

УДК 636.082.11:636.22/.28.082.13(571.56)

DOI: 10.33284/2658-3135-102-2-60

Полиморфизм 15 микросателлитных локусов ДНК у крупного рогатого скота калмыцкой породы и аборигенного якутского скота, разводимых на территории Республики Саха (Якутия)

И.И. Слепцов¹, В.В. Додохов¹, Н.И. Павлова¹, Ф.Г. Каюмов²

¹ *Якутская государственная сельскохозяйственная академия (г. Якутск)*

² *Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук (г. Оренбург)*

Аннотация. В статье представлен полиморфизм микросателлитных маркеров у крупного рогатого скота из подгруппы *Bos taurus turano-mongolicus*: аборигенный якутский скот и калмыцкая порода, разводимая на территории Республики Саха (Якутия). ДНК экстрагировали из цельной крови, взятой из яремной вены, генотипирование проведено набором COrDIS Cattle по 15 локусам микросателлитов (TGLA53, TGLA126, TGLA122, TGLA227, ILST006, ETH3, ETH10, ETH225, BM1818, BM1824, BM2113, CSSM66, CSRM60, SPS115, INRA23). Всего выявлено 132 аллели, из них 122 – у калмыцкой породы крупного рогатого скота, у аборигенного якутского скота – 68 аллелей. Выявлено в среднем 4,53 аллели на локус у аборигенного якутского скота, в калмыцкой породе – 8,13. Значение наблюдаемой гетерозиготности варьировало от 0,333 в локусе BM1824 до 0,767 (ILSTS6) – у аборигенного якутского скота. По четырём локусам TGLA227, TGLA122, ETH225, BM2113 значение ожидаемой гетерозиготности было выше наблюдаемой. У крупного рогатого скота калмыцкой породы значение наблюдаемой гетерозиготности варьировало от 0,667 (ETH10, BM1824, ETH225) до 0,900 в локусе ILSTS6. Число частных аллелей у аборигенного якутского скота составило 10: TGLA227 (77), TGLA126 (119), ETH225 (154, 188), TGLA53 (158, 188), CSRM60 (106, 108), ETH10 (215, 225). Частота варьировала от 0,017 в локусе TGLA53 (188) до 0,233 в локусе ETH225 (154). Индекс фиксации составил -0,083 у аборигенного якутского скота и -0,007 – у калмыцкой породы. Генетическое расстояние по Nei составило 0,442, по Fst – 0,0088.

Ключевые слова: якутский скот, калмыцкая порода, генетическое разнообразие, гетерозиготность, генетическая дистанция, полиморфизм.

UDC 636.082.11:636.22/.28.082.13(571.56)

Polimorphism of 15 DNA microsatellite loci of Kalmyk cattle and aboriginal Yakut cattle bred on the territory of the Republic of Sakha (Yakutia)

II Sleptsov¹, VV Dodokhov¹, NI Pavlova¹, FG Kayumov²

¹ *Yakutia State Agricultural Academy (Yakutsk, Russia)*

² *Federal Research Center for Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences (Orenburg, Russia)*

Summary. This article presents polymorphism of cattle microsatellite markers from *Bostaurusturano-mongolicus* subgroup: aboriginal Yakut cattle and Kalmyk breed, bred on the territories of the Republic of Sakha (Yakutia). DNA was extracted from whole blood of jugular vein. Genotyping was conducted with COrDISCattle kit according to 15 microsatellite loci (TGLA53, TGLA126, TGLA122, TGLA227, ILST006, ETH3, ETH10, ETH225, BM1818, BM1824, BM2113, CSSM66, CSRM60, SPS115, INRA23). Totally, there are 132 alleles, from them 122 alleles are in Kalmyk breed of cattle, aboriginal Yakut cattle – 68 alleles. In average, 4.53 alleles for a loci in aboriginal Yakut cattle, 8.13 – in Kalmyk breed were revealed. Value of the observed heterozygosity ranged from 0,333 in loci BM1824 to 0,767 (ILSTS6) in aboriginal Yakut cattle. In four loci TGLA227, TGLA122, ETH225, BM2113 value of expected heterozygosity was higher than observed. In cattle of Kalmyk breed the value of observed heterozygosity ranged from 0,667 (ETH10, BM1824, ETH225) to 0.900 in loci ILSTS6. The number of private alleles in aboriginal Yakut cattle was 10: TGLA227 (77), TGLA126 (119), ETH225 (154, 188), TGLA53

(158, 188), CSRM60 (106, 108), ETH10 (215, 225). Frequency ranged from 0,017 in loci TGLA53 (188) to 0,233 in loci ETH225 (154). The fixation index is -0,083 for aboriginal Yakut cattle and -0,007 for Kalmyk breed. Nei's genetic distance is 0,442, by $F_{st} = 0,0088$.

Key words: Yakut cattle, Kalmyk breed, genetic diversity, heterozygosis, genetic distance, polymorphism.

Введение.

В настоящее время из подгруппы *Bos taurus turano-mongolicus* в «чистоте» сохранились лишь несколько пород: калмыцкий, якутский и монгольский скот (Генджиева О.Б. и Сулимова Г.Е., 2012).

В ходе модернизации животноводства крупный рогатый скот турано-монгольского корня был заменён на высокопродуктивный скот и усовершенствован путём скрещивания с заводскими породами. В исследовании Генджиевой О.Б., Сулимовой Г.Е. методом ISSR фингерпринтинга (праймеры (AG)⁹ C и (GA)⁹ C) была выявлена общность происхождения аборигенного якутского и монгольского скота, также предположено, что калмыцкий скот является более древним и сохранившим сходство с древней формой турано-монгольского скота (Генджиева О.Б. и Сулимова Г.Е., 2012).

Подгруппа *Bos taurus turano-mongolicus* по краниологическим, морфологическим и экстерьерным признакам отличается от европейского скота. Из пяти гаплогрупп мтДНК (Т, Т1, Т2, Т3, Т4), обнаруженных в существующих породах, Т и Т1 не были обнаружены у скота турано-монгольского корня (Lai SJ et al., 2006; Mannen H et al., 2004).

Аборигенный якутский скот, обитающий на территории Республики Саха (Якутия), является уникальным, обладающим совершенными механизмами адаптации, и отличается выносливостью к экстремальным условиям обитания. Это – способность потреблять и переваривать большое количество грубых кормов, устойчивость ко многим заболеваниям, присущим для других пород крупного рогатого скота (Коротков Г.П., 1966; Филиппова Н.П. и др., 2018).

До 1929 года аборигенный якутский скот на территории республики разводился «в чистоте». Завоз холмогорского скота из Архангельской области, затем симментальской породы с Сычевского госплемрассадника и дальнейшее массовое скрещивание привели к угрозе исчезновения аборигенного якутского скота. К 1960 году аборигенный якутский скот «в чистоте» остался только на севере Якутии в Эвено-Бытантайском национальном районе (старое название Саккырырский район, ликвидирован в 1963 году). В 1997 году были приняты меры по сохранению уникального генофонда в виде господдержки и создания генофондных хозяйств (Павлова Н.И., 2017).

Аборигенный якутский скот содержат в изоляции от скрещивания с другими породами, так как он, помимо высоко адаптивных свойств к резким скачкам и перепадам температур, устойчивостью к болезням, обладает высокой жирностью (в среднем 6-7 %), прекрасными вкусовыми и питательными качествами молока, а также «мраморным» мясом (Корякина Л.П., 2013). По данным Министерства сельского хозяйства Республики Саха (Якутия), поголовье аборигенного якутского скота на 1 января 2019 года составило 1901 голову, в том числе коров 742 головы.

Калмыцкая порода крупного рогатого скота является специализированной породой для получения мяса. Калмыцкий скот обладает ценными качествами: высокой мясной продуктивностью, хорошей скороспелостью, а также приспособленностью к резким климатическим условиям (Каюмов Ф.Г. и др., 2015; Shevkhuzhev AF et al., 2017). Все эти качества послужили источником при выведении других пород – казахской белоголовой и русской комолой.

С целью развития мясного скотоводства в Республику Саха (Якутия) была завезена калмыцкая порода крупного рогатого скота. Общность происхождения и уникальные качества, такие как выносливость, приспособляемость, густой волосяной покров с запасом подкожного жира, выполняющие защитную функцию (Отаров А., 2018), стали основанием для выбора этой породы в целях разведения в суровых якутских условиях.

На начало 2019 года поголовье калмыцкого скота на территории Республики Саха (Якутия) составляет 1172 голов, из них коров 439 голов.

Для улучшения адаптивных качеств к местным природно-климатическим и хозяйственным условиям и формирования базы мясного скотоводства в Республике Саха (Якутия) в настоящее время ведутся работы по скрещиванию аборигенного якутского скота и калмыцкой породы (Слепцов И.И. и др., 2017а; 2017б).

Цель исследования

Изучить полиморфизм микросателлитных локусов ДНК у крупного рогатого скота калмыцкой породы и аборигенного якутского скота, разводимых на территории Республики Саха (Якутия).

Материалы и методы исследования

Объект исследования. Аборигенный якутский скот, калмыцкая порода крупного рогатого скота.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями Russian Regulations, 1987 (Order No.755 on 12.08.1977 the USSR Ministry of Health) and «The Guide for Care and Use of Laboratory Animals (National Academy Press Washington, D.C. 1996)». При выполнении исследований были предприняты усилия, чтобы свести к минимуму страдания животных и уменьшения количества используемых образцов.

Схема эксперимента. В сравнительных молекулярно-генетических исследованиях использовали пробы ДНК 30 голов аборигенного якутского скота (Участок «Кылыс» Сахаагроплем, Горный улус, Якутия), а также ДНК 30 голов калмыцкой породы (СХПК «Сатабыл», Хангаласский улус, Якутия).

Для генотипирования у скота отбирали пробы крови из яремной вены.

ДНК экстрагировали из цельной крови набором реагентов Excell Biotech. Генотипирование проведено набором COrDIS Cattle по 15 локусам микросателлитов (TGLA53, TGLA126, TGLA122, TGLA227, ILST006, ETH3, ETH10, ETH225, BM1818, BM1824, BM2113, CSSM66, CSRM60, SPS115, INRA23).

Оборудование и технические средства. ДНК экстрагировали в лаборатории генетики и селекции сельскохозяйственных животных «Якутская государственная сельскохозяйственная академия» набором реагентов Excell Biotech (ООО «Excell Biotech Corporation», Россия). Генотипирование проводили набором COrDIS Cattle (ООО «Гордиз», Россия) по 15 локусам микросателлитов (TGLA53, TGLA126, TGLA122, TGLA227, ILST006, ETH3, ETH10, ETH225, BM1818, BM1824, BM2113, CSSM66, CSRM60, SPS115, INRA23). Анализ ДНК, постановку ПЦР и фрагменты амплификации идентифицировали на базе молекулярно-генетической лаборатории биотехнологической компании ООО «Гордиз» (г. Москва, Россия). Анализ ПЦР-продуктов проводился с использованием генетического анализатора ABI PRISM® 310/3100/3100-Avant/3130/3130XL/3500/3500XL (Applied Biosystems).

Статистическая обработка. Обработку экспериментальных данных проводили с помощью офисного программного комплекса «Microsoft Office» с применением программы «Excel» («Microsoft», США) с использованием плагина для популярного кроссплатформенного пакета для популяционного генетического анализа GeneAlex 6.51.

Результаты исследований.

Всего было выявлено 132 аллели, из них 122 – у калмыцкой породы крупного рогатого скота. У аборигенного якутского скота выявлено 68 аллелей, наибольшим числом аллелей характеризовался TGLA53 12 у калмыцкой породы и 8 – у аборигенного якутского скота.

Значение наблюдаемой гетерозиготности варьировало от 0,333 в локусе BM1824 до 0,767 (ILSTS6) у аборигенного якутского скота. По четырём локусам TGLA227, TGLA122, ETH225, BM2113 значение ожидаемой гетерозиготности было выше наблюдаемой. Следовательно, индекс фиксации по этим четырём локусам – положительный (табл. 1).

Таблица 1. Характеристика 15 микросателлитных локусов у крупного рогатого скота Якутии
Table 1. Characteristic of 15 microsatellite loci in cattle of Yakutia

Локус/ Loci	Na	Ne	Ho	He	F	Na	Ne	Ho	He	F
	якутский аборигенный скот/aboriginal Yakut cattle					калмыцкая порода/kalmyk breed				
ETH3	5,0	2,72	0,733	0,633	-0,159	9,0	4,95	0,833	0,798	-0,044
CSSM66	4,0	3,15	0,700	0,683	-0,025	8,0	6,04	0,867	0,834	-0,039
INRA23	3,0	1,75	0,533	0,429	-0,242	11,0	6,81	0,733	0,853	0,141
BM1818	2,0	1,98	0,567	0,495	-0,145	8,0	4,44	0,700	0,775	0,097
ILSTS6	6,0	3,51	0,767	0,716	-0,071	8,0	4,50	0,900	0,778	-0,157
TGLA227	6,0	3,76	0,567	0,734	0,228	10,0	5,20	0,833	0,808	-0,032
TGLA126	5,0	3,53	0,733	0,717	-0,022	5,0	3,41	0,800	0,707	-0,131
TGLA122	5,0	2,01	0,500	0,503	0,006	9,0	3,55	0,733	0,719	-0,020
SPS115	3,0	1,50	0,400	0,335	-0,194	6,0	3,26	0,833	0,694	-0,201
ETH225	5,0	3,26	0,667	0,694	0,039	6,0	3,93	0,667	0,746	0,106
TGLA53	8,0	2,29	0,633	0,565	-0,121	12,0	7,22	0,900	0,862	-0,044
CSRM60	4,0	2,24	0,667	0,554	-0,202	11,0	6,06	0,800	0,835	0,042
BM2113	5,0	3,13	0,667	0,681	0,020	9,0	6,06	0,733	0,835	0,122
BM1824	2,0	1,38	0,333	0,278	-0,200	5,0	3,57	0,667	0,720	0,074
ETH10	5,0	2,35	0,667	0,576	-0,158	5,0	2,88	0,667	0,653	-0,020

Примечание: Na – число аллелей; Ne – число эффективных аллелей; Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; F – индекс фиксации
Note: Na – number of alleles; Ne – number of effective alleles; Ho – observed heterozygosity; He – expected heterozygosity; F – fixation index

Сопоставление наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности у калмыцкой породы показывает, что шесть локусов из пятнадцати показали превышение значения ожидаемой гетерозиготности над наблюдаемой гетерозиготностью. Индекс фиксации в этих локусах варьировал от 0,042 в локусе CSRM60 до 0,122 (BM2113) и 0,141 (INRA23). Стоит отметить, что в этих локусах число аллелей составило 11 для INRA23 и CSRM60; 9, 8 аллелей – для локусов BM2113 и BM1818 соответственно. Значение наблюдаемой гетерозиготности варьировало от 0,667 (ETH10, BM1824, ETH225) до 0,900 в локусе ILSTS6.

Средние показатели генетической структуры по 15 микросателлитным локусам показаны в таблице 2. У аборигенного якутского скота выявлено в среднем 4,53 аллели на локус, тогда как у калмыцкой породы – 8,13. В среднем по изученным локусам у исследованных животных дефицита гетерозигот не обнаружено. Индекс фиксации аборигенного якутского скота составил -0,083 доли ед. и -0,007 – калмыцкой породы, т. е. в обеих исследованных группах наблюдается избыток гетерозигот.

Таблица 2. Показатели генетической структуры по 15 микросателлитным локусам
Table 2. The genetic structure indicators for 15 microsatellite loci

Генотип/Genotype	N	Na	Ne	Ho	He	F	Генетическое расстояние/ Genetic distance
Якутский аборигенный скот/ Aboriginal Yakut cattle	30	4,53	2,57	0,609	0,573	-0,083	Nei
Калмыцкая порода/ Kalmyk breed	30	8,13	4,79	0,778	0,775	-0,007	Fst 0,088

Показатели генетической дистанции по Nei и Fst (табл. 3) показывают умеренную генетическую дистанцию между исследованными животными. Генетическое расстояние по Nei составило 0,442, по Fst – 0,0088.

В таблице 3 представлены частоты встречаемости аллелей 15 микросателлитных локусов якутского аборигенного скота. Число частных аллелей составило 10 (в таблице выделено полужирным). Частота частных аллелей варьировала от 0,017 в локусе TGLA53 (188) до 0,233 в локусе ETH225 (154). Также стоит отметить, что в локусе ETH225 выявлены две частных аллели. Частота встречаемости аллели 188 составила 0,067.

Таблица 3. Полиморфизм 15 микросателлитных локусов у якутского аборигенного скота
Table 3. Polimorphism of 15 microsatellite loci in aboriginal Yakut cattle

Локус/ Loci	Аллель (bp)/ Allele (bp)/	Частота/ Fre- quency	Локус/ Loci	Ал- лель (bp)/ Allele (bp)/	Частота/ Fre- quency	Локус/ Loci	Ал- лель (bp)/ Allele (bp)/	Частота/ Fre- quency
ETH3	117	0,117	TGLA227 (продол- жение)	87	0,050	TGLA53 (продол- жение)	162	0,083
	119	0,367		93	0,017		170	0,033
	121	0,033		97	0,217		178	0,150
	125	0,017		115	0,367		180	0,017
	127	0,467		117	0,083		182	0,017
CSSM66	179	0,450	TGLA126	119	0,033	CSRM60	188	0,017
	183	0,100		121	0,200		98	0,583
	185	0,267		123	0,317		102	0,317
	187	0,183		141	0,067		106	0,050
INRA23	206	0,717	TGLA122	143	0,033	BM2113	108	0,050
	208	0,050		151	0,667		125	0,050
	214	0,233		161	0,217		133	0,067
BM1818	262	0,450	SPS115	175	0,017	BM1824	135	0,117
	266	0,550		248	0,150		137	0,433
ILSTS6	288	0,433	ETH225	256	0,800	ETH10	139	0,333
	290	0,083		260	0,050		178	0,167
	292	0,267		144	0,467		182	0,833
	294	0,050		148	0,150		215	0,033
	296	0,117		150	0,083		217	0,083
TGLA227	298	0,050	TGLA53	154	0,233	x	219	0,617
	77	0,067		188	0,067		221	0,117
	81	0,333		158	0,050		225	0,150
	83	0,317		160	0,633		x	x

В локусе INRA23 выявлено три аллели, чаще всего встречался аллель 206 с частотой 0,717. Выявлено 5 аллелей локуса TGLA122, аллель 151 встречался с частотой встречаемости 0,667. Локус с наибольшим числом аллелей TGLA53 характеризовался частотой встречаемости аллели 160 в 63,3 % случаях. Меньше всего встречались аллели 180, 182 и 188 с частотой 0,017, в том числе частота встречаемости аллели 188 п. н. В локусе CSRM60 на первом месте по частоте встречаемости расположился аллель 98 (0,583). Также в этом локусе выявлены две частных аллели 106 и 108, частота встречаемости которых составила по 0,050. Локус BM1824, показатель наблюдаемой гетерозиготности которого составила 0,333, у оценённых животных содержит 2 аллели 178 и 182. Однако частота встречаемости одного из них, аллели 182, достигла максимума и составила 0,833.

Обсуждение полученных результатов

За последние десятилетия крупномасштабная модернизация животноводства усиливает проблему сохранения генетических ресурсов. Переход из мелкомасштабного производства к крупномасштабному приводит к исчезновению местного генетического разнообразия вследствие завоза и дальнейшего разведения заводских пород.

Из 132 обнаруженных аллелей у якутского скота выявлено всего 68, тогда как у калмыцкого скота – 122 аллели (Романов П.А., 1984; Филиппова Н.П., 2018) Это может быть объяснено длительной географической изолированностью и сокращением численности чистопородного якутского скота из-за завоза заводских пород в XX веке на территорию Якутии. При этом в настоящее время поддерживается генетическая гетерогенность якутского скота, что является результатом принятых в 1997 г. мер по сохранению генофонда аборигенного якутского скота (Чугунов А.В. и Павлова А.И., 2003; Shevkhuzhev AF et al., 2017; Mannen H et al., 2004). Несмотря на то, что аборигенный якутский скот и калмыцкая порода крупного рогатого скота имеют схожие характеристики, такие как выносливость, неприхотливость и приспособляемость, генетическое расстояние между исследованными животными по Nei и Fst указывает на умеренную генетическую дистанцию. Генетическое расстояние по Nei составило 0,442, по Fst – 0,0088.

Выводы.

Результаты исследования показали, что аборигенный якутский скот и калмыцкая порода крупного рогатого скота являются источниками уникального аллелофонда. Для дальнейшего управления генетическим разнообразием необходимо широко исследовать генетическую структуру и сохранить животных в их естественной среде обитания, что является ключом к управлению и улучшению пород в будущем.

Литература

1. Генджиева О.Б., Сулимова Г.Е. Анализ взаимоотношений между породами крупного рогатого скота турано-монгольской группы на основе ДНК-полиморфизма // Актуальные вопросы ветеринарной биологии. 2012. № 2(14). С. 14-16. [Gendzhieva OB, Sulimova GE. The analysis of mutual relations between breeds of horned cattle of the turano-mongolian group on the basis of DNA polymorphism. Actual questions of veterinary biology. 2012;2(14):14-16. (In Russ)].
2. Каюмов Ф.Г., Баринов В.Э., Манджиев Н.В. Калмыцкий скот и пути его совершенствования. Оренбург: Агентство «Пресса», 2015. 158 с. [Kajumov FG, Barinov VJe, Mandzhiev NV. Kalmyckij skot i puti ego sovershenstvovaniya. Orenburg: Agentstvo «Pressa»;2015:158 p. (In Russ)].
3. Коротов Г.П. Якутский скот. (Продуктивность и биологические особенности). Якутск: Якуткнигоиздат, 1966. 168 с. [Korotov GP. Yakutskij skot. (Produktivnost' i biologicheskie osobennosti). Yakutsk: Yakutknigoizdat;1966:168 p. (In Russ).]
4. Корякина Л.П. Местные породы: аборигенный якутский скот // VetPharma Farm Animals. 2013. № 2. С. 43-47. [Koryakina LP. Local breeds: aboriginal Yakut cattle. VetPharma Farm Animals. 2013;2:43-47. (In Russ)].
5. Микросателлитный анализ якутского скота / Н.П. Филиппова, Н.И. Павлова, Л.П. Корякина и др. // Животноводство и кормопроизводство. 2018. Т. 101. № 4. С. 58-63. [Filippova NP, Pavlova NI, Koryakina LP, et al. Microsatellite analysis of Yakut cattle. Animal Husbandry and Fodder Production. 2018;101(4):58-63. (In Russ)].
6. Отаров А. Калмыцкая порода: особенности и преимущества // Животноводство России. 2018. № 2. С. 75-76. [Otarov A. Kalmyk breed: characteristics and advantages. Zhivotnovodstvo Rossii. 2018;2:75-76. (In Russ)].
7. Павлова Н.И. Вариабельность генов крупного рогатого скота Якутии и их действие на молочную продуктивность: дис. ... канд. биол. наук. Якутск, 2017. 140 с. [Pavlova NI. Variabel'nost' genov krupnogo rogatogo skota Jakutii i ih dejstvie na molochnuju produktivnost'. [dissertation] Yakutsk; 2017:140 p. (In Russ)].

8. Романов П.А. Охрана и использование генофонда якутского скота. Якутск: Кн. изд-во, 1984. 144 с. [Romanov PA. Ohrana i ispol'zovanie genofonda jakutskogo skota. Yakutsk: Kn. izd-vo;1984: 144 p. (*In Russ*)].
9. Слепцов И.И., Чугунов А.В., Ильина Е.Н. Задачи интенсификации выращивания мясного молодняка в Якутии // Достижения науки и техники АПК. 2017а. Т. 31. № 2. С. 52-54. [Sleptsov II, Chugunov AV, Ilina EN. Tasks of intensification of meat calves growing in Yakutia. Dostizhenija nauki i tehniki APK. 2017a;31(2):52-54. (*In Russ*)].
10. Слепцов И.И., Чугунов А.В., Ильина Е.Н. Основные направления развития мясного скотоводства в Якутии // Вестник мясного скотоводства. 2017б. № 4(100). С. 264-271. [Sleptsov II, Chugunov AV, Ilina EN. Main directions of beef cattle development in Yakutia. Herald of Beef Cattle Breeding. 2017б;4(100): 264-271. (*In Russ*)].
11. Чугунов А.В., Павлова А.И. Охрана генофонда местных пород животных Крайнего Севера: учебники и учеб. пособия для студентов высш. учеб. завед. М.: КолосС, 2003. 110 с. [Chugunov AV, Pavlova AI. Ohrana genofonda mestnyh porod zhivotnyh Krajnego Severa: uchebniki i ucheb. posobija dlja studentov vyssh. ucheb. zaved. Moscow: KolosS;2003:110 p.
12. Lai SJ, Liu YP, Liu YX, Li XW, Yao YG Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2006;38(1):146-154. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.06.013>
13. Mannen H, Kohno M, Nagata Y, et al. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2004;32(2):539-544. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2004.01.010>
14. Shevkhuzhev AF, Kayumov FG, Gerasimov NP, Smakuev DR. The variability of productive traits estimation in Kalmyk cattle. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2017;8(5):634-641.

References

1. Gendzhieva OB, Sulimova GE. The analysis of mutual relations between breeds of horned cattle of the turano-mongolian group on the basis of DNA polymorphism. *Actual questions of veterinary biology*. 2012;2(14):14-16.
2. Kayumov FG, Barinov VE, Mandzhiev NV. Kalmyk cattle and ways to improve it. Orenburg: Press Agency;2015:158 p.
3. Korotov GP. Yakut cattle. (Productivity and biological features). Yakutsk: Yakutknigoizdat; 1966:168 p.
4. Koryakina LP. Local breeds: aboriginal Yakut cattle. *VetPharma Farm Animals*. 2013;2:43-47.
5. Filippova NP, Pavlova NI, Koryakina LP, et al. Microsatellite analysis of Yakut cattle. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2018;101(4):58-63.
6. Otarov A. Kalmyk breed: characteristics and advantages. *Animal Breeding of Russia*. 2018;2:75-76.
7. Pavlova NI. Variability of cattle genes in Yakutia and their effect on milk production: dis. ... Cand. Biol. Sciences. Yakutsk, 2017. 140 p.
8. Romanov PA. Protection and use of the gene pool of Yakut cattle. Yakutsk: publishing house; 1984:144 p.
9. Sleptsov II, Chugunov AV, Ilina EN. Tasks of intensification of meat calves growing in Yakutia. *Achievements of science and technology of the agro-industrial complex*. 2017а;31(2):52-54. (*In Russ*).]
10. Sleptsov II, Chugunov AV, Ilina EN. Main directions of beef cattle development in Yakutia. *Herald of Beef Cattle Breeding*. 2017б;4(100): 264-271.
11. Chugunov AV, Pavlova AI. Protection of gene pool of local breeds of animals of the Far North: textbooks and manuals for students of higher heads. Moscow: KolossS;2003:110 p

12. Lai SJ, Liu YP, Liu YX, Li XW, Yao YG Genetic diversity and origin of Chinese cattle revealed by mtDNA D-loop sequence variation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2006;38(1):146-154. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.06.013>

13. Mannen H, Kohno M, Nagata Y, et al. Independent mitochondrial origin and historical genetic differentiation in North Eastern Asian cattle. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 2004;32(2):539-544. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2004.01.010>

14. Shevkhuzhev AF, Kayumov FG, Gerasimov NP, Smakuev DR. The variability of productive traits estimation in Kalmyk cattle. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2017;8(5):634-641.

Слепцов Иван Иванович, кандидат экономических наук, ректор, Якутская государственная сельскохозяйственная академия, 677007, г. Якутск, Сергеляхское шоссе 3 км, д. 3, тел.: 89142735550, e-mail: saas2005@mail.ru

Додохов Владимир Владимирович, кандидат биологических наук, старший преподаватель кафедры «Традиционные отрасли Севера», Якутская государственная сельскохозяйственная академия, 677007, г. Якутск, Сергеляхское шоссе 3 км, д. 3, тел.: 89644220278, e-mail: dodoxv@mail.ru

Павлова Надежда Ивановна, кандидат биологических наук, научный сотрудник Научно-исследовательской части, Якутская государственная сельскохозяйственная академия, 677007, г. Якутск, Сергеляхское шоссе 3 км, д. 3, тел.: 89142893936 e-mail: nadezdaiv@inbox.ru

Каюмов Фоат Галимович, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, руководитель научного направления, заведующий лабораторией новых пород и типов мясного скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел. 8(3532)43-46-76, сот.: 8-987-341-75-80, e-mail: vniims.or@mail.ru, nazkalms@mail.ru

Поступила в редакцию 23 мая 2019 г.; принята после решения редколлегии 17 июня 2019 г.; опубликована 28 июня 2019 года / Received: 23 May 2019; Accepted: 17 June 2019; Published: 28 June 2019