки генетической структуры, поддержания уровня гетерозиготности в стадах и генетического мониторинга селекционных процессов.

Введение

Генетика популяций как теоретическая основа селекции животных имеет важное прикладное значение. Популяционный подход в селекции дает возможность количественно оценить генетическую способность линий получать перспективное потомство, прогнозировать их продуктивность и приспособленность [1-3].

В животноводстве при составлении селекционных программ популяционная генетика определяет направление крупномасштабной селекции, решает вопросы эффективности селекции в популяциях и породах, изучает генетические процессы, протекающие в популяциях, в связи с чем приобретает важное практическое значение [4-6].

Для совершенствования селекционно-племенной работы необходимы новые крите-

рии отбора, которые позволяли бы выявлять животных с высокими племенными качествами. В настоящее время в исследованиях генофонда различных пород и популяций, установления их генетической структуры и разнообразия используют различные подходы, в том числе и молекулярно-генетические методы. Достижения молекулярной биологии позволяют оценивать животных не только по фенотипическим признакам, но и непосредственно по генотипу. Это дает возможность быстрой и точной идентификации животных с высоким генетическим потенциалом по определенным признакам продуктивности [7, 8].

Генетическая оценка животных стала гораздо эффективнее в связи с открытием семейств повторяющихся последовательностей, дислоцированных по всему геному (минисател-

литов и микросателлитов). В последнее время микросателлитные последовательности ДНК играют большую роль в качестве неисчерпаемого источника генетических маркеров. Микросателлиты имеют высокий уровень полиморфизма и все чаще стали применяться в популяционной генетике [9,10].

Использование микросателлитных маркеров позволяет определять корреляцию между хозяйственно-полезными признаками и определяющими их генетическими структурами, дает возможность в любом возрасте отбирать животных с желательными генотипами [11, 12].

Микросателлиты на сегодняшний день составляют существенную группу генетических маркеров, которые удобны для целого ряда исследований, таких как оценка генетических расстояний между линиями, семействами, видами и породами животных, характеристика генетической структуры популяций и степени инбредности, оценка величины и направления генного потока между популяциями, филогенетических исследований [13-15]. В связи с этим целью исследований стало изучение полиморфизма микросателлитных маркеров в новоталицкой популяции маралов. Для реализации цели были поставлены следующие задачи:

- выявить особенности полиморфизма 5 локусов микросателлитов маралов;
- произвести расчёт основных популяционно-генетических показателей.

Материалы и методы исследований

В филиале «ОС «Новоталицкое» ФГБУ ФАНЦА отобран биоматериал от маралов-рогачей новоталицкой популяции (рис. 1). В качестве биоматериала взята хрящевая ткань ушных раковин (рис. 2).

Молекулярно-генетические исследования выполнены совместно с лабораторией биоинженерии на базе Алтайского государственного университета, г. Барнаул.

Полиморфизм в новоталицкой популяции маралов изучен на пяти маркерах (ETH225, Haut14, ILSTS06, INRA35, MM12).

Для выделения ДНК из ушной ткани рогачей использовали метод на основе преципитации ДНК (Diamond DNA). ПЦР проведена в реакционном объеме 20 мкл, содержащем 2 × буфер для ПЦР BiolabMix, 0,5 мкл каждого праймера и 1 мкл ДНК. Программа амплификации состояла из начальной денатурации при 94 °С в течение 3 минут, затем 35 циклов денатурации при 94 °С в течение 1 минуты, отжиг при X °С в течение 1 минуты и удлинение при 72 °С в течение 1 ми-



Рис. 1 - Маралы-рогачи новоталицкой популяции



Рис. 2 - Хрящевая ткань ушных раковин

нуты. Конечная элонгация – 3 минуты при 72 °С (табл.1).

Анализ длины микросателлитов проводили с помощью капиллярного гель-электрофореза на приборе QIAxcel Advanced и набора для разделения фрагментов ДНК QIAxcel DNA High Resolution.

Таблица 1

Условия проведения ПЦР и последовательности праймеров

Название локуса	Последовательность праймера 5'-3'	Температура отжига, °C	Тип повтора
MM12	F caagacaggtgtttcaatct R atcgactctgggatgatgt	55	Pure (GT)
Haut14	F ccaggaagatgaagtgace R tgacctcactcatgttattaa	53	Pure (GT)
INRA35	F ttgtgctttatgacactatccg R atcctttgcagcctccacattc	56	Pure (GT)
ETH225	F acatgacagccagctgctact R gatcacctggcactatttct	56	Interrupted (GT)
ILSTS06	F tgtctgtatttctgctgtgg R acacggaagcgatctaaacg	54	Pure (GT)

Таблица 2

Аллельные варианты микросателлитных локусов у маралов новоталицкой популяции

Локусы									
ILSTS06		ETH225		INRA35		Haut14		MM12	
Аллели, п.н.	Частота	Аллели, п.н.	Частота	Аллели, п.н.	Частота	Аллели, п.н.	Частота	Аллели, п.н.	Частота
263	0,016	149	0,005	101	0,021	117	0,005	090	0,083
264	0,052	151	0,010	102	0,016	119	0,036	091	0,448
265	0,036	152	0,042	103	0,307	121	0,016	092	0,083
266	0,010	153	0,026	104	0,146	123	0,021	093	0,188
267	0,021	154	0,010	109	0,010	124	0,016	094	0,115
268	0,010	156	0,120	110	0,167	125	0,255	095	0,021
269	0,026	157	0,078	111	0,021	126	0,213	096	0,063
270	0,010	158	0,010	112	0,010	127	0,094		
271	0,031	159	0,005	113	0,005	128	0,094		
272	0,026	161	0,005	114	0,125	130	0,063		
273	0,010	162	0,089	115	0,083	131	0,010		
274	0,016	163	0,094	116	0,010	132	0,010		
275	0,057	164	0,078	117	0,005	133	0,021		
276	0,031	165	0,042	123	0,016	134	0,010		
277	0,047	166	0,010	124	0,005	135	0,063		
278	0,031	167	0,031	125	0,021	137	0,016		
279	0,104	168	0,052	126	0,005	140	0,005		
280	0,094	169	0,073	127	0,016	142	0,047		
281	0,047	170	0,026	135	0,005	144	0,005		
282	0,031	171	0,016	162	0,005				
283	0,047	172	0,005						
284	0,036	173	0,010						
285	0,021	176	0,005						
286	0,047	177	0,016						
287	0,036	178	0,031						
288	0,021	181	0,016						
289	0,010	183	0,042						
290	0,005	184	0,042						
291	0,021	186	0,010						
292	0,021								
293	0,005								
294	0,005								
295	0,010								
298	0,005								

Данные об аллелях каждого животного послужили основой для статистической обработки результатов по стандартным методикам ($n = 96$ гол.).

Каждый локус оценивали по длине, числу аллелей, частоте встречаемости, наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности. В ходе изучения генетической структуры новоталицкой популяции маралов выявлены генотипы по каждому локусу.

Результаты исследований

Полиморфизм микросателлитных маркеров в новоталицкой популяции маралов представлен в таблице 2.

В результате анализа ДНК по локусу ILSTS06 в новоталицкой популяции обнаружено 34 аллеля длиной от 263 до 298 п.н., что свидетельствует о высокой полиморфности. Наибольшее распространение имели аллели длиной 279 п.н. (0,104), 280 п.н. (0,094) и 275 п.н. (0,057). Наблюдался перевес в сторону гетерозигот. Ожидаемая гетерозиготность по локусу ILSTS06 составила 0,95, наблюдаемая – 0,56.

По локусу ETH225 у маралов новоталицкой популяции определено 29 аллелей, длина которых варьировала в пределах 149-186 п.н. В представленном диапазоне 7 аллелей (156, 157, 162, 163, 164, 168, 169) имели частоту больше 0,05. Ожидаемая и наблюдаемая гетерозиготность составили 0,94 и 0,57 соответственно.

У маралов новоталицкой популяции по локусу INRA35 определено 20 аллелей, длиной 101-162 п.н. Наиболее часто присутствуют аллели длиной 103 п.н. (0,307), 110 п.н. (0,167), 104 п.н. (0,146). Редкими аллелями в данном локусе являются 113, 117, 124, 126, 135, 162 – 0,005. Наблюдается высокий дефицит гетерозигот (0,32).

В ходе анализа ДНК по локусу Haut14 у исследованных маралов новоталицкой популяции обнаружено 19 аллелей длиной от 117 до 144 п.н. Выявлено, что количество гомозиготных особей превышает количество гетерозиготных. Наблюдаемая гетерозиготность данного локуса составила 0,24, что значительно ниже ожидаемого уровня гетерозиготности 0,86, рассчитанного исходя из частоты встречаемости аллелей в популяции.

По локусу MM12 выявлено 7 аллелей размером от 090 до 096 п.н. Наибольшая частота встречаемости отмечена для аллелей длиной 091 п.н. (0,448) и 093 п.н. (0,188). Редких аллелей в данном локусе не выявлено, гетерозиготных особей в популяции не обнаружено. Ожидаемая гетерозиготность составила 0,73.

В ходе оценки генотипов микросателлитных локусов новоталицкой популяции маралов было определено процентное соотношение генотипов в популяции. По локусу ILSTS06 у 96 исследованных животных выявлено 66 различных генотипов (рис. 3).

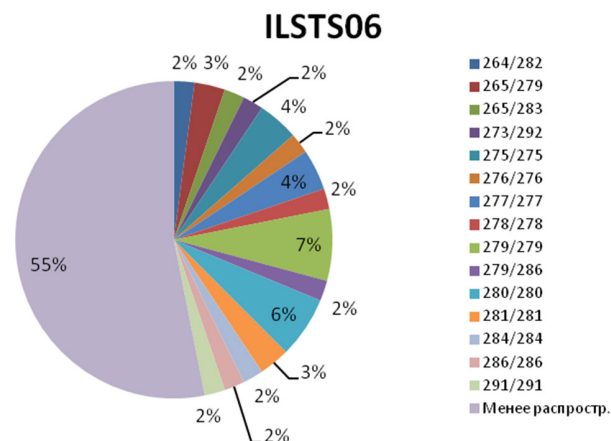


Рис. 3 - Процентное соотношение генотипов локуса ILSTS06 у маралов новоталицкой популяции

Наиболее часто встречались генотипы 279/279 (7%) и 280/280 (6%). В популяции обнаружено большое число редких генотипов – 55%, с частотой встречаемости 0,010.

Частота встречаемости генотипов по локусу ETH225 у маралов новоталицкой популяции представлена на рисунке 4.

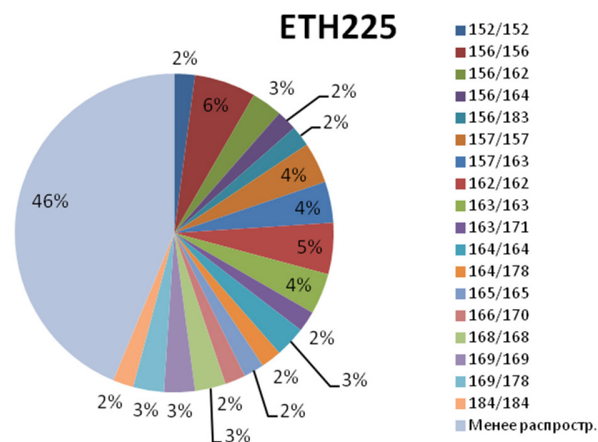


Рис. 4 - Процентное соотношение генотипов локуса ETH225 у маралов новоталицкой популяции

В локусе ETH225 представлено 60 генотипов. Наибольшее распространение получили два генотипа 156/156 и 162/162 – 6% и 5% соответственно. В популяции также имеется значительное число гомозиготных и гетерозиготных

генотипов с частотой встречаемости 0,010 (46 %).

Частота встречаемости генотипов по локусу INRA35 у маралов новоталицкой популяции представлена на рисунке 5.

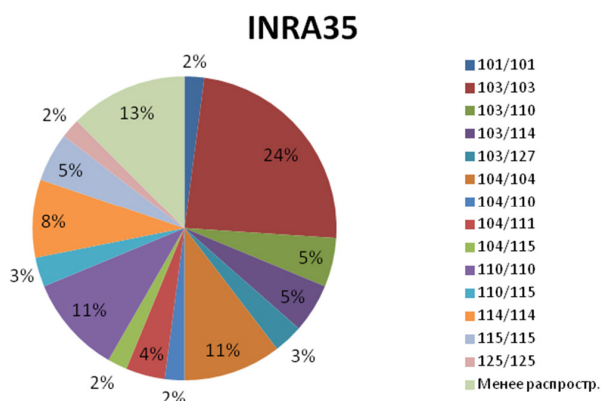


Рис. 5 - Процентное соотношение генотипов локуса INRA35 у маралов новоталицкой популяции

Наибольшей частотой встречаемости характеризуются генотипы 103/103 (24 %), 104/104 (11 %) и 110/110 (11 %). Генотипов с частотой встречаемости 0,010 было 13 %. Всего в исследуемой выборке выявлено 26 различных генотипов.

По локусу Haut14 в изучаемой выборке выявлено 32 различных генотипа (Рис. 6).

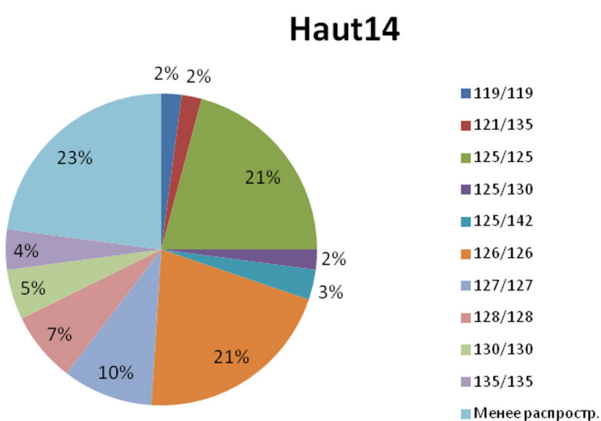


Рис. 6 - Процентное соотношение генотипов локуса Haut14 у маралов новоталицкой популяции

Наиболее часто в новоталицкой популяции встречаются генотипы: 125/125 (21%), 126/126 (21%) и 127/127 (10%). На долю генотипов с частотой встречаемости 0,010 приходится 23%.

У маралов новоталицкой популяции по локусу MM12 выявлено 7 различных генотипов (Рис. 7).

MM12

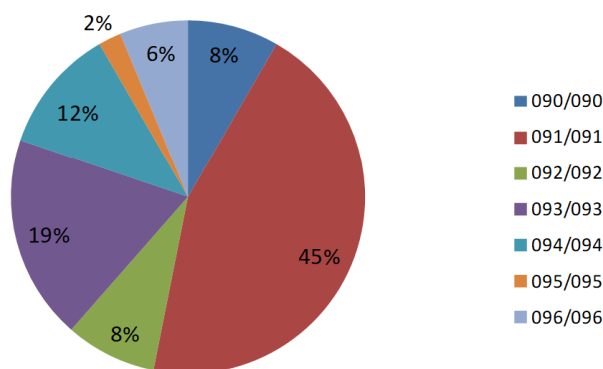


Рис. 7 - Процентное соотношение генотипов локуса MM12 у маралов новоталицкой популяции

Наиболее часто встречались генотипы 091/091 (45 %) и 093/093 (19 %).

Обсуждение

Впервые проведена оценка новоталицкой популяции маралов с использованием метода молекулярно-генетического маркирования (STR-анализ). Изучена частота встречаемости аллельных вариантов и генотипов микросателлитных локусов маралов. Получены новые данные об уровне генетического разнообразия в популяциях изучаемого вида.

Данные микросателлитного анализа ДНК маралов могут быть использованы для разработки планов селекционно-племенной работы, оценки генетической структуры, поддержания уровня гетерозиготности в стадах и генетического мониторинга селекционных процессов.

Заключение

В результате проведенных генетических исследований установлено, что изученные микросателлиты (Haut14, MM12, ILSTS06, ETH225, INRA35) имели неодинаковое максимальное число аллелей. Число аллелей отдельных локусов в новоталицкой популяции варьирует от 7 (MM12) до 34 (ILSTS06) и составляет в среднем 21,8 аллелей. Всего при анализе 5 локусов обнаружено 109 аллелей. Частота встречаемости аллелей варьирует от 0,005 до 0,448. Наибольшую распространенность среди аллелей 5 локусов имеет аллель 091 п.н. локуса MM12 и 103 п.н. локуса INRA35. Редкими аллелями новоталицкой популяции является аллель 117 п.н., 140 п.н., 144 п.н. локуса Haut14, 290 п.н., 293 п.н., 294 п.н., 298 п.н. локуса ILSTS06, 149 п.н., 159 п.н., 161 п.н., 172 п.н., 176 п.н. локуса ETH225, 113 п.н., 117 п.н., 124 п.н., 126 п.н., 135 п.н., 162 п.н. локуса INRA35.

Наиболее распространенным генотипом в новоталицкой популяции является 091/091 локуса MM12. Высокая частота встречаемости данного генотипа позволяет назвать его характерным для новоталицкой популяции. С частотой встречаемости 0,010 установлено 127 генотипов.

В результате изучения генетической структуры новоталицкой популяции маралов установлено, что гетерозиготность по микросателлитным локусам варьирует от 0,00 по локусу MM12 до 0,56 по локусу ILSTS06 и 0,57 по локусу ETH225.

Библиографический список

1. Генетика популяций : методическое пособие для студентов очного и заочного обучения факультетов зоотехнологий и агробизнеса, ветеринарно-биологического и ветеринарной медицины / Е. К. Меркурьева, Г. Г. Скрипниченко, А. В. Бакай, Ф. Р. Бакай [и др.]. – Москва : ФГОУ ВПО МГАВМиБ, 2004. – 55 с.
2. Генетика животных : сборник задач / А. Г. Максимов, В. В. Федюк, Н. В. Иванова, Н. А. Максимов. – Персиановский : Донской ГАУ, 2021. – 142 с.
3. Файзуллин, Р. А. Использование методов популяционной генетики в селекции свиней крупной белой породы / Р. А. Файзуллин, М. Р. Сайфутдинов // Вестник Марийского государственного университета. – 2016. – Т. 2, № 3(7). – С. 60-64.
4. Куликов, Л. В. История зоотехнии / Л. В. Куликов. – 2-е изд., испр. и доп. – Санкт-Петербург : Лань, 2021. – 384 с. – ISBN 978-5-8114-1437-6.
5. Племяшов, К. В. Молекулярно-генетический полиморфизм в популяциях животных и его применение в интенсивной селекции молочного скота : обзор / К. В. Племяшов, М. Г. Смарагдов, М. Н. Романов // Молекулярно-генетические технологии анализа экспрессии генов продуктивности и устойчивости к заболеваниям животных : материалы 3-й Международной научно-практической конференции. – Санкт-Петербург, 2021. – С. 368-378.
6. Мухтарова, О. М. Проблемы генетики в связи с требованиями современного животноводства / О. М. Мухтарова, А. Н. Кровикова // Инновационная наука. – 2021. – № 4. – С. 85-87.
7. Разведение животных / В. Г. Кахикало, Н. Г. Фенченко, О. В. Назарченко, С. А. Гриценко. – Санкт-Петербург : Лань, 2020. – 336 с. – ISBN 978-5-8114-4085-6.
8. Бородай, И. С. К истории становления и развития генетики как теоретической основы зоотехнической науки / И. С. Бородай // Вестник Томского государственного университета. – 2012. – № 359. – С. 75-78.
9. Казанцева, Н. П. Генофонд сельскохозяйственных животных / Н. П. Казанцева, М. И. Васильева. – Ижевск : РИО Ижевская ГСХА, 2020. – 84 с.
10. Гайнуллина, К. П. Некоторые аспекты применения микросателлитных маркеров в сельскохозяйственной практике / К. П. Гайнуллина // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2018. – № 5(73). – С. 232-234.
11. Slate, J. Bovine microsatellite loci are highly conserved in red deer (*Cervus elaphus*), sika deer (*Cervus nippon*) and Soay sheep (*Ovis aries*) / J. Slate, D. W. Coltman // *Animal Genetics*. – 1998. – Vol. 29. – P. 307-315.
12. Изменчивость микросателлитов в породах овец, разводимых в России / Т. Е. Денискова, М. И. Селионова, Е. А. Гладырь, А. В. Доцев [и др.] // *Сельскохозяйственная биология*. – 2016. – Т. 51, № 6. – С. 801-810.
13. Machugh, D. E. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers / D. E. Machugh, R. T. Loftus, D. G. Bradley // *Animal Genetics*. – 1998. – Vol. 29. – P. 333-340.
14. Микросателлитные профили как критерии определения чистопородности и оценки степени гетерогенности подборов родительских пар в свиноводстве / Н. А. Зиновьева, В. Р. Харзинова, Т. И. Логвинова, Е. А. Гладырь [и др.] // *Сельскохозяйственная биология*. – 2011. – № 6. – С. 47-53.
15. Полиморфизм 15 микросателлитных локусов ДНК у крупного рогатого скота калмыцкой породы и аборигенного якутского скота, разводимых на территории Республики Саха (Якутия) / И. И. Слепцов, В. В. Додохов, Н. И. Павлова, Ф. Г. Каюмов // *Животноводство и кормопроизводство*. – 2019. – Т. 102, № 2. – С. 60-67.

POLYMORPHISM OF MICROSATELLITE MARKERS IN NOVOTALITSK MARAL POPULATION

Lubennikova M.V., Afanasiev K.A., Afanasiev V.A.

Federal State Budgetary Scientific Institution "All-Russian Research Institute of Reindeer Antler Breeding"

(FSBSI "Federal Altai Scientific Center of Agrobiotechnologies" (Department of ARRIRAB)

656031, Barnaul, Shevchenko st., 160. Tel. (3852)50-13-40.

E-mail: wniipo@rambler.ru

Keywords: maral (*Cervus elaphus*), population, heterozygosity, microsatellites, locus, marker, polymorphism.

Currently, various approaches, including molecular genetic methods are used in the studies of the gene pool of different breeds and populations, specification of their genetic structure and diversity. Genetic evaluation of animals has become much more efficient due to discovery of families of repeating sequences located throughout the genome (minisatellites and microsatellites). The aim of the research was to study the polymorphism of microsatellite markers in Novotalitsk maral population. Molecular genetic studies were carried out collaboratively with the laboratory of bioengineering at Altai State University, Barnaul. The research biomaterial was selected from the stag marals of Novotalitsk population in the branch of the "Novotalitskoye OS" of Federal State Budget Scientific Institution Federal Altai Scientific Center of Agrobiotechnologies. Assessment of Novotalitsk maral population was carried out by method of molecular genetic marking (STR-analysis). The polymorphism of ETH225, Haut14, ILSTS06, INRA35 and MM12 microsatellites was studied. The frequency of occurrence of allelic variants and genotypes of microsatellite loci of marals was determined. It was found that the number of alleles of individual loci in Novotalitsk population varies from 7 (MM12) to 34 (ILSTS06) and was on average 21.8 alleles. In total, 109 alleles were found in the analysis of 5 loci. The occurrence frequency of the alleles varies from 0.005 to 0.448. The highest prevalence among the alleles of 5 loci in Novotalitsk maral population has allele 091 b.p. of MM12 locus and 103 b.p. of INRA35 locus. The most common genotype is 091/091 of MM12 locus. Data from microsatellite DNA analysis of marals can be used to develop breeding plans, assess the genetic structure, maintain the level of heterozygosity in herds and genetical monitoring of the breeding processes.

Bibliography:

1. Eremeev, A.V. On the problem of saltation reorganizations of genetic material in population genetics and evolutionary computations / A.V. Eremeev // *Method.* - 2018. - № 8. - P. 257-263.
2. Mkrtychyan, G.V. Influence of interline and intraline selection on reproductive qualities of black-and-white cows / G.V. Mkrtychyan, A.N. Krovikova // *Materials of the II International Scientific and Practical Conference "World Science 2020. Problems and Prospects".* - 2020. - P. 93-98.
3. Fayzullin, R.A. Usage of methods of population genetics in breeding of large white pigs / R.A. Faizullin, M.R. Sayfutdinov // *Vestnik of Mari State University.* - 2016. - Volume 2, № 3 (7). - P. 60-64.
4. Zinovieva, N.A. Assisted reproductive technologies: history of formation and role in development of genetic technologies in cattle breeding (review) / N.A. Zinovieva, S.V. Pozyabin, R.Yu. Chinarov // *Agricultural biology.* - 2020. - № 2, V. 55. - P. 225-242.
5. Plemyashov, K.V. Molecular genetic polymorphism in animal populations and its application in intensive breeding of dairy cattle: a review / K.V. Plemyashov, M.G. Smaragdov, M.N. Romanov // *Materials of the 3rd international scientific-practical conference "Molecular genetic technologies for analysis of productivity gene expression and resistance to animal diseases."* - 2021. - P. 368-378.
6. Mukhtarova, O.M. Problems of genetics in connection with the requirements of modern animal husbandry / O.M. Mukhtarova, A.N. Krovikova // *Innovative science.* - 2021. - № 4. - P. 85-87.
7. Romanenko, T.M. The genetic structure of the population of reindeer of Kolguev island of the Nenets Autonomous Area / T.M. Romanenko, L.A. Kalashnikova, G.I. Filippova et al. // *Achievements of Science and Technology of the AIC.* - 2014. - № 4. - P. 68-70.
8. Boroday, I.S. On the history of formation and development of genetics as a theoretical basis for zootechnical science / I.S. Boroday // *Vestnik of Tomsk State University.* - 2012. - № 359. - P. 75-78.
9. Marzanov, N.S. Population-genetic characteristics of moose by microsatellite loci / N.S. Marzanov, D.A. Devrshov, S.N. Marzanova et al. // *Problems of biology of productive animals.* - 2018. - № 1. - P. 75-82.
10. Gainullina, K.P. Some aspects of usage of microsatellite markers in agricultural practice / K.P. Gainullina // *Izvestiya of Orenburg State Agrarian University.* - 2018. - № 5 (73). - P. 232-234.
11. Slate, J. Bovine microsatellite loci are highly conserved in red deer (*Cervus elaphus*), sika deer (*Cervus nippon*) and Soay sheep (*Ovis aries*) / J. Slate, D. W. Coltman // *Animal Genetics.* - 1998. - Vol. 29. - P. 307-315.
12. Variability of microsatellites in breeds of sheep bred in Russia / T. E. Deniskova, M. I. Selionova, E. A. Gladyr, A. V. Dotsev [et al.] // *Agricultural biology.* - 2016. - V. 51, № 6. - P. 801-810.
13. Machugh, D. E. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers / D. E. Machugh, R. T. Loftus, D. G. Bradley // *Animal Genetics.* - 1998. - Vol. 29. - P. 333-340.
14. Microsatellite profiles as criteria for specification of the breed purity and assessment of the degree of heterogeneity of selections of parental pairs in pig breeding / N. A. Zinovieva, V. R. Kharzinova, T. I. Logvinova, E. A. Gladyr [and others] // *Agricultural Biology.* - 2011. - № 6. - P. 47-53.
15. Polymorphism of 15 microsatellite DNA loci in Kalmyk cattle and native Yakut cattle bred in the Republic of Sakha (Yakutia) / I. I. Sleptsov, V. V. Dodokhov, N. I. Pavlova, F. G. Kayumov // *Animal husbandry and feed production.* - 2019. - V. 102, № 2. - P. 60-67.