

УДК 575.22:577.29

DOI: 10.17072/1994-9952-2018-1-50-56.

Ю. У. Донт^а, А. В. Тимарова^б, Л. В. Комарова^а, С. В. Боронникова^а

^а Пермский государственный национальный исследовательский университет, Пермь, Россия

^б Филиал НПО «Микроген» «Пермское НПО «Биомед»» в г. Перми, Россия

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ ТРЕХ ПОРОД ЛОШАДИ ДОМАШНЕЙ

Изучен генетический полиморфизм тракененской, рысистой и тяжеловозной пород лошади домашней (*Equus caballus* L., Equidae), как наиболее часто разводимых в Пермском крае. Для определения генетического разнообразия пород *E. caballus* был использован ISSR-метод анализа полиморфизма ДНК. Выявлено 111 ISSR-PCR маркеров. Определены и проанализированы группы генетических характеристик на уровне пород. Для характеристики генофондов пород *E. caballus* установлены число молекулярных маркеров, доля полиморфных локусов, ожидаемая гетерозиготность, число редких аллелей. Генетическая специфика генофондов изученных пород выявлена с помощью коэффициента генетической оригинальности (КГО_{log}) и с учетом числа редких аллелей. Определены особи, в генотипе которых отмечены типичные и специфичные для генофонда аллели. Даны рекомендации по сохранению генофондов трех пород *E. caballus* при разведении их в Пермском крае.

Ключевые слова: ISSR-PCR маркеры, КГО_{log}; тракененская, рысистая и тяжеловозная породы; *Equus caballus* L.

J. U. Dohnt^а, A. V. Timarova^б, L. V. Komarova^а, S. V. Boronnikova^а

^а Perm State University, Perm, Russian Federation

^б Branch FSUC SIC «Microgen» of «Perm SIC «Biomed»» in Perm, Russian Federation

GENETIC POLYMORPHISM OF THREE BREEDS OF THE DOMESTIC HORSE

The genetic polymorphism of the trakehner, trotting and heavy-weight breeds of the horse home (*Equus caballus* L., Equidae), as the most commonly bred in the Perm region, has been studied. To determine the genetic diversity of the breeds of *E. caballus*, an ISSR-method for DNA polymorphism analysis was used. In *E. caballus* home amplified with 111 ISSR-PCR markers. The groups of genetic characteristics at the rock level have been determined and analyzed. To characterize gene pools of *E. caballus*, the number of molecular markers, the proportion of polymorphic loci, the expected heterozygosity, and the number of rare alleles are established. Genetic specificity of gene pools of the studied breeds is revealed using the coefficient of genetic originality (CGO_{log}), but taking into account number of rare alleles. In 3 breeds of *E. caballus*, individuals are identified, in the genotype of which typical and region-specific alleles are noted. The recommendations are given on the preservation of gene pools of three breeds of *E. caballus*, when breeding them in the Perm region.

Key words: ISSR-PCR markers, CGO_{log}; trakehner, trotting and heavy-weight breeds; *Equus caballus* L.

Введение

Использование в животноводстве методов молекулярно-генетического анализа является тенденцией современной науки [Эрнст, Зиновьева, 2008], а в коневодстве уже внедряются технологии полного геномного анализа [Храброва, 2015]. Одной из разновидностей исследования генетического полиморфизма является амплификация межмикросателлитных фрагментов ДНК, находящихся между двумя инвертированными повторами генома [Zietkiewicz,

Rafalski, Labuda, 1994]. ISSR-PCR маркирование, по сравнению с другими методами, характеризуется высочайшей вариабельностью, наилучшей воспроизводимостью и результативно используется для оценки внутривидовой и межвидовой генетической вариабельности, проведения генетического мониторинга в породах с целью сохранения аллелофонда немногочисленных пород [Мухина, Дубинина, 2011; Гавриличева и др., 2017; Денискова, Соловьева, Зиновьева, 2017]. Формирование программ селекции с учетом не только лишь родословной, фенотипических

характеристик, но и полилокусных генотипов, а еще значений генетического сходства имеет возможность способствовать ускорению и увеличению эффективности селекционной работы. Для учета генетического разнообразия пород проводят подготовительный подбор наиболее информативных ISSR-PCR маркеров [Глазко и др., 2013; Glazko et al., 2016; Erkenov et al., 2017].

В Пермском крае разнообразие лошади домашней представлено 19 породами. В конных хозяйствах Пермского края чаще других используют лошадей тракененской породы, реже – орловских и русских рысаков, и ещё реже – лошадей тяжеловозных пород, а также местные улучшенные породы [Лядова, Полковникова, 2013].

Целью данной работы является молекулярно-генетический анализ и характеристика генофондов тракененской, рысистой и тяжеловозной пород лошади домашней, как наиболее часто представленных в Пермском крае.

Материал и методы исследования

Материал

Проведено молекулярно-генетическое изучение трех пород лошади домашней (*Equus caballus* L., Equidae): тракененская (n=41), тяжеловозная (n=20) и рысистая породы (n=21). Забор 82 проб крови у лошадей был проведен ветеринарным врачом с соблюдением всех санитарно-гигиенических норм на базе крестьянско-фермерского хозяйства Д.Н. Шашерина, расположенного в пос. Красный восход Пермского р-на Пермского края. Кровь помещалась в пробирки с антикоагулянтом ЭДТА (Этилендиаминтетрауксусная кислота), которые транспортировались в контейнере с хладозементами [Методические рекомендации..., 2003]. Среди изученных преобладали лошади в возрасте от 6 до 15 лет (63.4% от общего числа). Лошади молодого возраста (от 2 до 5 лет) составили 9.8% от 82 лошадей; а старше 15 лет – 24.4%. Половой состав изученных лошадей следующий: 40.2% – жеребцы, 59.8% – кобылы. Избранные для исследования генотипов лошадей ISSR-PCR маркеры не сцеплены с полом.

Методы исследования

Для выделения ДНК из крови лошадей применен комплект реагентов Проба ГС («ДНК-технология», Россия). Тотальную ДНК для проведения ПЦР разводили до концентрации 10 нг/мкл в ТЕ-буфере. Концентрацию и качество ДНК определяли с применением прибора Nanodrop ND-2000 («Thermo scientific», USA). Для характеристики генофондов пород лошадей был избран ISSR (Inter Simple Sequence Repeats)-метод определения полиморфизма ДНК [Zietkiewicz et al., 1994] с исполь-

зованием полимеразной цепной реакции (ПЦР). Праймеры синтезированы в ЗАО «Синтол» (г. Москва). Эффективность праймеров определяли по результативности выявления полиморфизма ДНК [Календарь, Боронникова, 2007], рассчитанной в соответствии со шкалой 1–5: от невысокой (1) до высочайшей (5).

ПЦР проводили в термоциклере Gene Amp PCR System 9700 («Applied Biosystems», USA) по стандартной для ISSR-метода программе: предшествующая денатурация 94°C, 2 мин.; первые 5 циклов 94°C, 20 сек.; t° отжига, 10 сек.; 72°C, 10 сек.; в следующих 35 циклах: 94°C, 5 сек.; t отж., 5 сек.; 72°C, 5 сек. Завершающий цикл элонгации длился 2 мин. при 72°C. Температура отжига в зависимости от G/C-состава праймеров увеличивалась от 56 до 64°C. Для проверки достоверности полученных ДНК-спектров опыт повторяли не менее трех раз. В качестве негативного (К-) контроля в реакцию смесь для проверки чистоты реактивов добавляли вместо ДНК 5 мкл деионизированной воды.

Продукты амплификации делили методом электрофореза в 1.7%-ном агарозном геле в 1x TBE буфере. Гели окрашивали бромистым этидием и снимали в проходящем ультрафиолетовом свете в системе Gel-Doc XR («Bio-Rad», США). Определение длин фрагментов велось с поддержкой программы Quantity One в системе гель-документации Gel Doc XR («Bio-Rad», США) с использованием маркера молекулярной массы (100 bp +1.5 + 3 Kb DNA Ladder) («ООО-СибЭнзим-М», Москва).

Компьютерный анализ полученных данных проведен с использованием программы POPGENE 1.31 [Yeh, Young, Mao, 1999] и с поддержкой спец макроса GenAlEx6 [Peakall, Smouse, 2006] для MS-Excel с определением: доли полиморфных локусов (P_{95}) [Williams et al., 1990], абсолютного числа аллелей (n_a), эффективного числа аллелей (n_e) [Kimura, Crow, 1964], ожидаемой гетерозиготности (H_E) [Nei, 1987]. Описание специфики генофонда каждой породы проведены с применением коэффициента генетической оригинальности или же КГО [Потокина, Александрова, 2008], с учетом каждой особи [Боронникова, 2009]. Статистическая обработка данных проведена в программе STATISTICA 6.0.

Результаты и их обсуждение

С целью выявления эффективности протестировано 14 ISSR-праймеров, которые содержали последовательности ди- и тринуклеотидных микросателлитных мотивов с добавлением одного или двух якорных нуклеотидов на 3'-конце (табл. 1).

Каждый праймер был индивидуально проанализирован в ПЦР с тотальной ДНК исследуемых пород. Из 14 ISSR-праймеров были отобраны 5 наиболее эффективных для дальнейшего анализа.

Для *E. caballus* эффективными являются в зависимости от числа нуклеотидов в коровом повторе три динуклеотидных праймера: (GA)₆CC; (AG)₈CA; (AG)₈CG; два тринуклеотидных: (CTC)₆C; (GAG)₆C.

Таблица 1

Эффективность ISSR-праймеров для *E. caballus*

Обозначение праймера	Нуклеотидная последовательность праймера (5'→3')	Эффективность праймера
M1	(AC) ₈ CG	3
M2	(AC) ₈ CC	2
ISSR-1	(AC) ₈ T	1
ISSR-3	(TG) ₈ AA	-
ISSR-4	(TG) ₈ GC	2
ISSR-5	(AG)₈CA	5
ISSR-6	(AG)₈CG	5
ISSR-7	(CTC)₆C	5
ISSR-8	(GAG)₆C	5
ISSR-9	(ACG) ₇ G	2
CR-212	(CT) ₈ TG	1
CR-215	(CA) ₆ GT	4
CR-216	(GA) ₆ GG	1
CR-218	(GA)₆CC	5

Примечание. Жирным шрифтом выделены праймеры с наибольшей эффективностью.

У трех изученных пород *E. caballus* посредством ПЦР с пятью эффективными ISSR-праймерами выявлено 111 ISSR-PCR маркеров, из которых 106 являются полиморфными ($P_{95} = 0.955$). Число амплифи-

цированных ISSR-PCR маркеров *E. caballus* варьировало в зависимости от праймера от 14 (праймер ISSR-8) до 26 (праймер ISSR-5) а их размеры – от 140 (ISSR-6) до 1550 (ISSR-7) пн (табл. 2). Доля полиморфных локусов наибольшая у рысистой породы ($P_{95} = 0.938$), наименьшая – у траккененской породы ($P_{95} = 0.821$). Ожидаемая гетерозиготность (H_E) на общую выборку *E. caballus* составила 0.227 (табл. 3). Данный показатель наибольший в выборке лошадей рысистой породы ($H_E = 0.228$), а наименьший – у лошадей траккененской породы ($H_E = 0.178$).

Абсолютное число аллелей на локус (n_a) на общую выборку составило 1.988 (табл. 3). Этот показатель наивысший у выборки лошадей траккененской породы ($n_a = 1.757$), в выборке лошадей тяжеловозных пород он наименьший ($n_a = 1.685$).

Эффективное число аллелей на локус (n_e) на общую выборку составило 1.365. Наибольшее значение эффективного числа аллелей выявлено у рысистых пород ($n_e = 1.382$), а наименьшее – у траккененской породы ($n_e = 1.269$).

Для характеристики генофондов важны редкие ISSR-PCR маркеры, встречающиеся с частотой менее 5%.

Наибольшее число редких маркеров отмечено у лошадей траккененской породы ($R = 5$). Всего лишь один редкий маркер отмечен у рысаков.

Таблица 2

Характеристика ISSR-PCR маркеров трех пород *E. caballus*

ISSR-праймеры	Нуклеотидная последовательность праймера (5'→3')	Длина фрагментов ДНК, пн	Число полиморфных ISSR-PCR маркеров (их частота)			Число ISSR-PCR маркеров	
			Tr	Tg	R	учитываемых	полиморфных
ISSR-5	(AG) ₈ CA	230-1000	14 (0.737)	12 (0.800)	15 (0.938)	26	24 (0.923)
ISSR-6	(AG) ₈ CG	140-1340	12 (0.667)	15 (0.938)	10 (0.909)	24	23 (0.958)
ISSR-7	(CTC) ₆ C	280-1550	13 (0.929)	11 (1.000)	24 (0.960)	25	24 (0.960)
ISSR-8	(GAG) ₆ C	240-1000	11 (0.917)	10 (0.833)	10 (0.909)	14	14 (1.000)
CR-218	(GA) ₆ CC	300-1100	19 (0.905)	19 (0.864)	16 (0.941)	22	21 (0.955)
Всего ISSR-PCR маркеров			69 (0.821)	67 (0.882)	75 (0.938)	111	106 (0.955)

Примечание. Tr – траккененская порода, Tg – тяжеловозная порода, R – рысистая порода.

Таблица 3

Генетическое разнообразие трех пород *E. caballus*

Породы / показатели	Tr	Tg	R	На общую выборку
H_E	0.178 (0.015)	0.211 (0.018)	0.228 (0.018)	0.227 (0.012)
n_a	1.757 (0.165)	1.685 (0.153)	1.712 (0.162)	1.988 (0.160)
n_e	1.269 (0.125)	1.347 (0.124)	1.382 (0.132)	1.365 (0.131)
R	5	4	1	10

Примечания: H_E – ожидаемая гетерозиготность; n_a – абсолютное число аллелей на локус; n_e – эффективное число аллелей на локус; у всех вышеуказанных параметров в скобках даны стандартные отклонения; R – число редких аллелей; Tr – траккененская порода, Tg – тяжеловозная порода, R – рысистая порода.

Анализ КГО проведен как у каждой породы отдельно, так и у каждой из 82 лошадей. Чем выше этот показатель, тем больше специфических аллелей содержится в генотипе лошади. Значения КГО были прологарифмированы по основанию 2 и обозначены как КГО_{log}. Установлено, что КГО_{log} имеет

нормальное распределение, так как критерий Шапиро-Уилка высок и равен у рысаков 0.927, у тяжеловозов – 0.891; у траккенов – 0.958.

На основании функции плотности распределения произведено разделение значений КГО_{log} на квантили [Нестерук, 2016]. Наименьшие значения

этого показателя соответствовали типичным аллелям лошадей породы, а наибольшие – специфическим. У трех лошадей тракененской породы отмечены минимальные значения KGO_{log} (1.519 и ниже), то есть эти лошади являются носителями типичных для породы аллелей. У четырех лошадей этой породы определены максимальные значения, которые равны или выше 1.799, что свидетельствует о наличии в генотипе лошадей специфических для генофонда породы аллелей. Близкие по значению показатели получены и для изученных лошадей рысистых пород: у четырех лошадей выявлены минимальные значения KGO_{log} (1.572 и ниже), а у трех лошадей – максимальные (1.783 и выше). У изученных тяжеловозов всего две лошади пригодны для разведения как представители типичного генофонда породы, так как у них отмечены минимальные значения KGO_{log} (1.279 и ниже), только три лошади имеют в своем генотипе специфические аллели, так как значение KGO_{log} у них максимальное (1.600 и незначительно выше). Причем и минимальные, и максимальные значения KGO_{log} лошадей тяжеловозных пород ниже, чем у тракененской и рысистых пород.

Таким образом, выявлены лошади, которые являются носителями типичных и специфических аллелей в составе генофонда каждой из изученных пород. К тому же, лошадей с минимальными значениями KGO_{log} у изученных пород выявлено меньше, чем с максимальными значениями этого показателя.

Полиморфизм ISSR-PCR маркеров ранее был использован для выявления генетической структуры и внутривидовой дифференциации карачаевской и алтайской пород лошадей [Эркенов, 2015], выполненных в Центре нанобиотехнологий РГАУ-МСХА им. К.А. Тимирязева (г. Москва). Данные молекулярно-генетического анализа могут быть использованы для выявления «генофондного стандарта» исследованных пород лошадей, а также для разработки программ контроля динамики генофондов различных пород лошадей в меняющихся условиях искусственного и естественного отбора [Глазко и др., 2013].

На основании данных о генетическом полиморфизме трех пород *E. caballus*, разводимых в Пермском крае, даны следующие рекомендации:

1. С целью сохранения генофонда пород *E. caballus* в практику племенной работы необходимо внедрять маркерную систему оценки родословных, включающую определение степени гетерозиготности, контроль передачи генетической информации из поколения в поколение, определение фактического генотипического сходства пробанда с выдающимися предками.

2. Полученные данные о генетическом разнообразии трех пород могут в дальнейшем быть ис-

пользованы для разработки индивидуального генетического паспорта каждой лошади.

3. Редкие ISSR-PCR маркеры можно использовать при молекулярно-генетической идентификации пород.

4. Представленные в работе данные о KGO_{log} могут быть применены как в селекционно-племенной работе (при отборе-подборе пар для скрещивания, обмене животными между хозяйствами), так и при сохранении генофонда породы, в частности, для сохранения всего спектра редких (оригинальных) и типичных (базовых) аллелей.

Выводы

1. Для молекулярно-генетического анализа лошадей тракененской породы, тяжеловозных и рысистых пород определены 5 эффективных ISSR-праймеров, из которых три динуклеотидных – $(AG)_8CA$; $(AG)_8CG$; $(GA)_6CC$ и два тринуклеотидных – $(CTC)_6C$ и $(GAG)_6C$ праймера.

2. У изученных пород *E. caballus* выявлено 111 ISSR-PCR маркеров, из которых 106 были полиморфными ($P_{95} = 0.955$).

3. Наибольшие показатели генетического разнообразия отмечены у лошадей рысистых пород ($P_{95} = 0.938$; $H_E = 0.228$; $n_e = 1.382$).

3. У изученных лошадей выявлено 10 редких ISSR-PCR маркеров, наибольшее их число отмечено у лошадей тракененской породы ($R=5$).

4. У всех изученных особей *E. caballus* установлены KGO_1 . Лошади с минимальными значениями KGO имеют в генотипе типичные для породы аллели и могут быть рекомендованы для разведения с целью сохранения базового для породы генофонда. Лошади же с максимальными KGO являются носителями специфических аллелей и могут быть использованы в скрещиваниях в селекционной работе с целью закрепления специфических особенностей пород.

5. Установлены лошади, которые являются носителями типичных и специфических аллелей в составе генофонда каждой из изученных пород. Отмечено, что лошади с базовыми аллелями встречаются реже, чем со специфическими аллелями; поэтому их разведение необходимо для поддержания типичного генофонда изученных пород *E. caballus*, в том числе и в Пермском крае.

Выражаем искреннюю благодарность сотрудникам крестьянско-фермерского хозяйства Д.Н. Шашерина за возможность проведения молекулярно-генетических исследований и забор крови лошадей.

Библиографический список

- Боронникова С.В. Молекулярно-генетический анализ генофондов редких и исчезающих видов растений Пермского края: автореф. дис. ... д-ра биол. наук. Уфа, 2009. 44 с.
- Гавриличева И.С. и др. Идентификация и паспортизация генотипов лошадей по микросателлитам ДНК // Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и ветеринарии: сб. тез. докл. 17-ой Всерос. молодеж. науч. конф. М., 2017. С. 24–27.
- Глазко В.И. и др. ISSR-PCR маркеры и мобильные генетические элементы в геномах сельскохозяйственных видов млекопитающих // Сельскохозяйственная биология. 2013. № 2. С. 71–76.
- Денискова Т.Е., Соловьева А.Д., Зиновьева Н.А. Изучение динамики изменений аллелофонда и генетического разнообразия в трех популяциях романовских овец с помощью микросателлитов // Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и ветеринарии: сб. тез. докл. 17-ой Всерос. молодеж. науч. конф. М., 2017. С. 22–23.
- Дубина Е.В., Мухина Ж.М. Молекулярные маркеры и их использование в селекционно-генетических исследованиях // Политематический сетевой электронный научный журнал Кубанского государственного аграрного университета. 2011. № 66. С. 1–11.
- Календарь Р.Н., Боронникова С.В. Анализ молекулярно-генетического полиморфизма природных популяций редких видов растений Урала с помощью ретротранспозонов // Материалы четвертого Моск. междунар. конгресса «Биотехнология состояние и перспективы развития». М., 2007. Ч. 2. С. 121.
- Лядова Н.С., Полковникова В.И. Эффективность использования лошадей разной типологии в досуговом коневодстве Пермского края // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2013. № 4(42). С. 128–132.
- Нестерук Л.В., Макарова Н.Н., Свищева Г.Р., Столповский Ю.А. Оценка генетического разнообразия романовской породы овец с помощью коэффициента генетической оригинальности на основе данных ISSR-фингерпринтинга // Генетика. 2015. Т. 51, № 7. С. 847–852.
- Нестерук Л.В. Генетический полиморфизм романовской породы овец: автореф. дис. ... канд. биол. наук. М., 2016. 22 с.
- Потокина Е.К., Александрова Т.Г. Методы классификации внутривидового разнообразия по результатам молекулярного маркирования // Фундаментальные и прикладные проблемы ботаники в начале XXI века: материалы Всерос. конф. Петрозаводск, 2008. Ч. 3. С. 62–65.
- Храброва Л.А. Использование ДНК-технологий в коневодстве // Эффективное животноводство. 2015. № 6 (115). С. 13–17.
- Эркенов Т.А. Генетическая структура и внутривидовая дифференциация карачаевской лошади: автореф. дис. ... канд. с/х. наук. М., 2015. 23 с.
- Эрнст Л.К., Зиновьева Н.А. Биологические проблемы животноводства в XXI веке. М.: РАСХН, 2008. 501 с.
- Erkenov T.A. et al. Generation of Molecular Genetic Markers in Studies of Genetic Structures of Horses // International Journal of Environmental Problems. 2017. Vol. 3, № 1. P. 36–46.
- Glazko V.I. et al. Genetic Structure of Karachai Horses on ISSR-PCR Markers // Biogeosystem Technique, 2016. Vol. 9, № 3. P. 195–204.
- Kimura M., Crow J.F. The number of alleles that can be maintained in a finite population // Genetics (US). 1964. Vol. 49. P. 725–738.
- Nei M. Molecular Evolutionary Genetics. New York: Columbia University Press, 1987. 512 p.
- Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research // Mol. Ecol. Not., 2006. Vol. 6. P. 288–295.
- Yeh F.C., Young R.C., Mao J. POPGENE, the Microsoft Windows-based user-friendly software for population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits // Department of Renewable Resources, Univ. of Alberta, Edmonton, Alta, 1999. 283 p.
- Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification // Genomics. 1994. Vol. 20. P. 176–183.
- Williams J.G.K. et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers // Nucl. Acids Res. 1990. Vol. 18. P. 6531–6535.

References

- Boronnikova S.V. *Molekuljarno-genetičeskij analiz genofondov redkich i isčezajuščich vidov rastenij Permskogo kraja. Avtoref. diss. d-ra boil. nauk* [Molecular genetic analysis of genofond of rare and endangered plant species in Perm Krai: Abstract of dis. doc. Biol. sciences]. Ufa, 2009. 44 p. (In Russ.).
- Gavrilicheva I.S., Blokhina N.V., Khrabrova L.A., Tsareva M.A. [Identification and certification of horses genotypes by microsatellites of DNA]. *Biotehnologija v rastenievodstve, životnovodstve i veterinariji* [Biotechnology in crop production, animal husbandry and veterinary science: a collection of abstracts]. Moscow, 2017, pp. 24–27. (In Russ.).
- Glazko V.I., Gladyr E.A., Feofilov A.B. and et al. [ISSR-PCR Markers and mobile genetic elements in genomes of mammal agricultural species].

- Sel'skochozjajstvennaja biologija*, N 2 (2013): pp. 71-76. (In Russ.).
- Deniskova T.E., Soloveva A.D., Zinoveva N.A. [The study of changes dynamics in allelofond and genetic diversity in three Romanov sheep population by microsatellites]. *Biotehnologija v rastenievodstve, životnovodstve i veterinariji* [Biotechnology in crop production, animal husbandry and veterinary science: a collection of abstracts]. Moscow, 2017, pp. 22-23. (In Russ.).
- Dubina E.V., Muhina Yz. M. [Molecular markers and their use in breeding and genetic studies]. *Politemetičeskij setevoj elektronnyj naučnyj žurnal Kubanskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. N 66 (2011): pp. 1-11. (In Russ.).
- Kalendar R.N., Boronnikova S.V. [Molecular genetic polymorphism analysis of natural populations of rare plant species in the Urals by retrotransposons]. *Materialy četvertogo Moskovskogo meždunarodnogo kongressa* [Materials of the Fourth Moscow. Intern. of the Congress "Expo-biochem-technologies"]. Moscow, 2007, P. 2, p. 121. (In Russ.).
- Lyadova N.S., Polkovnikova V.I. [Efficiency of different typology horses utilization in leisure horse breeding in Perm Krai]. *Izvestija Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta* N 4(42) (2013): pp. 128-132. (In Russ.).
- Nesteruk L.V. *Genetičeskij polimorfizm romanovskoj porody ovec*. Avtoref. diss. cand. boil. nauk [Genetic polymorphism of Romanov sheep: Abstract PhD dis.]. Moscow, 2016. 22 p. (In Russ.).
- Nesteruk L.V., Makarova N.N., Svishcheva G.R., Stolpovsky Yu.A. [Estimation of genetic diversity of Romanov sheep by the coefficient of genetic originality based on ISSR-fingerprinting data]. *Genetika*. V. 51, N 7 (2015): pp. 847-852. (In Russ.).
- Potokina E.K., Aleksandrova T.G. [Methods of the intraspecific diversity classification as a result of molecular marking]. *Fundamental'nye i prikladnye problemy botaniki v načale XXI veka* [Fundamental and Applied Botany at the Beginning of the 21st Century]. Petrozavodsk, 2008, pp. 62-65. (In Russ.).
- Khrabrova L.A. [Using of DNA technologies in horse breeding]. *Ėffektivnoe životnovodstvo*. N 6 (115) (2015): pp. 13-17. (In Russ.).
- Erkenov T.A. *Genetičeskaja struktura i vnutripoporolnaja differenciacija karačevskoj lošadi*. Avtoref. diss. cand. selchoz. nauk [Genetic structure and in-breed differentiation of the Karachai horse. Abstract of Cand. Diss.]. Moscow, 2015. 23 p (In Russ.).
- Ernst L.K., Zinoveva N.A. *Biologičeskie problemy životnovodstva v XXI veke* [Biological problems of livestock in the 21 century]. Moscow, 2008. 501 p. (In Russ.).
- Erkenov T.A., Glazko V.I., Knyaseva E.F., Glazko T.T. Generation of Molecular Genetic Markers in Studies of Genetic Structures of Horses. *International Journal of Environmental Problems*, V. 3 (1) (2017): pp. 36-46.
- Glazko V.I., Erkenov T.A., Glazko T.T., Dzatoev K.M. Genetic Structure of Karachai Horses on ISSR-PCR Markers. *Biogeosystem Technique*, V. 9(3) (2016): pp. 195-204.
- Kimura M., Crow J.F. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics* (US). V. 49 (1964): pp. 725-738.
- Nei M. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York, Columbia University Press, 1987. 512 p.
- Peakall R., Smouse P.E. GenA1Ex6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Not.* V. 6 (2006): pp. 288-295.
- Yeh F.C., Young R.C., Mao J. POPGENE, the Microsoft Windows-based user-friendly software for population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. Edmonton, Department of Renewable Resources, Univ. of Alberta, 1999. 283 p.
- Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by sequece repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*. V. 20 (1994): pp. 176-183.
- Williams J.G.K., Kubelik A.R., Livak K.J. et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl. Acids Res.* V. 18 (1990): pp. 6531-6535.

Поступила в редакцию 24.01.2018

Об авторах

Донт Юлиана Удовна, магистрант биологического факультета ФГБОУВО «Пермский государственный национальный исследовательский университет»
ORCID: 0000-0002-1296-3635
 614099, Пермь, ул. Букирева, 15;
 yulianadont@mail.ru; (342)2396233

About the authors

Dohnt Juliana Udovna, graduate student of the biological faculty Perm State University.
ORCID: 0000-0002-1296-3635
 15, Bukirev str., Perm, Russia, 614990;
 yulianadont@mail.ru; (342)2396233

Тимарова Анна Владимировна, микробиолог в отделе контроля качества
Филиал АО «НПО «Микроген» в г. Пермь
«Пермское НПО «Биомед»
ORCID: 0000-0003-2636-3988
614089, Пермь, ул. Братская, 117;
lynx531@ya.ru

Комарова Лидия Васильевна, ассистент кафедры ботаники и генетики растений ФГБОУВО «Пермский государственный национальный исследовательский университет»
ORCID: 0000-0002-7021-0017
614990, Пермь, ул. Букирева, 15;
arealfreedom@mail.ru; (342)2396279

Боронникова Светлана Витальевна, доктор биологических наук, профессор, заведующий кафедрой ботаники и генетики растений ФГБОУВО «Пермский государственный национальный исследовательский университет»
ORCID: 0000-0002-5498-8160
614990, Пермь, ул. Букирева, 15;
svboronnikova@yandex.ru; (342)2396279

Timarova Anna Vladimirovna, microbiologist in the quality control
The branch of FSUC “SIC “Microgen” of MOH of Russia “Perm SIC “Biomed” in Perm.
ORCID: 0000-0003-2636-3988
117, Bratskaja str., Perm, Russia, 614089;
lynx531@ya.ru

Komarova Lidia Vasilevna, , assistant of the Department of Botany and Genetics of Plants Perm State University.
ORCID: 0000-0002-7021-0017
15, Bukirev str., Perm, Russia, 614990;
arealfreedom@mail.ru; (342)2396279

Boronnikova Svetlana Vitalevna, doctor of biology, professor, head of the Department of Botany and Genetics of Plants Perm State University.
ORCID: 0000-0002-5498-8160
15, Bukirev str., Perm, Russia, 614990;
svboronnikova@yandex.ru; (342)2396279

Информация для цитирования:

Генетический полиморфизм трех пород лошади домашней / Ю.У. Донт, А.В. Тимарова, Л.В. Комарова, С.В. Боронникова // Вестник Пермского университета. Сер. Биология. 2018. Вып. 1. С. 50–56. DOI: 10.17072/1994-9952-2018-1-50-56.

Dohnt J.U., Timarova A.V., Komarova L.V., Boronnikova S.V. [Genetic polymorphism of three breeds of the domestic horse]. *Vestnik Permskogo universiteta. Biologija*. Iss. 1 (2018): pp. 50-56. (In Russ.). DOI: 10.17072/1994-9952-2018-1-50-56.

