

Группы собак сибирский и аляскинский хаски имели разные по степени, но однонаправленные связи с протяженностью дистанции, у сибирских хаски она составила  $r=-0,135$  ( $p<0,05$ ), а у аляскинских хаски –  $r=-0,018$ . Возраст собак отрицательно и достоверно связан со скоростью бега собак на дистанции независимо от их происхождения. У собак породы сибирский хаски связь составила  $r=-0,345$  ( $p>0,99$ ), а у аляскинских хаски –  $r=-0,614$  ( $p<0,001$ ).

Число собак в упряжке положительно связано со скоростью их бега в обеих группах, корреляция составила 0,119 и 0,309 ( $p<0,05$ ).

Доля кобелей в упряжке отрицательно коррелирует со скоростью передвижения упряжки на дистанции.

Температура воздуха имела отрицательную и достоверную связь со скоростью бега упряжек на дистанции в обеих исследуемых группах.

### ***1.3. Использование молекулярно-генетических методов в собаководстве (Гладких М.Ю., Селионова М.И., Трухачев В.И., Зорин Д.Н.)***

#### **1.3.1. Современное состояние вопроса**

Собаководство является отраслью животноводства, которая нацелена на разведение и селекцию собак с желаемыми генетическими характеристиками. Применение методов генотипирования в собаководстве существенно расширило возможности и эффективность этой отрасли. Генотипирование позволяет идентифицировать генетические маркеры, связанные с различными фенотипическими характеристиками, такими как внешний вид, здоровье, поведение и рабочие качества собак [3, 132].

#### **Наследственные аномалии.**

Генетические аномалии являются девиациями морфофункциональных процессов в животном организме, обусловленными хромосомными и генетическими мутациями. Преобладающая доля генетических заболеваний наблю-

дается в популяциях в форме сублетальных или рецессивных летальных генов, находящихся в состоянии гетерозиготности [65, 104].

Мутации могут возникнуть в хромосомах или генах вследствие различных факторов, включая случайные ошибки при копировании ДНК, воздействие мутагенов или воздействие радиации. Результатом таких мутаций являются генетические аномалии, которые могут проявляться в различных формах и степенях тяжести [104].

Чаще всего фенотипически нормальные родители могут дать аномальное потомство, потому что в большинстве случаев генетические аномалии находятся в состоянии гетерозиготности, что означает, носитель мутационного гена имеет одну нормальную и одну измененную копию гена. Это позволяет сохранять некоторую функциональность организма, поскольку наличие двух мутационных копий может привести к летальным или сублетальным последствиям. Признаки, обусловленные доминантными генами, как правило, проявляются и в гетерозиготном состоянии.

Дефектные гены, ответственные за развитие наследственных болезней могут быть выявлены благодаря маркерам генетических аномалий. Учеными обнаружено юолее 400 наследственных заболеваний собак. Наиболее встречаемые аномалий у всех собак носит рецессивный характер наследования. Поэтому в современной зоотехнии и ветеринарии неотъемлемой частью является диагностика заболеваний для того, чтобы не допустить интенсивного племенного использования носителей мутантных аллелей, либо осуществлять это использование под контролем [105].

Точное определение животных, являющихся носителями аутосомно-рецессивных генетических аномалий, возможно только с применением молекулярно-генетических методов, в отличие от анализа генеалогических схем и родословных, где небольшая вероятность ошибки присутствует. С использованием метода ДНК-генотипирования возможно обнаружить на ранних стадиях развития животного наличие клинически значимых мутаций, даже если эти заболевания не характерны для соответствующих пород. Известно, что у многих

вновь выведенных пород было обнаружено наличие одновременно нескольких мутаций [104, 105, 307].

На данный момент многие лаборатории предлагают обширные услуги по поиску наследственных аномалий у собак (табл. 1.3.1).

Благодаря таким тестам заводчики могут выбирать пары собак с низким риском передачи наследственных аномалий потомству, что способствует сохранению и улучшению здоровья породы. Владельцы собак также получают ценную информацию о генетической предрасположенности животного к определенным заболеваниям, что позволяет принять необходимые меры для профилактики, контроля или лечения.

*Таблица 1.3.1*

**Список наследственных заболеваний собак  
(на примере отдельных заболеваний)**

<b>Название</b>	<b>Описание болезни</b>	<b>Тип наследования</b>
L-2-гидроксиглутаровая ацидурия (L2HGA)	Данная аномалия связана с генетическими изменениями в гене L2HGDH, который играет роль в обработке L-2-гидроксиглутаровой кислоты. Болезнь характеризуется накоплением в крови, спинномозговой жидкости и гидроксиглутаровой кислоты в моче.	Аутосомно-рецессивный
Гемофилия А	Гемофилия типа А возникает из-за изменений в гене F8, который отвечает за синтез фактора свертывания крови VIII. Этот фактор вступает во взаимодействие с фактором Виллебранда, образуя комплекс. Недостаточное количество данного фактора приводит к нарушению процесса свертывания крови и развитию гемофилии типа А.	Сцепленный с полом рецессивный
Дwarfизм (скелетная дисплазия 2)	Заболевание вызывается мутацией в гене COL11A2. Данный ген участвует в развитии в скелетной ткани. При его мутации животное вырастает с короткими конечностями.	Аутосомно-рецессивный
Нарколепсия (NRCL)	У многих пород возникает нарколепсия, которая связана с генетическими изменениями в гене HCRTR2. Этот ген играет существенную роль в регуляции пищевого поведения и управлении циклами сна и бодрствования.	Аутосомно-рецессивный
Гипокаталазия	Данное заболевание вызвано мутацией в гене CAT. Эта мутация приводит к нарушению стабильности фермента каталазы и ускоренной деградации этого фермента.	Аутосомно-рецессивный
Кучехвостость	Эта мутация приводит к укорочению хвоста и недоразвитию крестцового отдела позвоночника. Заболевание связано с мутацией в гене T, который играет важную роль в регуляции развития организма. Гомозиготные	Аутосомно-доминантный

Название	Описание болезни	Тип наследования
	особи, у которых обнаружена данная мутация в обоих аллелях гена T, погибают во время эмбриогенеза.	
Миотубулярная миопатия	Данная форма миопатии связана с генетическими изменениями в гене MTM1, который имеет значительное значение в процессе развития и функционирования мышечных волокон. Проявляется в виде снижения мышечного тонуса и ослабления мышечных рефлексов.	Сцепленный с полом рецессивный
Мукоцеле желчного пузыря	Болезнь связана с мутацией в гене ABCB4. характеризуется разрастанием стенки желчного пузыря, его расширением, накоплением слизи.	Аутосомно-доминантный с неполной пенетрантностью

### **Маркеры качественных и количественных признаков.**

В настоящее время наиболее востребованными маркерами ДНК в собаководстве являются такие, которые связаны с фенотипическими признаками, имеющими экономический или культурный эффект, например: цвет шерсти, тип шерсти, длина шерсти, пигментация радужной оболочки глаза и подобные. Окрас шерсти, включая наличие или отсутствие пятен, отличающихся от основного окраса, является важным элементом экстерьера собаки и характерными признаками, который служит в определенной степени своеобразной особенностью той или иной породы. Разведение животных разных окрасов должно осуществляться строго по определенным правилам, поскольку некоторые окрасы ассоциируются с нежелательной конституцией и жизнеспособностью.

Поскольку окрас шерсти относится к категории качественных признаков, которые контролируются небольшим числом генов, то это обстоятельство облегчает анализ наследования многих аспектов окраса.

Общее впечатление от окраса также формируется в результате сочетания цвета шерсти и подшерстка. При этом цвет остевых волос оказывает значительное влияние на основной тон окраса, а подшерсток влияет на оттенок. Окрас волос определяется наличием пигментов. У собак известны три основных пигмента: черный, коричневый и желтый (рыжий). Если пигмент отсутствует, волосы приобретают белый окрас. Пигмент содержится в волосе в виде зерен различной формы. Поскольку восприятие цвета зависит от преломления

света при прохождении через эти пигментные зерна, следует учитывать, что восприятие цвета может изменяться в зависимости от формы зёрен [113].

Гены, отвечающие за окраску шерсти собак, могут быть разделены на несколько категорий:

1. Гены, ответственные за распределение пигмента по волосу и всему корпусу.
2. Гены, определяющие появление пятнистости.
3. Гены, инициирующие синтез пигментов, образующих собственно цвет.
4. Гены, обуславливающие разную степень интенсивности окраса.

Наследование окраса у собак регулируется принципом множественного аллелизма, который и объясняет разнообразие окрасов.

Целый ряд наследственно обусловленных факторов определяет разнообразие собак по типу шерсти. Это, прежде всего, характер оброслости; длина шерсти; степень жесткости шерсти; степень извитости волоса; наличие или отсутствие обильного подшерстка [120].

Пигментация радужной оболочки часто взаимозависима с цветом шерсти, поскольку гены, контролирующие цвет шерсти, могут изменять цвет глаз. Цвет глаз можно разделить на две основные категории: нормальный и аномальный. На нормальную интенсивность цвета глаз у собак влияют локусы цвета шерсти, такие как E, B и D. Наличие или отсутствие аллелей этих и других генов может привести к таким цветам радужной оболочки, как желтый, ореховый, тёмно-карий или чёрный. Исходя из этого, в зависимости от пигментации у собак проявляются различные окрасы шерсти, разный цвет радужки и пигментация мочки носа, рта и губ [113, 120].

За последние несколько лет наблюдается огромный прогресс в идентификации генов, участвующих в пигментации у собак. Получение этих результатов помогло развитию сравнительной геномики. Так, было идентифицировано семь основных генов, которые обуславливают специфический цвет и/или рисунок шерсти у собак: меланокортиновый рецептор первого типа MC1R;

ген, кодирующий тиразинозо-зависимый белок (Tyrosinase Related Protein 1 (TYRP1)), сигнальный пептид агути (Agouti Signalling Peptide (ASIP)), ген меланофилина (Melanophilin (MLPH)), SILV (ранее PMEL17), транскрипционный фактор, связанный с микрофтальмией, и бета-дефензин 103 (табл. 1.3.2).

Таблица 1.3.2

**Основные гены, обуславливающие окрас, длину и структуру шерсти у собак [294]**

Гене	Номер хромосомы	Обозначение	Название локуса	Фенотипы
ASIP	24	$A^y, a^w, a^t, a$	Агути (Agouty)	Соболий, зонарный, подпалый, рецессивный черный
TYRP1	11	$B, b^s, b^d, b^c$	Коричневый (Brown)	Черный, разные варианты шоколадного/коричневого/печеночного
SLC45A2	4	$C, c^{aZ}, c^{aL}$	Альбинизма (Colour)	$C_+$ - окрашенный, и два варианта альбинизма
MLPH	25	$D, d$	Осветления (Dilution)	Black/chocolate, blue/isabella
MC1R	5	$E^m, E^g, E, e^h, e$	Распределение эумеланина (Extension)	Рыжий с черной маской, «гризли», обычное окрашивание, соболиный кокер-спаниелей, кремовый, рецессивный рыжий
PSMB7	9	$H, h$	Арлекин (Harlequin)	Арлекин, не-арлекин
DEFB103	16	$K^B, K^{br}, k^y$	Черный (black)	Доминантный черный, тигровый, наличие зонарного окраса
Fgf5	32	$L, l$	Длина шерсти (Longcoat)	Короткая шерсть, длинная шерсть
PMEL	10	$M, m$	Фактор Мерля (Merle)	Двойной мерль, мерль, не-мерль
KRT71	27	$R, r$	Курчавая шерсть (curlycoat)	Прямая шерсть, курчавая шерсть
MITF	20	$S, s^i, s^p$	Пегость (Spotting)	Сплошной окрас, «ирландская» пегость, пегость (пятнистость)
RSPO2	13	$W, w$	Структура шерсти (Wirecoat)	Жесткая шерсть, обычный волос
MC5R	1	не определено	Интенсивность линьки	Нормальная линька, усиленная линька разной степени интенсивности
FOXI3	17	не определено	Безшерстность	Безшерстный, покрытый шерстью
SGK3	29	не определено	Безшерстность американского голого терьера (АНТ)	Покрытый шерстью, АНТ-голый
не определено	18	не определено	Наличие «риджа» (Ridgeback)	Ridgeback, non-ridgeback

Хотя не все аллели еще идентифицированы в каждом локусе, для многих уже доступны тесты ДНК в лабораториях разных стран. Идентификация этих аллелей также позволила получить информацию взаимодействиях между разными генами, участвующих, как в формировании пигментации, так и в неврологическом развитии. Учеными были обнаружены плеiotропные эффекты некоторых генов окраса шерсти, связанные с болезнями. Сравнительная характеристика разных пород по встречаемости разных аллелей окраса шерсти пролила свет на некоторые потенциальные истории развития пород и филогенетические взаимоотношения. Эта информация представляет ценность для заводчиков собак, которые выбирали за или против определенных окрасов с тех пор, как в конце 1800-х годов появились стандарты породы и выставки собак [294]. В нашей стране и за рубежом становится общепринятой практикой среди заводчиков и национальных клубов пород определять генетическую формулу собак, планируемых для использования в разведении, по одному или нескольким локусам окраса.

Поэтому **целью одной из наших работ** явился анализ распространения в разных породах генов *Agouti* и *K*, которые участвуют в формировании окрасов и подавляющего большинства пород.

**Материал и методика.** Для выделения ДНК в качестве биоматериала использовали цельную кровь в пробирках с ЭДТА.

Образцы крови были взяты из передней подкожной вены предплечья передней лапы (рис. 1.3.1).

Были отобраны собаки следующих отечественных пород: московская сторожевая, русский черный терьер, кавказская овчарка, восточно-европейская овчарка.

Выбранные животные имели родословные Российской кинологической федерации. Все собаки были взрослыми, прошли оценку на официальной выставке, где были признаны типичными для данной породы. Собаки не являлись родственниками.



Рисунок 1.3.1 – Цельная кровь собаки породы московская сторожевая в пробирке с ЭДТА.

Генотипирование животных производилось в лабораториях «ВетГеномика» и «Зооген» общепринятыми методами.

#### Результаты исследований.

Анализ полученных генотипов собак по двум локуса окрасов выявил как межпородные, так и внутривидовые различия (табл. 1.3.3).

Таблица 1.3.3

#### Результаты генотипирования собак отечественных пород по генам *A* и *K*

Порода	Фенотип, окрас	Ген	
		ASIP	CBD103
Московская сторожевая (n=6)	рыжий с белыми пятнами	$a^y/a^y$	<i>noK</i>
Русский черный терьер (n=10)	черный	$a^t/a^t$	<i>K/K</i>
Восточно-европейская овчарка (n=11)	черно-подпалый	$a^t/a$	<i>noK</i>
		$a^t/a^t$	<i>noK</i>
	черный	$a/a$	<i>noK</i>
		$a^t/a$	<i>K/noK</i>
Кавказская овчарка (n=4)	палевая	$a^t/a^t$	<i>K/K, K/noK</i>
		$a^y/a^w, a^w/a^w$	<i>noK</i>

Отметим, прежде всего, что все русские черные терьеры, которые соответствуют по фенотипу требованиям стандарта – имеют черный окрас, являются гомозиготами по аллелю  $K^B$  (доминантный черный), который, скорее всего, появился в породе от ризеншнауцеров, которые были одной из пород-предков черного терьера. Именно поэтому мы не видим того, что, согласно данным о локусе агути они могли бы выглядеть как черно-подпалые собаки ( $a^t/a^t$ ). Очевидно, что эти аллели они могли получить от ротвейлеров, которые были использованы при создании черных терьеров.

Все московские сторожевые имели бело-рыжей окрас и одинаковый генотип: гомозиготы по аллелям  $a^y$  и  $k^y$ .

Кавказские овчарки, участвовавшие в нашем исследовании, имели палевый окрас. Они все были гомозиготами по аллелю  $k^y$ , но в локусе агути были выявлены аллели  $a^y$  и  $a^y$ , хотя гомозигот по последнему обнаружено не было.

Самая интересная картина наблюдалась у восточноевропейских овчарок. Мы установили, что черный окрас восточноевропейских овчарок был обусловлен как сочетанием аллеля азонарного окраса ( $aa$ ) в локусе агути и гомозиготности по аллелю  $k^y$ , так и наличием аллеля доминантного черного ( $K^B$ ) при разных сочетаниях аллелей в локусе агути. Если первый вариант формирования черного окраса типичен для немецких, бельгийских овчарок, шиперке, восточноевропейских овчарок (как представлялось до настоящего исследования), то второй вариант впервые доказал наличие в породе доминантного черного аллеля.

Таким образом, необходимо провести исследование генеалогических схем современных восточноевропейских овчарок и их предков, архивных племенных документов, чтобы найти источник и причину наличия аллеля  $K^B$  в породе.

### **Оценка достоверности происхождения собак.**

Генетическая паспортизация собак является эффективным инструментом в определении и идентификации пород, а также индивидуальных особей. В настоящее время, для этой цели, широко используются ДНК-маркеры, которые обладают рядом преимуществ по сравнению с традиционными методами идентификации.

Одной из наиболее распространенных категорий ДНК-маркеров являются микросателлиты, или STR-маркеры. Микросателлиты представляют собой короткие повторяющиеся последовательности ДНК, которые находятся в разных участках генома. Изменчивость этих микросателлитов между различными особями и породами позволяет создать уникальные генетические профили, ко-

торые могут быть использованы для идентификации конкретных собак и их генетической классификации.

Применение генетической паспортизации собак имеет широкий спектр преимуществ. Во-первых, генетическая паспортизация улучшит ведение родословных собак. Благодаря молекулярным маркерам, можно более точно определить происхождение каждой особи и подтвердить ее родословную. Это особенно важно для породистых собак, где сохранение генетической чистоты и поддержание желаемых характеристик являются приоритетными задачами. Также генетическая паспортизация позволит снизить риск распространения заболеваний и генетических дефектов в популяции.

Во-вторых, это способствует исключению бездомных собак в качестве отдельной проблемы. Путем установления генетического профиля каждой собаки и соответствующей регистрации, организациям будет гораздо проще контролировать и управлять популяцией животных.

В-третьих, поголовная паспортизация собак, позволит упростить поиск хозяев, чьи собаки были причастны к нападению на людей и других животных. По статистике ежегодно в России регистрируется более 300 тысяч случаев нападения собак на человека, 30 процентов из которых дети. Нападения собак являются не только причиной травм людей, но также могут привести к травмам и гибели домашних животных, ценного домашнего скота и редких диких животных [90, 164, 179].

В настоящий момент в мире существует несколько вариантов по созданию профилей, они отличаются количеством STR-локусов, по которым происходит генотипирование (табл. 1.3.4).

Самым распространённым методом является локусная панель на 22 микросателлита, которая одобрена международным обществом генетики животных (International Society for Animal Genetics, ISAG). Также используют панель на 10 локусов, которая на рынке представлена, компанией Thermo Fisher Scientific [231].

Генотипирование по 22 микрасателитам, пользуется большой популярностью во всём мире. Этот метод использует не только для идентификации собак, но и для изучения генетической изменчивости в популяциях [279].

Таблица 1.3.4

**Варианты панелей для генотипирования собак по STR-маркерам**

Панель 22 STR (ISAG)	Панель ThermoFishe scientific
AHTh130	FH 2054
AHtk211	FHC 2010
CXX279	PEZ 3
INU055	FHC 2079
REN169O18	PEZ 20
REN54P11	PEZ 1
FH2848	PEZ 12
INU005	PEZ 8
INU030	PEZ 5
REN105L03	PEZ 6
Amelogenin	
AHT121	
AHTh171	
FH2054	
REN162C04	
REN247M23	
REN64E19	
AHT137	
AHTh260	
AHtk253	
INRA21	
REN169D01	

Кроме того, оценка полиморфизма по 22 локусам против 10 дает больше возможностей для однозначной и достоверной идентификации животных и групп животных.

**Полногеномные исследования.**

Полногеномные исследования стали широко распространены среди многих видов домашних и, в первую очередь, сельскохозяйственных животных.

В собаководстве полногеномный анализ стал применяться недавно, но позволил решать очень интересные задачи широкого спектра.

Так в 2007 году было показано, что при полногеномном анализе с покрытием в ~27 000 SNP может быть проведено картирование ассоциаций с признаками, наследуемых как менделевские, с использованием ~20 собак для каждой из пород. Ученые анализировали два морфологических менделевских

признака: пегость (S) и гребень волос на спине у родезийских риджбеков. Для обоих признаков были определены локусы с дискретными областями размером  $<1$  Мб. Точное картирование локуса S с привлечением второй породы сужает локализацию до области  $\sim 100$  т.п.н., содержащейся в гене MITF, связанном с пигментацией. Полное секвенирование гаплотипов пегости и сплошного окраса позволило идентифицировать кандидатные регуляторные мутации в меланоцит-специфическом промоторе MITF [232].

Одно из самых первых исследований было посвящено вопросам одомашнивания собак. Достижения в области геномных технологий способствовали новому пониманию исторических и генетических процессов, имеющих решающее значение для быстрой фенотипической эволюции при одомашнивании. В 2010 году, чтобы лучше понять процесс диверсификации пород собак, было проведено масштабное полногеномное исследование более 48 000 однонуклеотидных полиморфизмов у собак разных пород и серого волка, которого считают одним из предков. Было установлено, что породы собак имеют более высокую долю мультилокусных гаплотипов, уникальных для серых волков Ближнего Востока, что указывает на то, что именно эта группа волков стала доминирующим источником генетического разнообразия для собак. Кроме того, было показано поразительное совпадение между группировкой большей части пород как по генетическому разнообразию, так и по их морфологическим характеристикам и целям селекции. Выявленные исключения позволяют предположить, что фенотипическая диверсификация пород частично зависела от создания новых пород путем скрещивания уже существующих. Совсем недавно эволюция современных пород собак, по-видимому, представляла собой многоступенчатый процесс, основанный на ограниченном генетическом наборе инструментов для создания выдающегося фенотипического разнообразия [322].

Итальянские ученые провели исследования локальной породы острова Сардиния – сардинской овчарки (или собака Фонни). Путем полногеномного анализа представителей сардинской овчарки и еще 27 средиземноморских по-

род собак, (170 000 полногеномных однонуклеотидных вариантов от 155 собак) была создана геномная иллюстрация одной из древнейших пород. Рассчитанные генетические параметры дали представление об участии собак Фонни в развитии пород собак по всему Средиземноморью. Одним из выводов ученых было заключение о том, что генетическая история собаки Фонни параллельна демографическим событиям в местных популяциях людей [177].

В другом исследовании итальянские ученые проанализировали данные SNP, полученные с помощью CanineHD BeadChip, полученные от 116 собак, представляющих 6 охотничьих пород и 158 собак, представляющих 9 пород с пастушьими способностями. Результаты показали четкие различия как между пастушьими и охотничьими собаками в целом, так между охотничьими собаками в целом, группой гончих и приотарными собаками. Ученые выявили, что геномные области, которые обусловили дифференциацию этих групп пород, содержат несколько генов, связанных с одомашниванием и поведенческими чертами, включая пастуший инстинкт (*WBSRC17*) и агрессивность (*CDH12* и *HTT*). Дополнительно были идентифицированы гены, связанные с морфологическими признаками, такие как длина и цвет шерсти (*ASIP* и *TYRP1*), а также ее текстура (*RSPO2*) [154].

Отдельной задачей является разработка инструментов, позволяющих отличать одну породу от другой, особенно, когда речь идет о малочисленных и локальных породах. Так группа исследователей Сиднейского университета на основании анализа генетических ресурсов биобанка лаборатории, общедоступные данные о генотипах и филогенетической структуры 23 породных групп, определила геномные области, которые отличают породу бульмастиф. Ими были идентифицированы у бульмастифов геномные области, уникальные по сравнению с родственными породами, такими как мастифы и бульдоги, а также с другими породными группами, включенными в исследование. Значимые регионы были идентифицированы на 15 хромосоме, причем наиболее важные участки обнаружены на CFA1, CFA9 и CFA18. Как считают ученые эти регионы могут отражать последствия генетического дрейфа после создания

породы или последствия селекционных решений в процессе развития современного бульмастифа [222].

### **1.3.2. Оценка генетических параметров на примере поголовья собак породы московская сторожевая**

**Материалы и методика.** Для отработки методики было прогенотипировано 10 собак породы московская сторожевая. Биоматериал был предоставлен межрегиональной кинологической общественной организацией «Максимум» в виде цельной крови в пробирках с ЭДТА. Выбранные животные имели родословные Российской кинологической федерации. Все собаки были взрослыми, прошли оценку на официальной выставке, где были признаны типичными для данной породы. Собаки не являлись родственниками.

Образцы крови были взяты из передней подкожной вены предплечья передней лапы (рис. 1.3.1).

Все работы проводились в учебно-научном центре коллективного пользования «Сервисная лаборатория комплексного анализа химических соединений» РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева.

Экстракция осуществлялась с использованием коммерческого набора ДНК-Экстран – 1 компании «Синтол», который основан на методе фенол-хлороформной экстракции. После экстракции ДНК была определена концентрация и качество образцов.

В этом анализе используется основная панель маркеров STR, рекомендованная ISAG для индивидуальной идентификации и анализа отцовства, а также маркер гендерной идентификации. Использовали следующие микросателлитные маркеры: АНТk211, СХХ279, REN169O18, INU055, REN54P11, INRA21, АНТ137, REN169D01, АНTh260, АНТk253, INU005, INU030, FH2848, АНТ121, FH2054, REN162C04, АНTh171, REN247M23, АНТH130, REN105L03, REN64E19 и Локус Амеля.