

4. Kopylov, K. V. 2010. Stan ta perspektyvy vykorystannya henotypnoho markuvannya v selektsiyi tvaryn -Status andprospects ofgeneticmarkingin breedinganimals, *Visnyk Ukrayins'koho tovarystva henetykiv i selektsioneriv – Bulletin of the Ukrainian Society of Geneticists and Breeders*. 8 (2): 223–228 (in Ukrainian).

5. Fontanessi, L., M. Tazzoli, E. Scotti, and V. Russo. 2008. Analysis of candidate genes for meat production traits in domestic rabbit breeds. *9th World Rabbit congress, Verona, Italy*. 79–83.

6. Argente, M. J., M. K. Merchan, M. D. Peiro, M. L. Garcia, M. A. Santacreu, J. M. Folch, and A. F. Blasco. 2010. Candidate gene analysis for reproductive traits in two lines of rabbits divergently selected for uterine capacity. *Journal of Animal Science*. 88: 828–836.

7. Kruskal, W. H., and W. A. Wallis. 1952. Use of ranks in one-criterion variance analysis. *Journal of the American Statistical Association*. 260: 583–621.

8. Henderson, C. R.. 1953. Estimates of variance and co variance components. *Biometrics*. 9: 226–229.

9. Grimal, A. P., H. M. Safa, M. D. Saenz-de-Juano, M. P. Viudes-de-Castro, G. M. Mehaisen, D. A. Elsayed, R. K. Lavara, F. T. Marco-Jimenez, and J. S. Vicente. 2000. Phylogenetic relationship among four egyptian and one spanish rabbit populations based on microsatellite markers. *In Proc. 10th World Rabbit Congress, Sharm El- Sheikh, Egypt*. 177–181.



УДК 636.2.082:575.113.

ПОЛІМОРФІЗМ МІКРОСАТЕЛІТНИХ ЛОКУСІВ ДНК У РІЗНИХ ВИДІВ СІЛЬСЬКОГОСПОДАРСЬКИХ ТВАРИН

А. В. ШЕЛЬОВ

Інститут розведення і генетики тварин імені М.В.Зубця НААН (Чубинське, Україна)
shelyov@gmail.com

Проведені дослідження генетичної структури трьох порід коней та двох порід великої рогатої худоби за мікросателітними локусами ДНК. Отримані результати вказують на те, що розподіл алельних варіантів генів та основні показники генетичної мінливості визначаються особливостями формування генофонду кожної породи відповідно до напрямку продуктивності та історії створення. Розподіл алельних варіантів та генотипів тварин за дослідженими молекулярно-генетичними маркерами можна розглядати як додаткові характеристики порід.

Ключові слова: коні, велика рогата худоба, мікросателітні локуси, ДНК, мінливість

POLYMORPHISM OF MICROSATELLITE DNA LOCI IN DIFFERENT SPECIES OF FARM ANIMALS

A. V. Shelyov

Institute of Animal Breeding and Genetics nd. a. M.V.Zubets of NAAS (Chubynske, Ukraine)
shelyov@gmail.com

The study of the genetic structure of three breeds of horses and two cattle by DNA microsatellite loci. The results obtained indicate that the distribution of alleles of the gene pool and parameters of genetic variation is determined by the peculiarities of formation of each breed according to the direction of productivity and creation stories. The distribution of genotypes and allelic variants of the animals studied by molecular genetic markers can be seen as additional characteristics of breeds.

Key words: horses , cattle , microsatellite loci, DNA, variation

© А. В. Шельов, 2015

ПОЛИМОРФИЗМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ ДНК У РАЗНЫХ ВИДОВ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ЖИВОТНЫХ

А. В. Шелёв

Институт разведения и генетики животных им. М.В.Зубца НААН (Чубинское, Украина)

shelyov@gmail.com

Проведены исследования генетической структуры трёх пород лошадей и двух крупного рогатого скота по микросателлитным локусам ДНК. Полученные результаты указывают на то, что распределение аллельных вариантов генов и основных характеристик генетической изменчивости определяется особенностями формирования генофонда каждой породы соответственно направлению продуктивности и истории создания. Распределение аллельных вариантов и генотипов животных в исследованных молекулярно-генетических маркерах можно рассматривать как дополнительные характеристики пород.

Ключевые слова: лошади, крупный рогатый скот, микросателлитные локусы, ДНК, изменчивость

Вступ. Застосування ДНК-маркерів дозволяє оцінювати генетичний поліморфізм безпосередньо на рівні генів. За використання ДНК-маркерів можливе тестування будь-яких ділянок геному – існують маркери для екзонних та інтронних послідовностей, міжгенних та регуляторних ділянок.

Використання ДНК-маркерів в генетичних дослідженнях дозволило вирішити проблему недостатньої інформативності попередніх тест-систем, через відносно низький рівень білкового поліморфізму у висококультурних та високопродуктивних порід тварин [1, 2]. ДНК-маркери є високополіморфними, до того ж, кількість відомих маркерів є надзвичайно високою, і кожного дня вчені відкривають все нові.

Останнім часом в дослідженнях мінливості геному сільськогосподарських тварин значний інтерес викликають високополіморфні ділянки ДНК, що представлені нуклеотидними тандемними повторами (з одиницею повтору 2–4 нуклеотиди), так звані микросателітні (STR) послідовності, дисперговані по геному еукаріот у складі гетерохроматину. Функція микросателітів до теперішнього часу залишається невстановленою. Проте відомо, що прості нуклеотидні повтори не несуть інформації щодо структури білків, але беруть участь в компактизації хромосом і є «гарячими точками» кросинговеру та мутаційних подій. Це і визначає високий рівень їхнього поліморфізму.

Існує декілька молекулярно-генетичних методів дослідження микросателітів, які, здебільшого, ґрунтуються на їх мультикопійному синтезі в полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР). Генотипування тварин за микросателітними локусами використовується для аналізу генотипу та контролю достовірності походження [3]. При цьому обов'язковим є знання первинної послідовності обраного микросателіта для підбору специфічних праймерів і використання сучасних сиквенаторів, що дозволяють визначати розмір ампліфікованих фрагментів з точністю до 2 пар нуклеотидів.

Основними напрямками використання даних типування за поліморфними ДНК-маркерами можна вважати контроль достовірності походження племінних тварин, картування геному, вивчення зчепленого успадкування маркерних генів з генами, що визначають господарсько-цінні якості тварин, характеристика та паспортизація порід та внутрішньопорідних груп коней, виявлення носіїв спадкових хвороб та аномалій [4].

У всьому світі проводяться роботи, присвячені генетичній характеристиці за микросателітами різних порід сільськогосподарських тварин, найбільше уваги при цьому приділяють місцевим та давнім культурним породам [5, 6].

Матеріали та методи досліджень. Дослідження проводились на базі відділу генетики Інституту розведення і генетики тварин імені М.В.Зубца НААН та ВМДД УЛЯБП АПК НУБіП України. З метою дослідження особливостей генетичної структури трьох порід коней,

а саме гуцульської (n – 78), української верхової (n – 153), чистокровної верхової (n – 51) та двох порід великої рогатої худоби, а саме української чорно-рябої молочної (n – 45 гол.) та української червоно-рябої молочної (n – 45 гол.) за поліморфізмом мікросателітних локусів ДНК.

Тотальну ДНК виділяли зі зразків цільної крові, одержаних в результаті пункції яремної вени тварин за стандартною методикою з використанням набору «ДНК–сорб» («АмпліСенс», Росія) згідно з інструкцією виробника.

Генетичний аналіз проводили за 10 мікросателітними локусами ДНК, що входять до переліку рекомендованих ISAG для індивідуальної ідентифікації та підтвердження походження. Для коней було використано такі мікросателітні локуси: HTG04, HMS06, HTG06, АНТ04, ASB23, ASB17, СА425, HTG07, HMS03, VHL20, HMS07, а для великої рогатої худоби – TGLA126, TGLA122, INRA023, ETH3, ETH225, BM1824, TGLA227, BM2113, ETH10, SPS115.

Полімеразну ланцюгову реакцію проводили за стандартних умов на ампліфікаторі Veriti 96-Well («Applied Biosystems», США) [1, 2]. Продукти ампліфікації денатурували формамідом («Sigma», США) і розділяли шляхом капілярного електрофорезу на генетичному аналізаторі ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer («Applied Biosystems», США) згідно протоколу виробника. Розмір алелів визначали з використанням розмірного стандарту Genescan-LIZ 500 («Applied Biosystems», США), програмного забезпечення «Gene Mapper 3.7» («Applied Biosystem», США) та внутрішнього контрольного зразка.

Частоти алелів, кількість алелів на локус (Na), кількість ефективно діючих алелів (Ne), фактичну (No) та теоретично очікувану (He) гетерозиготність, індекс поліморфізму (PIC), індекс фіксації (F) та вірогідність виключення випадкового збігу алелів (PE) визначали з використанням методів математичної статистики, а також за допомогою стандартних комп'ютерних програм Cervus 3.0.3, «GenAlex6» [2], «Statistica», «PowerStats», GELSTAT, TREES, «Gene Mapper 3.7».

Результати досліджень. Метою нашої роботи була оцінка поліморфізму основних видів сільськогосподарських тварин на прикладі кількох порід коней та великої рогатої худоби за ДНК-локусами, що входять до переліку рекомендованих ISAG в якості міжнародної універсальної панелі мікросателітних маркерів. Для вирішення даної проблеми нами було відібрано зразки цільної крові, виділено ДНК, проведено ПЛР та здійснено фрагментний аналіз.

В результаті молекулярно-генетичного дослідження генетичної структури української популяції коней (78 голів) гуцульської породи нами було виявлено, що кількість виявлених алельних варіантів для даної породи в середньому по популяції становила 10,9 і коливалась від 7-ми за локусом СА425 до 13-ти – за ASB17. При цьому середня кількість ефективних алелів становила 5,179 і коливалась в межах від 3,636 (СА425) до 7,194 (ASB23). Свідченням середнього рівня гетерогенності дослідженої популяції є виявлений рівень фактичної гетерозиготності (No), який в середньому становив 0,775 і знаходився в межах від 0,577 (HMS07) до 0,910 (АНТ04). При цьому очікувана гетерозиготність (He) в середньому становила 0,808 – від 0,725 (СА425) до 0,861 (ASB23). Нижчий рівень фактичної гетерозиготності порівняно з очікуваною може свідчити про те, що дана популяція виявляє тенденцію до консолідації. Індекс поліморфізму зазначених мікросателітних локусів (PIC) в середньому становив 0,779 і коливався від 0,688 (СА425) до 0,841 (ASB23), тоді як вірогідність виключення випадкового збігу алелів (PE) в середньому становила 0,563 і коливалась в межах від 0,264 (HMS07) до 0,816 (АНТ04). Комбінована вірогідність виключення випадкового збігу алелів (CPE) становила 0,999954, або 99,99 %, що свідчить про високий рівень достовірності одержаних результатів (табл. 1).

В результаті дослідження 153 голів коней, які належать до вітчизняної популяції української верхової породи було встановлено, що кількість виявлених алельних варіантів для даної породи в середньому по популяції становила 14,3 і коливалась від 11-ти за локусом

1. Показники генетичної мінливості гуцульської породи коней

Локус	Na	Ne	Ho	He	PIС	PE
HTG04	10	4,878	0,808	0,797	0,769	0,613
HMS06	9	5,051	0,808	0,811	0,779	0,603
HTG06	11	4,902	0,692	0,796	0,767	0,416
АНТ04	11	6,897	0,910	0,855	0,833	0,816
ASB23	11	7,194	0,859	0,861	0,841	0,712
ASB17	13	6,667	0,885	0,850	0,828	0,764
СА425	7	3,636	0,756	0,725	0,688	0,520
HTG07	8	4,255	0,679	0,765	0,725	0,397
HMS03	10	5,291	0,718	0,811	0,781	0,428
VHL20	11	6,250	0,833	0,840	0,818	0,662
HMS07	9	4,464	0,577	0,776	0,739	0,264
Середнє	10,0	5,179	0,775	0,808	0,779	0,563
CPE						0,999954

HTG07 до 16-ти – за ASB17, СА425 та HMS03. При цьому середня кількість ефективних алелів становила 7,793 і коливалась в межах від 5,319 (СА425) до 10,309 (ASB17). Свідченням середнього рівня гетерогенності дослідженої популяції є виявлений рівень фактичної гетерозиготності (Ho), який в середньому становив 0,811 і знаходився в межах від 0,691 (СА425) до 0,914 (VHL20). При цьому очікувана гетерозиготність (He) в середньому становила 0,867 – від 0,812 (СА425) до 0,903 (ASB17). Нижчий рівень фактичної гетерозиготності порівняно з очікуваною може свідчити, що дана популяція виявляє тенденцію до консолідації. Індекс поліморфізму досліджених мікросателітних локусів (PIС) в середньому становив 0,852 і коливався від 0,792 (СА425) до 0,893 (ASB17), тоді як вірогідність виключення випадкового збігу алелів (PE) в середньому становила 0,549 і коливалась в межах від 0,034 (HMS03) до 0,825 (VHL20). Комбінована вірогідність виключення випадкового збігу алелів (CPE) становила 0,999957, або 99,99 %, що свідчить про високий рівень достовірності одержаних результатів (табл. 2).

В результаті дослідження 51 голови коней, що належать до української популяції чистокровної верхової породи, було визначено, що кількість виявлених алельних варіантів для даної породи в середньому по популяції становила 8 і коливалась від 5-ти за локусом HTG04 до 13-ти – за ASB23.

2. Показники генетичної мінливості української верхової породи коней

Локус	Na	Ne	Ho	He	PIС	PE
HTG04	13	8,547	0,783	0,883	0,869	0,568
HMS06	12	6,944	0,796	0,856	0,838	0,592
HTG06	15	8,065	0,855	0,876	0,862	0,705
АНТ04	15	8,403	0,789	0,881	0,867	0,322
ASB23	14	8,547	0,816	0,883	0,869	0,599
ASB17	16	10,309	0,901	0,903	0,893	0,798
СА425	16	5,319	0,691	0,812	0,792	0,414
HTG07	11	5,814	0,724	0,828	0,807	0,466
HMS03	16	8,621	0,796	0,884	0,870	0,034
VHL20	15	7,519	0,914	0,867	0,851	0,825
HMS07	14	7,634	0,862	0,869	0,852	0,718
Середнє	14,3	7,793	0,811	0,867	0,852	0,549
CPE						0,999957

При цьому середня кількість ефективних алелів становила 3,963 і коливалась в межах від 1,917 (СА425) до 6,652 (АНТ04). Свідченням середнього рівня гетерогенності дослідженої популяції є виявлений рівень фактичної гетерозиготності (Ho), який в середньому становив

0,652 і знаходився в межах від 0,314 (CA425) до 0,824 (ASB23). При цьому очікувана гетерозиготність (He) в середньому становила 0,714 – від 0,483 (CA425) до 0,858 (АНТ04). Нижчий рівень фактичної гетерозиготності порівняно з очікуваною може свідчити, що дана популяція виявляє тенденцію до консолідації. Індекс поліморфізму зазначених мікросателітних локусів (PIC) в середньому становив 0,671 і коливався від 0,442 (CA425) до 0,832 (АНТ04), тоді як вірогідність виключення випадкового збігу алелів (PE) в середньому становила 0,381 і коливалась в межах від 0,069 (CA425) до 0,643 (ASB23). Комбінована вірогідність виключення випадкового збігу алелів (CPE) становила 0,99646, або 99,65 % (табл. 3).

3. Показники генетичної мінливості чистокровної верхової породи коней

Локус	Na	Ne	Ho	He	PIC	PE
HTG04	5	3,002	0,588	0,673	0,606	0,227
HMS06	7	2,591	0,647	0,620	0,578	0,351
HTG06	7	2,230	0,608	0,557	0,475	0,300
АНТ04	9	6,652	0,765	0,858	0,832	0,535
ASB23	13	5,979	0,824	0,841	0,813	0,643
ASB17	8	5,002	0,706	0,808	0,775	0,437
CA425	7	1,917	0,314	0,483	0,442	0,069
HTG07	7	3,548	0,647	0,725	0,678	0,351
HMS03	10	3,365	0,588	0,710	0,682	0,277
VHL20	7	4,048	0,725	0,760	0,720	0,469
HMS07	8	5,255	0,765	0,818	0,784	0,535
Середнє	8	3,963	0,652	0,714	0,671	0,381
					CPE	0,99646

Проведений нами детальний аналіз одержаних даних свідчить про наявність значних відмінностей між дослідженими популяціями, що, на нашу думку, є наслідком різних підходів, що використовувались при створенні досліджуваних порід коней та в процесі селекційної роботи з ними.

При дослідженні генетичної структури популяцій української чорно-рябої молочної та української червоно-рябої молочної порід за мікросателітними локусами ДНК було встановлено, що кількість виявлених алельних варіантів для української чорно-рябої молочної породи коливалась від 6-ти – для маркера TGLA126 до 14-ти – для TGLA227, і становила в середньому 9,2 алелі на локус. При цьому середня кількість ефективних алелів становила 6,023 і коливалась в межах від 3,216 (TGLA126) до 9,732 (TGLA227). Рівень фактичної гетерозиготності (Ho) в середньому становив 0,821 і знаходився в межах від 0,628 (TGLA126) до 0,930 (TGLA227), при цьому очікувана гетерозиготність (He) в середньому становила 0,819 – від 0,689 (TGLA126) до 0,897 (TGLA227). Вищий рівень фактичної гетерозиготності, ніж очікуваної в середньому по вибірці, є свідченням того, що популяція виявляє тенденцію до збільшення гетерогенності. Індекс поліморфізму досліджених маркерів (PIC) в середньому становив 0,796 і коливався від 0,641 (TGLA126) до 0,889 (TGLA 227), тоді як вірогідність виключення випадкового збігу алелів (PE) в середньому становила 0,644 і коливалась в межах від 0,326 (TGLA126) до 0,857 (TGLA 227). Комбінована вірогідність виключення випадкового збігу алелів (CPE) становила 0,999987, або 99,99 %, що є свідченням високого рівня достовірності одержаних даних (табл. 4).

В результаті молекулярно-генетичного дослідження структури популяції української червоно-рябої молочної породи нами було встановлено наступний розподіл частот алелів і їхній розмір. Кількість виявлених алельних варіантів для цієї породи коливалась від 7-ти – для маркера ETH3 та ETH10 до 13-ти – для TGLA227, і становила в середньому 9,5 алеля на локус. При цьому середня кількість ефективних алелів становила 6,757 і коливалась в межах від 4,465 (ETH3) до 8,617 (BM2113). Рівень фактичної гетерозиготності (Ho) в середньому становив 0,784 і знаходився в межах від 0,667 (TGLA126) до 0,867 (BM2113), при цьому

**4. Показники генетичної мінливості української чорно-рябої
молочної породи великої рогатої худоби**

Локус	Na	Ne	Ho	He	PIС	PE
TGLA126	6	3,216	0,628	0,689	0,641	0,326
TGLA122	11	6,247	0,744	0,840	0,822	0,500
INRA23	12	8,640	0,884	0,884	0,873	0,762
ETH3	7	4,594	0,860	0,782	0,752	0,716
ETH225	8	5,194	0,907	0,807	0,784	0,810
BM1824	11	6,153	0,814	0,837	0,819	0,625
TGLA227	14	9,732	0,930	0,897	0,889	0,857
BM2113	9	6,174	0,767	0,838	0,818	0,540
ETH10	7	5,031	0,814	0,801	0,778	0,625
SPS115	7	5,245	0,860	0,809	0,785	0,679
Середнє	9,2	6,023	0,821	0,819	0,796	0,644
CPE						0,999987

очікувана гетерозиготність (He) в середньому становила 0,844 – від 0,776 (ETH3) до 0,884 (BM2113). Нижчий рівень фактичної гетерозиготності, ніж очікуваної в середньому по вибірці, є свідченням того, що ця популяція виявляє тенденцію до консолідації. За популяційно-генетичною характеристикою досліджена популяція є незбалансованою, адже за переважною більшістю досліджених мікросателітних локусів спостерігається дефіцит гетерозигот, при цьому за локусом ETH3 спостерігається дефіцит гомозигот. Індекс поліморфізму досліджених маркерів (PIС) в середньому становив 0,825 і коливався від 0,746 (TGLA126 та ETH3) до 0,873 (BM2113), тоді як вірогідність виключення випадкового збігу алелів (PE) в середньому по популяції становила 0,569 і коливалась в межах від 0,379 (TGLA126) до 0,728 (BM2113). Комбінована вірогідність виключення випадкового збігу алелів (CPE) становила 0,9998 або 99,98 %, що є свідченням високого рівня достовірності одержаних даних (табл. 5).

Таким чином, одержані дані свідчать про високу подібність генетичної структури досліджених порід великої рогатої худоби, причому популяція української червоно-рябої породи характеризується дещо вищим рівнем генетичного поліморфізму за мікросателітними ДНК-локусами, про що свідчать наведені значення показників генетичної мінливості.

**5. Показники генетичної мінливості української червоно-рябої
молочної породи великої рогатої худоби**

Локус	Na	Ne	Ho	He	PIС	PE
TGLA126	8	4,49	0,667	0,777	0,746	0,379
TGLA122	11	6,947	0,756	0,856	0,840	0,519
INRA23	11	8,149	0,733	0,877	0,866	0,482
ETH3	7	4,465	0,844	0,776	0,746	0,684
ETH225	8	7,232	0,778	0,862	0,846	0,558
BM1824	10	7,514	0,800	0,867	0,853	0,599
TGLA227	13	8,438	0,778	0,881	0,870	0,558
BM2113	11	8,617	0,867	0,884	0,873	0,728
ETH10	7	5,938	0,822	0,832	0,809	0,641
SPS115	9	5,777	0,800	0,827	0,804	0,547
Середнє	9,5	6,757	0,784	0,844	0,825	0,569
CPE						0,9998

Висновки. Таким чином, отримані результати щодо поліморфізму мікросателітних локусів ДНК вказують на те, що за розподілом алельних варіантів генів та генотипів досліджені породи коней істотно відрізняються одна від одної, в той час коли породи великої рогатої худоби вітчизняної селекції є подібними за генетичною структурою, що безумовно є наслідком різних підходів, що використовувались при створенні досліджуваних порід коней та великої рогатої худоби в процесі селекційної роботи з ними. Розподіл алельних частот

генотипів, їхнього успадкування визначається особливостями селекційної роботи, яка проводиться з кожною породою окремо, відповідно до її належності до визначеного напрямку продуктивності. Розподіл алельних варіантів та генотипів тварин за дослідженими молекулярно-генетичними маркерами можна розглядати як додаткові характеристики порід. Отримана інформація при відповідній її оцінці разом з класичними методами селекційно-плеїної роботи дає можливість здійснення контролю достовірності походження безпосередньо за ДНК-маркерами, а також створення популяцій тварин шляхом цілеспрямо-ваного генетичного добору і підбору батьківських пар із відповідним генетичним кодом.

БІБЛІОГРАФІЯ

1. Зайцева, М. А. Породоспецифические особенности аллелофонда микросателлитов ДНК лошадей заводских и местных пород : дисс ... канд. с.-х. наук / М. А. Зайцева. – Дивово, 2010. – 140 с.
2. Храброва, Л. А. Перспективы использования генетических исследований в коневодстве / Л. А. Храброва // Научно-технический прогресс в коневодстве: сб. науч. тр. / ВНИИ коневодства. – Рязань, 2010. – Т. 52. – С. 127–132.
3. Genetic characterization of the Indian cattle breeds, Ongole and Deoni (*Bos indicus*), using microsatellite markers – a preliminary study / М. Metta [et al.] // *Genetics*. – 2004. – Vol. 5. – P. 16–23
4. Зайцев, А. М. Оптимизация выделения и преамплификационной подготовки ДНК лошадей для проведения молекулярно-генетических исследований / А. М. Зайцев // Проблемы развития коневодства и конного спорта в России: материалы междунар. науч.-практ. конференции. – Новосибирск, 2003. – С. 54–56.
5. Genetic relationships of five Indian horse breeds using microsatellite markers / R. Behla [et al.] // *Animal* – 2007. – Vol. 1. – № 4. – P. 483–488.
6. Georgescu, S. E. The genetic structure of indigenous Romanian Hucul horse breed inferred from microsatellite data / S. E. Georgescu, M. A. Mfnea, M. Costache // *Roumanian Biotechnological Letters*. – 2008. – Vol. 13. – № 6. – P. 4030–4036.

PEFERENCES

1. Zaytseva, M. A. 2010. *Porodospetsificheskie osobennosti allelofonda mikrosatellitov DNK loshadey zavodskikh i mestnykh porod – Breed specific particular microsatellite DNA allele pool of horses factory and local breeds: diss ... kand. s.-kh. nauk: 06.02.07*. Institute of Horse Breeding. Divovo, 140 (in Russian).
2. Khrabrova, L. A. 2010. Perspektivy ispol'zovaniya geneticheskikh issledovaniy v konevodstve – Prospects for the use of genetic research in horse breeding, *Nauchno-tekhnicheskiiy progress v konevodstve: sb. nauch. tr. VNIi konevodstva – Scientific and technological progress in the horse breeding: Sat. scientific. tr. Institute of Horse Breeding*. Ryazan. 52: 127–132 (in Russian).
3. Metta, M., S. Kanginakudru, and N. Gudiseva. 2004. Genetic characterization of the Indian cattle breeds, Ongole and Deoni (*Bos indicus*), using microsatellite markers – a preliminary study. *Genetics*. 5: 16–23.
4. Zaytsev, A. M. 2003. Optimizatsiya vydeleniya i predamplifikatsionnoy podgotovki DNK loshadey dlya provedeniya molekulyarno-geneticheskikh issledovaniy – Optimization of extraction and preparation of DNA preamplification horses for molecular genetic studies. *Problemy razvitiya konevodstva i konnogo sporta v Rossii: materialy mezhdunar. nauch.-prakt. konferentsii – Problems of development of horse breeding and equestrian sport in Russia: Proceedings of the international scientific and practical. Conference*. Novosibirsk, 54–56 (in Russian).
5. Behla, R., J. Behla, N. Gupta, and S. C. Gupta. 2007. Genetic relationships of five Indian horse breeds using microsatellite markers. *Animal*. 1 (4): 483–488.
6. Georgescu, S. E., M. A. Mfnea, and M. Costache. 2008. The genetic structure of indigenous Romanian Hucul horse breed inferred from microsatellite data. *Roumanian Biotechnological Letters*. 13 (6): 4030–4036.