

Полиморфизм микросателлитных маркеров в шебалинской популяции маралов

М. В. Лубенникова, кандидат сельскохозяйственных наук старший научный сотрудник, заведующая лабораторией биотехнологии пантовых оленей,

В. А. Афанасьев ✉, кандидат ветеринарных наук, научный сотрудник лаборатории биотехнологии пантовых оленей,

К. А. Афанасьев, кандидат ветеринарных наук, научный сотрудник лаборатории биотехнологии пантовых оленей,

ФГБНУ ФАНЦА (отдел ВНИИПО)

656031, г. Барнаул, ул. Шевченко, 160. ✉ wniipo@rambler.ru

Резюме. Селекция на основе генетических маркеров – это основной мировой тренд в животноводстве, в том числе и оленеводстве. Развитие методов молекулярной генетики открыло новые возможности для оценки генетического разнообразия, установления популяционной структуры и контроля степени инбридинга. Одним из типов молекулярно-генетических маркеров являются микросателлиты. Они имеют высокий уровень полиморфизма и широко распространены в геноме. Целью исследований явилось изучение полиморфизма микросателлитных маркеров в шебалинской популяции маралов для оценки генетической структуры популяции. Биоматериал (выщип от уха) отобран от маралов-рогачей шебалинской популяции алтае-саянской породы в ООО «Марал-Толусома» (Шебалинский район, Республика Алтай). В шебалинской популяции маралов изучены особенности полиморфизма 5 локусов микросателлитов (ILSTS06, ETH225, Haut14, INRA35, MM12). Изучена частота повторяемости аллельных вариантов и генотипов микросателлитных локусов маралов. В шебалинской популяции число аллелей отдельных локусов расположено в диапазоне от 8 (MM12) до 27 (ILSTS06, ETH225), в среднем 21,8 аллелей. При изучении 5 локусов определено 109 аллелей. Аллель 090 п.н. локуса MM12 и 103 п.н. локуса INRA35 более распространены. Среди генотипов в шебалинской популяции часто встречаются 090/090 локуса MM12 и 103/103 локуса INRA35, что позволяет назвать их характерными для этой популяции. Полученные данные могут быть использованы в селекционно-племенной работе в мараловодческих хозяйствах для генетического мониторинга селекционных процессов, оценки генетической структуры и поддержания уровня гетерозиготности в стадах.

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

Для цитирования: Лубенникова М. В., Афанасьев В. А., Афанасьев К. А. Полиморфизм микросателлитных маркеров в шебалинской популяции маралов // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2024. № 1 (65). С. 163-169. doi:10.18286/1816-4501-2024-1-163-169

Polymorphism of microsatellite markers in shebala population of red deer

M. V. Lubennikova, V. A. Afanasyev ✉, **K. A. Afanasyev**

FGBNU Federal Altai Scientific Center of Agrobiotechnologies (department of All-Russian Research Institute of Antler Reindeer Husbandry),

656031, Barnaul, Shevchenko st., 160.

✉ wniipo@rambler.ru

Abstract. Selection based on genetic markers is the main global trend in animal husbandry, including reindeer husbandry. The development of molecular genetics methods has opened up new opportunities for assessing genetic diversity, establishing population structure and monitoring the inbreeding degree. One of the types of molecular genetic markers is microsatellites. They have a high level of polymorphism and are widely spread in the genome. The purpose of the research was to study the polymorphism of microsatellite markers in Shebala population of red deer to assess genetic structure of the population. Biomaterial (ear blazing) was selected from antlered red deer of Shebalinsky population of Altai-Sayan breed at OOO Maral-Tolusoma (Shebalinsky district, Altai Republic). Polymorphism features of 5 microsatellite loci (ILSTS06, ETH225, Haut14, INRA35, MM12) were studied in Shebala population of deer. The repetition frequency of allelic variants and genotypes of microsatellite loci of red deer was studied. The number of alleles of individual loci ranges from 8 (MM12) to 27 (ILSTS06, ETH225), with an average of 21.8 alleles, in Shebala population. When studying 5 loci, 109 alleles were identified. Allele 090 bp. Of locus MM12 and 103 bp. of INRA35 locus are more common. Among the genotypes in Shebala population, 090/090 of MM12 locus and 103/103 of INRA35 locus are often found, which allows to call them characteristic of this population. The data obtained can be used in selection and breeding work on

red deer breeding farms for genetic monitoring of selection processes, assessment of genetic structure and maintaining the level of heterozygosity in herds.

Keywords: population, red deer, heterozygosity, locus, marker, microsatellites, polymorphism.

For citation: Lubennikova M. V., Afanasyev V. A., Afanasyev K. A. Polymorphism of microsatellite markers in shebala population of red deer // Vestnik of Ulyanovsk state agricultural academy. 2024;1(65): 163-169 doi:10.18286/1816-4501-2024-1-163-169

Введение

Одним из основных направлений генетики животных является изучение генетической основы внутри- и межпопуляционного полиморфизма особей [1, 2]. Для дальнейшего генетического анализа популяций необходима оценка аллельного полиморфизма и его связи с разнообразием фенотипов животных [3-5].

Селекция на основе генетических маркеров – это основной мировой тренд в животноводстве, в том числе и оленеводстве. Развитие методов молекулярной генетики открыло новые возможности для оценки генетического разнообразия, установления популяционной структуры и контроля степени инбридинга [6-9].

Одним из типов молекулярно-генетических маркеров являются микросателлиты. Они имеют высокий уровень полиморфизма и широко распространены в геноме. Микросателлиты – SSR (Simple Sequence Repeats) или STR (Simple Tandem Repeats) состоят из участков ДНК длиной в 2-6 пар оснований, tandemно повторенных много раз [10, 11].

Микросателлиты – удобные генетические маркеры в геноме сельскохозяйственных животных вследствие стабильного аутосомного кодоминантного наследования. В связи с высокой специфичностью, они с успехом используются для создания генетических карт, являются маркерами для определения достоверности происхождения, служат маркерами наследственных заболеваний [12-14]. В последнее время все чаще микросателлиты стали применяться в популяционной генетике. Они служат для оценки уровней инбридинга и характеристики генетической структуры субпопуляций и популяций. Микросателлиты могут быть полезны при рассмотрении вероятности исчезновения популяции, для установления эффективного размера популяции, а также для оценки эффективного направления генного потока между популяциями [15-17].

Использование микросателлитных маркеров дает возможность проведения отбора животных с желательными генотипами на ранних этапах селекционного процесса, что особенно актуально для мараловодства, поскольку у рогачей потенциал пантовой продуктивности максимально проявляется в более старшем возрасте (7...9 лет) [18, 19]. На практике это повысит надежность и достоверность оценки продуктивности и племенной ценности маралов-рогачей, снизит затраты на получение единицы продукции и повысит уровень управления процессом производства пантовой продукции.

Цель исследований – изучение полиморфизма микросателлитных маркеров в шебалинской

популяции маралов для оценки генетической структуры популяции. Были поставлены следующие задачи:

- изучить полиморфизм 5 микросателлитных локусов маралов;
- рассчитать основные популяционно-генетические показатели.

Материалы и методы

В ООО «Марал-Толусома» (Шебалинский район, Республика Алтай) отобран биоматериал (выщип от уха) от маралов-рогачей шебалинской популяции алтае-саянской породы.

В лаборатории биотехнологии пантовых оленей (отдел ВНИИПО ФГБНУ ФАНЦА, г. Барнаул) совместно с лабораторией биоинженерии (АлтГУ, г. Барнаул) проведены молекулярно-генетические исследования.

Для изучения шебалинской популяции маралов были выбраны пять микросателлитных маркеров (ILSTS06, ETH225, Haut14, INRA35, MM12).

Выделение ДНК из ушной ткани маралов проводили методом на основе преципитации ДНК (Diamond DNA). ПЦР выполнена в реакционном объеме 20 мкл, включающем 2 × буфер для ПЦР BiolabMix, 0,5 мкл каждого праймера и 1 мкл ДНК.

Программа амплификации включала начальную денатурацию при 94 °С в течение 3 минут, далее 35 циклов денатурации при 94 °С – 1 минута, затем отжиг при X °С – 1 минута и удлинение при 72 °С – 1 минута. Конечная элонгация при 72 °С – 3 минут.

Для локуса MM12 последовательность праймера 5'-3' следующая: F caagacaggtgttcaatct, R atcgactctggggatgatgt, температура отжига 55 °С, тип повтора Pure (GT). Для локуса Haut14 последовательность праймера 5'-3' – F ccaggaagatgaagtgace, R tgacctcactcatgttattaa, температура отжига 53 °С, тип повтора Pure (GT). Для локуса INRA35 последовательность праймера 5'-3' – F ttgtctttatgatcacatccg, R atcctttgcagcctccacattc, температура отжига 56 °С, тип повтора Pure (GT). Для локуса ETH225 последовательность праймера 5'-3' – F acatgacagccagctgctact, R gatcaccttgccactatttct, температура отжига 56 °С, тип повтора Interrupted (GT). Для локуса ILSTS06 последовательность праймера 5'-3' – F tgtctgtattctgctgtgg, R acaggaagcagatctaacs, температура отжига 54 °С, тип повтора Pure (GT).

На приборе QIAxcel Advanced с помощью капиллярного гель-электрофореза и набора для разделения фрагментов ДНК QIAxcel DNA High Resolution был сделан анализ длины микросателлитов.

Полученные результаты систематизированы и подвергнуты статистической обработке с использованием программы MS EXCEL (n = 94 гол.).

Все исследуемые локусы анализировали по длине и числу аллелей, частоте встречаемости, наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности. По каждому локусу определены генотипы.

Результаты

Частота встречаемости аллелей микросателлитных локусов шебалинской популяции маралов представлена в таблице 1.

При оценке длин аллелей изучаемых микросателлитных локусов нами был проведен сравнительный анализ аллельных вариантов шебалинской популяции маралов с баварским благородным оленем (*Cervus elaphus*) [20].

Из таблицы 1 видно, что наибольшее количество аллелей в шебалинской популяции маралов обнаружено у локусов ILSTS06 и ETH225 (27), в то время, как у баварского благородного оленя наибольшее количество аллелей установлено в локусе Haut14 (18). Наименьшее количество аллелей у маралов и у баварского благородного оленя установлено в локусе MM12 – 8 и 4 аллеля соответственно.

В локусах ILSTS06 и ETH225 у баварского благородного оленя обнаружено 15 и 14 аллельных вариантов соответственно. При этом размер аллелей у локуса ILSTS06 находится в диапазоне от 273 до 299 п.н., а у локуса ETH225 – от 135 до 169 п.н.

По локусу INRA35 маралы шебалинской популяции превосходят баварского благородного оленя по числу аллелей. В данном локусе у маралов

обнаружено 23 аллельных варианта размером от 098 до 162 п.н., а у баварского оленя – 11, размером от 102 до 126 п.н.

В вопросах динамики генетического состава популяций важным параметром считается гетерозиготность, которая представляет собой генетическое явление, наблюдающееся у организмов, гомологичные хромосомы которых имеют разные формы (аллели) того или иного гена. Она возникает при слиянии разнокачественных гамет в гетерозиготу, широко распространена в природных популяциях и является одной из причин гетерозиса. Гетерозиготность играет положительную роль в адаптации популяций к изменяющимся условиям окружающей среды, а также в микроэволюционном процессе, поэтому ее оценка в настоящее время необходима практически во всех популяционно-генетических исследованиях [21].

Степень наблюдаемой гетерозиготности является мерой генетической изменчивости в популяции. В связи с тем, что каждая гетерозигота имеет разные аллели и показывает наличие изменчивости, частота гетерозигот является очень важным показателем.

Ожидаемая гетерозиготность рассматривает уровень аллельного разнообразия в популяции. Данный показатель вводится для точной оценки популяционной изменчивости.

Таблица 1. Полиморфизм микросателлитных локусов у маралов

ILSTS06		ETH225		Локус Haut14		INRA35		MM12	
Аллели, п.н.	Частота	Аллели, п.н.	Частота	Аллели, п.н.	Частота	Аллели, п.н.	Частота	Аллели, п.н.	Частота
263	0,032	150	0,090	114	0,011	098	0,011	090	0,447
264	0,080	151	0,027	115	0,016	100	0,005	091	0,149
265	0,027	152	0,011	116	0,011	101	0,059	092	0,149
266	0,005	154	0,005	117	0,037	102	0,011	093	0,032
267	0,011	155	0,027	118	0,064	103	0,351	094	0,096
268	0,005	156	0,011	119	0,069	104	0,138	095	0,074
270	0,005	157	0,144	120	0,005	109	0,016	096	0,011
271	0,027	158	0,016	121	0,021	110	0,117	097	0,043
272	0,037	159	0,064	122	0,043	111	0,021		
273	0,032	162	0,016	123	0,043	114	0,027		
274	0,011	163	0,080	124	0,191	115	0,016		
275	0,021	165	0,090	125	0,059	116	0,016		
276	0,048	166	0,005	126	0,128	118	0,011		
277	0,074	167	0,011	127	0,080	119	0,005		
278	0,059	168	0,016	128	0,090	120	0,016		
279	0,059	169	0,069	129	0,037	121	0,011		
280	0,032	170	0,048	130	0,011	122	0,011		
281	0,059	171	0,027	131	0,021	123	0,027		
282	0,090	172	0,053	133	0,011	125	0,074		
283	0,096	176	0,027	134	0,011	126	0,027		
284	0,048	177	0,011	138	0,011	127	0,016		
285	0,021	178	0,043	141	0,011	129	0,011		
286	0,005	179	0,016	147	0,016	162	0,005		
287	0,027	180	0,005	148	0,005				
290	0,011	184	0,016						
291	0,069	185	0,064						
292	0,011	186	0,011						

4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных (сельскохозяйственные науки)

Учитывая вышесказанное, мы провели оценку наблюдаемой и ожидаемой степени гетерозиготности, рассчитанную по каждому локусу.

У маралов шебалинской популяции наблюдаемая гетерозиготность по локусу ILSTS06 составила 0,56, что ниже расчетной величины ожидаемой гетерозиготности, которая равна 0,94.

Исходя из частоты встречаемости аллелей локуса ETH225 в популяции установлено, что наблюдаемая гетерозиготность равна 0,46, что существенно ниже ожидаемой гетерозиготности – 0,93.

Наблюдаемая гетерозиготность локуса Haut14 составила 0,23, а ожидаемая, исходя из данных о частоте встречаемости аллелей, достигла 0,91.

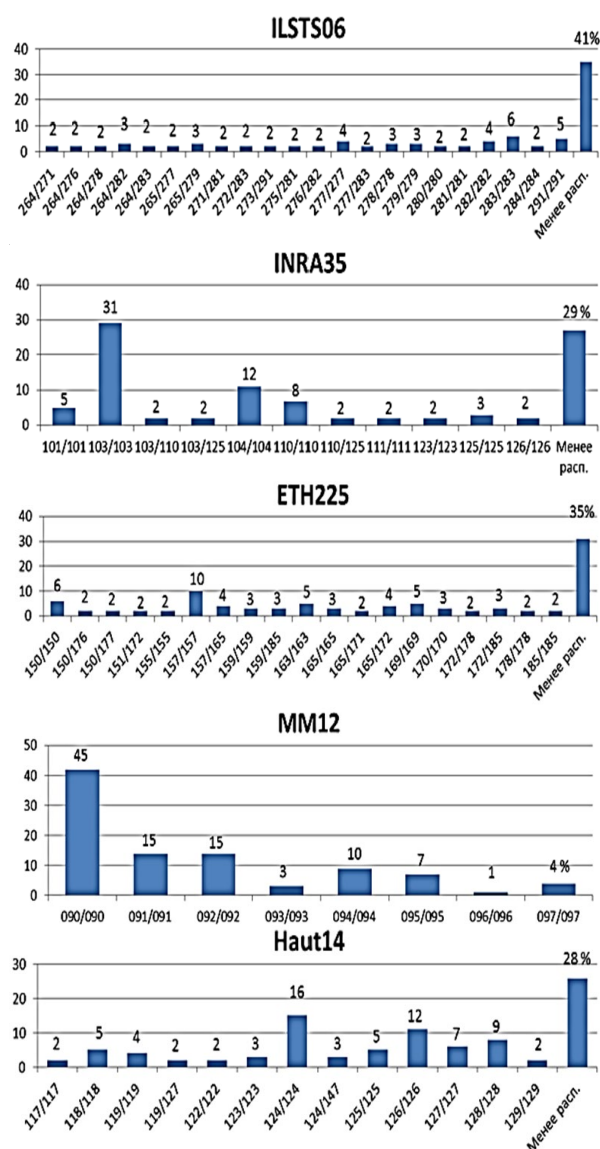


Рис. 1. Процентное соотношение генотипов микросателлитных локусов у маралов.

По локусу INRA35 наблюдаемая гетерозиготность у маралов шебалинской популяции составила 0,24, ожидаемая – 0,83.

При оценке частоты встречаемости аллелей по локусу MM12 в шебалинской популяции маралов гетерозиготных особей обнаружено не было.

Ожидаемая гетерозиготность при этом составила 0,74.

В своих исследованиях мы провели анализ генотипов изучаемых локусов шебалинской популяции маралов (рис. 1). В ходе анализа было установлено процентное соотношение генотипов в популяции.

По локусу ILSTS06 у маралов обнаружено 57 генотипов. Часто встречающимися генотипами являются 283/283 и 291/291 с частотой встречаемости 6 % и 5 % соответственно.

При оценке генотипов по локусу ETH225 у маралов шебалинской популяции обнаружено 50 различных генотипов. К наиболее часто встречающимся можно отнести два генотипа – 157/157 (10 %) и 150/150 (6 %).

По локусу Haut14 выявлено 39 генотипов. Наиболее распространенными генотипами в изучаемой популяции были 124/124 и 126/126. На их долю приходится 16 % и 12 % соответственно.

В шебалинской популяции маралов обнаружено 38 генотипов по локусу INRA35. Генотипы 103/103 и 104/104 встречали. наиболее часто, 31 % и 12 % соответственно.

По локусу MM12 обнаружено 8 генотипов. Наибольшее распространение получил генотип 090/090 (45 %).

Следует отметить, что по локусам ILSTS06, ETH225, Haut14 и INRA35 было установлено большое количество редких генотипов с частотой встречаемости 0,010, что в процентном соотношении составляет соответственно 41 %, 35 %, 28 % и 29 %.

Обсуждение

Выявлены особенности полиморфизма 5 локусов микросателлитов маралов шебалинской популяции. Дана оценка разнообразия аллелей и частот генотипов маралов.

Ранее нами были проведены исследования по изучению полиморфизма данных микросателлитных маркеров (ILSTS06, ETH225, Haut14, INRA35, MM12) в новоталицкой популяции маралов [22]. Результаты проведенных генетических исследований маралов Республики Алтай (шебалинская популяция) и Алтайского края (новоталицкая популяция) свидетельствуют о широком полиморфизме микросателлитов, что говорит об уникальности и своеобразии местных популяций.

В новоталицкой и шебалинской популяциях изученные микросателлиты имеют различное максимальное число аллелей, были найдены уникальные аллели, присущие только для одной популяции. Также установлены наиболее распространенные генотипы, высокая частота встречаемости которых позволяет назвать их свойственными для новоталицкой и шебалинской популяций.

Полученные данные могут быть использованы в селекционно-племенной работе в мараловодческих хозяйствах для генетического мониторинга селекционных процессов, поддержания уровня

гетерозиготности и анализа генетической структуры стад.

Заключение

Молекулярно-генетическими исследованиями определено, что у анализируемых микросателлитов максимальное число аллелей различно. В шебалинской популяции среднее число аллелей составляет 21,8. Данный показатель варьирует от 8 (MM12) до 27 (ILSTS06, ETH225). При изучении 5 локусов найдено 109 аллелей. Аллель 103 п.н. локуса INRA35 и 090 п.н. локуса MM12 более распространены. Обнаружено, что аллели 120 п.н., 148 п.н. локуса Haut14, 266 п.н., 268 п.н., 270 п.н., 286 п.н. локуса ILSTS06, 154 п.н., 166 п.н., 180 п.н. локуса ETH225,

100 п.н., 119 п.н., 162 п.н. локуса INRA35 редкие для маралов шебалинской популяции.

Часто встречающимися генотипами маралов шебалинской популяции оказались 103/103 локуса INRA35 и 090/090 локуса MM12, что позволяет их отнести к генотипам, свойственным этой популяции. Редких генотипов по микросателлитам (частота встречаемости 0,010) в популяции выявлено 120.

При изучении генетической структуры маралов было обнаружено, что уровень генетического разнообразия, измеряемый через гетерозиготность микросателлитных локусов, варьирует от 0,00 до 0,56, в зависимости от конкретного локуса.

Литература

1. Племяшов К. В., Смарагдов М. Г., Романов М. Н. Молекулярно-генетический полиморфизм в популяциях животных и его применение в интенсивной селекции молочного скота: обзор // Материалы 3-й международной научно-практической конференции «Молекулярно-генетические технологии анализа экспрессии генов продуктивности и устойчивости к заболеваниям животных». Москва, 2021. С. 368-378.
2. Яковлев А. Ф. Геномная селекция и прогнозирование качества животных // Вестник Российской академии наук. 2018. Т. 88. № 10. С. 946-950.
3. Гриненко Г. Н. Генетика популяций. Закон Харди-Вайнберга // Методист. 2018. № 8. С. 43-45.
4. Haplotype structure and copy number polymorphism of the beta-defensin 7 genes in diverse chicken breeds / M. O. Lee, M. N. Romanov et al. // Anim Genet. 2017. P. 490–492.
5. Frankham R., Ballou I. D., Briscoe D. A. Introduction to conservation genetics. Cambridge : Cambridge University Press. 2003. 607 p.
6. Исследование пород северного оленя Якутии по микросателлитам / А. Д. Соловьева, В. Р. Харзинова, А. В. Доцев и др. // Сборник научных трудов Краснодарского научного центра по зоотехнии и ветеринарии. 2022. Т. 11. № 1. С. 29-32.
7. Генетические маркеры качества мяса у крупного рогатого скота / А. Ф. Шевхужев, А. Ю. Криворучко, Л. Н. Скорых и др. // Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета им. П.А. Костычева. 2022. Т. 14. № 4. С. 97-105. doi: 10.36508/RSATU.2022.24.19.014.
8. Глазко В. И. Проблемы «селекции с помощью маркеров» (MAS) // Farm Animals. 2013. № 2 (3). С. 16-22.
9. Фоминова И. О. Исследование полиморфизма гена кальпастатина у мясошерстных овец // Вестник Ошского государственного университета. 2021. № 1-2. С. 476-482.
10. Денискова Т. Е., Гладырь Е. А., Зиновьева Н. А. Характеристика некоторых российских пород овец по микросателлитным маркерам // Актуальные проблемы гуманитарных и естественных наук. 2016. № 9-1. С. 24-29.
11. Полиморфизм микросателлитных локусов крупного рогатого скота герфордской породы различных эколого-генетических генераций / Т. А. Седых, Е. А. Гладырь, И. Ю. Долматова и др. // Вестник АПК Ставрополя. 2014. № 3 (15). С. 121-128.
12. Часовщикова М. А. Генетическая характеристика голштинской породы крупного рогатого скота с использованием микросателлитных ДНК-маркеров // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2019. № 2 (76). С. 191-193.
13. Калашников А. Е., Гостева Е. Р. Разработка и использование геномных технологий для генетической экспертизы и племенной оценки молочного и мясного скота, разведения и совершенствования пород мясного и молочного направления продуктивности // Сборник докладов 3-й Всероссийской научно-практической интернет-конференции молодых ученых и специалистов с международным участием: «Экология, ресурсосбережение и адаптивная селекция». 2019. С. 256-259.
14. Николаев С. В. Полиморфизм ДНК-микросателлит айрширского скота Республики Коми и Кировской области // Аграрный журнал. 2021. № 9. С. 67-70. doi: 10.28983/asj.y2021i9pp67-70.
15. Шукюрова Е. Б., Лукашина А. А., Бузько А. Н. Генетическая характеристика голштинского крупного рогатого скота по ДНК-микросателлитам // Вестник Дальневосточного отделения Российской академии наук. 2020. № 4 (212). С. 47-52. doi: 10.37102/08697698.2020.212.4.008.
16. Вдовина Н. В., Юрьева И. Б. Мониторинг генетической структуры мезенской породы лошадей по микросателлитам ДНК // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2021. Т. 25. № 2. С. 202-207. doi:10.18699/VJ21.024.
17. Machugh D. E., Loftus R. T., Bradley D. G. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers // Animal Genetics. 1998. Vol. 29. P.333-340.

18. Казанцев Д. А., Карчашкина Н.С. Пантовая продуктивность маралов алтае-саянской породы // Сборник тезисов участников форума «Наука будущего – наука молодых». 2017. Т. 1. С. 19-21.
19. 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.
20. Genetic diversity, gene flow and drift in Bavarian red deer populations (*Cervus elaphus*) / R. Kuehn, W. Schroeder, F. Pirchner et al. // *Conservation Genetics*. 2003. Vol. 4. No. 2. P. 157-166.
21. Особенности SSR-полиморфизма лошадей / Н. А. Глинская, Е. И. Приловская, Д. А. Каспирович и др. // Вестник Полес. госуд. ун-та. Сер. природовед. наук. 2017. № 1. С. 8-13.
22. Лубенникова М. В., Афанасьев К. А., Афанасьев В. А. Полиморфизм микросателлитных маркеров в новоталицкой популяции маралов // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. 2023. № 1 (61). С. 128-134.

References

1. Pemyashov K. V., Smaragdov M. G., Romanov M. N. Molecular genetic polymorphism in animal populations and its application in intensive breeding of dairy cattle: review // Materials of the 3rd international scientific and practical conference “Molecular- genetic technologies for analyzing the expression of genes for productivity and resistance to animal diseases.” Moscow, 2021. P.368-378.
2. Yakovlev A. F. Genomic selection and forecast of the quality of animals // Bulletin of the Russian Academy of Sciences. 2018. Vol. 88. No. 10. P. 946-950.
3. Grinenko G. N. Population genetics. Hardy-Weinberg Law // *Methodist*. 2018. No. 8. P. 43-45.
4. Haplotype structure and copy number polymorphism of the beta-defensin 7 genes in diverse chicken breeds / M. O. Lee, M. N. Romanov et al. // *Anim Genet*. 2017. P. 490–492.
5. Frankham R., Ballou I. D., Briscoe D. A. Introduction to conservation genetics. Cambridge: Cambridge University Press. 2003. 607 p.
6. Study of reindeer breeds of Yakutia by microsatellites / A. D. Solovyova, V. R. Kharzinova, A. V. Dotsev, et al. // Collection of scientific papers of Krasnodar Scientific Center ofr Animal Science and Veterinary Medicine. 2022. Vol. 11. No. 1. P. 29-32.
7. Genetic markers of meat quality of cattle / A. F. Shevkhuzhev, A. Yu. Krivoruchko, L. N. Skorykh and others // Bulletin of Ryazan State Agrotechnological University named after. P. A. Kostychev. 2022. Vol. 14. No. 4. P. 97-105. doi: 10.36508/RSATU.2022.24.19.014.
8. Glazko V.I. Problems of “marker-assisted selection” (MAS) // *Farm Animals*. 2013. No. 2 (3). P.16-22.
9. Fominova I. O. Study of calpastatin gene polymorphism of meat-wool sheep // Bulletin of Osh State University. 2021. No.1-2. P.476-482.
10. Deniskova T. E., Gladyr E. A., Zinovyeva N. A. Characteristics of some Russian sheep breeds using microsatellite markers // Current problems of the humanities and natural sciences. 2016. No. 9-1. P.24-29.
11. Polymorphism of microsatellite loci of Hereford cattle of various ecological and genetic generations / T. A. Sedykh, E. A. Gladyr, I. Yu. Dolmatova, et al. // Bulletin of the AIC of Stavropol. 2014. No. 3 (15). P.121-128.
12. Chasovshchikova M. A. Genetic characteristics of Holstein cattle breed using microsatellite DNA markers // *Izvestiya of Orenburg State Agrarian University*. 2019. No. 2 (76). P.191-193.
13. Kalashnikov A. E., Gosteva E. R. Elaboration and usage of genomic technologies for genetic examination and breeding assessment of dairy and beef cattle, breeding and improvement of breeds for meat and dairy productivity // Collection of reports of the 3rd All-Russian Scientific and Practical Internet -conference of young scientists and specialists with international participation: “Ecology, resource conservation and adaptive selection.” 2019. P.256-259.
14. Nikolaev S. V. DNA microsatellite polymorphism of Ayrshire cattle of the Komi Republic and Kirov region // *Agrarian Journal*. 2021. No. 9. P. 67-70. doi: 10.28983/asj.y2021i9pp67-70.
15. Shukyurova E. B., Lukashina A. A., Buzko A. N. Genetic characteristics of Holstein cattle by DNA microsatellites // Bulletin of the Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences. 2020. No. 4. (212). P.47-52. doi: 10.37102/0869769 8.2020.212.4.008.
16. Vdovina N. V. ,Yuryeva I. B. Monitoring of the genetic structure of Mezen breed of horses using DNA microsatellites // *Vavilov Journal of Genetics and Selection*. 2021. Vol. 25. No. 2. P. 202-207. doi:10.18699/VJ21.024.
17. Machugh D. E., Loftus R. T., Bradley D. G. Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers // *Animal Genetics*. 1998. Vol.29. P.333-340.
18. Kazantsev D. A., Karchashkina N. S. Antler productivity of red deer of Altai-Sayan breed // Collection of abstracts of participants of the forum “Science of the Future. Science of the Young”. 2017. Vol. 1. P.19-21.
19. Slate J., Coltman D. W. Bovine microsatellite loci are highly conserved in red deer (*Cervus elaphus*), sika deer (*Cervus nippon*) and Soay sheep (*Ovis aries*) // *Animal Genetics*. 1998. Vol. 29. P. 307-315.
20. Genetic diversity, gene flow and drift in Bavarian red deer populations (*Cervus elaphus*) / R. Kuehn, W. Schroeder, F. Pirchner et al. // *Conservation Genetics*. 2003. Vol. 4. No. 2.P. 157-166.

21. Features of SSR polymorphism of horses / N. A. Glinskaya, E. I. Prilovskaya, D.A. Kaspirovich et alt. // Vestnik PSU. Ser. Natural Sciences. 2017. No. 1. P.8-13.

22. Lubennikova M. V., Afanasyev K. A., Afanasyev V. A. Polymorphism of microsatellite markers in Novotalitskaya population of red deer. // Vestnik of the Ulyanovsk State Agricultural Academy. 2023. No 1 (61). P.128-134.