



Современные подходы генетической идентификации породной принадлежности сельскохозяйственных животных (обзор)

© 2021. А. Ю. Криворучко, А. В. Скокова ✉, О. А. Яцык, А. А. Каниболоцкая
ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр»,
г. Михайловск, Российская Федерация

Для дальнейшего совершенствования породных качеств сельскохозяйственных животных необходима селекция, базирующаяся на достоверной информации о принадлежности животных к той или иной породе, что является залогом качественной селекционной работы. В связи с этим возникает необходимость поиска новых методов надежной идентификации породной принадлежности животных. В статье приведен анализ методов, основанных на достижениях современной генетики, которые используются для получения более точной информации при определении породной принадлежности животных. Дано краткое описание методов определения видовой и породной идентификации животных на основе молекулярных маркеров ДНК. Анализируются методы, основанные на изучении полиморфизма митохондриальной ДНК и микросателлитов. Особое внимание в настоящем обзоре уделено последним наиболее перспективным достижениям в области высокопроизводительных технологий генотипирования, основанных на полиморфизме единичных нуклеотидов (SNP). Анализ литературных источников показал, что каждая порода сельскохозяйственных животных характеризуется своей уникальной генетической структурой, что позволит дать объективный результат при определении породной принадлежности.

Ключевые слова: вид, порода, селекция, генетика, геномные технологии, генотипирование, молекулярные маркеры ДНК

Благодарности: работа выполнена при поддержке Минобрнауки РФ в рамках государственного задания Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» АААА-А19-119072690006-3 (тема № 0513-2019-0002).

Авторы благодарят рецензентов за их вклад в экспертную оценку этой работы.

Конфликт интересов: авторы заявили об отсутствии конфликта интересов.

Для цитирования: Криворучко А. Ю., Скокова А. В., Яцык О. А., Каниболоцкая А. А. Современные подходы генетической идентификации породной принадлежности сельскохозяйственных животных (обзор). *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2021;22(3):317-328. DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2021.22.3.317-328>

Поступила: 25.02.2021 Принята к публикации: 27.05.2021 Опубликовано онлайн: 23.06.2021

Modern approaches to the genetic identification of farm animal breeds (review)

© 2021. Alexander Y. Krivoruchko, Antonina V. Skokova ✉, Olesya A. Yatsyk, Anastasia A. Kanibolotskaya

North-Caucasus Federal Scientific Agricultural Center, Mikhailovsk, Russian Federation

To improve the breed characters of farm animals, there is the need for breeding based on reliable information about the particular breed of animals, which is the key to high-quality breeding work. In this regard, there is a need to search for new methods of reliable identification of the breed of animals. The article presents an analysis of methods based on the achievements of modern genetics, which are used to obtain more accurate information when determining the breed of animals. A brief description of methods for determining the species and breed identification of animals based on molecular DNA markers is given. Methods based on the study of polymorphism of mitochondrial DNA and microsatellites are analyzed. Special attention in this review is paid to the latest and most promising achievements in the field of high-performance genotyping technologies based on single nucleotide polymorphism (SNP). The analysis of the literature sources has shown that each breed of farm animals is characterized by its unique genetic structure, which should provide an objective result when determining the breed of the animal.

Keywords: species, breed, breeding, genetics, genomic technologies, genotyping, molecular DNA markers

Acknowledgement: the research was carried out under the support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the state assignment of the North Caucasus Federal Agrarian Research Centre АААА19-119072690006-3 (theme No. 0513-2019-0002).

The authors thank the reviewers for their contribution to the peer review of this work.

Conflict of interest: the authors stated that there was no conflict of interest.

For citation: Krivoruchko A. Y., Skokova A. V., Yatsyk O. A., Kanibolotskaya A. A. Modern approaches to the genetic identification of farm animal breeds (review). *Agrarnaya nauka Euro-Severo-Vostoka* = Agricultural Science Euro-North-East. 2021;22(3):317-328. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2021.22.3.317-328>

Received: 25.02.2021

Accepted for publication: 27.05.2021

Published online: 23.06.2021

Разведение и выращивание сельскохозяйственных животных играет важную роль в развитии человека, поскольку примерно 30 % наших общих потребностей в пище удовлетворяется за счет животноводства¹. Растущие требования к качеству продукции животноводства и ее количеству требуют от селекционеров постоянного улучшения существующих и выведения новых пород животных, отличающихся рядом уникальных свойств.

По данным Государственного племенного регистра Российской Федерации, в стране по состоянию на 23.06.2020. насчитывается 438 пород, 138 типов, 153 кросса, 164 линии домашних животных, включающих 48 видов живых организмов (млекопитающие, птицы, рыбы и насекомые). В сумме это составляет 893 структурных элемента, каждый из которых представляет собой уникальную популяцию². Наибольшее количество пород внутри вида зарегистрировано у собак – 57, далее следуют породы кур – 54, овец – 47, лошадей – 45, крупного рогатого скота – 41.

Для получения сельскохозяйственной продукции используется около 40 видов животных во всем мире. Для домашних животных (животные-компаньоны) это число колеблется от 20 до 50 видов [1].

В процессе адаптации животных к различным экологическим, хозяйственно полезным условиям и при воздействии человеческой деятельности внутри вида появляются популяции животных с определенными признаками, отличающими их от исходного вида. По экстерьерным, интерьерным параметрам и продуктивным показателям они группируются в отдельные породы. При направленном создании породы селекционеры из всего генофонда отбирали животных, имеющих необходимые для селекции качества, определяющие стандарт породы³. Отбор и подбор животных по породной принадлежности традиционно проводился на основе родословной информации и по фенотипическим признакам [2].

Однако современное состояние генетики и селекции в животноводстве показывает, что фенотипические характеристики не всегда дают полную информацию о принадлежности животных к той или иной породе. Особенно это

касается тех случаев, когда при обработке пищевых продуктов морфологические признаки удаляются и визуальная идентификация становится трудной или вообще невозможной задачей для эксперта [3]. При проведении лабораторных исследований возможность определить породный состав партии образцов, отобранных в одной популяции, может быть полезна для исключения ошибок в процессе взятия образцов или диагностики [4].

Цель обзора. На основании данных литературных источников проанализировать методы, применяемые для определения породной принадлежности животных, дать оценку текущему состоянию изучаемой проблемы и новым подходам, предлагаемым для ее решения.

Материал и методы. Материалами для аналитического обзора послужили научные труды российских и зарубежных ученых в области молекулярной генетики и селекции сельскохозяйственных животных, учебные пособия и методические издания. Поиск научных источников осуществлялся в библиографических базах, научных электронных библиотеках и поисковых системах: Web of Science (<https://apps.webofknowledge.com/>), Scopus (<https://www.scopus.com/>), eLIBRARY.RU (<http://elibrary.ru/defaultx.asp>), КиберЛенинка (<https://cyberleninka.ru/>), академия Google (<https://scholar.google.ru/>), Национальный центр биотехнологической информации (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Анализируемый научный материал для написания статьи рассматривался на английском, русском и украинском языках. Поиск информации осуществлялся с использованием следующих ключевых слов: видовая и породная идентификация животных, методы определения породной принадлежности с помощью молекулярных маркеров ДНК, высокопроизводительные методы генотипирования, основанные на SNP. При анализе литературных источников предпочтение отдавалось материалам, опубликованным в рецензируемых изданиях. Для изучения приняты публикации, изданные за последние 10 лет, а более ранние материалы рассматривались только при отсутствии информации по интересующему аспекту исследуемой темы.

¹Новицкий И. Какие потребности удовлетворяются благодаря животноводству. Сельхозпортал, животноводство. 2016. [Электронный ресурс]. URL: <https://xn--80ajgpcpbhkd4a4g.xn--p1ai/articles/kakie-potrebnosti-udovletvoryayutsya-b-2/> (дата обращения: 10.02.2021).

²Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию. Т. 2. Породы животных. М.: ФГБНУ «Росинформагротех», 2020. 229 с.

³Бажов Г. Племенное свиноводство: учеб. пособие для вузов. М., 2019. 349 с.

Основная часть. Обсуждение методов определения видовой идентификации животных. Когда определение породной принадлежности традиционными методами затруднено, возникает необходимость в более точных способах с использованием идентификации по структуре ДНК. Технологии, разработанные на основе определения молекулярных маркеров ДНК, которые представляют врожденные характеристики отдельных особей или породы, обеспечивают более точную информацию при идентификации животных, независимо от состояния морфологических признаков. Благодаря уникальным и немодифицируемым характеристикам, некоторые виды ДНК-маркеров являются мощным дополнением к системе маркировки видов и пород животных [5, 6].

Однако в определении породной принадлежности с помощью исследования ДНК существуют серьезные трудности. При этом осуществление видовой идентификации на сегодняшний день с помощью молекулярно-генетических маркеров не представляет особых проблем. В силу достаточно долгого периода формирования вида, что способствует накоплению мутаций в отдельных генах, их можно использовать как определенные «штрихкоды» для оценки межвидовых различий, даже независимо от фенотипических признаков. Для идентификации видовой принадлежности животных было предложено несколько способов, основанных, главным образом, на анализе белка и ДНК [7].

Свою высокую эффективность для выявления видового состава мяса в продуктах переработки животного происхождения показали электрофоретические, хроматографические и спектроскопические методы. Самым же быстрым, высокочувствительным и специфичным инструментом для обнаружения видового состава животных является использование аналитических методов на основе оценки полиморфизма отдельных локусов ДНК [8].

Часто используемые молекулярные маркеры (AFLP – полиморфизм длин амплифицированных фрагментов ДНК; RAPD – случайно амплифицируемая полиморфная ДНК; RFLP – полиморфизм длин рестрикционных фрагментов) успешно применяются при дифференцировании близкородственных видов в промышленности при анализе пищевых продуктов и судебной экспертизе для выявления фальсификата [9].

Такой вид исследований, как изучение ДНК-маркеров, может быть использован для определения видовой принадлежности сель-

скохозяйственных животных по образцам биоматериала. Наиболее точным методом определения видовой принадлежности животных на сегодняшний день является анализ структуры митохондриальной ДНК (мтДНК). Митохондриальные гены эволюционируют с большей скоростью, чем гены, кодирующие ядерные белки и, таким образом, содержат большее разнообразие отличающихся последовательностей, что существенно облегчает идентификацию филогенетически родственных видов [10].

Митохондриальные геномы большинства животных, за редким исключением, содержат около 37 генов: 2 – для рРНК, 13 – для белков и 22 – для синтеза тРНК. Этого более чем достаточно для выраженных отличий, даже между близкородственными видами [11]. Маркеры митохондриальной ДНК, расположенные в генах, кодирующих цитохром b (Cyt b), цитохром С оксидазу (COI), АТФ-синтазу 6 (АТР6), 12-ю субъединицу рибосомной РНК 16S и петлю смещения региона (D-петля) успешно используются для «штрих-кодирования» (barcoding) диких видов [12].

Среди молекулярных маркеров мтДНК наиболее часто используемым является ген субъединицы COI. Он имеет ряд преимуществ, таких как короткий размер нуклеотидной последовательности, широкий диапазон вариаций, готовые к использованию универсальные видоспецифические коды, долговечность существования в неизменном виде и так далее. Это точный, быстрый и недорогой подход к идентификации видов, уже широко используемый систематиками, генетиками и эволюционными биологами во всем мире [13].

Методы, основанные на мтДНК, предоставили мощные инструменты для изучения подлинности многих групп млекопитающих, птиц, бабочек, рыб, мух и т.д. [14]. Митохондриальная ДНК разрешила таксономические споры о происхождении отдельных видов животных, особенно очень близких по фенотипу. Вариация мтДНК также полезна для установления взаимоотношений между домашними видами и их дикими родственниками для выявления ареала распространения и отслеживания происхождения популяций. Анализ древней мтДНК вносит свой вклад в реконструкцию историй миграции популяций скота [15].

Последовательность мтДНК применялась для идентификации диких животных, распространенных в разных условиях обитания, таких как черный козел, обезьяна, лисица, газель. Исследователями дикой природы

использовано секвенирование мтДНК для пополнения базы данных митохондриальных генов дикой популяции яков, носорогов, диких свиней, леопардов, двугорбых верблюдов и многих других видов. С помощью маркера митохондриального гена цитохром-С-оксидазы I группой ученых были таксономически разделены разные виды диких кошек: леопардовый кот, кот джунглей и рыбная азиатская кошка [16, 17, 18, 19].

Скорость мутаций, происходящих в митохондриальной ДНК, в несколько раз выше, чем в ядерной. Это приводит к быстрому внутривидовому накоплению мутаций, однако для их появления в породе времени все равно недостаточно. В большинстве своем, мы имеем дело со сравнительно слабыми различиями в последовательности мтДНК между породами, но достаточно сильными – межвидовыми, что позволяет проводить видовой баркодинг [20]. Сохраненные и накопленные мутации генома митохондрий отражают эволюционную историю и генетическую структуру вида, но имеют ограниченное применение для определения породности [21]. В то же время, первостепенное значение в разведении и селекции животных имеет понимание истинного породного состава используемых в хозяйстве особей.

Анализ методов, применяемых для определения породной принадлежности животных. Знание породного состава той или иной популяции необходимо в различных ситуациях. Так, в Российский реестр пород включают животных с определенными биологическими особенностями и продуктивными качествами, соответствующими стандарту данной породы [22]. Подтверждение породного состава племенных животных, которые уже зарегистрированы в Госреестре, необходимо племенным организациям для проверки или идентификации регистрируемого животного во время покупки, чтобы проверить подлинность сопроводительных документов [23]. Знание породной структуры желательно и для кроссбредных групп при оценке гетерозиготности популяции, к которой принадлежит животное. На основе этого принимаются управленческие решения для реализации программ межпородного скрещивания. Помимо этого, существуют и финансовые стимулы для сохранения в чистоте некоторых редких пород из-за высокой рыночной цены на производимую ими продукцию (молоко, мясо,

шерсть). Достоверная информация о породной принадлежности таких животных важна для уверенности потребителя в подлинности продукта. Кроме того, точная оценка структуры породы отдельных групп животных имеет значение для включения в качестве корректирующего фактора при оценке межпородных генетических расстояний [24, 25].

Очень часто из-за отсутствия племенных записей в животноводческих хозяйствах породный состав большого количества животных остается неизвестным. При этом в стадах создается ситуация, когда в воспроизводственный процесс случайно вовлекаются особи, не имеющие селекционной ценности и не отвечающие стандартам породы, что может нанести значительный экономический ущерб. При отсутствии родословной информации, альтернативой определения породной чистоты животного по фенотипу так же, как и при оценке видовой принадлежности, выступают молекулярные маркеры ДНК. Однако маркеры, применяемые для видовой идентификации, не могут быть использованы при определении породной принадлежности⁴.

В первых исследованиях для оценки генетического различия между породами применяли маркеры, основанные на группах крови и белковых полиморфизмах, которые считаются маркерами I-го поколения [26]. В результате этих работ был выявлен полиморфизм эритроцитарных антигенных факторов, сывороточных белков и ферментов крови [27], с помощью которых успешно проанализированы эволюционные взаимоотношения у млекопитающих [28]. Была изучена генетическая связь между породами овец и коз, разными видами оленей, генотипами кур нескольких кроссов [29, 30], дана характеристика генетического сходства между некоторыми породами скота [31], оценены взаимоотношения между популяциями рыб [32]. Однако методы сравнения распространенности групп крови и белковых полиморфизмов не могут дать точный ответ, к какой породе принадлежит обследуемое животное. В настоящее время с помощью антигенных факторов крови подтверждается достоверность записей о происхождении племенных животных, подбираются родительские пары для получения потомства с желательными признаками, определяется генетическое сходство или различие внутри популяций [33].

⁴Федоренко В. Ф., Мишуев Н. П., Кузьмина Т. Н., Тихомиров А. И., Гуськова С. В., Свиначев И. Ю., Бекенев В. А., Колосов Ю. А., Фролова В. И., Большакова И. В. Передовые практики в отечественном племенном животноводстве: науч. аналит. обзор. М., 2018. 72 с.

По мере совершенствования генетических методов исследования для идентификации пород предлагали использовать ряд молекулярных маркеров, основанных на изучении строения цепи ДНК. Предлагалось применять RAPD-маркеры для выделения породных групп белорусского карпа [34]. Аллель-специфическая полимеразная цепная реакция (AS-PCR) рекомендовалась для этих целей у кур [35], полиморфизм длины амплифицированных фрагментов (AFLP) пробовали применять для крупного рогатого скота.

Особого внимания заслуживают методы, основанные на изучении микросателлитного состава генотипа животных. Микросателлиты (SSRs, простые повторы нуклеотидных последовательностей) используются для выявления генетического разнообразия среди различных пород скота и внутри них, поскольку они многочисленны, распределены по геному случайным образом, достаточно легки в изучении, высоко полиморфны и демонстрируют кодоминантное наследование [36]. Маркеры SSRs широко применяются для тестирования достоверности происхождения различных видов домашних животных, включая крупный рогатый скот, овец и коз, свиней, лошадей и ослов, кур и уток, кроликов, а также собак [37, 38, 39].

Перечисленные иммуногенетические и ДНК-маркеры по-прежнему применяются для идентификации породной принадлежности животных, однако, как отмечает ряд исследователей, существуют некоторые недостатки при использовании их в качестве генетических маркеров [40, 41]. Полиморфизм рассмотренных выше маркеров позволяет понять процессы происхождения и эволюции пород, но их высокая внутривидовая и межвидовая вариативность не может дать однозначный ответ, к какой конкретно породе относится животное. Это связано, в первую очередь, с принадлежностью пород к одному виду и малой генетической дистанцией между ними.

Преимущества использования SNP-микрочипов для идентификации породной принадлежности животных. Последние достижения в области высокопроизводительных технологий генотипирования привели к тому, что перспективным в популяционных исследованиях и генетическом картировании, а также при идентификации особей и пород стало применение ДНК-маркеров, основанных на полиморфизме единичных нуклеотидов (SNP), которые достаточно плотно распределены по всему геному [42]. Анализ полиморфизмов

единичных нуклеотидов успешно применяется при изучении происхождения и породной дифференциации крупного рогатого скота [43], свиней [44], овец [45], лошадей [46] и оленей [47].

Использование ДНК-биочипов позволило одновременно определять у каждой особи более миллиона SNP. Полногеномный поиск ассоциаций (GWAS) обнаруженных SNP с признаками породной принадлежности позволяет выявить аллельные варианты замен, встречающиеся у исследуемой породы и отсутствующие (или имеющие ничтожно малую частоту) у всех остальных. На основании такого исследования можно выявить совокупность (паттерн) из нескольких SNP, обнаружение которых с большой вероятностью укажет, к какой породе принадлежит то или иное животное, даже при отсутствии данных о его родословной [48].

Технология ДНК-микрочипов на сегодняшний день является наиболее подходящим методом в изучении идентификации породы. R.A. Gibbs et al. [49] предложили небольшие группы SNP, являющиеся, по их мнению, наиболее информативными для успешного определения 19 мировых пород крупного рогатого скота. Y. Suekawa et al. [50] разработали маркерную панель SNP для дифференциации между японской и американской популяциями крупного рогатого скота. S. Wilkinson et al. [51] также показали, что панель из 60 SNP-маркеров является минимумом, необходимым для успешной идентификации исследуемых пород крупного рогатого скота. Однако для четкого разделения близкородственных пород потребуется больше генетических маркеров – свыше 200. Исходя из результатов исследований, S. Wilkinson et al. [51] представили доказательства того, что количество SNP, требуемое для правильного отнесения особи к породе, прямо пропорционально генетической гетерогенности или однородности отобранной популяции. H. S. Cheong et al. [52] использовали 90 локусов SNP для породной дифференциации 1602 особей крупного рогатого скота аборигенной корейской породы и других пород, точность исследования составляла почти 100 %. T. A. Cooper et al. [53] в Соединенных Штатах проводили геномную оценку айрширского скота и выделили группу уникальных SNP для породы, которая может быть использована при породной идентификации биологических образцов. N. A. Zinovieva et al. [54] дифференцировали 5 российских пород

крупного рогатого скота с использованием биочипов Bovine SNP50K BeadChip.

К. А. Saravanan et al. [55] установили специфичные аллели для 10 аборигенных индийских пород крупного рогатого скота разных агроклиматических зон. При этом авторы представили тщательное исследование популяционной генетической структуры современных пород крупного рогатого скота.

Внедрение современных высокопроизводительных методов ДНК-типирования с использованием SNPs-микрочипов в практическую селекцию позволяет надежно идентифицировать как отдельные особи, так и породы сельскохозяйственных животных [56]. Проведение целенаправленного отбора и подбора с учетом SNPs-маркеров будет способствовать накоплению в популяции определенного набора генов, специфичного для каждой отдельной породы⁵.

Технология породной дифференцировки на основе определения аллелей SNP успешно применялась при исследованиях у мелкого рогатого скота. J. W. Kijas et al. [57] при изучении геномов овец определили аллели, специфичные для рогатых и безрогих пород. Т. Е. Денискова и др. [58] при проведении генотипирования четырех аборигенных российских пород овец (романовской, забайкальской тонкорунной, полугрубшерстной бурятской овцы Буубей и тувинской короткожирнохвостой) с использованием Ovine SNP50k BeadChip получили результаты, позволяющие идентифицировать происхождение указанных пород. Mateus et al. [59] с помощью выявления однонуклеотидных полиморфизмов успешно идентифицировали 21 популяцию овец из пяти различных географических областей. Dimauro et al. [60], используя две отдельные панели SNP, генотипировали различные породы овец из Италии и Словении, которые затем были дифференцированы по породной принадлежности. Как правило, панели из 15-30 маркеров обеспечивают достоверные показатели внутривидового разнообразия и используются для сравнения пород с помощью кластерных подходов, анализа основных координат или филогенетических реконструкций [61].

Q. Wu et al. [62] использовали семь полиморфных SNP для проверки происхождения ягнят в разных регионах Китая. Их результаты показали, что вероятность одного и того же генотипа у двух случайных особей ничтожно мала (0,185 %). Используя BeadChip

Ovine-SNP50k средней плотности, S. Michailidou et al. [63] оценили генетическое разнообразие трех распространенных греческих пород овец (Хиос, Карагунико и Буцко) и идентифицировали SNP-маркеры для панели, которая может быть применена при определении породы. Т. Е. Deniskova et al. [64] с помощью ДНК-чипа генотипировали 25 российских пород овец, что позволило провести их разделение на три кластера по типу шерсти. Авторы также выявили главный фактор, характерный кластеру с грубой шерстью, это тип хвоста, по которому короткохвостая романовская порода четко дифференцировалась от других жирнохвостых пород овец.

Появление в 2014 году BeadChip Goat SNP50 изменило глубину геномных исследований у шести пород коз [65]. Это оказалось возможным благодаря надежности микрочипа, автоматическому определению аллелей и высокой разрешающей способности для исследования генома козы. Этот SNP-чип использовался для изучения генетического разнообразия и структуры местных пород коз в различных странах, таких как Италия, Испания, Южная Африка, Эфиопия и Австралия [66].

S. Michailidou et al. [67] с помощью BeadChip Goat SNP50 дали характеристику генетического разнообразия и популяционной структуры греческих пород коз с использованием ~60 тыс. SNP. Результаты их исследования показали, что две коренные породы коз демонстрируют высокий уровень генетического разнообразия, который может быть использован для дальнейшей селекции при разработке и реализации схем скрещивания.

Z. Wang et al. [68], H. Jeong et al. [69] исследовали полные геномы свиней разных пород и выявили следы отбора, характеризующие каждую породу в отдельности. М. Muñoz et al. [70] оценили геномное разнообразие 20 европейских пород свиней и небольшой выборки диких свиней в Испании на основе чипов высокой плотности SNP. Всего было проанализировано 992 образца ДНК с помощью чипа для генотипирования свиней Genomic Profiler (GGP) 70 K HD Porcine Chip. Результаты подчеркнули генетическую близость между некоторыми из этих одомашненных пород и их дикими предками, а также четкие породные особенности некоторых других.

⁵Селионова М. И., Чижова Л. Н., Михайленко А. К. и др. Система комплексной оценки генетического потенциала племенных животных: методические рекомендации. Ставрополь, 2015. 50 с.

C. Pertoldi et al. [71] в своих исследованиях представили результаты генетической характеристики 5 датских пород собак, генотипированных на микрочипе CanineHD BeadChip с 170 000 SNP. Авторы выявили четкую генетическую дифференциацию между изучаемыми породами собак и генетическую однородность внутри пород. A. Tkaczyk et al. [72] предложили решение для идентификации породы собак, а именно применение специфичных для породы паттернов SNP. Анализ выявил наличие уже известных SNPs в различных конфигурациях в зависимости от породы. Были выявлены два SNP-паттерна, специфичных для собак породы доберман и немецкая овчарка. Они были обнаружены у большинства собак этих пород (у 94 % доберманов и 73 % немецких овчарок). Определение породоспецифичных паттернов SNP вместе с оценкой вероятности их присутствия в данной породе может использоваться для точной идентификации породной принадлежности.

Эти исследования показали, что генетическая структура каждой отдельной породы характеризуется набором уникальных аллельных комбинаций, выявление которых позволит создать информативную базу данных определенных SNP, способную объективно идентифицировать породную принадлежность животных.

Заключение. Анализ литературных данных позволяет отметить, что современные методы молекулярной генетики весьма результативны при индивидуальной идентификации и дифференциации пород, контроле качества продуктов животноводства и продуктов питания, создании генетических паспортов пород, линий, выдающихся семейств и т. п.

В настоящее время все большее применение при определении породной принадлежности сельскохозяйственных животных находят ДНК-маркеры, использование которых совместно с «традиционным» зоотехническим

учетом будет способствовать получению более достоверной информации о породном происхождении.

Технология генотипирования животных уже зарекомендовала себя как точный достоверный метод и продолжает набирать популярность по мере усовершенствования генетических исследований. Различные молекулярные маркеры применялись и ранее для идентификации пород среди различных видов сельскохозяйственных животных. К ним относятся группы крови и белковый полиморфизм, AFLP – полиморфизм длин амплифицированных фрагментов ДНК, RAPD – случайно амплифицируемая полиморфная ДНК, RFLP – полиморфизм длин рестриционных фрагментов, SSRs – микросателлиты. Но развитие современных высокопроизводительных технологий генотипирования привело к созданию микрочипов, позволяющих одновременно идентифицировать миллионы ДНК-маркеров, таких как однонуклеотидные полиморфизмы (SNP).

Перспективы применения технологии микрочипов для практической селекции, несмотря на высокую стоимость, достаточно велики. Исследования зарубежных и отечественных ученых, основанные на данных с ДНК-чипов для различных видов и пород животных, свидетельствуют о том, что их использование позволяет идентифицировать не только породные группы, но и отдельные особи.

Вместе с тем имеется еще целый ряд нерешенных задач, связанных с внедрением молекулярно-генетических методов породной идентификации. В первую очередь, это удешевление применяемых технологий. Тогда будет возможно их массовое использование при генетической паспортизации поголовья и организации четкого генетического учета на государственном уровне.

References

1. Larson G., Piperno D. R., Allaby R. G., Purugganan M. D., Andersson L., Arroyo-Kalin M. et al. Current perspectives and the future of domestication studies. *Animal Domestication: A Brief Overview. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America.* 2014;111(17):6139-6146. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.1323964111>
2. Bovo S., Ribani A., Muñoz M., Alves E., Araujo J. P., Bozzi R. et al. Whole-genome sequencing of European autochthonous and commercial pig breeds allows the detection of signatures of selection for adaptation of genetic resources to different breeding and production systems. *Genetics Selection Evolution.* 2020;52(1):1-19. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00553-7>
3. Muñoz-Colmenero M., Blanco O., Arias V., Martínez J. L., García-Vázquez E. DNA authentication of fish products reveals mislabeling associated with seafood processing. *Fisheries.* 2016;41(3):128-138. DOI: <https://doi.org/10.1080/03632415.2015.1132706>

4. Naaum A., Hanner R. Seafood Authenticity and Traceability: A DNA-based Perspective. Academic Press. 2016. 198 p.
5. Lo Y. T., Shaw P. C. DNA-based techniques for authentication of processed food and food supplements. *Food Chem.* 2018;240:767-774. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2017.08.022>
6. Xing R. R., Hu R. R., Han J. X., Deng T. T., Chen Y. DNA barcoding and mini-barcoding in authenticating processed animal-derived food: A case study involving the Chinese market. *Food chemistry.* 2020;309:125653. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.125653>
7. Palumbo F., Scariolo F., Vannozzi A., Barcaccia G. NGS-based barcoding with mini-COI gene target is useful for pet food market surveys aimed at mislabelling detection. *Scientific reports.* 2020;10:17767. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-74918-9>
8. Matthes N., Pietsch K., Rullmann A., Näumann G., Pöpping B., Szabo K. The Barcoding Table of Animal Species (BaTAnS): a new tool to select appropriate methods for animal species identification using DNA barcoding. *Molecular Biology Reports.* 2020;47:6457-6461. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11033-020-05675-1>
9. Zia Q., Alawami M., Mokhtar N. F. K., Nhari R. M. H. R. Hanish I. Current analytical methods for porcine identification in meat and meat products. *Food chemistry.* 2020;324:126664. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.126664>
10. Girish P. S., Anjaneyulu A. S. R., Viswas K. N., Shivakumar B. M., Anand M., Patel M., Sharma B. Meat species identification by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) of mitochondrial 12S rRNA gene. *Meat science.* 2005;70(1):107-112. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2004.12.004>
11. Torres T. E., Castillo V. P., Calderón A. B. Molecular identification of Diptera of forensic importance with the gene (COI Barcode), La Paz Bolivia. *Medicina Legal de Costa Rica.* 2020;37(2):93-101.
12. Yang C., Lv Q., Zhang A. Sixteen Years of DNA Barcoding in China: What Has Been Done? What Can Be Done? *Frontiers in Ecology and Evolution.* 2020;8:57. DOI: <https://doi.org/10.3389/fevo.2020.00057>
13. Mitra I., Roy S., Haque I. Application of molecular markers in wildlife DNA forensic investigations. *Journal Forensic Science Medicine.* 2018;(4):156-160.
14. Abbas G., Nadeem A., Javed M., Ali M. M., Aqeel M., Babar M. E. et al. Mitochondrial cytochrome-b, cytochrome-c and D-loop region based phylogenetic and diversity analysis in blackbuck (*Antilope cervicapra*). *Kafkas University Vet Fak Derg.* 2020;26(1):25-31. DOI: <https://doi.org/10.9775/kvfd.2019.22108>
15. Zhang Y., Wu Q., Yang L., Chen X., Wang C., Zhang Y. et al. Characterization of the complete mitochondrial genome sequence of golden wild yak and revealed its phylogenetic relationship with 9 yak subspecies. *Mitochondrial DNA Part B.* 2019;4(1):660-661. DOI: <https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1568215>
16. Green M. E., Appleyard S. A., White W., Tracey S., Devloo-Delva F., Ovenden J. R. Novel multimarker comparisons address the genetic population structure of silvertip sharks (*Carcharhinus albimarginatus*). *Marine and Freshwater Research.* 2019;70(7):1007-1019. DOI: <https://doi.org/10.1071/MF18296>
17. Pratt E. A., Beheregaray L. B., Bilgmann K., Zanardo N., Diaz-Aguirre F., Möller L. M. Hierarchical metapopulation structure in a highly mobile marine predator: the southern Australian coastal bottlenose dolphin (*Tursiops cf. australis*). *Conservation Genetics.* 2018;19:637-654. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10592-017-1043-6>
18. Detwiler K. M. Mitochondrial DNA analyses of *Cercopithecus* monkeys reveal a localised hybrid origin for *C. mitis doggetti* in Gombe National Park, Tanzania. *International Journal of Primatology.* 2019;40:28-52. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10764-018-0029-7>
19. Singh G., Sriniva Y., Kuma G. C., Sing A., Sharm C. P., Gupta S. K. Identification of selected wild felids using hair morphology and forensically informative nucleotide sequencing (FINS): Wildlife forensics prospective. *Legal Medicine.* 2020;44:101692. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.legalmed.2020.101692>
20. Монахова М. А., Горячева И. И., Кривцов Н.И. Генетическая паспортизация *Apis mellifera*. Проблемы и методы. *Пчеловодство.* 2009;(4):12-13.
Monakhova M. A., Goryacheva I. I., Krivtsov N. I. *Geneticheskaya pasportizatsiya Apis mellifera. Problemy i metody.* [Genetic certification of *Apis mellifera*. Problems and methods]. *Pchelovodstvo.* 2009;(4):12-13. (In Russ.).
21. Knaus B. J., Cronn R., Liston A., Pilgrim K., Schwartz M. K. Mitochondrial genome sequences illuminate maternal lineages of conservation concern in a rare carnivore. *BMC ecology.* 2011;11:10.
URL: <http://www.biomedcentral.com/1472-6785/11/10>
22. Лебедев И. Г., Пименов Н. В., Ломсков М. А. Порода как биотехнология. *Кролиководство и звероводство.* 2020;(3):40-44. DOI: <https://doi.org/10.24411/0023-4885-2020-10306>
Lebedev I. G., Pimenov N. V., Lomskov M. A. *Poroda kak biotekhnologiya.* [Breed as biotechnology]. *Krolikovodstvo i zverovodstvo.* 2020;(3):40-44. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.24411/0023-4885-2020-10306>
23. Улимбашев М. Б., Кулинцев В. В., Селионова М. И., Улимбашева Р. А., Абилов Б. Т., Алагирова Ж. Т. Рациональное использование генофонда ценных пород животных с целью сохранения биологического разнообразия. Юг России: экология, развитие. 2018;13(2):165-183. DOI: <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2018-2-165-183>
Ulimbashev M. B., Kulintsev V. V., Selionova M. I., Ulimbasheva R. A., Abilov B. T., Alagirova Zh. T. *Ratsional'noe ispol'zovanie genofonda tsennykh porod zhivotnykh s tsel'yu sokhraneniya biologicheskogo raznoobraziya.* [Rational management of the gene pool of valuable breeds of animals for the purpose of conservation of biological diversity]. *Yug Rossii: ekologiya, razvitiye = South of Russia: ecology, development.* 2018;13(2):165-183. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.18470/1992-1098-2018-2-165-183>

24. Akanno E. C., Chen L., Abo-Ismael M. K., Crowley J. J., Wang Z., Li C. et al. Genomic prediction of breed composition and heterosis effects in Angus, Charolais, and Hereford crosses using 50K genotypes. *Canadian J Anim Sci.* 2017;97(3):431-438. DOI: <https://doi.org/10.1139/cjas-2016-0124>
25. Szemethy D., Mihalik B., Frank K., Nagy T., Újváry D., Kusza S. et al. Development of Wild Boar Species-Specific DNA Markers for a Potential Quality Control and Traceability Method in Meat Products. *Food Analytical Methods.* 2021;14:18-27. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12161-020-01840-1>
26. Столповский Ю. А. Популяционно-генетические основы сохранения генофондов domesticiрованных видов животных. *Вавиловский журнал генетики и селекции.* 2013;17(4-2):900-915. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=21170051>
- Stolpovskiy Yu. A. *Populyatsionno-geneticheskie osnovy sokhraneniya genofondov domestitsirovannykh vidov zhyvotnykh.* [Population-genetic bases of conservation of gene pools of domesticated animal species]. *Vavilovskiy zhurnal genetiki i seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding.* 2013;17(4-2): 900-915. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=21170051>
27. Ольховская Л. В., Дегтярев Д. Ю., Криворучко С. В. Сравнительный анализ фенотипического состава полиморфных белковых и ферментных систем крови овец разного направления продуктивности. Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. 2014;(2):44-46. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=21249329>
- Ol'khovskaya L. V., Degtyarev D. Yu., Krivoruchko S. V. *Sravnitel'nyy analiz fenotipicheskogo sostava polimorfnykh belkovykh i fermentnykh sistem krovi ovets raznogo napravleniya produktivnosti.* [Comparative analysis of phenotypic polymorphic protein and enzyme systems of the sheep blood of different productivity directions]. *Doklady Rossiyskoy akademii sel'skokhozyaystvennykh nauk.* 2014;(2):44-46. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=21249329>
28. Diyaware M. Y., Ahmed A. B., Akinyemi A. A., Suleiman S. B. Haemoglobin polymorphism in wild and cultured African catfish (*Clarias gariepinus* Burchell, 1822). *Ife Journal of Science.* 2017;19(2):293-301. DOI: <https://doi.org/10.4314/ijss.v19i2.9>
29. Паскевич Г. А., Ковальський Ю. В., Сахацький Н. І. Генетическая структура кроссов яичных кур и их хозяйственно-полезные качества. Науковий вісник Львівського національного університету ветеринарної медицини та біотехнологій імені С. З. Гжицького. 2016;(65)1-3. URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=25996832>
- Paskevich G. A., Koval'skiy Yu. V., Sakhats'kiy N. I. *Geneticheskaya struktura krossov yaichnykh kur i ikh khozyaystvenno-poleznye kachestva.* [The genetic structure of egg chicken crosses and their economic benefits]. *Naukoviy visnik L'viv's'kogo natsional'nogo universitetu veterinarnoi meditsini ta biotekhnologiy imeni S. Z. Izhits'kogo.* 2016;(65)1-3. (In Ukraine). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=25996832>
30. Flueck W. T., Smith-Flueck J. A. M. Blood proteins of red deer introduced to Patagonia: genetic origins and variability. *Animal Production Science.* 2011;51(4):359-364.
31. Дубовскова М. П., Колпаков В. И., Ворожейкин А. М., Киц Е. А. Формирование генеалогической структуры герефордов по гено- и фенотипическим признакам. *Животноводство и кормопроизводство.* 2017;(2(98)):30-38. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=29408330>
- Dubovskova M. P., Kolpakov V. I., Vorozheykin A. M., Kits E. A. *Formirovanie genealogicheskoy struktury gerefordov po geno- i fenotipicheskim priznakam.* [Formation of the genealogy structure of Hereford by genotypes and phenotypic characters]. *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo = Herald of Beef Cattle Breeding.* 2017;(2(98)):30-38. (In Russ.). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=29408330>
32. Мариуца А. Э. Исследование генетической структуры карпов при использовании генетико-биохимических систем. Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. 2018;(21-1):123-127. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=35199515>
- Mariutsa A. E. *Issledovanie geneticheskoy struktury karpov pri ispol'zovanii genetiko-biokhimeskikh sistem.* [Study of the genetic structure of carp using genetic and biochemical systems]. *Aktual'nye problemy intensivnogo razvitiya zhyvotnovodstva.* 2018;(21-1):123-127. (In Belarus). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=35199515>
33. Гонтов М. Е., Кольцов Д. Н. Молочная продуктивность и гетерогенность в EAB, EAF локусах бурого швицкого скота. *Аграрный научный журнал.* 2020;(6):53-58. DOI: <https://doi.org/10.28983/asj.y2020i6pp53-58>
- Gontov M. E., Kol'tsov D. N. *Molochnaya produktivnost' i getegogenost' v EAB, EAF lokusakh burogo shvitskogo skota.* [Milk productivity and heterogeneity in EAB, EAF loci of brown swiss cattle]. *Agrarnyy nauchnyy zhurnal = The Agrarian Scientific Journal.* 2020;(6):53-58. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.28983/asj.y2020i6pp53-58>
34. Дромашко С., Конева О. Генетическая паспортизация пород белорусского карпа. *Наука и инновации.* 2010;(11(93)):36-40. Режим доступа: <https://elibrary.ru/item.asp?id=28434351>
- Dromashko S., Koneva O. *Geneticheskaya pasportizatsiya porod belorusskogo karpa.* [Genetic certification of carp breeds of the belarusian]. *Nauka i innovatsii = The Science and Innovations.* 2010;(11(93)):36-40. (In Belarus). URL: <https://elibrary.ru/item.asp?id=28434351>
35. Кулибаба Р. А., Ляшенко Ю. В., Юрко П. С. Генетическая дифференциация пород кур украинской селекции с использованием различных типов молекулярно-генетических маркеров. *Сельскохозяйственная биология.* 2018;53(2):282-292. DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2018.2.282rus>
- Kulibaba R. A., Lyashenko Yu. V., Yurko P. S. *Geneticheskaya differentsiatsiya porod kur ukrainskoy seleksii s ispol'zovaniem razlichnykh tipov molekulyarno-geneticheskikh markerov.* [Genetic differentiation of ukrainian chicken breeds using various types of molecular genetic markers]. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural biology.* 2018;53(2):282-292. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2018.2.282rus>

36. Demir E., Balcioglu M. S. Genetic diversity and population structure of four cattle breeds raised in Turkey using microsatellite markers. *Czech Journal of Animal Science*. 2019;64(10):411-419. DOI: <https://doi.org/10.17221/62/2019-CJAS>
37. Волкова В. В., Романенкова О. С., Костюнина О. В., Зиновьева Н. А. Характеристика аллелофонда региональных популяций холмогорской породы крупного рогатого скота с использованием STR-маркеров. Генетика – фундаментальная основа инноваций в медицине и селекции: мат-лы VIII научн.-практ. конф. с междунар. участием. Ростов-на-Дону, Таганрог, 2019. С. 210-211.
- Volkova V. V., Romanenkova O. S., Kostyunina O. V., Zinov'eva N. A. *Kharakteristika allelofonda regional'nykh populyatsiy kholmogorskoj porody krupnogo rogatogo skota s ispol'zovaniem STR-markerov*. [Characteristics of the allele fund of regional populations of the Kholmogorsky breed of cattle using STR-markers]. *Genetika – fundamental'naya osnova innovatsiy v meditsine i selektsii: mat-ly VIII nauchn.-prakt. Konf. s mezhdunarod. uchastiem*. [Genetics is the fundamental basis of innovations in medicine and breeding: Proceedings of the VIIIth scientific and practical Conf. with the International participation]. Rostov-na-Donu, Taganrog, 2019. pp. 210-211.
38. Харзинова В. Р., Зиновьева Н. А. Анализ генетического разнообразия пород свиней с использованием микросателлитных маркеров. Биотехнология в растениеводстве, животноводстве и сельскохозяйственной микробиологии: сб. тез. докладов 20-й Всерос. конф. молодых учёных, посвященной памяти академика РАСХН Георгия Сергеевича Муромцева. М., 2020. С. 139-141.
- Kharzinova V. R., Zinov'eva N. A. *Analiz geneticheskogo raznoobraziya porod sviney s ispol'zovaniem mikrosatelitnykh markerov*. [Analysis of genetic diversity of pig breeds using microsatellite markers]. *Biotehnologiya v rastenievodstve, zhivotnovodstve i sel'skokhozyaystvennoy mikrobiologii: sb. tez. dokladov 20-y Vseros. konf. molodykh uchenykh, posvyashchennoy pamyati akademika RASKhN Georgiya Sergeevicha Muromtseva*. [Biotechnology in Crop Production, Animal Husbandry and Agricultural Microbiology: collection of reports of the 20th All-Russian Conference of Young Scientists dedicated to the memory of Academician of the Russian Academy of Agricultural Sciences Georgy Muromtsev]. Moscow, 2020. pp. 139-141.
39. Karsli B. A., Demir E., Fidan H. G., Karsli T. Assessment of genetic diversity and differentiation among four indigenous Turkish sheep breeds using microsatellites. *Archives Animal Breeding*. 2020;63(1):165-172. DOI: <https://doi.org/10.5194/aab-63-165-2020>
40. Денискова Т. Е., Сермягин А. А., Багиров В. А., Охлопков И. М., Гладырь Е. А., Иванов Р. В., Зиновьева Н. А. Сравнительное исследование информативности STR и SNP маркеров для внутривидовой и межвидовой дифференциации рода Ovis. *Генетика*. 2016;52(1):90-96. DOI: <https://doi.org/10.7868/S0016675816010021>
- Deniskova T. E., Sermyagin A. A., Bagirov V. A., Okhlopov I. M., Gladyr' E. A., Ivanov R. V., Zinov'eva N. A. *Sravnitel'noe issledovanie informativnosti STR i SNP markerov dlya vnutrividovoy i mezhhvidovoy differentsiatsii roda Ovis*. [Comparative analysis of the effectiveness of STR and SNP markers for intraspecific and interspecific differentiation of the genus Ovis]. *Genetika = Russian Journal of Genetics*. 2016;52(1),90-96. DOI: <https://doi.org/10.7868/S0016675816010021>
41. Зиновьева Н. А., Сермягин А. А., Доцев А. В., Боронетская О. И., Петрикеева Л. В., Абдельманова А. С. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота - миниобзор. *Сельскохозяйственная биология*. 2019;54(4):631-641. DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.4.631rus>
- Zinov'eva N. A., Sermyagin A. A., Dotsev A. V., Boronetskaya O. I., Petrikeeva L. V., Abdel'manova A.S. *Geneticheskie resursy zhivotnykh: razvitie issledovaniy allelofonda rossiyskikh porod krupnogo rogatogo skota-miniobzor*. [Animal genetic resources: developing the research of allele pool of russian cattle breeds – minireview]. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural biology*. 2019;54(4):631-641. (IN Russ.). DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.4.631rus>
42. Rujirawat T., Sridapan T., Lohnoo T., Yingyong W., Kumsang Y., Sae-Chew P., Krajaejun T. Single nucleotide polymorphism-based multiplex PCR for identification and genotyping of the oomycete *Pythium insidiosum* from humans, animals and the environment. *Infection, Genetics and Evolution*. 2017;54:429-436. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2017.08.004>
43. Panetto J. C. D. C., Machado M. A., da Silva M. V. G., Barbosa R. S., dos Santos G. G., de MH Leite R., Peixoto M. G. C. Parentage assignment using SNP markers, inbreeding and population size for the Brazilian Red Sindhi cattle. *Livestock Science*. 2017;204:33-38. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2017.08.008>
44. Diao S., Huang S., Xu Z., Ye S., Yuan X., Chen Z., Li J. Genetic diversity of indigenous pigs from South China area revealed by SNP array. *Animals*. 2019;9(6):361. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani9060361>
45. Brito L. F., McEwan J. C., Miller S.P., Pickering N. K., Bain W. E., Dodds K. G., Clarke S.M. Genetic diversity of a New Zealand multi-breed sheep population and composite breeds' history revealed by a high-density SNP chip. *BMC genetics*. 2017;18(1):25. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12863-017-0492-8>
46. Tozaki T., Kikuchi M., Kakoi H., Hirota K., Nagata S., Yamashita D., Petersen J. L. Genetic diversity and relationships among native Japanese horse breeds, the Japanese Thoroughbred and horses outside of Japan using genome-wide SNP data. *Animal genetics*. 2019;50(5):449-459. DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12819>
47. Kharzinova V.R., Dotsev A.V., Solovieva A., Wimmers K., Reyer H., Brem G., & Zinovieva N.A. PSVIII-23 High-density SNP marker based genetic diversity and population structure study of reindeer populations. *Journal of Animal Science*. 2019;97(3):265-266. DOI: <https://doi.org/10.1093/jas/skz258.540>
48. Bansal V, Libiger O. Fast individual ancestry inference from DNA sequence data leveraging allele frequencies for multiple populations. *BMC Bioinformatics*. 2015;16:4. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12859-014-0418-7>

49. Gibbs R. A., Taylor J. F., Van Tassel C. P., Barendse W., Eversole K. A. et al. Genome-wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. *Science*. 2009;324(5926):528-532. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1167936>
50. Suekawa Y., Aihara H., Araki M., Hosokawa D., Mannen H., Sasazaki S. Development of breed identification markers based on a bovine 50K SNP array. *Meat science*. 2010;85(2):285-288. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.01.015>
51. Wilkinson S., Wiener P., Archibald A. L., Law A., Schnabel R. D., McKay S. D., Ogden R. Evaluation of approaches for identifying population informative markers from high density SNP chips. *BMC genetics*. 2011;12(1):45.
52. Cheong H. S., Kim L. H., Namgoong S., Shin H. D. Development of discrimination SNP markers for Hanwoo (Korean native cattle). *Meat science*. 2013;94(3):355-359. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2013.03.014>
53. Cooper T. A., Wiggins G. R., Null D. J., Hutchison J. L., Cole J. B. Genomic evaluation, breed identification, and discovery of a haplotype affecting fertility for Ayrshire dairy cattle. *Journal of dairy science*. 2014;97(6):3878-3882. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7427>
54. Зиновьева Н. А., Доцев А. В., Сермягин А. А., Виммерс К., Рейер Х., Солкнер Й., Денискова Т. Е., Брем Г. Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород крупного рогатого скота с использованием полногеномного анализа SNP. *Сельскохозяйственная биология*. 2016;51(6):788-800. DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2016.6.788rus>
- Zinovieva N. A., Dotsev A. V., Sermyagin A. A., Vimmers K., Rejer H., Solkner J., Brem G. *Izuchenie genicheskogo raznoobraziya i populyatsionnoy struktury rossiyskikh porod krupnogo rogatogo skota s impol'zovaniem polnogenomnogo analiza SNP*. [Study of genetic diversity and population structure of Russian cattle breeds using whole-genome SNP analysis]. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural biology*. 2016;51(6):788-800. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2016.6.788rus>
55. Saravanan K. A., Panigrahi M., Kumar H., Parida S., Bhushan B., Gaur G. K. et al. Genome-wide assessment of genetic diversity, linkage disequilibrium and haplotype block structure in Tharparkar cattle breed of India. *Animal Biotechnology*. 2020;1-15.
56. Gärke C., Ytournal F., Bed'hom B., Gut I., Lathrop M., Weigend S., Simianer H. Comparison of SNPs and microsatellites for assessing the genetic structure of chicken populations. *Animal Genetics*. 2012;43(4):419-428. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02284.x>
57. Kijas J. W., Lenstra J. A., Hayes B., Boitard S., Porto Neto L. R., San Cristobal M. et al. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. *PLoS Biol*. 2012;10(2):e1001258. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258>
58. Денискова Т. Е., Доцев А. В., Гладырь Е. А., Сермягина А. А., Багиров В. А., Хомподоева У. В., Ильин А. Н., Брем Г., Зиновьева Н. А. Валидация панели SNP-маркеров для контроля происхождения локальных российских пород овец. *Сельскохозяйственная биология*. 2015;50(6):746-755. DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2015.6.746rus>
- Deniskova T. E., Dotsev A. V., Gladyr' E. A., Sermyagin A. A., Bagirov V. A., Khompodoeva U. V., Il'in A. N., Brem G., Zinov'eva N. A. *Validatsiya paneli SNP-markerov dlya kontrolya proiskhozhdeniya lokal'nykh rossiyskikh porod ovets*. [Validation of the SNP panel for parentage assignment in local russian sheep breeds]. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural Biology*. 2015;50(6):746-755. (In Russ.). DOI: <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2015.6.746rus>
59. Mateus J. C., Russo-Almeida P. A. Traceability of 9 Portuguese cattle breeds with PDO products in the market using microsatellites. *Food Control*. 2015;47:487-492. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2014.07.038>
60. Dimauro C., Nicoloso L., Cellesi M., Macciotta N. P. P., Ciani E., Moioli B., Crepaldi P. Selection of discriminant SNP markers for breed and geographic assignment of Italian sheep. *Small Ruminant Research*. 2015;128:27-33. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.05.001>
61. Groeneveld L. F., Lenstra J. A., Eding H., Toro M. A., Scherf B., Pilling D., Negrini R., Finlay E. K., Jianlin H., Groeneveld E., Weigend S. The GLOBALDIV Consortium Genetic diversity in farm animals—a review. *Animal Genetics*. 2010;41(s1):6-31. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x>
62. Wu Q., Zhou G., Yang S., Abulikemu B. T., Luo R., Zhang Y., Li X., Xu X., Li C. SNP genotyping in sheep from northwest and east China for meat traceability. *Journal of Consumer Protection and Food Safety*. 2017;12(2):125-130. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00003-017-1092-2>
63. Michailidou S., Tsangaris G., Fthenakis G. C., Tzora A., Skoufos I., Karkabounas S. C., Arsenos G. Genomic diversity and population structure of three autochthonous Greek sheep breeds assessed with genome-wide DNA arrays. *Molecular Genetics and Genomics*. 2018;293(3):753-768. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00438-018-1421-x>
64. Deniskova T. E., Dotsev A. V., Selionova M. I., Kunz E., Medugorac I., Reyer H., Zinovieva N. A. Population structure and genetic diversity of 25 Russian sheep breeds based on whole-genome genotyping. *Genetics Selection Evolution*. 2018;50(1):1-16.
65. Ajmone-Marsan P., Colli L., Han J. L., Achilli A., Lancioni H., Joost S. et al. The characterization of goat genetic diversity: Towards a genomic approach. *Small Ruminant Research*. 2014;121(1):58-72. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2014.06.010>
66. Tosser-Klopp G., Bardou P., Bouchez O., Cabau C., Crooijmans R., Dong Y. et al. Design and characterization of a 52K SNP chip for goats. *PloS one*. 2014;9(1):e86227. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0086227>
67. Michailidou S., Tsangaris G. T., Tzora A., Skoufos I., Banos G., Argiriou A., Arsenos G. Analysis of genome-wide DNA arrays reveals the genomic population structure and diversity in autochthonous Greek goat breeds. *PloS one*. 2019;14(12):e0226179. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226179>

68. Wang Z., Chen Q., Yang Y., Yang H., He P., Zhang Z., Pan Y. A genome-wide scan for selection signatures in Yorkshire and Landrace pigs based on sequencing data. *Animal genetics*. 2014;45(6):808-816. DOI: <https://doi.org/10.1111/age.12229>

69. Jeong H., Song K. D., Seo M., Caetano-Anollés K., Kim Ja., Kwak W. et al. Exploring evidence of positive selection reveals genetic basis of meat quality traits in Berkshire pigs through whole genome sequencing. *BMC Genet*. 2015;(16):104. DOI: <https://sci-hub.do/10.1186/s12863-015-0265-1>

70. Muñoz M., Bozzi R., García-Casco J., Núñez Y., Ribani A., Franci O. et al. Genomic diversity, linkage disequilibrium and selection signatures in European local pig breeds assessed with a high density SNP chip. *Scientific reports*. 2019;9(1):13546. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-019-49830-6>

71. Pertoldi C., Kristensen T. N., Loeschke V., Berg P., Praebel A., Stronen A. V., Fredholm M., Proschowsky H. F., Fredholm M. Characterization of the genetic profile of five Danish dog breeds. *Journal of animal science*. 2013;91(11):5122-5127. DOI: <https://doi.org/10.2527/jas.2013-6617>

72. Tkaczyk A., Kowal K., Slaska B. Mitochondrial D-loop informative SNPs in identification of dog's breed. *Medycyna Weterynaryjna*. 2020;76(6):341-344. DOI: <https://doi.org/10.21521/mw.6394>

Сведения об авторах

Криворучко Александр Юрьевич, доктор биол. наук, главный научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, ВНИИОК – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ», ул. Никонова, 49, г. Михайловск, Ставропольский край, Российская Федерация, 356241,

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0130-3639>

✉ **Скокова Антонина Владимировна**, кандидат биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, ВНИИОК – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ», ул. Никонова, 49, г. Михайловск, Ставропольский край, Российская Федерация, 356241,

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2193-7498>, e-mail: antoninaskokova@mail.ru

Яцык Олеся Андреевна, кандидат биол. наук, научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, ВНИИОК – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ», ул. Никонова, 49, г. Михайловск, Ставропольский край, Российская Федерация, 356241,

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2730-2482>

Каниболоцкая Анастасия Александровна, кандидат биол. наук, научный сотрудник лаборатории геномной селекции и репродуктивной криобиологии в животноводстве, ВНИИОК – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ», ул. Никонова, 49, г. Михайловск, Ставропольский край, Российская Федерация, 356241,

ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3003-4175>

Information about the authors

Alexander Y. Krivoruchko, DSc in Biology, chief researcher, the Laboratory of Genomic Selection and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, North-Caucasus Federal Scientific Agricultural Center, Nikonov str., 49, Mikhailovsk, Stavropol Territory, Russian Federation, 356241, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-0130-3639>

✉ **Antonina V. Skokova**, PhD in Biology, senior researcher, the Laboratory of Genomic Selection and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, North-Caucasus Federal Scientific Agricultural Center, Nikonov str., 49, Mikhailovsk, Stavropol Territory, Russian Federation, 356241, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0002-2193-7498>, e-mail: antoninaskokova@mail.ru

Olesya A. Yatsyk, PhD in Biology, researcher, the Laboratory of Genomic Selection and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, North-Caucasus Federal Scientific Agricultural Center, Nikonov str., 49, Mikhailovsk, Stavropol Territory, Russian Federation, 356241, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-2730-2482>

Anastasia A. Kanibolotskaya, PhD in Biology, researcher, the Laboratory of Genomic Selection and Reproductive Cryobiology in Animal Husbandry, North-Caucasus Federal Scientific Agricultural Center, Nikonov str., 49, Mikhailovsk, Stavropol Territory, Russian Federation, 356241, **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0003-3003-4175>

✉ – Для контактов / Corresponding author