

## ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ОЦЕНКА НОВОТАЛИЦКОЙ И ШЕБАЛИНСКОЙ ПОПУЛЯЦИЙ МАРАЛОВ

М.В. ЛУБЕННИКОВА, В.А. АФАНАСЬЕВ,  
К.А. АФАНАСЬЕВ, А.А. НЕПРИЯТЕЛЬ

(Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий»)

*В исследованиях генофонда различных пород и популяций, установления их генетической структуры и разнообразия в настоящее время используются различные подходы, в том числе молекулярно-генетические методы. Развитие методов молекулярной генетики открыло новые возможности для оценки генетического разнообразия, установления популяционной структуры и контроля степени инбридинга. Одним из типов молекулярно-генетических маркеров являются микросателлиты. Целью исследований стала генетическая оценка с помощью микросателлитных маркеров новоталицкой и шебалинской популяций маралов. Молекулярно-генетические исследования были проведены совместно с лабораторией биоинженерии на базе Алтайского государственного университета. Биоматериал от маралов-рогачей (хрящевая ткань ушных раковин) отобран в филиале ОС «Новоталицкое» ФГБНУ ФАНЦА (Чарышский район, Алтайский край) и ООО «Марал-Толусома» (Шебалинский район, Республика Алтай). Полиморфизм в популяциях маралов изучен на 5 маркерах (ETH225, Haut14, ILSTS06, INRA35, MM12). Установлено, что число аллелей данных локусов в новоталицкой популяции варьирует от 7 (MM12) до 34 (ILSTS06), а в шебалинской популяции – от 8 (MM12) до 27 (ILSTS06, ETH225), в среднем по 21,8 аллелей в каждой. При анализе 5 локусов обнаружено по 109 аллелей в каждой популяции. Наиболее распространенными генотипами в новоталицкой популяции являются 091/091 локуса MM12, в шебалинской – 090/090 локуса MM12 и 103/103 локуса INRA35. Гетерозиготность по микросателлитным локусам варьирует от 0,00 по локусу MM12 до 0,56 по локусу ILSTS06 (новоталицкая и шебалинская популяции) и 0,57 по локусу ETH225 (новоталицкая популяция). В результате анализа выявлен достаточно высокий уровень инбридинга в популяциях.*

**Ключевые слова:** маралы, популяция, локус, аллель, маркер, микросателлиты, гетерозиготность, полиморфизм.

### Введение

Генетика популяций изучает закономерности наследования признаков и генетическую структуру популяций при их естественном размножении [1, 6, 10].

Генетическая структура популяций во многом определяется типом размножения особей и представляет собой совокупность таких процессов, как особенности наследования и распределения аллелей, генотипов и фенотипов в популяции, а также типов ее изменчивости [5, 9, 13].

В вопросах динамики генетического состава популяций важным параметром является гетерозиготность. Ее оценка в настоящее время необходима практически во всех популяционно-генетических исследованиях [2, 16].

В животноводстве популяционная генетика имеет важное прикладное значение. Она определяет направление селекции, решает вопросы ее эффективности в породах и популяциях, изучает генетические процессы, протекающие в популяциях [15].

В популяционной генетике в последнее время все чаще стали применяться микросателлитные маркеры, поскольку они встречаются в геноме в большом количестве и характеризуются наличием полиморфных вариантов [7, 8, 14].

Микросателлитные маркеры с успехом применяются в исследованиях оленей для решения разного рода задач, в том числе для установления генетической структуры и степени биоразнообразия популяций, выявления генетических взаимоотношений внутри одного вида, для решения вопросов, связанных с эволюцией и происхождением оленеводства, историей и процессом одомашнивания [3, 4, 11, 12].

В настоящее время малоизученным с генетической точки зрения сельскохозяйственным животным остается представитель подвида благородных оленей – марал (*Cervus elaphus sibiricus*). Биологическое разнообразие маралов представляет большой интерес с точки зрения популяционной генетики, сохранения генофонда, выявления высокоценных генотипов. Изучение полиморфизма ДНК даст возможность исследовать генетическую структуру, дифференцировать и идентифицировать популяции маралов, что и обусловило цель проведенных исследований.

**Цель исследований:** генетическая оценка новоталицкой и шебалинской популяций маралов с помощью микросателлитных маркеров.

Задачи достижения цели исследований заключались в том, чтобы:

- изучить полиморфизм 5 локусов микросателлитов новоталицкой и шебалинской популяций маралов;
- произвести расчет основных популяционно-генетических показателей;
- проанализировать степень инбридинга в двух популяциях маралов.

### **Материал и методы исследований**

Работа по изучению полиморфизма микросателлитных маркеров проведена в лаборатории биотехнологии пантовых оленей отдела ВНИИПО ФГБНУ ФАНЦА совместно с лабораторией биоинженерии на базе Алтайского государственного университета.

Биоматериал от маралов-рогачей (хрящевая ткань ушных раковин) отобран в филиале «ОС «Новоталицкое» ФГБНУ ФАНЦА (Чарышский район, Алтайский край) – новоталицкая популяция, в ООО «Марал-Толусома» (Шебалинский район, Республика Алтай) – шебалинская популяция.

Проведен скрининг полиморфизма 13 микросателлитных маркеров (BM1818, Cer14, CSPS115, CSSM14, CSSM16, CSSM19, CSSM22, CSSM66, ETH225, Haut14, ILSTS06, INRA35, MM12), ранее приводимыми как маркерные и ассоциированные с размером рогов. Полиморфизм был выявлен с помощью 5 маркеров (ETH225, Haut14, ILSTS06, INRA35, MM12). Данные микросателлиты использованы нами в настоящих исследованиях.

Выделение ДНК было основано на преципитации ДНК (Diamond DNA) из ушной ткани рогачей. ПЦР проведена в реакционном объеме 20 мкл, содержащем 2 × буфер для ПЦР BiolabMix, 0,5 мкл каждого праймера и 1 мкл ДНК. Программа амплификации состояла из начальной денатурации при 94 °С в течение 3 мин, затем 35 циклов денатурации при 94 °С в течение 1 мин, отжиг при X °С в течение 1 мин и удлинение при 72 °С в течение 1 мин. Конечная элонгация – 3 мин при 72 °С (табл. 1).

Анализ длины микросателлитов проведен с помощью капиллярного гель-электрофореза на приборе QIAxcel Advanced и набора для разделения фрагментов ДНК QIAxcel DNA High Resolution.

Данные об аллелях каждого животного послужили основой для статистической обработки результатов по стандартным методикам (n = 190).

**Условия проведения ПЦР и последовательности праймеров**

Название локуса	Последовательность праймера 5'-3'	Температура отжига, °С	Тип повтора
MM12	F caagacaggtgtttcaatct R atcgactctgggatgatgt	55	Pure (GT)
Haut14	F ccaggaagatgaagtgacc R tgacctcactcatgttataa	53	Pure (GT)
INRA35	F ttgtctttatgacactatccg R atcctttgcagcctccacattc	56	Pure (GT)
ETH225	F acatgacagccagctgctact R gatcaccttgccactatttct	56	Interrupted (GT)
ILSTS06	F tgtctgtatttctgctgtgg R acacggaagcgatctaaacg	54	Pure (GT)

Каждый локус оценивали по длине, числу аллелей, частоте встречаемости, наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности. В ходе изучения генетической структуры популяций маралов выявлены генотипы по каждому локусу.

На основе матрицы длин аллелей по 5 локусам проанализирована степень инбридинга в новоталицкой и шебалинской популяциях марала. На основании расчета представлены две оценки Fis: оценка Weir & Cockerham (W&C) и оценка Robertson & Hill (R&H) [17, 18].

**Результаты и их обсуждение**

В результате микросателлитного анализа ДНК маралов новоталицкой и шебалинской популяций получена характеристика аллельного разнообразия и частот генотипов исследуемых микросателлитных локусов.

В ходе проведения сравнительной генетической характеристики локуса Haut14 в новоталицкой популяции обнаружено 19 аллелей длиной от 117 до 144 п.н., а в шебалинской – 24 аллеля длиной от 114 до 148 п.н. У животных новоталицкой популяции чаще других встречался аллель длиной 125 (0,255) и 126 п.н. (0,213), а в шебалинской – длиной 124 (0,191) и 126 п.н. (0,128). Редкими аллелями данного локуса в новоталицкой популяции являются аллели 117, 140 и 144 (0,005), а в шебалинской – 120 и 148 (0,005). Возможно, данные аллели появились вследствие мутационного процесса.

По локусу Haut14 у маралов новоталицкой популяции выявлено 32 генотипа. Наиболее часто встречались генотипы 125/125 (21%), 126/126 (21%) и 127/127 (10%). На долю генотипов с частотой встречаемости 0,010 приходилось 23%. В шебалинской популяции по данному локусу выявлено 39 генотипов. Наиболее часто встречались генотипы 124/124 (16%) и 126/126 (12%). Генотипов с частотой встречаемости 0,010 было 28%.

У маралов новоталицкой популяции выявлено 7 аллелей локуса MM12 размером от 090 до 096 п.н. Наибольшая частота встречаемости отмечена для аллелей длиной 091 (0,448) и 093 п.н. (0,188). Редкие аллели в данном локусе не выявлены. Полиморфизм данного локуса в шебалинской популяции представлен 8 аллелями

от 090 до 097 п.н. В шебалинской популяции в отличие от новоталицкой обнаружен аллель длиной 097 п.н. (0,043). В шебалинской популяции наибольшее распространение получил аллель длиной 090 п.н. (0,447).

В новоталицкой популяции маралов по локусу MM12 выявлено 7 различных генотипов. Наиболее часто встречались генотипы 091/091 (45%) и 093/093 (19%). В шебалинской популяции выявлено 8 генотипов. Наибольшее распространение получил генотип 090/090 (45%).

В результате анализа ДНК по локусу ILSTS06 у маралов новоталицкой популяции обнаружено 34 аллеля длиной от 263 до 298 п.н., что свидетельствует о высокой полиморфности. Наибольшее распространение имели аллели длиной 279 (0,104), 280 (0,094) и 275 п.н. (0,057). У маралов шебалинской популяции выявлено 27 аллельных вариантов локуса ILSTS06 размером от 263 до 292 п.н. Наибольшее распространение имели аллели длиной 283 (0,096), 282 (0,090) и 264 п.н. (0,080).

У маралов новоталицкой популяции по данному локусу выявлено 66 различных генотипов. Наиболее часто встречались генотипы 279/279 (7%) и 280/280 (6%). Обнаружено большое число редких генотипов (55%) с частотой встречаемости 0,010. В шебалинской популяции выявлено 57 генотипов. Более распространенными генотипами являлись 283/283 (6%) и 291/291 (5%). На долю редких генотипов с частотой встречаемости 0,010 приходилось 41%.

По локусу ETH225 у маралов новоталицкой популяции определено 29 аллелей, длина которых варьировала в пределах 149–186 п.н. В представленном диапазоне 7 аллелей (156, 157, 162, 163, 164, 168, 169) имели частоту больше 0,05. В шебалинской популяции выявлено 27 аллельных вариантов локуса ETH225 размером от 150 до 186 п.н. Наибольшее распространение получил аллель длиной 157 п.н. (0,144).

В новоталицкой популяции маралов по локусу ETH225 представлено 60 генотипов. Наибольшее распространение получили два генотипа 156/156 и 162/162–6 и 5% соответственно. Имеется значительное число генотипов с частотой встречаемости 0,010 (46%). У маралов шебалинской популяции по данному локусу выявлено 50 различных генотипов. Чаще других встречались генотипы 157/157 (10%) и 150/150 (6%). Число генотипов с частотой встречаемости 0,010 составило 35%.

У маралов новоталицкой популяции по локусу INRA35 определено 20 аллелей длиной 101–162 п.н. При этом наиболее часто присутствуют аллели длиной 103 (0,307), 110 (0,167), 104 п.н. (0,146). Редкими аллелями в данном локусе являются 113, 117, 124, 126, 135, 162–0,005. У шебалинской популяции маралов по локусу INRA35 определено 23 аллеля длиной 098–162 п.н. Наибольшее распространение получили аллели длиной 103 (0,351), 104 (0,138), 110 п.н. (0,117).

В новоталицкой популяции по локусу INRA35 выявлено 26 генотипов. Наибольшей частотой встречаемости характеризуются генотипы 103/103 (24%), 104/104 (11%) и 110/110 (11%). Генотипов с частотой встречаемости 0,010 было 13%. У животных шебалинской популяции выявлено 38 генотипов по данному локусу. Наиболее часто встречались генотипы 103/103 (31%) и 104/104 (12%). С частотой встречаемости 0,010 было 29% генотипов.

Как известно, для описания своеобразия генофондов актуальны уникальные или оригинальные аллели, которые амплифицируются в ПЦР с пробами ДНК лишь из одной популяции. Они более информативны для оценки специфики генофондов, дополняют именно на популяционном уровне описание оригинальности генофонда. В ходе изучения полиморфизма 5 локусов микросателлитов в новоталицкой и шебалинской популяциях маралов было выявлено по 25 уникальных аллелей.

Мерой генетической изменчивости в популяции является степень наблюдаемой гетерозиготности. Частота гетерозигот – важный показатель, поскольку каждая гетерозигота несет разные аллели и иллюстрирует наличие изменчивости.

Для точной оценки изменчивости популяции вводится показатель ожидаемой гетерозиготности, рассматривающий уровень аллельного разнообразия. В связи с этим нами была дана оценка наблюдаемой и ожидаемой степени гетерозиготности, рассчитанная по каждому локусу.

Разные микросателлиты имели неодинаковое максимальное число аллелей. Всего идентифицировано в 5 микросателлитных локусах по 109 аллелей в каждой популяции. Итоговые результаты отражены в таблице 2.

Ожидаемая гетерозиготность оказалась достаточно высокой у всех микросателлитов: 0,73–0,95 ( $p < 0,001$ ). Выявлено, что количество гомозиготных особей превышает количество гетерозиготных по двум локусам Haut14 и INRA35. По локусу MM12 гетерозиготные особи в обеих популяциях не обнаружены. По локусам ILSTS06 (новоталицкая и шебалинская популяции) и ETH225 (новоталицкая популяция) наблюдается перевес в сторону гетерозигот.

Селекция на закрепление и улучшение показателей пантовой продуктивности при помощи инбридинга способствует увеличению численности гомозиготных особей в популяции.

Таблица 2

### Показатели генетического разнообразия маралов

Локус	Количество аллелей	Длина аллелей, п.н.	$H_o$	$H_e$
новоталицкая популяция				
Haut14	19	117–144	0,24	0,86
MM12	7	090–096	0,00	0,73
ILSTS06	34	263–298	0,56	0,95
ETH225	29	149–186	0,57	0,94
INRA35	20	101–162	0,32	0,83
среднее	21,8±5,19	-	0,33±0,119	0,86±0,045
шебалинская популяция				
Haut14	24	114–148	0,23	0,91
MM12	8	090–097	0,00	0,74
ILSTS06	27	263–292	0,56	0,94
ETH225	27	150–186	0,46	0,93
INRA35	23	098–162	0,24	0,83
среднее	21,8±3,96	-	0,29±0,109	0,87±0,042

На основе матрицы длины аллелей по 5 локусам проанализирована степень инбридинга в новоталицкой и шебалинской популяциях марала. На основании расчета представлены: стандартная ошибка (S.E.) оценки коэффициента инбридинга; две оценки Fis; оценка Weir & Cockerham (W&C); оценка Robertson & Hill (R&H). Коэффициент R&H имеет более низкую дисперсию при нулевой гипотезе. Приводится количество «шагов»: для алгоритма цепей Маркова – количество выполненных «переключений» (изменение генотипической матрицы). В таблице 3 представлены результаты оценки коэффициента инбридинга для отдельных локусов.

Коэффициент инбридинга (Fis) указывает на степень инбридинга в популяции. В результате анализа выявлен достаточно высокий уровень инбридинга: от 0,3930 (0,3164) для локуса ETH225 до 1,0000 (1,0108) для локуса MM12.

Среднее значение по всем локусам для новоталицкой популяции составило 0,6291 (W&C) и 0,5124 (R&H), для шебалинской популяции по всем локусам – 0,6747 и 0,6182 соответственно.

Проведенные генетические исследования маралов Алтайского края и Республики Алтай наглядно показывают уникальность и своеобразие местных популяций. Поскольку повышение уровня гомозиготности может приводить к ухудшению многих признаков, необходимо уточнить причины дефицита гетерозигот, которыми могут быть закрытость популяции, наличие в выборке особей из генетически однородных групп, малый объем изучаемой выборки. Для поддержания оптимального уровня генетического разнообразия необходимо проводить контроль параметров генетической структуры популяции, ротацию рогачей-производителей.

Таблица 3

### Оценка коэффициента инбридинга для отдельных локусов

Локус	P-val	S.E.	W&C	R&H	Steps
новоталицкая популяция					
Haut14	0,0000	0,0000	0,7234	0,4630	3378 switches
MM12	0,0000	0,0000	1,0000	1,0105	32066 switches
ILSTS06	0,0000	0,0000	0,4140	0,3044	1530 switches
ETH225	0,0020	0,0020	0,3930	0,3164	2041 switches
INRA35	0,0000	0,0000	0,6149	0,4679	1929 switches
шебалинская популяция					
Haut14	0,0000	0,0000	0,7456	0,6571	2820 switches
MM12	0,0000	0,0000	1,0000	1,0108	21926 switches
ILSTS06	0,0000	0,0000	0,4066	0,3438	2831 switches
ETH225	0,0000	0,0000	0,5131	0,4785	2333 switches
INRA35	0,0000	0,0000	0,7080	0,6009	1743 switches

## Выводы

1. Изученные микросателлиты (Haut14, MM12, ILSTS06, ETH225, INRA35) имели неодинаковое максимальное число аллелей. Число аллелей отдельных локусов в новоталицкой популяции варьирует от 7 (MM12) до 34 (ILSTS06), а в шебалинской популяции – от 8 (MM12) до 27 (ILSTS06, ETH225), в среднем – по 21,8 аллелей в каждой. Всего при анализе 5 локусов обнаружено по 109 аллелей в каждой популяции. Частота встречаемости аллелей у исследуемых животных варьирует от 0,005 до 0,448. Наибольшую распространенность среди аллелей 5 локусов в новоталицкой популяции имеет аллель 091 п.н. локуса MM12 и 103 п.н. локуса INRA35, а в шебалинской популяции – аллель 090 п.н. локуса MM12 и 103 п.н. локуса INRA35.

2. Наиболее распространенными генотипами в новоталицкой популяции являются 091/091 локуса MM12, в шебалинской – 090/090 локуса MM12 и 103/103 локуса INRA35. Высокая частота встречаемости данных генотипов позволяет считать их характерными для новоталицкой и шебалинской популяций соответственно. С частотой встречаемости 0,010 в новоталицкой популяции установлено 127 генотипов, в шебалинской – 120.

3. Гетерозиготность по микросателлитным локусам варьирует от 0,00 по локусу MM12 до 0,56 по локусу ILSTS06 (новоталицкая и шебалинская популяции) и 0,57 по локусу ETH225 (новоталицкая популяция). В обеих популяциях по 5 локусам ожидаемая гетерозиготность превышала наблюдаемую.

4. В результате анализа выявлен достаточно высокий уровень инбридинга: от 0,3930 (0,3164) для локуса ETH225 до 1,0000 (1,0108) для локуса MM12. Среднее значение по всем локусам для новоталицкой популяции составило 0,6291 (W&C) и 0,5124 (R&H), для шебалинской популяции по всем локусам – 0,6747 и 0,6182 соответственно.

5. Большой интерес представляют уникальные аллели, встречающиеся только в одной популяции. В каждой популяции было выявлено по 25 уникальных аллелей.

## Библиографический список

1. *Бородай И.С.* К истории становления и развития генетики как теоретической основы зоотехнической науки // Вестник Томского государственного университета. – 2012. – № 359. – С. 75–78.

2. *Глинская Н.А., Приловская Е.И., Каспирович Д.А. и др.* Особенности SSR-полиморфизма лошадей // Вестник Полесского государственного университета. Серия природоведческих наук. – 2017. – № 1. – С. 8–13.

3. *Голосова О.С., Холодова М.В., Володин И.А. и др.* Генетическое разнообразие восточных подвидов благородного оленя (*Cervus elaphus*) России по данным полиморфизма мтДНК и микросателлитных локусов // Журнал общей биологии. – 2022. – Т. 83, № 6. – С. 419–433.

4. *Денискова Т.Е., Харзинова В.Р., Доцев А.В. и др.* Генетическая характеристика региональных популяций ненецкой породы северного оленя (*Rangifer tarandus*) // Сельскохозяйственная биология. – 2018. – Т. 53, № 6. – С. 1152–1161.

5. *Казанцева Н.П., Васильева М.И.* Генофонд сельскохозяйственных животных: Учебное пособие. – Ижевск: Ижевская ГСХА, 2020. – 84 с.

6. *Кирдей Т.А.* Генетика растений и животных: Учебное пособие. – Иваново: ИГСХА им. академика Д.К. Беляева, 2021. – 211 с.

7. Лубенникова М.В., Афанасьев К.А., Афанасьев В.А. Полиморфизм микросателлитных маркеров в новоталицкой популяции маралов // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. – 2023. – № 1 (61). – С. 128–134.
8. Племяшов К.В., Смарагдов М.Г., Романов М.Н. Молекулярно-генетический полиморфизм в популяциях животных и его применение в интенсивной селекции молочного скота: Обзор // Материалы 3-й Международной научно-практической конференции «Молекулярно-генетические технологии анализа экспрессии генов продуктивности и устойчивости к заболеваниям животных». – 2021. – С. 368–378.
9. Романенко Т.М., Харзинова В.Р., Лайшев К.А. Сравнительная характеристика микропопуляций северных оленей ненецкой породы малоземельской тундры НАО // Генетика и разведение животных. – 2020. – № 2. – С. 37–43.
10. Соловьева А.Д., Харзинова В.Р., Доцев А.В. Исследование пород северного оленя Якутии по микросателлитам // Сборник научных трудов Краснодарского научного центра по зоотехнии и ветеринарии. – 2022. – № 1. – С. 29–32.
11. Столповский Ю.А. Популяционно-генетические основы сохранения генофондов domestцированных видов животных // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2013. – № 4–2. – С. 900–915.
12. Столповский Ю.А., Бабаян О.В., Каштанов С.Н. и др. Генетическая оценка пород северного оленя (*Rangifer tarandus*) и их дикого предка с помощью новой панели STR-маркеров // Генетика. – 2020. – Т. 56, № 12. – С. 1410–1426.
13. Танана Л.А., Глинская Н.А., Епишко О.А. Характеристика STR-полиморфизма крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы // Вестник Гродненского государственного университета имени Янки Купалы. – 2014. – № 3 (182). – С. 116–122.
14. Тараканец Л.Д., Кабицкая Я.А., Глазунова Л.А. и др. Генетическая структура популяции северного оленя (*Rangifer tarandus*) Тюменской области // Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета им. П.А. Костычева. – 2022. – № 2. – С. 97–108.
15. Файзуллин Р.А., Сайфутдинов М.Р. Использование методов популяционной генетики в селекции свиней крупной белой породы // Вестник Марийского государственного университета. – 2016. – № 3 (7). – С. 60–64.
16. Филиппова Н.П., Корякина Л.П., Павлова А.И. Изучение аллелофонда эвенской породы северного оленя по локусам трансферрина и микросателлитов // Генетика и разведение животных. – 2020. – № 1. – С. 44–49.
17. Robertson A., Hill W.G. Deviations from Hardy-Weinberg proportions: sampling variances and use in estimation of inbreeding coefficients // Genetics. – 1984. – Т. 107, № 4. – Pp. 703–718.
18. Weir B.S., Cockerham C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure // Evolution. – 1984. – № 38 (6). – Pp. 1358–1370.



GENETIC EVALUATION  
OF THE NOVOTALITSKAYA AND SHEBALINSKAYA POPULATIONS  
OF MARALS (*CERVUS ELAPHUS SIBIRICUS*)

M.V. LUBENNIKOVA, V.A. AFANAS'EV,  
K.A. AFANAS'EV, A.A. NEPRIYATEL'

(Federal Altai Scientific Centre of Agro-BioTechnologies)

Currently, various approaches, including molecular genetic methods, are used to study the gene pool of different breeds and populations and to determine their genetic structure and diversity. The development of molecular genetic methods has opened up new possibilities for evaluating genetic diversity, determining population structure, and controlling the degree of inbreeding. One type of molecular genetic marker is microsatellites. The aim of the research was the genetic evaluation of the Novotalitskaya and Shebalinskaya maral populations using microsatellite markers. Molecular genetic studies were carried out in collaboration with the Bioengineering Laboratory of the Altai State University. Biological material from maral stags (ear concha cartilaginous tissue) was sampled in the branch "OS Novotalitskoe" of the Federal Altai Research Center of Agro-Biotechnologies (Charyshskiy District, Altai Region) and the LLC "Maral-Tolusoma" (Shebalinskiy District, Republic of Altai). Polymorphism in the maral populations was studied using five markers (ETH225, Haut14, ILSTS06, INRA35, and MM12). The number of alleles of these loci was found to vary from 7 (MM12) to 34 (ILSTS06) in the Novotalitskaya population, and from 8 (MM12) to 27 (ILSTS06, ETH225) in the Shebalinskaya population, with an average of 21.8 alleles in each. When analysing five loci, 109 alleles were found in each population. The most frequent genotypes in the Novotalitskaya population are 091/091 of the MM12 locus; in the Shebalinskaya population – 090/090 of the MM12 locus and 103/103 of the INRA35 locus. The heterozygosity of the microsatellite loci varies from 0.00 for the MM12 locus to 0.56 for the ILSTS06 locus (Novotalitskaya and Shebalinskaya populations), and 0.57 for the ETH225 locus (Novotalitskaya population). The analysis revealed a rather high level of inbreeding in the populations.

**Key words:** marals (*Cervus elaphus sibiricus*), population, locus, allele, marker, microsatellites, heterozygosity, polymorphism.

## References

1. Boroday I.S. On the History of the Formation and Development of Genetics as a Theoretical Basis of Zootechnical Science. Vestnik Tomskogo gosudarstvennogo universiteta. 2012; 359: 75–78. (In Rus.)
2. Glinskaya N.A., Prilovskaya E.I., Kaspirovich D.A. et al. Features of SSR Polymorphism of Horses. Vestnik Poleskogo gosudarstvennogo universiteta. Seriya prirodovedcheskikh nauk. 2017; 1: 8–13. (In Rus.)
3. Golosova O.S., Kholodova M.V., Volodin I.A. et al. Genetic Diversity of Eastern Subspecies of Red Deer (*Cervus Elaphus*) Russia according to mtDNA Polymorphism and Microsatellite Loci. Zhurnal obshchey biologii. 2022; 83; 6: 419–433. (In Rus.)
4. Deniskova T.E., Kharzinova V.R., Dotsev A.V. et al. Genetic Characteristics of Regional Populations of Nenets Reindeer (*Rangifer Tarandus*). Sel'skokhozyaystvennaya biologiya. 2018; 53; 6: 1152–1161. (In Rus.)
5. Kazantseva N.P., Vasil'eva M.I. Gene Pool of Farm Animals: Textbook. Izhevsk: Izhevskaya GSKhA. 2020: 84. (In Rus.)
6. Kirdey T.A. Genetics of Plants and Animals: Textbook. Ivanovo: IGSKhA im. akad. D.K. Belyaeva. 2021: 211. (In Rus.)

7. *Lubennikova M.V., Afanas'ev K.A., Afanas'ev V.A.* Polymorphism of Microsatellite Markers in the Novotalitskaya Population of Marals. *Vestnik Ul'yansovskoy gosudarstvennoy sel'skokhozyaystvennoy akademii.* 2023; 1 (61): 128–134. (In Rus.)

8. *Plemyashov K.V., Smaragdov M.G., Romanov M.N.* Molecular Genetic Polymorphism in Animal Populations and Its Application in Intensive Breeding of Dairy Cattle: Overview. *Materialy 3-y Mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii "Molekulyarno-geneticheskie tekhnologii analiza ekspressii genov produktivnosti i ustoychivosti k zabolevaniyam zhivotnykh"*. 2021: 368–378. (In Rus.)

9. *Romanenko T.M., Kharzinova V.R., Layshev K.A.* Comparative Characteristics of Micropopulations of Reindeer of the Nenets Breed of the Low-Earth Tundra of the NAO. *Genetika i razvedenie zhivotnykh.* 2020; 2: 37–43. (In Rus.)

10. *Solov'eva A.D., Kharzinova V.R., Dotsev A.V.* Investigation of Yakutia Reindeer Breeds by Microsatellites. *Sbornik nauchnykh trudov Krasnodarskogo nauchnogo tsentra po zootekhnii i veterinarii.* 2022; 1: 29–32. (In Rus.)

11. *Stolpovskiy Yu.A.* Population-Genetic Bases of Conservation of Gene Pools of Domesticated Animal Species. *Vavilovskiy zhurnal genetiki i selektsii.* 2013; 4–2: 900–915. (In Rus.)

12. *Stolpovskiy Yu.A., Babayan O.V., Kashtanov S.N. et al.* Genetic Evaluation of Reindeer (*Rangifer Tarandus*) Breeds and Their Wild Ancestor Using a New Panel of STR Markers. *Genetika.* 2020; 56; 12: 1410–1426. (In Rus.)

13. *Tanana L.A., Glinskaya N.A., Epishko O.A.* Characteristics of STR Polymorphism of Belarusian Black-And-White Cattle. *Vestnik Grodnenskogo gosudarstvennogo universiteta imeni Yanki Kupaly.* 2014; 3 (182): 116–122. (In Rus.)

14. *Tarakanets L.D., Kabitskaya Ya.A., Glazunova L.A. et al.* Genetic Structure of the Reindeer Population (*Rangifer Tarandus*) Tyumen Region. *Vestnik Ryazanskogo gosudarstvennogo agrotekhnologicheskogo universiteta im. P.A. Kostycheva.* 2022; 2: 97–108. (In Rus.)

15. *Fayzullin R.A., Sayfutdinov M.R.* Use of Population Genetics Methods in the Breeding of Large White Breed Pigs. *Vestnik Mariyskogo gosudarstvennogo universiteta.* 2016; 3 (7): 60–64. (In Rus.)

16. *Filippova N.P., Koryakina L.P., Pavlova A.I.* Study of the Allelofund of the Even Reindeer Breed by Transferrin and Microsatellite Loci. *Genetika i razvedenie zhivotnykh.* 2020; 1: 44–49. (In Rus.)

17. *Robertson A., Hill W.G.* Deviations from Hardy-Weinberg proportions: sampling variances and use in estimation of inbreeding coefficients. *Genetics.* 1984; 107; 4: 703–718.

18. *Weir B.S., Cockerham C.C.* Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution.* 1984; 38(6): 1358–1370.

**Лубенникова Марина Владимировна**, старший научный сотрудник, заведующий лабораторией биотехнологии пантовых оленей, канд. с.-х. наук, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий»; 656910, Российская Федерация, Алтайский край, г. Барнаул, Научный городок, 35; e-mail: [otdel\\_wniipo@mail.ru](mailto:otdel_wniipo@mail.ru); тел.: (3852)50–13–40

**Афанасьев Виктор Александрович**, научный сотрудник лаборатории биотехнологии пантовых оленей, канд. ветеринар. наук, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий»; 656910, Российская Федерация, Алтайский край, г. Барнаул, Научный городок, 35; e-mail: [otdel\\_wniipo@mail.ru](mailto:otdel_wniipo@mail.ru); тел.: (3852)50–13–40

**Афанасьев Константин Александрович**, научный сотрудник лаборатории биотехнологии пантовых оленей, канд. ветеринар. наук, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий»; 656910, Российская Федерация, Алтайский край, г. Барнаул, Научный городок, 35; e-mail: [otdel\\_wniipo@mail.ru](mailto:otdel_wniipo@mail.ru); тел.: (3852)50–13–40

**Непrijатель Алексей Анатольевич**, главный научный сотрудник лаборатории переработки и сертификации пантовой продукции, д-р с.-х. наук, Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный Алтайский научный центр агробиотехнологий»; 656910, Российская Федерация, Алтайский край, г. Барнаул, Научный городок, 35; e-mail: [otdel\\_wniipo@mail.ru](mailto:otdel_wniipo@mail.ru); тел.: (3852)50–13–40

**Marina V. Lubennikova**, CSc (Ag), Senior Research Associate, Head of the Velvet Antler Deer Biotechnology Laboratory, Federal Altai Scientific Centre of Agro-BioTechnologies, (35, Nauchniy Gorodok, Barnaul, Altai Krai, 656910, Russian Federation; phone: (3852) 50–13–40; E-mail: [otdel\\_wniipo@mail.ru](mailto:otdel_wniipo@mail.ru))

**Viktor A. Afanas'ev**, CSc (Vet), Research Associate, the Velvet Antler Deer Biotechnology Laboratory, Federal Altai Scientific Centre of Agro-BioTechnologies, (35, Nauchniy Gorodok, Barnaul, Altai Krai, 656910, Russian Federation; phone: (3852) 50–13–40; E-mail: [otdel\\_wniipo@mail.ru](mailto:otdel_wniipo@mail.ru))

**Konstantin A. Afanas'ev**, CSc (Vet), Research Associate, the Velvet Antler Deer Biotechnology Laboratory, Federal Altai Scientific Centre of Agro-BioTechnologies, (35, Nauchniy Gorodok, Barnaul, Altai Krai, 656910, Russian Federation; phone: (3852) 50–13–40; E-mail: [otdel\\_wniipo@mail.ru](mailto:otdel_wniipo@mail.ru))

**Aleksey A. Neprijatel'**, DSc (Ag), Chief Research Associate, Laboratory of Processing and Certification of Velvet Antler Products, Federal Altai Scientific Centre of Agro-BioTechnologies, (35, Nauchniy Gorodok, Barnaul, Altai Krai, 656910, Russian Federation; phone: (3852) 50–13–40; E-mail: [otdel\\_wniipo@mail.ru](mailto:otdel_wniipo@mail.ru))