

## АЛЕЛЬНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ МІКРОСАТЕЛІТНИХ ЛОКУСІВ ДНК ТРЬОХ ПОРІД ВИДУ *CANIS FAMILIARIS*

А. Шельов, К. Копилов,

*Інститут розведення і генетики тварин ім. М.В. Зубця, НААН*

С. Крамаренко, О. Крамаренко

*Миколаївський національний аграрний університет*

*Проаналізовано аельний поліморфізм трьох порід собак за п'ятьма мікросателітами ДНК. Визначено спектри та частоти аельної мінливості, специфічні особливості аелофондів, виявлено рідкісні та породоспецифічні алелі. Загалом по виду *Canis familiaris* має місце подібність генетичних процесів в досліджених породах, свідченням чого є однакові діапазони та межі розмаху спектрів аельного поліморфізму ( $Lim_{Na}=5-13$ ) та практично однакова кількість виявлених аельних варіантів ( $Na=8,2-9,2$ ).*

**Ключові слова:** *собаки, мікросателіти, поліморфізм, ДНК, породоспецифічні алелі.*

**Постановка проблеми.** Значні досягнення в розвитку молекулярно-генетичних технологій, в останні роки, дали потужний поштовх вивченню геномів свійських тварин, що значною мірою обумовило генетичний прогрес в селекції тварин [1].

Свійський собака, як один з видів тварин, що були domestиковані найраніше, за деякими даними більше 10000 років тому, зазнали мабуть найбільшого впливу штучного добору та селекції з боку людини [2]. Що робить даний вид одним з найцікавіших об'єктів для вивчення генетичного різноманіття [3].

Одним із сучасних методів генетичного моніторингу є, індивідуальна та популяційна оцінка генетичної структури собак за мікросателітними локусами ДНК, які є одними з найполіморфніших ділянок ДНК, з десятками алелів в кожному локусі та високими темпами мутацій. Оскільки мікросателітні локуси є селективно-нейтральними, вони не піддаються дії природнього відбору. Комбінація алелів таких локусів є унікальною характеристикою кожної особини [4].

Останнім часом з'являється все більше літературних даних, заснованих на мікросателітному аналізі собак, в основному орієнтованих на оцінку популяційної генетичної структури та різноманітності, а також на оцінку генетичної ідентичності та тестування батьківства [5, 6]. Важливість цього виду для досліджень генетичних захворювань спонукала до створення високоякісної повної послідовності генома, загальнодоступної з 2004 р. [7, 8]. Зважаючи на те, що в сучасному собаководстві надзвичайно поширений інбридинг, а відбір здійснюється здебільшого за екстер'єром, проблема накопичення генетичного вантажу, одним з проявів якої є поширення спадкових захворювань, набуває все більшої актуальності [9].

Також все частіше повідомляється про собак у судових справах [10], що включають нещасні випадки, напади собак або аналіз біологічних доказів, які можуть допомогти в ідентифікації злочинця людини як „мовчазних свідків“ [11].

Тому, з метою, оцінки аельного різноманіття, в рамках проведення молекулярно-генетичного моніторингу, нами було проведено роботу з дослідження особливостей генетичної структури свійських собак трьох порід, які відрізняються, як історією формування так і використання, а саме: службової породи – німецька вівчарка, однієї з найстаріших – німецький дог та декоративної – російський той тер'єр.

**Мета роботи** – Аналіз аельного різноманіття за мікросателітними локусами ДНК трьох порід свійських собак *Canis familiaris*.

**Матеріали і методи.** Молекулярно-генетичний аналіз було проведено на зразках біоматеріалу відібраного від 79 голів собак, порід Німецька вівчарка (39 голів), Німецький дог (20 голів) та Російський тойтер'єр (20 голів). Всі тварини належали приватним власникам, які є членами Федерації службово-спортивного собаководства України.

Для відбору зразків букального епітелію, робили мазок зі слизової оболонки щік. Для цього використовували ватні палички, які потім висушували на повітрі [12]. Виділення ДНК зі зразків

крові здійснювали з використанням набору «ДНК-сорб-В» (Амплісенс, Росія), згідно рекомендацій виробника. Дослідження генетичної структури проводили на наступному обладнанні: ПЛР проводили на ампліфікаторі АВ 2720 Thermal Cycler (Applied Biosystems, США). Реакційну суміш для ПЛР готували згідно протоколу рекомендованого виробником тест-системи (Stock Marcs, 2010) [13]. Ампліфіковану ДНК розділяли методом капілярного гель-електрофорезу на генетичному аналізаторі ABI Prism 3130 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). Документування отриманих графічних результатів здійснювалось за допомогою програм «Run 3130 Data Collection v.3.0» (Applied Biosystems, США) та «GeneMapper 3.7» (Applied Biosystems, США). Мікросателітний аналіз проводили за п'ятьма мікросателітними локусами (PEZ01, PEZ06, PEZ08, FHC2010 та FHC2054) що входять до переліку рекомендованих Міжнародним товариством з генетики тварин (ISAG) та Американським клубом собаківництва (АКС) [14-16].

Для оцінки алельного різноманіття було використано: кількість виявлених алелів ( $N_a$ ) розраховану за допомогою програми GenAlEx v. 6.5 [17]. Крім того, за використання програми HP-rare v.1.0 [18] було одержано оцінки алельного різноманіття ( $AR_{40}$ ) й кількості породоспецифічних алелів ( $PAR_{40}$ ) для 40 випадковим чином відібраних з кожної вибірки особин, що дозволило провести коректне порівняння алельного різноманіття, не залежно від об'єму вибірки. Для порівняння порід в цілому відносно показників алельного різноманіття було використано непараметричний дисперсійний аналіз Фрідмана. Всі розрахунки було проведено за використання програми PAST [19].

**Виклад основного матеріалу.** В результаті проведеної роботи було визначено частоти алельних варіантів за п'ятьма мікросателітними локусами ДНК (табл. 1). Кількість виявлених алельних варіантів в середньому по виду становила 8,6 алелів на локус, від 8,2 у тойтер'єрів до 9,2 у вівчарок. У німецьких вівчарок кількість алелів коливалась від 5-и за локусом PEZ06 до 13-ти за PEZ08. У німецьких догів – від 6-ти, по PEZ01 до 13-ти, PEZ08, і в середньому становила 8,4 алеля на локус. Російський тойтер'єр характеризувався кількістю алелів від 6-ти за FHC2010 до 11-ти по PEZ06.

За локусом PEZ01 виявлено від 6 (німецькі доги) 12 (німецькі вівчарки) алельних варіантів розміром від 96 до 140 п.н., серед яких з найбільшою частотою у вівчарок та той-тер'єрів зустрічався алель PEZ01<sup>108</sup>(0,231 та 0,282, відповідно), а у догів – PEZ01<sup>120</sup>(0,300). Локус PEZ08 був найполіморфнішим для вівчарок та догів, в ньому виявлено по 13 алельних варіантів розміром від 210 до 258 п.н., серед яких з найбільшою частоту зафіксовано у вівчарок та той-тер'єрів за алелем PEZ08<sup>218</sup> (0,179 та 0,300, відповідно) у догів – PEZ08<sup>222</sup> (0,200). Для FHC2010 характерними були від 6 (той-тер'єри) до 9 (вівчарки) у алельних варіантів розміром від 220 до 252 п. н., серед яких у вівчарок та той-тер'єрів найпоширенішим був алель FHC2010<sup>244</sup> (0,346 та 0,525, відповідно). За локусом PEZ06 зафіксовано 5 (вівчарки) до 11 (той тер'єри) алельних варіантів (від 166 до 206 п. н.), серед яких з найбільшою частотою вівчарок виявляли зустрічались алель PEZ06<sup>182</sup>(0,359), а у догів та той тер'єрів – PEZ06<sup>170</sup>(250 та 225, відповідно). Локусом FHC2054 характеризувався наявністю 7 (вівчарки) – 8 (решта порід) алельних варіантів розміром від 140 до 172 п.н., з яких найчастіше виявляли у вівчарок та тойтер'єрів – алель FHC2054<sup>140</sup> (0,269 та 0,200, відповідно), а у догів – FHC2054<sup>144</sup> (0,175).

В результаті аналізу алельного різноманіття встановлено, що частота окремих алельних варіантів локусу PEZ01 у тварин різних порід відрізнялась недостовірно ( $\chi^2 = 44,01$ ;  $df = 42$ ;  $p_{mc} = 0,395$ ) (табл. 4). Рівномірність розподілу різних алелів наведено на рис 1. Так, з 12 алелів відносно високу частоту (0,10-0,15) мали лише 5, а ще 6 зустрічались з частотою меншою за 0,05. Серед німецьких вівчарок найменш часто (<0,050) виявляли алелі PEZ01<sup>100</sup>, PEZ01<sup>104</sup>, PEZ01<sup>120</sup>, PEZ01<sup>128</sup>, PEZ01<sup>136</sup> та PEZ01<sup>140</sup>. У догів найрідкіснішими були алелі PEZ01<sup>104</sup> та PEZ01<sup>124</sup>, а алелів PEZ01<sup>96</sup>, PEZ01<sup>100</sup>, PEZ01<sup>112</sup>, PEZ01<sup>120</sup>, PEZ01<sup>128</sup> та PEZ01<sup>140</sup> виявлено не було. У російських той тер'єрів лише 2 алелі PEZ01<sup>136</sup> та PEZ01<sup>140</sup> зустрічались з частотою меншою за 0,050, а PEZ01<sup>104</sup>, PEZ01<sup>124</sup> та PEZ01<sup>132</sup>.

Відмінності в частоті окремих алельних варіантів локусу PEZ08, у тварин різних порід були недостовірними ( $\chi^2 = 45,017$ ;  $df = 50$ ;  $p_{mc} = 0,769$ ) (табл. 4). Розподіл частот алелів за локусом PEZ08 був практично рівномірним (рис. 1). У вівчарок найрідше (з частотою <0,050) виявляли алелі PEZ08<sup>230</sup>, PEZ08<sup>234</sup>, PEZ08<sup>242</sup>, PEZ08<sup>258</sup>, у догів – PEZ08<sup>210</sup>, PEZ08<sup>214</sup>, PEZ08<sup>218</sup>, PEZ08<sup>234</sup> PEZ08<sup>342</sup>, PEZ08<sup>250</sup>, PEZ08<sup>254</sup> та PEZ08<sup>258</sup>, а у той тер'єрів PEZ08<sup>250</sup>. Для останніх характерною була відсутність в спектрі алелів PEZ08<sup>222</sup>, PEZ08<sup>230</sup>, PEZ08<sup>238</sup>, PEZ08<sup>242</sup>, PEZ08<sup>246</sup> та PEZ08<sup>258</sup>.

Таблиця 1. Структура алелофондів різних порід собак

Локус	Na	Розмір п.н. / (частота) алелів								
Німецька вівчарка										
PEZ01	12	96 (0,103)	100 (0,026)	104 (0,038)	108 (0,231)	112 (0,077)	116 (0,179)	120 (0,026)	124 (0,128)	128 (0,038)
		132 (0,115)	136 (0,026)	140 (0,013)						
PEZ08	13	210 (0,090)	214 (0,077)	218 (0,179)	222 (0,115)	226 (0,103)	230 (0,038)	234 (0,026)	238 (0,064)	242 (0,038)
		246 (0,103)	250 (0,051)	254 (0,090)	258 (0,026)					
FHC2010	9	220 (0,051)	224 (0,026)	228 (0,179)	232 (0,090)	236 (0,141)	240 (0,115)	244 (0,346)	248 (0,026)	252 (0,026)
PEZ06	5	166 (0,205)	174 (0,179)	182 (0,359)	190 (0,077)	206 (0,179)				
FHC2054	7	140 (0,269)	148 (0,051)	156 (0,103)	160 (0,179)	164 (0,077)	168 (0,154)	172 (0,167)		
Німецький дог										
PEZ01	6	104 (0,050)	108 (0,225)	116 (0,200)	116 (0,200)	120 (0,300)	124 (0,025)			
PEZ08	13	210 (0,025)	214 (0,050)	218 (0,025)	222 (0,200)	226 (0,125)	230 (0,075)	234 (0,050)	238 (0,125)	242 (0,025)
		246 (0,200)	250 (0,025)	254 (0,025)	258 (0,050)					
FHC2010	7	224 (0,050)	228 (0,175)	232 (0,175)	236 (0,200)	240 (0,275)	244 (0,075)	248 (0,050)		
PEZ06	8	166 (0,175)	170 (0,250)	174 (0,100)	178 (0,125)	182 (0,050)	186 (0,075)	202 (0,125)	206 (0,100)	
FHC2054	8	140 (0,150)	144 (0,175)	152 (0,150)	156 (0,150)	160 (0,075)	164 (0,025)	168 (0,150)	172 (0,125)	
Російський той-тер'єр										
PEZ01	9	96 (0,231)	100 (0,077)	108 (0,282)	112 (0,154)	116 (0,103)	120 (0,051)	128 (0,051)	136 (0,026)	140 (0,026)
PEZ08	7	210 (0,150)	214 (0,175)	218 (0,300)	226 (0,075)	234 (0,075)	250 (0,050)	254 (0,175)		
FHC2010	6	220 (0,150)	224 (0,025)	228 (0,200)	232 (0,025)	244 (0,525)	252 (0,075)			
PEZ06	11	166 (0,125)	170 (0,225)	174 (0,050)	178 (0,150)	182 (0,025)	186 (0,050)	190 (0,025)	194 (0,025)	198 (0,025)
		202 (0,175)	206 (0,125)							
FHC2054	8	140 (0,200)	144 (0,075)	152 (0,175)	156 (0,125)	160 (0,075)	164 (0,025)	166 (0,175)	168 (0,150)	

Частоти окремих алельних варіантів локусу FHC2010 у тварин різних порід відрізнялась недостовірно ( $\chi^2 = 33,707$ ;  $df = 28$ ;  $p_{mc} = 0,205$ ). При цьому спостерігається практично рівномірний розподіл частот виявлених алелів (рис. 1). Для вівчарок рідкісними є алелі FHC2010<sup>224</sup>, FHC2010<sup>248</sup> та FHC2010<sup>252</sup>, у догів – FHC2010<sup>224</sup> та FHC2010<sup>248</sup>, а у представників породи російських той тер'єрів – FHC2010<sup>224</sup> та FHC2010<sup>232</sup>. В алельному спектрі догів були відсутні крайні алелі FHC2010<sup>220</sup> та FHC2010<sup>252</sup>, а у той тер'єрів – FHC2010<sup>236</sup>, FHC2010<sup>240</sup> та FHC2010<sup>248</sup>.

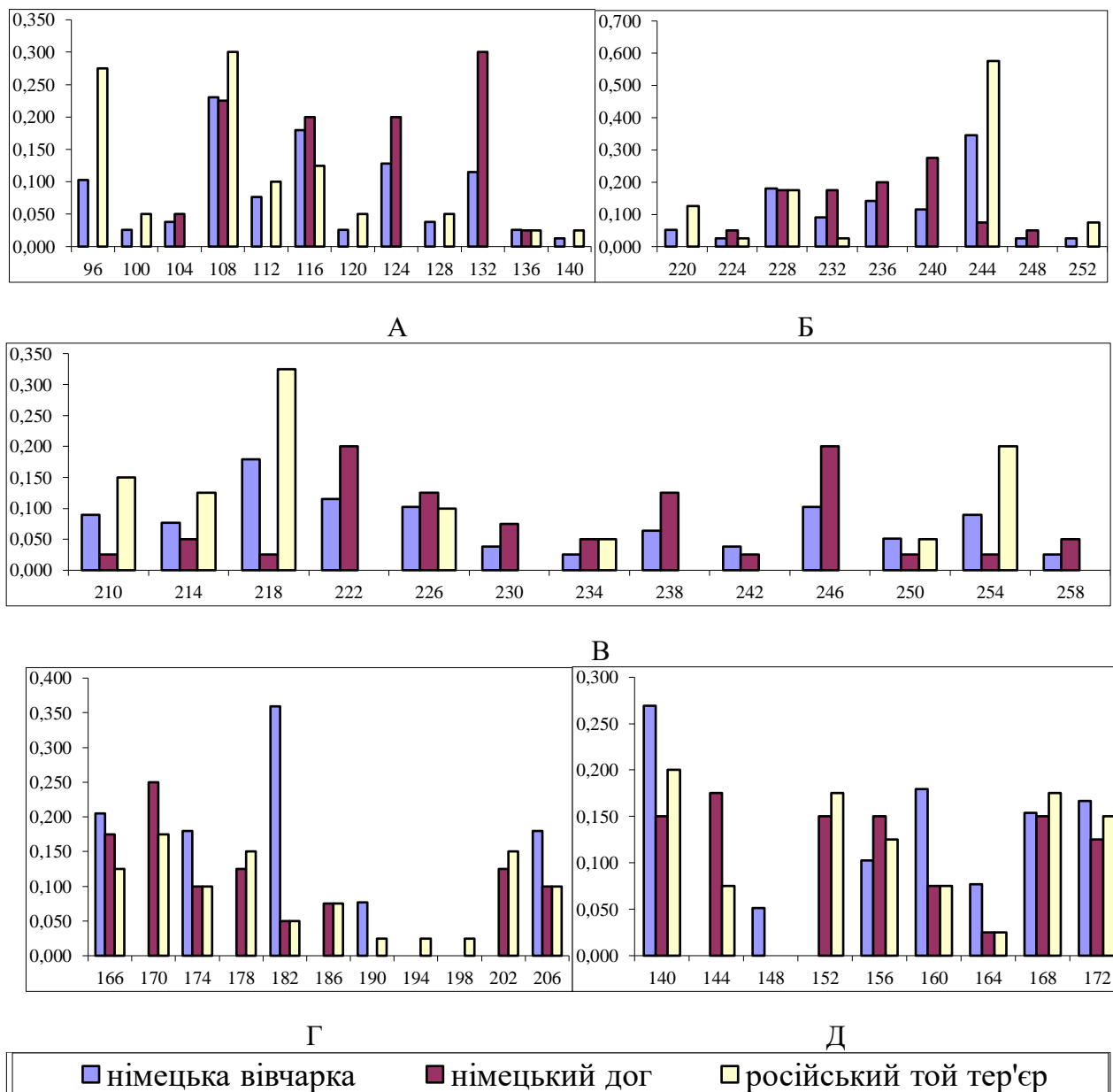


Рис. 1 Аallelні спектри різних порід собак за мікросателітними локусами ДНК: А – PEZ01; Б – FHC2010; В – PEZ08; Г – PEZ06; Д – FHC2054.

Відмінності частот окремих аallelних варіантів локусу PEZ06 були достовірними у тварин різних порід ( $\chi^2 = 82,838$ ;  $df = 42$ ;  $p_{MC} = 0,0002$ ). У особин породи німецька вівчарка рідкісні алелі були відсутні, як і алелі PEZ06<sup>170</sup>, PEZ06<sup>178</sup>, PEZ06<sup>186</sup>, PEZ06<sup>194</sup>, PEZ06<sup>198</sup>, та PEZ06<sup>202</sup>. У німецьких догів виявлено лише один рідкісний алель (PEZ06<sup>182</sup>), а алелі PEZ06<sup>190</sup>, PEZ06<sup>194</sup> та PEZ06<sup>198</sup> не діагностувались. У російських той тер'єрів даний локус був найполіморфнішим, за ним виявлено 6 рідкісних алелів (PEZ06<sup>174</sup>, PEZ06<sup>182</sup>, PEZ06<sup>186</sup>, PEZ06<sup>190</sup> та PEZ06<sup>198</sup>).

Окремі аallelні варіанти локусу FHC2054 достовірно відрізнялись за частотою у тварин різних порід ( $\chi^2 = 65,413$ ;  $df = 52$ ;  $p_{MC} = 0,0489$ ). Характер розподілу частот виявлених алелів зображено на рис. 1.

У вівчарок за даним локусом рідкісних алелів виявлено не було, як і алелів FHC2054<sup>144</sup> та FHC2054<sup>152</sup>. Для догів та російських той тер'єрів рідкісним був алель FHC2054<sup>164</sup>, а FHC2054<sup>148</sup> – відсутнім в спектрі.

З 5 досліджуваних мікросателітних локусів, унікальні алелі було зареєстровано лише в породах НВ та РТ. У вівчарок породоспецифічним був алель FHC2054<sup>148</sup>, з частотою 0,051, а у тойтер'єрів – PEZ06<sup>194</sup> та PEZ06<sup>198</sup>, з частотою 0,025, кожен. За рештою локусів породоспецифічних алелів виявлено не було (табл. 2).

Таблиця 2. Частоти породоспецифічних алелів

Локус	Німецька вівчарка		Німецький дог		Російський той-тер'єр	
	алель	частота	алель	частота	алель	частота
PEZ06	-	-	-	-	192	0,025
PEZ06	-	-	-	-	196	0,025
FHC2054	152	0,051	-	-	-	-
В цілому	1	0,051	0	-	2	0,025

Зважаючи на різний розмір аналізованих вибірок, з метою одержання коректного порівняння вибірок різного розміру нами було застосовано rarefaction-метод. В результаті було з'ясовано, що кількість алелів (у перерахунку на 40 випадково обраних особин) на породному рівні варіює несуттєво, від 8,2 у РТ до 8,58 у НВ і за кількістю унікальних алелів практично однакові показники спостерігались у німецьких вівчарок (0,19) та догів (0,17), в той час, як російські тойтер'єри демонстрували майже в п'ять разів вищу частоту (0,68) унікальних алелів. (табл. 3). Найбільший рівень алельного різноманіття відмічено у тварин породи НД за локусом PEZ08 (13), а найнижче – у тварин породи НВ за локусом PEZ06 (5). Кількість унікальних алелів була найвищою у тварин породи РТ за локусом PEZ06 (2,01), а найнижчою (0,11) – у особин породи НД за локусом PEZ01.

Таблиця 3. Кількість алелів, в т.ч. унікальних, розрахована, за rarefaction-методом (n=40) для 10 мікросателітних локусів

Локус	Порода					
	Німецька вівчарка		Німецький дог		Російський той тер'єр	
	Na	Na <sub>unic</sub>	Na	Na <sub>unic</sub>	Na	Na <sub>unic</sub>
PEZ01	10,6	0	6	0,11	9	1,08
PEZ08	12,2	0	13	0,48	7	0
FHC2010	8,2	0	7	0,24	6	0,29
PEZ06	5,0	0	8	0	11	2,01
FHC2054	6,9	0,95	8	0	8	0
В середньому	8,59	0,19	8,4	0,17	8,2	0,68

У вівчарок унікальні алелі було виявлено лише за локусом FHC2054 (0,95, за загальної кількості виявлених алелів розрахованих за допомогою за rarefaction-методом (n=40) цього локусу на рівні 6,9). У собак породи НД унікальні алелі зафіксовано за трьома мікросателітними локусами PEZ01 (0,11), PEZ08 (0,48) та FHC2010 (0,24) за загальної кількості алелів по 6, 13 та 7, відповідно. Для особин породи РТ характерними виявились унікальні алелі за локусами PEZ01 (1,08), FHC2010 (0,29) та PEZ06 (2,01) за загальної кількості алелів по 9, 6 та 11, відповідно.

Незважаючи на різну кількість алелів (у т.ч. унікальних), що було відмічено у тварин окремих порід, отримані оцінки критерію Хі-квадрат ( $\chi^2$ ) Пірсона (табл. 4) дозволяють стверджувати про достовірні відмінності у їхньому розподілі за частотами алелів лише за локусами FHC2054 ( $p < 0,05$ ) та PEZ06 ( $p < 0,001$ ).

Таблиця 4. Ступінь генетичної диференціації між породами собак за розподілом частот алелів мікросателітних локусів ДНК

Локус	df	$\chi^2$	p
PEZ01	42	44,01	0,395
PEZ08	50	45,017	0,769
FHC2010	28	33,707	0,205
PEZ06	42	82,838	0,0002
FHC2054	52	65,413	0,0489

З метою аналізу характеру розподілу алелів мікросателітної ДНК за певним локусами було використано дві основні моделі ( модель нескінчених алелів (IAM) та покрокова мутаційна модель (SMM). Модель IAM значно завищує фактичні величини, як по виду в цілому (рис 2 (А) так і по

кожній породі, зокрема (рис 2 (Б-Г)). Для всіх досліджених порід модель *SMM* була більш адекватною для апроксимації рівня алельного різноманіття за всіма, без виключень, дослідженими мікросателітними локусами, ніж модель *IAM*. Для вівчарок та догів результати одержані за допомогою моделі *SMM* ( $p < 0,0001$ ) співпадали з фактичною кількістю виявлених алелів лише за локусами PEZ08 та PEZ01 й FHC2010, відповідно, а для той-тер'єрів ( $p < 0,01$ ) за локусами PEZ08 та PEZ06. За рештою локусів відхилення не перевищувало 2,30.

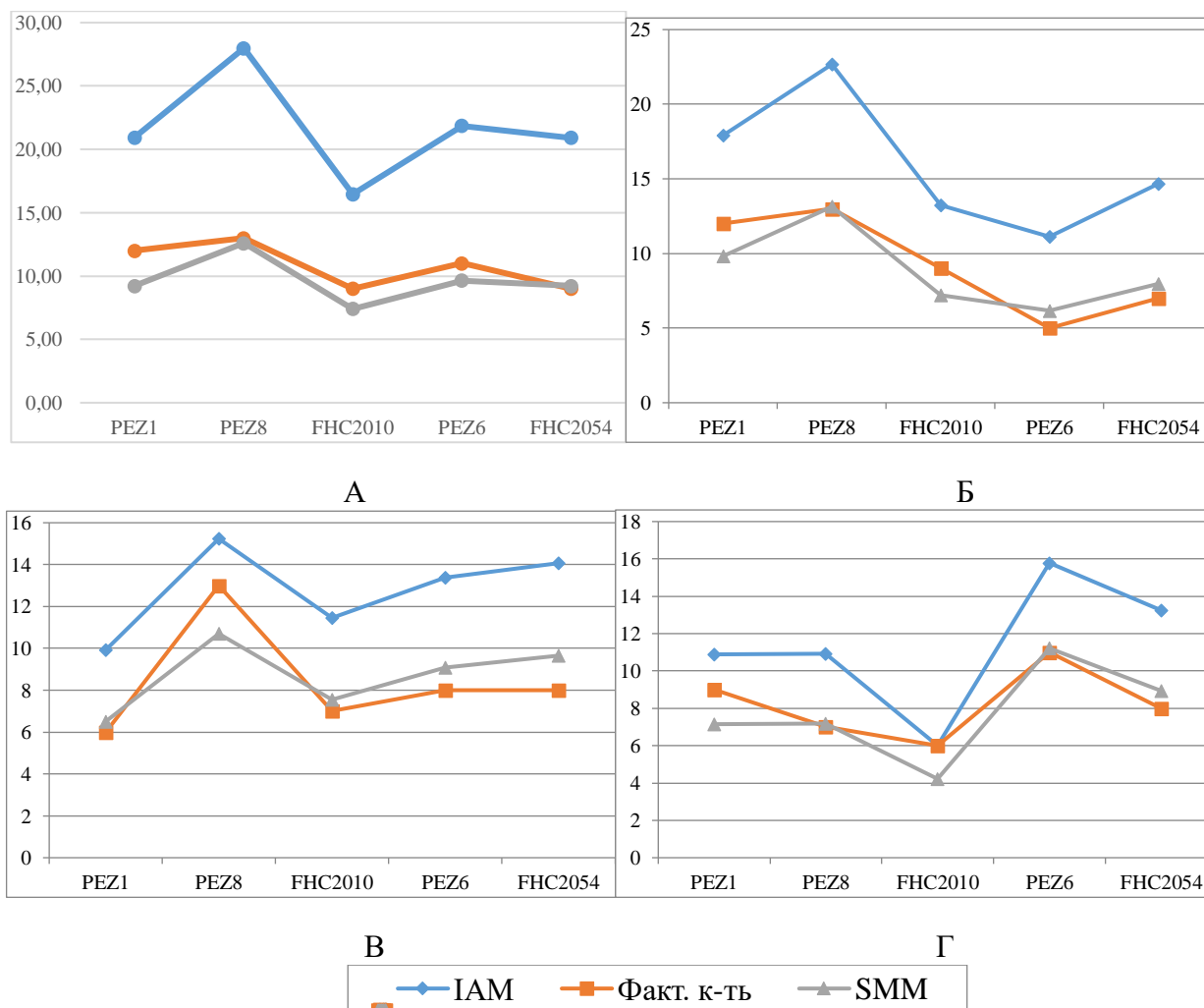


Рис. 2 Фактична кількість виявлених алелів за мікросателітними локусами ДНК (загальна (А), німецька вівчарка (Б), німецький дог (В) та російський тойтер'єр (Г)).

**Висновки.** Найвищим рівнем алельного поліморфізму характеризувались собаки породи німецька вівчарка (найширший та найповніший спектр ( $Lim_{Na}=5-13$ ), найбільша кількість виявлених алелів ( $Na=9,2$ ). Найменш поліморфною (як за кількістю виявлених алелів ( $Na=8,2$ ) так і за розмахом алельних спектрів ( $Lim_{Na}=6-11$ ) є порода німецький дог ( $p < 0,05$ ). Високий ступінь консолідованості за одним чи двома алельними варіантами зафіксовано у вівчарок – за PEZ06<sup>186</sup> (0,359), догів – за PEZ01<sup>120</sup> (0,300), а у той-тер'єрів – за PEZ08<sup>218</sup> (0,325) та FHC2010<sup>244</sup> (0,575). З 5 досліджуваних мікросателітних локусів, породоспецифічні алелі було зареєстровано лише у вівчарок (FHC2054<sup>152</sup> (0,051) та той-тер'єрів (PEZ06<sup>194</sup>, PEZ06<sup>198</sup> (з частотою 0,025, кожен).

Характер поліморфізму досліджених МСЛ у всіх досліджених порід, як у відношенні кількості виявлених алелів, так і характеру їх розподілу, відповідав покроковій мутаційній моделі (*SMM*).

#### Список використаних джерел

1. Khare V., Khare A. Modern approach in animal breeding by use of advanced molecular genetic techniques. *International Journal of Livestock Research*. 2017. Vol. 7(5). P. 1-22.
2. Savolainen, P., Zhang, Y. P., Luo, J., Lundeberg, J., Leitner T. Genetic Evidence for an East

Asian Origin of Domestic Dogs. *Science*. 2002. 22. P. 1610–1613.

3. Рябина О.М. Филогенетические связи и генетическое разнообразие некоторых отечественных пород собак (по данным анализа мтДНК): диссертация ... кандидата биологических наук : 03.00.15. Москва, 2008.- 117 с.

4. Гончаренко Г.Г., Зятков С.А., Крук А.В. STR-маркеры в ДНК дактилоскопии домашних собак *Canis familiaris* L. *Известия Гомельского государственного университета имени Ф. Скорины*. 2017. № 3 (102). С. 25-30.

5. Berger B., Berger C., Heinrich J., Niederstätter H., Hecht W., Hellmann A., Rohleder U., Schleenbecker U., Morf N., Freire-Aradas A., McNevin D., Phillips C., Parson W. Dog breed affiliation with a forensically validated canine STR set. *Forensic Sci Int Genet*. 2018. 37 P. 126-134. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.08.005.

6. Ceh E., Dovic P. Population structure and genetic differentiation of livestock guard dog breeds from the Western Balkans. *J Anim Breed Genet*. 2014. 131(4). P. 313-25. doi: 10.1111/jbg.12077.

7. Ostrander E.A., Wayne R.K. The canine genome. *Genome Res*. 2005. 15. P. 1706–1716.

8. Ostrander E.A., Dreger D.L., Evans J.M. Canine Cancer Genomics: Lessons for Canine and Human Health. *Annu Rev Anim Biosci*. 2019. 15 (7). P. 449-472. doi: 10.1146/annurev-animal-030117-014523.

9. Shinkarenko L., Guliakova O.G., Malienko V.A., Melnychuk S.D., Spirydonov V. Analysis of Genetic Variability in American Pit Bull Terrier Breed. of Dogs with a High Inbreeding Level using Microsatellite Markers. *Cytology and Genetics*. 2010. 44 (4). P. 206–211. doi: 10.3103/S0095452710040031.

10. Wang M.L., Jin X.Y., Xiong X., Yang J.L., Li J.P., Wang Q., Zhu B.F., Deng Y.J. Polymorphism analyses of 19 STRs in Labrador Retriever population from China and its heterozygosity comparisons with other retriever breeds. *Mol Biol Rep*. 2019. 46(2). P. 1577-1584. doi: 10.1007/s11033-019-04601-4.

11. van Asch B., Alves C., Gusmão L., Pereira V., Pereira F., Amorim A. A new autosomal STR nineplex for canine identification and parentage testing. *Electrophoresis*. 2009. 30(2). P. 417-23. doi: 10.1002/elps.200800307.

12. Дзіцюк В.В., Яценко В.М., Круглик С.Г., Мельник О.В., Шельов А.В., Спиридонов В.Г., Мельничук С.Д. Генетична ідентифікація собак. Київ.: Видавничий центр НУБІП України. 2012. 33 с.

13. <https://www.thermofisher.com/order/catalog/product/4349041#/4349041>

14. Hellmann A.P., Rohleder U., Eichmann C., Pfeiffer I., Parson W., Schleenbecker U. A proposal for standardization in forensic canine DNA typing: allele nomenclature of six canine-specific STR loci. *J Forensic Sci*. 2006. 51(2). P. 274-81. doi: 10.1111/j.1556-4029.2006.00049.x.

15. Kanthaswamy S., Tom B.K., Mattila A.M., Johnston E., Dayton M., Kinaga J., Erickson B.J., Halverson J., Fantin D., De Nise S., Kou A., Malladi V., Satkoski J., Budowle B., Smith D.G., Koskinen M.T. Canine population data generated from a multiplex STR kit for use in forensic casework. *J Forensic Sci*. 2009. 54(4). P. 29-40. doi: 10.1111/j.1556-4029.2009.01080.x.

16. Tom B.K., Koskinen M.T., Dayton M., Mattila A.M., Johnston E., Fantin D., Denise S., Spear T., Smith D.G., Satkoski J., Budowle B., Kanthaswamy S. Development of a nomenclature system for a canine STR multiplex reagent kit. *J Forensic Sci*. 2010. 55(3). P. 597-604. doi: 10.1111/j.1556-4029.2010.01361.x.

17. Peakall R., Smouse P.E. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*. 2012. 28. P. 2537-2539.

18. Kalinowski S.T. HP-Rare: a computer program for performing rarefaction on measures of allelic diversity. *Molecular Ecology Notes*. 2005. 5. P. 187-189.

19. Hammer O., Harper D.A.T., Ryan P.D. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*. 2001. 4. P. 1-9.

**АЛЛЕЛЬНЫЙ ПОЛИМОРФИЗМ МИКРОСАТЕЛЛИННЫХ ЛОКУСОВ ДНК ТРЁХ ПОРОД ВИДА *CANIS FAMILIARIS*.**

А. Шелёв, К. Копылов, С. Крамаренко, А. Крамаренко.

*Проанализирован аллельный полиморфизм трёх пород собак по пяти микросателлитам ДНК. Определены спектры и частоты аллельной изменчивости, специфические особенности аллелофондов, выявлены редкие и породоспецифические аллели. В целом по виду *Canis familiaris* имеет место сходство генетических процессов в исследованных породах, о чем свидетельствуют одинаковые диапазоны и пределы размаха спектров аллельного полиморфизма ( $Lim_{Na}=5-13$ ) и практически одинаковое количество выявленных аллельных вариантов ( $Na=8,2-9,2$ ).*

**Ключевые слова:** собаки, микросателлиты, полиморфизм, ДНК, породоспецифические аллели.

**ALLELIC POLYMORPHISM OF MICROSATELITE DNA LOCI OF THREE BREEDS OF *CANIS FAMILIARIS*.**

A. Shelyov, K. Kopylov, S. Kramarenko, A. Kramarenko.

*Allelic polymorphism of three dog breeds by five DNA microsatellites was analyzed. Spectra and frequencies of allelic variability, special features of allelofunds, rare and breed-specific alleles were determined. In general, the species *Canis familiaris* is a place of similarity of genetic processes in the studied breeds, which indicates that there are the same ranges and limits of the range of spectra of allelic polymorphism ( $Lim_{Na} = 5-13$ ) and almost the same number of detected allelic variants ( $Na = 8,2- 9,2$ ).*