

С. В. Николаев

Генетическая характеристика Печорского типа холмогорского скота по микросателлитным ДНК-маркерам

Аннотация. Печорский зональный тип (ПХ-1) был получен путем поглотительного скрещивания местного северного комолого скота с холмогорской породой. В настоящее время холмогорский скот находится на грани исчезновения, что обусловлено повсеместной метизацией отечественных пород голштинской. В работе представлена характеристика аллелофонда холмогорского стада Печорского типа ($n=66$) по 11 полиморфным локусам микросателлитов. Установлено, что полиморфизм tandemных повторов у Печорского типа холмогорского скота наблюдается по всем 11 локусам, наиболее полиморфным является локус *TGLA53* (10 аллелей). Самая распространенная аллель *SPS115* 248 встречается с частотой 0,606. Среднее количество аллелей по 11 локусам составило 6,2, число эффективных аллелей — 3,4. Проведено сравнение полученных показателей со значениями, опубликованными по якутскому [1], голштинскому [2, 3] и айрширскому скоту [4]. Установлено, что у Печорского типа холмогорской породы число эффективных аллелей выше, чем у якутского скота (на 1,0), и ниже, чем у других пород (на 0,3...1,6). Анализ *F*-статистики показал, что в среднем отклонение фактической гетерозиготности от ожидаемой незначительно $F_{is}=-0,004$, тогда как у других пород, исключая выборку голштинских быков, наблюдался более выраженный избыток гетерозигот. Наименьшее генетическое расстояние исследуемой популяции установлено с голштинской породой ($d=0,221$ к коровам и $d=0,200$ к быкам). Более детальный генетический анализ по отдельным локусам показал, что по частоте встречаемости аллелей *BM2113* Печорский тип ближе к якутскому ($r=0,935$) и айрширскому ($r=0,875$), чем к голштинской породе ($r=316...357$).

Ключевые слова: холмогорская порода, генофондное стадо, микросателлиты, аллелофонд, гетерозиготность, генетическое сходство.

Автор:

Николаев Семен Викторович — кандидат ветеринарных наук; e-mail: semen.nikolaev.90@mail.ru.

Федеральное бюджетное учреждение высшего образования «Вятская государственная сельскохозяйственная академия»; 610998, Россия, г. Киров, Октябрьский пр-т, д. 133.

Институт агrobiотехнологий им. А. В. Журавского Коми научного центра Уральского отделения РАН; 167023, Россия, г. Сыктывкар, ул. Ручейная, д. 27.

В течение нескольких столетий холмогорский скот, наряду с ярославской породой, был основой молочного скотоводства на Европейском Севере России. Общеизвестно, что холмогорская порода по сравнению с другими была более продуктивна и приспособлена к суровым природно-климатическим условиям Севера и скудному кормлению [5, 6]. Однако, начатая в 80-е годы работа по «улучшению» холмогорского скота голштинским привела к тотальному сокращению численности чистопородных животных. В настоящее время «вкрапления» чистопородного холмогорского поголовья размещено в генофондных, фермерских и личных подсобных хозяйствах, которые оттеснены к северу в условия не пригодные для содержания голштинизированных животных [7, 8]. По мнению ряда авторов, некогда одна из лучших отечественных пород потеряла конкурентоспособность, что подтверждается ежегодными данными бонити-

ровки. При этом не принимается во внимание, что животные содержатся в среде, в которой голштино-фризский скот не может существовать [7, 9, 10].

Продолжающаяся метизация холмогорского скота голштинским ставит под вопрос дальнейшее существование породы, и в ближайшей перспективе ее генофонд будет потерян, а вместе с ним и ряд адаптационных и других хозяйственно полезных качеств [4, 6, 11]. Такой вывод проистекает из полного отсутствия живых чистопородных быков холмогорской породы на племпредприятиях страны, сокращения запаса их спермы, минимизации самой возможности получения производителей, катастрофического сокращения численности чистопородного маточного поголовья [7, 12, 13].

Республика Коми — один из немногих регионов, где удалось сохранить популяцию и племенной материал чистопородного и слабо голштинизированного холмогорского скота [6, 7]. История форми-

рования холмогорских стад в регионе берет начало с 40-х годов прошлого столетия, когда холмогорскую породу использовали в качестве улучшающей для повышения продуктивности аборигенного северного комолого скота [5, 7, 14]. В результате десятилетий селекционной работы сформирован внутрипородный Печорский тип холмогорского скота (ПХ-1) [14]. Пожалуй, единственным хозяйством, которому удалось в большей степени сохранить животных генеалогических линий ПХ-1, является ООО Агрокомплекс «Инта Приполярная».

Одним из методов оценки состояния популяции, изучения родства и дивергенции аллелофонда в процессе породообразования является использование генетических полиморфных систем [8, 15].

Цель исследований — сравнительный анализ аллелофонда по микросателлитным локусам генофондного холмогорского стада Печорского типа с другими породами скота.

Материалы и методы. Исследования проведены в 2017–2020 году на маточном стаде генофондного хозяйства ООО АК «Инта Приполярная» Республики Коми. Генетический материал для исследований был получен от 66 животных путем отсечения тканей ушной раковины. ДНК анализ осуществлен специалистами лаборатории молекулярной генетики и биотехнологии животных ВИЖ с использованием панели на 11 микросателлитных локусов: TGLA227, TGLA126, SPS115, TGLA53, TGLA122, INRA23, ETH225, BM2113, BM1818, BM1824, ETH10. Выделение ДНК проводили с использованием колонок Nexttec (Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Германия) в соответствии с рекомендациями производителя. Микросателлит-

ный профиль коров изучали с помощью ДНК-анализатора с лазерным детектором ABI3130xl (Applied Biosystems, США). При оценке определяли число аллелей на локус (Na), их частоту, фактическую (Ho) и ожидаемую (He) гетерозиготности, индекс фиксации (Fis). Сравнительная оценка аллелофонда проведена к частотам, полученным по якутскому [13], голштинскому [14, 15] и айрширскому скоту (Николаев С. В., 2020). Генетическое сходство (r) между популяциями устанавливали по Майалу-Линдстрему, генетическую дистанцию (d) рассчитывали по М. Нею. Статистический анализ проведен по общепринятым методикам с использованием пакета программ Майкрософт.

Результаты и обсуждение. По результатам исследований установлено, что полиморфизм тандемных повторов у Печорского типа холмогорского скота наблюдается по всем анализируемым 11 локусам (таблица 1). Наиболее полиморфным оказался локус TGLA53, в котором присутствовало 10 аллелей. С наибольшей частотой в данном локусе встречалась аллель 168 (0,235), с наименьшей — 170 (0,008). Меньшее число аллелей обнаружено в локусе BM1824 — 4, с наибольшей частотой встречались микросателлиты 188 (0,409) и с наименьшей — 180 (0,091). Из всех локусов с наибольшей частотой встречалась аллель 248 локуса SPS115, частота которой составила 0,606. Самые редкие аллели TGLA122 (153), TGLA53 (164 и 170), BM2113 (133), ETH10 (215) встречались с частотой 0,008.

Среднее количество аллелей по 11 локусам составило 6,2, число эффективных аллелей — 3,4. Сравнивая показатели с другими породами, можно заключить, что у Печорского типа холмогорской

Таблица 1. Полиморфизм различных микросателлитных локусов у исследуемой популяции и других пород скота

Локус	ПХ-1 (n=66)		Якутский скот (n=30) ¹		Голштинская порода				Айрширская порода (n=353)	
	Na	Ne	Na	Ne	коровы (n=35) ²		быки (n=28) ³		Na	Ne
TGLA53	10	4,4	8	2,3	13	6,3	9	8,0	8	2,8
TGLA122	7	2,6	5	2,0	11	6,7	8	3,4	6	3,5
TGLA227	7	4,1	6	3,8	9	9,0	8	8,0	9	6,1
ETH10	6	2,4	5	2,4	8	5,3	5	2,7	8	5,1
INRA23	6	6,0	3	1,8	8	5,0	5	2,0	7	1,8
BM1818	6	3,9	2	2,0	6	3,3	5	3,0	5	2,6
SPS115	6	2,9	3	1,5	6	3,3	5	1,7	6	2,4
BM2113	6	3,0	5	3,1	6	3,3	5	4,8	7	6,3
TGLA126	5	2,4	5	3,5	4	4,0	3	1,7	6	2,8
ETH225	5	2,7	5	3,3	11	3,7	6	8,0	7	5,0
BM1824	4	3,1	2	1,4	4	3,0	4	2,2	4	2,6
M±m	6,2±0,5	3,4±0,3	4,5±0,6	2,4±0,3	7,2±0,7	5,0±0,7	5,6±0,6	4,1±0,8	6,6±0,5	3,7±0,5

Показатели получены ¹[13], ²[15], ³[14];

* — достоверно ($P<0,05$) по отношению к якутскому скоту.

породы полиморфизм по всем локусам был выше, чем у якутского скота (на 1,7) и у голштинских быков (на 0,6), и ниже, чем у голштинских (на 1,0) и айрширских коров (0,4). Число эффективных аллелей, как показателя генетического разнообразия популяции, было выше лишь по сравнению с якутской породой (на 1,0; $P < 0,05$), по остальным породам показатель был ниже на 0,3...1,6 аллеля, что указывает на большую гомозиготность исследуемых локусов у Печорского типа в сравнении с голштинским и айрширским скотом.

Наибольший уровень фактической гетерозиготности исследуемой популяции (табл. 2) наблюдался по локусам INRA23 ($H_o=0,833$), TGLA53 ($H_o=0,773$), TGLA227 ($H_o=0,758$) (Наиболее гомозиготными являлись локусы ETH10 ($H_o=0,576$), TGLA126 ($H_o=0,576$), ETH10 ($H_o=0,621$), а средняя фактическая гетерозиготность составила 0,683, что выше на 0,113 по сравнению с якутским скотом ($P < 0,05$) и на 0,019 в отношении голштинских быков.

Анализ значений F-статистики (табл. 2) показал, что по локусам BM1818, SPS115, BM2113,

INRA23, TGLA122 наблюдается избыток гетерозигот, а по локусам TGLA126, TGLA126, TGLA53, ETH225, ETH10, TGLA227, BM1824 наблюдается их недостаток. В среднем отклонение фактической гетерозиготности от ожидаемой было незначительным ($F_{is}=-0,004$), тогда как у других пород присутствовал более значимый избыток гетерозигот, исключая голштинских быков, где наоборот наблюдался их дефицит ($F_{is}=0,003$). Данный факт так же отражает процесс накопления гомозигот в изучаемой группе холмогорского скота, что, по видимому, является следствием сокращения численности животных данной породы.

Анализируя генетическое сходство и генетическую дистанцию исследуемой популяции к другим породам по частотам аллелей 11 локусов (табл. 3), можно сделать вывод, что генетически ПХ-1 располагается ближе к голштинскому скоту. Дистанция Печорского типа по отношению к голштинским коровам составила 0,221, к быкам — 0,200. Якутский скот был наиболее генетически удален ($d=0,523$).

Таблица 2. Показатели наблюдаемой гетерозиготности и индекс фиксации у сравниваемых популяций

Локус	ПХ-1 (n=66)		Якутский скот (n=30) ¹		Голштинская порода				Айрширская порода (n=353)	
	H_o	F_{is}	H_o	F_{is}	коровы (n=35) ²		быки (n=28) ³		H_o	F_{is}
INRA23	0,833	-0,069	0,533	-0,242	0,800	-0,019	0,500	0,295	0,449	-0,058
TGLA53	0,773	0,099	0,633	-0,121	0,842	0,105	0,875	-0,027	0,641	0,015
TGLA227	0,758	0,028	0,567	0,228	0,905	-0,095	0,875	-0,057	0,836	-0,073
BM1818	0,742	-0,135	0,567	-0,145	0,700	-0,120	0,667	-0,088	0,610	-0,014
BM1824	0,682	0,012	0,333	-0,200	0,667	0,056	0,542	0,061	0,610	-0,007
BM2113	0,667	-0,076	0,667	0,020	0,700	0,038	0,792	-0,038	0,842	-0,056
SPS115	0,652	-0,123	0,400	-0,194	0,700	-0,208	0,417	-0,050	0,579	-0,048
ETH225	0,636	0,084	0,667	0,039	0,727	-0,071	0,875	-0,160	0,799	0,015
TGLA122	0,621	-0,068	0,500	0,006	0,850	-0,019	0,708	0,084	0,715	-0,127
ETH10	0,576	0,064	0,667	-0,158	0,813	-0,080	0,625	-0,074	0,804	0,017
TGLA126	0,576	0,139	0,733	-0,022	0,750	-0,250	0,417	0,088	0,648	-0,098
В среднем	0,683±	-0,004±	0,570±	-0,072±	0,769±	-0,060±	0,664±	0,003±	0,685±	-0,040±
M±m	0,026*	0,030	0,039	0,044	0,025	0,034	0,056	0,039	0,040	0,015

Значения получены ¹[13], ²[15], ³[14];

* — достоверно ($P < 0,05$) по отношению к якутскому скоту и коровам голштинской породы.

Таблица 3. Коэффициент генетического сходства (r) и генетическое расстояние (d) по всем микросателлитным локусам изучаемой популяции к другим породам

d \ r	1	2	3	4	5
Якутский скот (1)		0,502	0,453	0,47	0,593
Голштинская порода, коровы (2)	0,689		0,888	0,679	0,802
Голштинская порода, быки (3)	0,792	0,119		0,635	0,819
Айрширская порода (4)	0,755	0,387	0,454		0,689
Печорский тип (5)	0,523	0,221	0,200	0,373	

Анализ генетического сходства по отдельным локусам (табл. 3) показал, что исследуемый тип по структуре ETH10 и BM1818 более сходен с другими породами. Наибольшее значение коэффициента сходства ($r > 0,900$) по отношению к голштинам наблюдалось по BM181, BM1824, ETH225, SPS115 и TGLA126, тогда как по локусу BM2113 зональный тип был более близок к якутскому (0,935) и айрширскому (0,875) скоту. Данный факт обусловлен высокой распространенностью общего для этих пород аллеля BM2113 137, который встречался с частотой 0,568 у Печорской группы и редко наблюдался в выборках голштинского скота (0,021..0,058). Частота данного аллеля у якутской породы составила 0,433, у айрширской — 0,304. Так же айрширская порода была более близка к Печорскому скоту по частотам локусов TGLA122 (0,930) и TGLA227 (0,861).

Закключение. В исследуемой популяции холмогорского скота наблюдается полиморфизм по всем 11 локусам микросателлитов. Наиболее полиморфным является локус TGLA53, наименее полиморфным — BM1824, среднее число аллелей по всем локусам составляет 6,2, количество эффективных аллелей — 3,4, что выше аналогичного показателя у якутского скота и ниже значений характеризующих остальные породы. У исследуемой группы животных в среднем по 11 локусам установлено хорошее соответствие между фактической и ожидаемой гетерозиготностью. По частотам всех локусов Печорский тип холмогорской породы более близок к голштинской породе, однако отличительной чертой является более высокое его сходство с якутским и айрширским скотом по аллельной структуре локуса BM2113.

Таблица 4. Индексы генетического сходства Печорского зонального типа с другими породами молочного скота по отдельным микросателлитным локусам

Локус	Якутский скот (n=30)	Голштинская порода		Айрширская порода (n=353)
		коровы (n=35)	быки (n=28)	
BM1818	0,975	0,995	0,919	0,612
BM2113	0,935	0,316	0,357	0,875
ETH10	0,906	0,886	0,865	0,780
INRA23	0,777	0,719	0,731	0,425
BM1824	0,624	0,847	0,905	0,503
TGLA126	0,498	0,907	0,929	0,845
TGLA53	0,451	0,784	0,741	0,718
ETH225	0,410	0,916	0,953	0,432
TGLA122	0,392	0,615	0,737	0,930
TGLA227	0,311	0,769	0,791	0,861
SPS115	0,299	0,996	0,970	0,803

*Работа выполнена в рамках государственного задания № 0412-2019-0051
ФИЦ Коми НЦ УрО РАН*

Литература

1. Матюков В. С. Ещё раз о генофонде и селекции холмогорского скота. Сыктывкар, 2007. 139 с.
2. Матюков В. С. Генетическая история и ценность генофонда исчезающей холмогорской породы / В. С. Матюков, Я. А. Жариков, Н. А. Зиновьева // Молочное и мясное скотоводство. — 2018. — № 2. — С. 2–8.
3. Матюков В. С. Печорский тип холмогорского скота в республике Коми / В. С. Матюков, В. Л. Михеев // Молочное и мясное скотоводство. — 2005. — № 7. — С. 22–25.
4. Матюков В. С., Захаров А. П., Михеев В. Л. [и др.]. Селекционно-генетическое совершенствование крупного рогатого скота Республики Коми // Сыктывкар, 2003. — 190 с.
5. Методы современной селекции и сохранения генофонда молочного скота в Республике Коми: Рекомендации по оптимизации и сохранения генофонда холмогорского скота / Матюков В. С., Жариков Я. А., Рудометова А. И., и др.: Сыктывкар, 2012 — 157 с.
6. Николаев С. В., Конопельцев И. Г., Матюков В. С. Воспроизводительные качества коров холмогорской породы в сравнении с другими породами скота молочного направления в Республике Коми // Современные научно-практические достижения в ветеринарии: м-лы науч.-практ. конф. Киров. — 2019. — Вып. 10. — С. 52–56.

7. Николаев С. В. Продуктивность коров холмогорской породы с различной степенью голштинизации в условиях Республики Коми / С. В. Николаев, Н. А. Шемуранова // Молочное и мясное скотоводство. — 2020. — № 2. — С. 19–23. DOI: 10.33943/MMS.2020.82.49.005.
8. Доцев А. В. Оценка современного состояния генофонда холмогорской и черно-пестрой пород крупного рогатого скота на основе полногеномного SNP-анализа / А. В. Доцев [и др.] // Вавиловский журнал генетики и селекции. — 2018. — Вып. 22(6). — С. 742–747. DOI: 10.18699/VJ18.418.
9. Паронян И. А. Возможности сохранения и совершенствования генофонда пород крупного рогатого скота отечественной селекции // Достижения науки и техники АПК. — 2018. — № 5. — С. 63–66. DOI: 10.24411/0235-2451-2018-10516.
10. Дунин И. М., Мещеров Р. К., Калашникова Л. А. [и др.]. Племенная работа с холмогорской породой скота // Лесные Поляны, Том 33. 2019. — 72 с.
11. Прожерин В. П. Система селекционно-племенной работы с холмогорской породой крупного рогатого скота в Архангельской области на период 2014-2019 годы / В. П. Прожерин, В. Л. Ялуга, Т. А. Рухлова и др. // Архангельск. — 2014. — 122 с.
12. Прожерин В. П. Проблемы сохранения отечественных пород молочного скота / В. П. Прожерин, В. Л. Ялуга, Л. А. Калашникова // Зоотехния. — 2016. — № 9. — С. 2–4.
13. Слепцов И. И. 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 [и др.]. // Животноводство и кормопроизводство. — 2019. — Т. 102. — № 2. — С. 60–67.
14. Хабибрахманова Я. А. Генетический полиморфизм голштинских быков ОАО «Красноярскагроплем» на основе микросателлитных маркеров ДНК / Я. А. Хабибрахманова, Л. А. Калашникова, А. И. Голубков [и др.]. // Вестник КрасГАУ. — 2019. — № 3. — С. 135–140.
15. Часовщикова М. А. Генетическая характеристика голштинской породы крупного рогатого скота с использованием микросателлитных ДНК-маркеров / М. А. Часовщикова // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. — 2019. — № 2(76). — С. 191–193.

Nikolayev S.

Genetic characteristics of the Pechora type of Kholmogorsky cattle based on microsatellites and DNA markers

Abstract. *The Pechora zonal type (PH-1) was obtained by absorbing crossbreeding of local Northern kholmogorsky cattle with the Kholmogorsky breed. Currently, Kholmogorsky cattle are on the verge of extinction, which is due to the widespread metisation of domestic Holstein breeds. The paper presents the characteristics of the allele pool of the Kholmogorsky herd of the Pechora type (n=66) by 11 polymorphic loci of microsatellites. It was found that the polymorphism of tandem repeats in the Pechora type of Kholmogorsky cattle is observed in all 11 loci, the most polymorphic is the tgla53 locus (10 alleles). The most common allele SPS115 248 occurs with a frequency of 0.606. The average number of alleles for 11 loci was 6.2, and the number of effective alleles was 3.4. the obtained indicators were compared with the values published for Yakut [1], Holstein [2, 3] and Ayrshire cattle [4]. It was found that the Pechora type of Kholmogorsky breed has a higher number of effective alleles than Yakut cattle (by 1.0), and lower than other breeds (by 0.3...1.6). Analysis of F-statistics showed that on average, the deviation of the actual heterozygosity from the expected one is insignificant $F_{is} = -0.004$, while other breeds, excluding the sample of Holstein bulls, had a more significant excess of heterozygotes. The smallest genetic distance of the studied population was established with the Holstein breed ($d = 0.221$ to cows and $d = 0.200$ to bulls). A more detailed genetic analysis of individual loci showed that the frequency of occurrence of alleles BM2113 Pechora type is closer to the Yakut ($r = 0.935$) and Ayrshire ($r = 0.875$) than to the Holstein breed ($r = 0.316...0.357$).*

Keywords: Kholmogorskaya breed, the gene pool of the herd, microsatellites, allele, heterozygosity, genetic similarity.

Author:

Nikolaev S. — PhD (Vet. Sci.); e-mail: semen.nikolaev.90@mail.ru.

Federal budgetary institution of higher education «Vyatka state agricultural Academy»; 610998, Russia, Kirov, Oktyabrsky Ave., 133;

Institute of agrobiotechnologies. A. V. Zhuravsky Komi scientific center of the Ural branch of the RAS; 167023, Russia, Syktyvkar, str. Rucheynaya, 27.

References

1. Matyukov V. S. Once again about the gene pool and selection of Kholmogory cattle. Syktyvkar, 2007. 139 p.
2. Matyukov V. S. Genetic history and value of the gene pool of the disappearing Kholmogory breed / V. S. Matyukov, Ya. A. Zharikov, N. A. Zinovieva // Dairy and meat cattle breeding. — 2018. — № 2. — P. 2–8.
3. Matyukov V. S. Pechora type of Kholmogorsk cattle in the Komi Republic / V. S. Matyukov, V. L. Mikheev // Dairy and meat cattle breeding. — 2005. — № 7. — P. 22–25.
4. Matyukov V. S., Zakharov A. P., Mikheev V. L. [and others]. Breeding and genetic improvement of cattle in the Komi Republic // Syktyvkar, 2003. — 190 p.
5. Methods of modern breeding and preservation of the gene pool of dairy cattle in the Komi Republic: Recommendations for optimization and preservation of the gene pool of Kholmogory cattle / Matyukov V. S., Zharikov Ya. A., Rudometova A.I., et al.: Syktyvkar, 2012. — 157 from.
6. Nikolaev S. V., Konopeltsev I. G., Matyukov V. S. Reproductive qualities of cows of the Kholmogory breed in comparison with other breeds of dairy cattle in the Komi Republic // Modern scientific and practical achievements in veterinary medicine: M. nauch. -practice. conf. Kirov. — 2019. — Issue. 10. — P. 52–56.
7. Nikolaev S. V. Productivity of cows of the Kholmogory breed with varying degrees of Holsteinization in the Komi Republic / S. V. Nikolaev, N. A. Shemuranova // Dairy and meat cattle breeding. — 2020. — № 2. — P. 19–23. DOI: 10.33943 / MMS.2020.82.49.005.
8. Dotsev A. V. Assessment of the current state of the gene pool of the Kholmogory and black-and-white cattle breeds based on genome-wide SNP analysis / A. V. Dotsev [et al.] // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. — 2018. — Issue. 22(6). — P. 742–747. DOI: 10.18699 / VJ18.418.
9. Paronyan I. A. Possibilities of preserving and improving the gene pool of cattle breeds of domestic selection // Achievements of science and technology of the agro-industrial complex. — 2018. — № 5. — P. 63–66. DOI: 10.24411 / 0235-2451-2018-10516.
10. Dunin I. M., Meshcherov R. K., Kalashnikova L. A. [and others]. Pedigree work with the Kholmogory breed of cattle // Lesnye Polyany. — Volume 33. — 2019. — 72 p.
11. Prozherin V. P. The system of selection and breeding work with the Kholmogory breed of cattle in the Arkhangelsk region for the period 2014-2019 / V. P. Prozherin, V. L. Yaluga, T. A. Rukhlova and others // Arkhangelsk. — 2014. — 122 p.
12. Prozherin V. P. Problems of preservation of domestic breeds of dairy cattle / V. P. Prozherin, V. L. Yaluga, L. A. Kalashnikova // Animal husbandry. — 2016. — № 9. — P. 2–4.
13. Sleptsov I. I. 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 [and etc.]. // Live-stock and fodder production. — 2019. — Vol. 102. — № 2. — P. 60–67.
14. Khabibrakhmanova Ya. A. Genetic polymorphism of Holstein bulls of OJSC «Krasnoyarskagrolep» based on microsatellite DNA markers / Ya. A. Khabibrakhmanova, L. A. Kalashnikova, A. I. Golubkov [and others] // Bulletin of KrasGAU. — 2019. — № 3. — P. 135–140.
15. Chasovshchikova M. A. Genetic characteristics of the Holstein breed of cattle using microsatellite DNA markers / M. A. Chasovshchikova // Bulletin of the Orenburg State Agrarian University. — 2019. — № 2(76). — P. 191–193.