

УДК 575.174.015.3:636.294:575.113

Научная статья



DOI: 10.32634/0869-8155-2026-409-08-105-113

А.М. Цыб ✉

В.Р. Харзинова

Н.Ф. Бакоев

Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, поселок Дубровицы, городской округ Подольск, Московская область, Россия

✉ senior.tsyb@yandex.ru

Поступила в редакцию: 16.03.2026

Одобрена после рецензирования: 16.07.2026

Принята к публикации: 30.07.2026

© Цыб А.М., Харзинова В.Р., Бакоев Н.Ф.

Молекулярно-генетическая экспертиза марала (*Cervus elaphus*): разработка мультилокусной STR-панели для установления достоверности происхождения и генетической идентификации

РЕЗЮМЕ

Марал (*Cervus elaphus*, Linnaeus, 1758) — ценный подвид благородного оленя, являющийся источником уникального пантового сырья для биомедицинской промышленности. Разведение маралов в полувольных условиях затрудняет ведение точного зоотехнического учета и контроль родственных связей, а угроза нелегальной охоты требует надежных методов идентификации, что делает актуальной разработку тест-системы для генетической паспортизации и подтверждения достоверности происхождения животных. Целью исследования являлась разработка мультилокусной тест-системы на основе микросателлитных маркеров для молекулярно-генетической экспертизы маралов. Четкая идентификация всех 14 локусов на электрофореграммах свидетельствует о корректной работе мультиплексных ПЦР (полимеразная цепная реакция). Суммарно было детектировано 101 аллель. Наиболее полиморфными маркерами, пригодными для идентификации, признаны локусы Haut14 (13 аллелей), TGLA53 (13 аллелей) и T26 (12 аллелей). Ключевым показателем эффективности системы стала вероятность случайного совпадения генотипов двух индивидов (PI), составившая $3,32 \times 10^{-15}$, что практически исключает ошибку в идентификации. Совокупный дискриминирующий потенциал (CPD) составил 99,99999999999996%. Точность подтверждения происхождения по обоим родителям (P1X) и точность исключения обоих родителей (P3X) достигли 99,99%. Разработанная мультиплексная STR-панель из 14 локусов обладает исключительной дискриминирующей способностью. Полученные результаты позволяют рекомендовать данную тест-систему к внедрению в различных областях, включая селекционно-племенную работу в мараловодстве, проведение судебных экспертиз по фактам браконьерства, мониторинг популяций в системе охраны природы, а также изучение таксономии и генетической структуры благородного оленя.

Ключевые слова: *Cervus elaphus*, марал, STR-панель, микросателлиты, достоверность происхождения.

Для цитирования: Цыб А.М., Харзинова В.Р., Бакоев Н.Ф., Молекулярно-генетическая экспертиза марала (*Cervus elaphus*): разработка мультилокусной STR-панели для установления достоверности происхождения и генетической идентификации. *Аграрная наука*. 2026; 409(08): 105–113.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2026-409-08-105-113>

Molecular genetic examination of maral (*Cervus elaphus*): development of a multilocus STR panel to establish the reliability of origin and genetic identification

ABSTRACT

The maral (*Cervus elaphus*, Linnaeus, 1758) is a valuable subspecies of red deer, providing a unique source of antler material for the biomedical industry. Breeding marals in semi-captivity complicates accurate zootechnical records and family tree monitoring, and the threat of illegal hunting requires reliable identification methods, making the development of a test system for genetic certification and confirmation of the animals' provenance crucial. The aim of the study was to develop a multi-locus test system based on microsatellite markers for molecular genetic testing of marals. Clear identification of all 14 loci in electropherograms indicates the correct operation of multiplex PCR (polymerase chain reaction). In total, we detected 101 alleles. The most polymorphic markers suitable for identification were recognized as the Haut14 (13 alleles), TGLA53 (13 alleles), and T26 (12 alleles) loci. The key performance indicator of the system was the probability of a random match of the genotypes of two individuals (PI), which amounted to 3.32×10^{-15} , virtually eliminating identification error. The combined discriminatory potential (CPD) was 99.99999999999996%. The accuracy of confirming parentage for both parents (P1X) and the accuracy of excluding both parents (P3X) reached 99.99%. The developed multiplex STR panel of 14 loci possesses exceptional discriminatory power. The obtained results allow us to recommend this test system for implementation in various fields, including selection and breeding work in maral breeding, forensic examinations of poaching cases, population monitoring in nature conservation systems, and the study of the taxonomy and genetic structure of red deer.

Key words: *Cervus elaphus*, maral, STR multiplexes, microsatellites, provenance.

For citation: Tsyb A.M., Kharzinova V.R., Bakoev N.F. Molecular genetic examination of maral (*Cervus elaphus*): development of a multilocus STR panel to establish the reliability of origin and genetic identification. *Agrarian science*. 2026; 409(08): 105–113 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2026-409-08-105-113>

Research article



DOI: 10.32634/0869-8155-2026-409-08-105-113

Anton M. Tsyb ✉

Veronika R. Kharzinova

Nekruz F. Bakoev

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy settlement, Moscow region, Russia

✉ senior.tsyb@yandex.ru

Received by the editorial office: 16.03.2026

Accepted in revised: 16.07.2026

Accepted for publication: 30.07.2026

© Tsyb A.M., Kharzinova V.R., Bakoev N.F.

Введение/Introduction

Марал (*Cervus elaphus*, Linnaeus, 1758) — крупный подвид благородного оленя, является лидером в производстве пантового оленеводства в сравнении с другими представителями данного направления продуктивности. Ареал обитания маралов в России простирается от Южной Сибири до озера Байкал, маралы также встречаются в других странах близ этих регионов, в Казахстане и Монголии [1]. Мараловодство является традиционной и экономически значимой отраслью животноводства в ряде регионов Российской Федерации, в особенности в Алтайском крае, Республике Алтай и Республика Тыва, в связи с тем, что панты, составляющие около 85% всей продукции, получаемые от данного подвида, являются уникальным сырьем для производства биологически активных добавок и лекарственных препаратов, традиционно используемых в медицине. Для сохранения продуктивных качеств и здоровья животных маралы содержатся и размножаются в полувольных условиях, по этой причине вести точный зоотехнический учет по установлению родственных связей — трудная задача [2]. Кроме того, в естественной среде обитая популяция марала подвергается интенсивному браконьерскому прессу, в результате которого значительная часть особей, мигрирующих за пределы охраняемых территорий, становится объектом нелегальной селективной охоты. [3]. В помощь хозяйствам и судебной экспертизе для установления достоверности происхождения и чистопородности, а также для идентификации биологического материала и доказательства незаконной добычи диких животных успешно применяются различные ДНК-маркеры, в том числе и STR-маркеры (микросателлиты). Микросателлиты представляют собой короткие tandemные повторы нуклеотидных последовательностей, характеризующиеся высоким уровнем полиморфизма, что обусловлено вариативностью числа повторов у разных особей. STR-маркеры являются кодоминантными, по этой причине в генотипе особи проявляются оба аллеля, полученные от отца и от матери. Это свойство позволяет четко отследить передачу каждого маркера от родителей к потомству в строгом соответствии с законами Менделя, а высокий уровень полиморфизма STR-локусов делает микросателлитный анализ более информативными по сравнению с менее изменчивыми маркерами, так как вероятность случайного совпадения профилей у двух неродственных животных крайне мала [4]. Для типичных представителей сельскохозяйственной отрасли разработаны коммерческие и кастомные STR-панели, которые успешно применяются в селекционно-племенной работе. В федеральном государственном бюджетном научном учреждении «Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста» успешно разрабатываются STR-панели для различных видов сельскохозяйственных животных,

например, таких как як [5], стерлядь [6], северный олень [7], осётр [8] и пчелы [9]. Авторами предпринята попытка создания мультилокусной тест-системы для контроля достоверности происхождения животных в целях поддержки и улучшения селекционно-племенной работы данной отрасли животноводства. Помимо этого, предпринята попытка создать инструмент для криминалистической идентификации, который станет надежным подспорьем в борьбе с браконьерством.

Целью исследования являлась разработка мультилокусной тест-системы на основе микросателлитных маркеров для молекулярно-генетической экспертизы маралов.

Материал и методы исследования / Material and methods

Исследование проводили в центре коллективного пользования «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

В качестве биологического материала были отобраны случайные неродственные образцы маралов ($n = 30$), относящихся к разным популяциям из биобанка «Банк генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» (зарегистрирован Минобрнауки РФ № 498808), созданной и поддерживаемой в ФГБНУ ФИЦ животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста. Все последующие расчеты информативности разработанной тест-системы были выполнены на малой выборке, в связи с этим некоторые показатели могут незначительно отличаться при увеличении объема выборки, а также при изучении различных популяций.

Выделение ДНК из образцов ушных выщипов осуществляли с помощью коммерческого набора ДНК-Экстрат-2 (НКП «Синтол» Россия), согласно протоколу фирмы-производителя. Качественную оценку выделенной ДНК исследуемых образцов проводили методом электрофореза в 1% агарозном геле, а концентрацию измеряли с помощью флуориметра Qubit 3.0 (ThermoFisher, США) с использованием набора Spectra Q HS (ООО «Сесана»).

Разработка STR-панели начиналась с обзора и анализа данных научной литературы в открытых базах данных и библиотечных ресурсах: PubMed (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), eLIBRARY.RU (<http://elibrary.ru/defaultx.asp>), CyberLeninka (<https://cyberleninka.ru/>), для последующего отбора высокополиморфных микросателлитных локусов успешно амплифицированных в исследованиях вида *Cervus elaphus*. Всего было отобрано 30 полиморфных микросателлитных локусов: BL42, BMC1009, BM4107, BM4208, BM888, BM5004, RT1, INRA11, MM12, CSSM14, BM757, BM1818, CSSM19, CSSM22, COPS115, Haut14, C229, T26, T193, T501, CSSM16, ETH225, INRA35, BM203, BM848, BM6506, VH110, TGLA53 и OarAE129, ILSTS06, характеризующихся высокой полиморфностью и приводящиеся в наибольшем числе

публикаций [10]. Чтобы определить оптимальную температуру отжига праймеров, была проведена ПЦР с функцией градиент, для каждого локуса использовалось 3 образца маралов и 12 температурных режимов (53-67°C). Общий объем реакционной смеси на 15 мкл включал: 1,5 мкл 10x ПЦР-буфера (ЗАО «Евроген»), 1,5 мкл dNTP (1ммоль/л), 0,6 мкл праймеров, 0,15 мкл MgCl₂, 0,15 мкл ДНК-полимеразы Smart Taq и 1 мкл ДНК-матрицы. Полученный продукт амплификации был проанализирован с помощью капиллярного гель-электрофореза на ДНК-анализаторе «НАНОФОР 05» (НПФ «СИНТОЛ», Россия), в составе реакционной смеси было использовано: 9,5 мкл HI-Di формамида, 0,5 мкл стандарта (sd450 orange) и 1 мкл ампликонов. Определение длин фрагментов выполнялась в программном обеспечении GENEMARKER v1.97. (Soft Genetics, State College, PA).

Обработку и сортировку матрицы генотипов 30 образцов маралов проводили в Microsoft Excel (США). Функциональные (NA, NE, NO, HE, FIS,), криминалистические (PIC, PD, CPD) и генеалогические (PI, P1X, P2X, P3X) свойства разработанной STR-панели оценивали с использованием статистической надстройки GenAlex v6.51b2 [11] для Microsoft Excel (США).

Результаты и обсуждение / Results and discussion

При проведении анализе первичных данных наличие неспецифических фрагментов было обнаружено для локусов BM757, INRA11, ETH225, ILSTS06, INRA35, BM6506, VN110 и (C)SPS115. В связи с невозможностью их элиминации посредством оптимизации программы амплификации, перечисленные локусы были исключены из последующей работы. Ввиду низкой полиморфности локусы MM12, CSSM14, CSSM22, BM203, T193 (2 аллеля) и BM5004 (3 аллеля) были исключены из разработки панели.

Формирование мультилокусной STR-панели проводилось на основе локусов, характеризующихся достаточным полиморфизмом и совместимостью праймеров по температуре отжига (63°C). Дополнительным условием являлась возможность мультиплексирования с использованием флуоресцентных меток, спектры которых не перекрываются, что обеспечивает корректную детекцию продуктов амплификации. По итогу нами было составлено два мультиплекса (рис. 1.).

В первый мультиплекс вошло 9 STR-маркеров (Haut14, BM4107, BL42, C229, BM888, BMC1009, CSSM19, BM1818, T26), во второй мультиплекс 5 STR-маркеров (TGLA53, RT1, BM848, T501, BM4208). Состав реакционной смеси для проведения ПЦР двух мультиплексов представлена в таблице 1.

Многоступенчатый протокол ПЦР, оптимизированный для двух тест-систем анализа STR-локусов и представленный в таблице 2, включает 30 циклов

Рис. 1. Перечень микросателлитных локусов, включенных в первый и второй мультиплексы STR-панели с указанием флуоресцентных меток и диапазонов длин аллелей.

Fig. 1. List of microsatellite loci included in the first and second multiplexes of the STR panel with indication of fluorescent labels and allele length ranges.

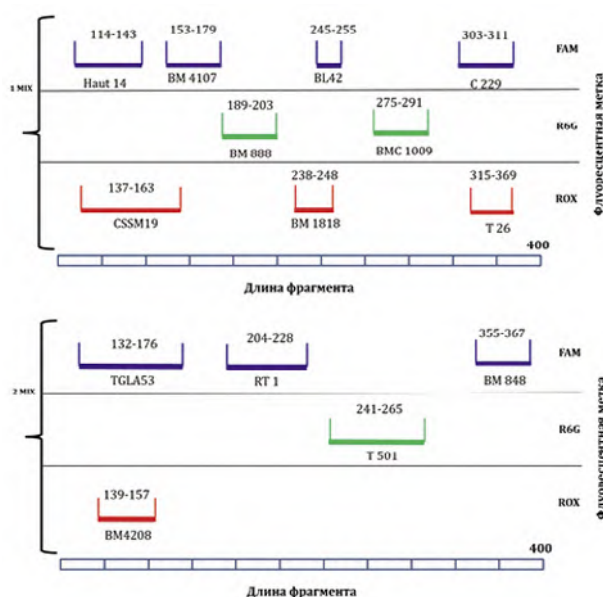


Таблица 1. Состав реакционной смеси двух мультиплексов STR-панели маралов.

Table 1. Composition of the reaction mixture of two multiplexes of the STR panel of marals.

Мультиплекс 1				
Компоненты смеси	Рабочая концентрация	Единица измерения	Флюоресцентная метка	Количество, мкл
Вода	–	–		2,31
ПЦР буфер	10	X		1
Смесь фосфатов	2	mM		1
Haut14	10	pmol/μL	FAM	0,6
BM4107	10	pmol/μL	FAM	0,3
BL42	10	pmol/μL	FAM	0,6
C229	10	pmol/μL	FAM	0,6
BM888	10	pmol/μL	R6G	0,14
BMC1009	10	pmol/μL	R6G	0,4
CSSM19	10	pmol/μL	ROX	0,6
BM1818	10	pmol/μL	ROX	0,6
T26	10	pmol/μL	ROX	0,6
Smart Taq полимеразы	5	U/μL		0,1
Объем реакционных компонентов				9
Исследуемая ДНК				1
Конечный объем, мкл				10
Мультиплекс 2				
Компоненты смеси	Рабочая концентрация	Единица измерения	Флюоресцентная метка	Количество, мкл
Вода	–	–		3,45
ПЦР буфер	10	X		1
Смесь фосфатов	2	mM		1
TGLA53	10	pmol/μL	FAM	0,6
RT1	10	pmol/μL	FAM	0,6
BM848	10	pmol/μL	FAM	0,6
T501	10	pmol/μL	R6G	0,3
BM4208	10	pmol/μL	ROX	0,6
Smart Taq полимеразы	5	U/μL		0,3
Объем реакционных компонентов				9
Исследуемая ДНК				1
Конечный объем, мкл				10

Таблица 2. Многоступенчатая программа амплификации STR-панели маралов.
Table 2. Multi-stage amplification program for the STR panel of marals.

Этап	t (°C), время (мин, сек)	Число циклов
Денатурация	94 °C, 3 мин	x1
Денатурация	98 °C, 30 сек	x4
Отжиг	63 °C 1 мин 30 сек	
Элонгация	72 °C, 1 мин 30 сек	
Денатурация	94 °C, 30 сек	x6
Отжиг	63 °C, 2 мин	
Элонгация	72 °C 1 мин, 30 сек	
Денатурация	90 °C, 30 сек	x18
Отжиг	63 °C, 2 мин	
Элонгация	72 °C 1 мин, 15 сек	
Заключительная элонгация	72 °C, 15 мин	x1
Охлаждение	4 °C, ∞	∞

с тремя различными температурно-временными режимами. Выбранные параметры направлены на обеспечение эффективности мультиплексной

амплификации, снижение уровня неспецифических продуктов и достижение сбалансированного накопления всех анализируемых микросателлитных локусов.

На рисунках 2–3 представлены фореграммы локусов микросателлитов разработанной тест-системы мультиплексного генотипирования STR-маркеров марала, отобранных в итоговую панель.

Тестирование разработанной STR-панели проведено на случайно сформированной выборке образцов маралов путем постановки двух мультиплексных ПЦР. Четкая идентификация всех 14 микросателлитных локусов на электрофореграммах позволила получить профили для последующей оценки функциональных характеристик системы, результаты которой представлены в таблице 3.

Рис.2. Результаты анализа образцов маралов по первому мультиплексу.
Fig. 2. Results of the analysis of maral samples for the first multiplex.

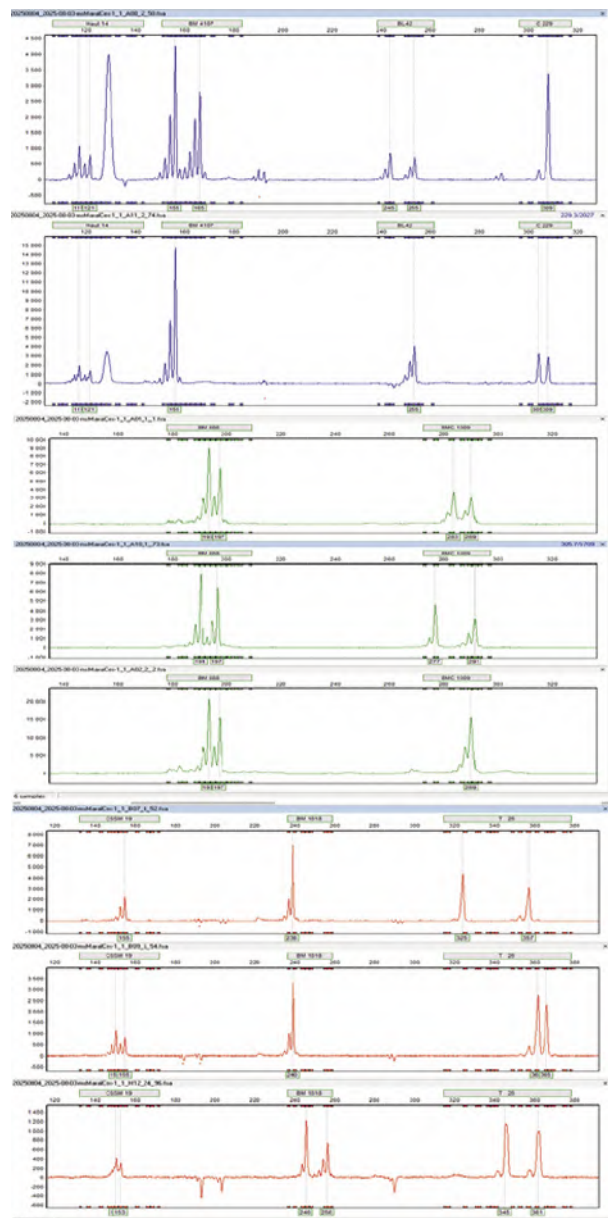


Рис.3. Результаты анализа образцов маралов по второму мультиплексу.
Fig. 3. Results of the analysis of maral samples for the second multiplex.

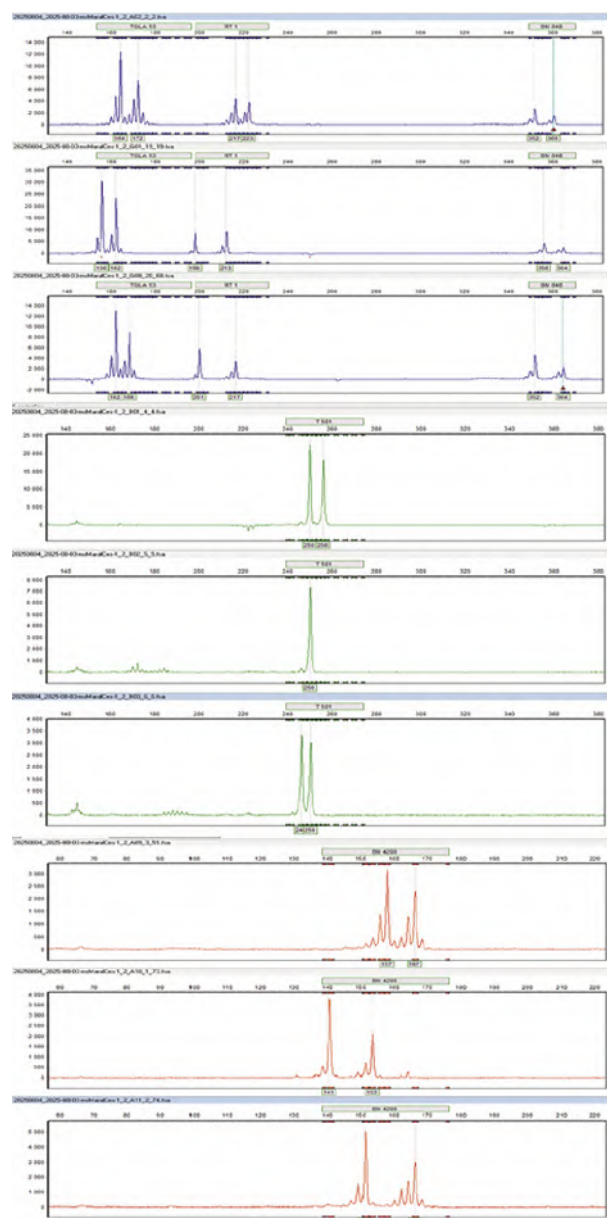


Таблица 3. Оценка информативности STR-маркеров для исследуемой выборки маралов.

Table 3. Evaluation of the informativeness of STR markers for the studied sample of marals.

Наименование локуса	Среднее число аллелей на локус (N_A)	Эффективное число аллелей на локус (N_E)	Наблюдаемая гетерозиготность (H_O)	Ожидаемая гетерозиготность (H_E)	Индекс фиксации (F_{IS})
Haut14	13	7,826	0,867	0,872	0,006
BM4107	10	5,445	0,871	0,816	-0,067
BL42	4	2,438	0,690	0,590	-0,169
C229	4	2,806	0,613	0,644	0,048
BM888	10	4,995	0,906	0,800	-0,133
BMC1009	6	3,626	0,903	0,724	-0,247
CSSM19	9	4,688	0,833	0,787	-0,059
BM1818	6	2,639	0,400	0,621	0,356
T26	12	6,950	0,700	0,856	0,182
TGLA53	13	6,180	0,677	0,838	0,192
RT1	8	4,676	0,742	0,786	0,056
BM848	4	2,007	0,400	0,502	0,203
T501	10	3,022	0,613	0,669	0,084
BM4208	6	4,388	0,806	0,772	-0,044

В результате анализа 14 микросателлитов на выборке маралов выявили 101 аллель. Наименее полиморфными оказались локусы BL42, C229, BM848 по 4 аллеля. Наибольший полиморфизм показали локусы Haut14 и TGLA53, в которых обнаружено 13 аллелей, и локус T26, в котором обнаружено 12 аллелей. У остальных локусов диапазон составил от 6 до 10 аллелей.

Значения эффективного числа аллелей на локус (нижняя оценка числа аллелей, одновременно присутствующих в популяции, при условии, что генетический дрейф и мутагенез уравновешены) варьировали от 2,007 в локусе BM848 до 7,826 в локусе Haut14.

Значения наблюдаемой гетерозиготности были выше 0,5 у 12 из 14 локусов. При этом все 14 локусов имеют значения ожидаемой гетерозиготности выше 0,5. Анализ индекса фиксации (FIS) выявил разнонаправленные значения для исследованных микросателлитных локусов: для 8 локусов наблюдался дефицит гетерозигот (от 0,006 до 0,356), тогда как для 6 локусов зафиксирован их избыток (-0,247 до -0,044). Среднее значение FIS по всем локусам составило 0,029.

Наибольшей информативностью отличаются локусы Haut14, T26 и TGLA53, значения PIC которых превышают 0,8, что указывает на их высокую дискриминирующую способность и эффективность при анализе генетического разнообразия, установлении родства и идентификации особей. Высокий уровень полиморфизма данных локусов обусловлен, значительным числом аллелей и их относительно равномерным распределением в исследованной выборке маралов. Оценка криминалистических параметров проведена в таблице 4.

Тринадцать локусов демонстрируют значения PIC выше 0,5, что позволяет классифицировать их

Таблица 4. Криминалистические параметры локусов тест-системы для идентификации особей маралов.

Table 4. Forensic parameters of the test system loci for identifying maral individuals.

Наименование локуса	Полиморфное информационное содержание (PIC)	Дискриминирующая способность (PD)	Комбинированная дискриминирующая способность (CPD)*, %
Haut14	0,861	0,972	94,000000
BM4107	0,794	0,944	99,832000
BL42	0,530	0,772	99,962304
C229	0,576	0,805	99,992668
BM888	0,774	0,934	99,999516
BMC1009	0,682	0,882	99,999943
CSSM19	0,761	0,929	99,999996
BM1818	0,550	0,786	99,9999991
T26	0,841	0,964	99,99999997
TGLA53	0,820	0,956	99,999999999
RT1	0,754	0,922	99,999999999
BM848	0,452	0,702	99,9999999997
T501	0,650	0,872	99,99999999996
BM4208	0,737	0,913	99,999999999996

Примечание: * Расчет нарастающим шагом

как высокоинформативные. Локус BM848 со значением PIC 0,452 относится к категории среднеинформативных маркеров. Пониженная информативность этого локуса, вероятно, связана с наличием одного доминирующего аллеля с высокой частотой, что снижает его разрешающую способность при дифференциации особей.

Дискриминирующая способность (PD) характеризует вероятность различия генотипов двух случайных особей, при этом более высокие значения данного показателя свидетельствуют о большей информативности локуса. Значения PD у всех локусов были на высоком уровне: минимальное значение выявлено у локуса BM848 (0,702), максимальное — у локуса Haut14 (0,972). Совокупный дискриминирующий потенциал тест-системы составил 99,9999999999996%.

Оценка генеалогических свойств разработанной тест-системы мультиплексного генотипирования STR-маркеров марала представлена в таблице 5.

Как следует из данных таблицы 4, вероятность совпадения генотипа одного индивидуума с генотипом другого индивидуума составила $3,32 \cdot 10^{-15}$, что означает 1 к 301,2 триллиону особей, т.е. практически исключена. Точность подтверждения происхождения по обоим родителям (P1X) составила 99,99%; точность подтверждения происхождения по одному родителю (P2X) составила 99,88%; точность исключения обоих родителей (P3X) составила 99,99%, что говорит об исключительной информативности разработанной тест-системы анализа полиморфизма маралов для контроля достоверности происхождения (паспортизации) племенных особей.

В таблице 6 представлено сравнение литературных данных по микросателлитным локусам с данными, полученными в ходе исследований.

Таблица 5. Результаты оценки возможности применения разработанной тест-системы мультиплексного генотипирования STR-маркеров для генетической экспертизы (паспортизации) маралов.

Table 5. Results of the assessment of the possibility of using the developed test system for multiplex genotyping of STR markers for genetic examination (passportization) of marals.

Параметр	Результаты оценки разработанной тест-системы анализа полиморфизма 14 локусов для генетической экспертизы (паспортизации) маралов
Вероятность совпадения генотипов индивидуума (PI)	$3,32 \cdot 10^{-15}$
Точность подтверждения происхождения по обоим родителям (P1X, %)	99,99
Точность подтверждения происхождения по одному родителю (P2X, %)	99,88
Точность исключения обоих родителей (P3X, %)	99,99

В ходе исследования установлено, что по ряду локусов наблюдается существенное расширение аллельного разнообразия в выборке марала. Наиболее показательным в этом отношении является locus CSSM19, для которого число выявленных аллелей (9) превышает максимальные литературные данные (5,7,8). Аналогичная тенденция отмечена для локусов BM4107 и BM888, где обнаружено по 10 аллелей соответственно против 9 и 8 по литературным источникам. Полученные данные свидетельствуют о высоком уровне генетического полиморфизма исследованной группы маралов и могут отражать популяционные особенности подвида.

Некоторые локусы, напротив, продемонстрировали сниженное аллельное разнообразие в выборке марала по сравнению с литературными данными. Для локусов Haut14, BL42, C229 и BM848 отмечено меньшее число детектируемых аллелей (13, 4, 4 и 4 против 18, 6, 7 и 5 соответственно), что может объясняться как ограниченным объемом выборки, так и эффектом генетического дрейфа в исследованной группе животных.

Анализ диапазонов длин аллелей также выявил межвидовые различия. Для локуса TGLA53 характерно смещение аллельного спектра в область более крупных фрагментов (156–194 п.н. против 132–176 п.н.), тогда как для локуса RT1 наблюдается противоположная тенденция — сдвиг в сторону меньших длин (201–225 п.н. против 212–232 п.н.). Подобные различия фрагментных длин аллелей могут быть обусловлены видоспецифическими особенностями организации микросателлитных повторов либо различиями в эволюционной истории сравниваемых таксонов.

В ходе работы, посвященной разработке STR-панели для проведения генетической экспертизы маралов, было исследовано 30 STR-маркеров. В результате 8 микросателлитных локусов (BM757, INRA11, ETH225, ILSTS06, INRA35, BM6506, VN110 и (C)SPS115) были исключены в связи с наличием неспецифических фрагментов, что, вероятнее всего, связано с наличием

Таблица 6. Характеристика STR-маркеров по литературным и собственным данным.

Table 6. Characteristics of STR markers based on literary and own data.

Наименование локуса	Диапазон длин по литературным данным	Число аллелей на locus по литературным данным	Диапазон длин по собственным данным	Флуоресцентная метка по собственным данным	Число аллелей на locus по собственным данным
Haut14	104-136	18 [1] 18 [12] 15 [15] 14 [19]	109-139	FAM	13
BM4107	153-179	9 [13] 4 [1] 5 [18]	153-179	FAM	10
BL42	248-264	6 [13] 4 [21]	245-257	FAM	4
C229	303-311	7 [15] 7 [16] 6 [17]	301-311	FAM	4
BM888	179-185	8 [14] 5 [13]	183-205	R6G	10
BMC1009	272-284	6 [13] 7 [21]	277-293	R6G	6
CSSM19	133-169	5 [1] 8 [12] 7 [20]	137-169	ROX	9
BM1818	233-255	4 [21] 8 [12] 7 [15] 4 [1] 14 [20]	240-256	ROX	6
T26	315-369	8 [16] 15 [20]	317-375	ROX	12
TGLA53	132-176	22 [20]	156-194	FAM	13
RT1	212-232	9 [13] 17 [20]	201-225	FAM	8
BM848	355-367	5 [21]	352-364	FAM	4
T501	241-265	8 [16] 11 [17] 14 [20]	242-270	R6G	10
BM4208	142-164	10 [13] 8 [14]	141-167	ROX	6

в геноме маралов похожих участков нуклеотидных последовательностей, на которых отжигаются праймеры.

Шесть STR-маркеров (MM12, CSSM14, CSSM22, T193, BM5004, BM203) в результате амплификации на маралах показали низкую полиморфность (от 2-3). При этом достаточным уровнем полиморфизма является 4 аллеля на locus [22]. В работе Кюхена Р. (Kuehn, R.) [12] посвященной изучению генетической структуры баварской популяции благородного оленя с помощью STR-маркеров, locus CSSM14 также оказался низкоинформативным (3 аллеля), однако в локусах MM12, CSSM22 было идентифицировано по 4 аллеля.

Несмотря на низкий уровень вариаций аллелей на locus маркера T193 (2 аллеля) в исследовании, Франк К. (Frank, K.) [16] с соавторами получил совсем иные результаты. В работе по изучению генетической структуры карпатской популяции благородного оленя с помощью 10 STR-маркеров locus T193 показал наличие 18 аллельных вариантов, что свидетельствует о структурной генетической дифференциации данного локуса у западных представителей благородного оленя.

В работе Пользин Р. (Polziehn R.) с соавторами [13] были проанализированы популяции вапити (*Cervus elaphus*) с использованием 12 STR маркеров, в числе которых были BM5004 и BM203, используемые также в данной работе. Подтверждена низкая информативность локуса BM5004, который у вапити, как и у марала, характеризовался ограниченным числом аллелей (3). В то же время по локусу BM203 зафиксированы отличия: 8 аллелей у вапити против 2 у марала, что может свидетельствовать о значительной дифференциации аллелофонда исследованных групп. Данное расхождение указывает на необходимость верификации информативности локуса BM203 на более широкой выборке, включающей западные подвиды благородного оленя.

Помимо попытки авторов создать тест-систему для контроля достоверности происхождения маралов, в 2014 году коллегия авторов совместно с Szabolcsi Z [17] разработала тест-систему идентификации венгерских представителей благородного оленя, основанную на двух мультиплексах содержащей по 5 STR-маркеров, меченых тремя флуоресцентными метками. Максимальная длина фрагмента в разработанной STR-панели составляет 254 п.о. у локуса C01, при этом в качестве стандарта был выбран GeneScan-500 LIZ, что позволяет детектировать до 500 п.о., в соответствии с этим более 200 баз при прохождении электрофореза у данных авторов остаются не заполненными. С этой точки зрения, данную панель возможно модернизировать добавлением новых маркеров, имеющих диапазон длин от свыше 270 п.о. В STR-панели данной работы удалось совместить 14 STR-маркеров в двух мультиплексах, используя также 3 флуоресцентные метки, однако максимальная длина фрагмента составила 375 п.о. при использовании размерного стандарта SD-450, тем самым практически вся размерная линейка полностью задействована в детекции аллельных вариантов STR-маркеров. Касаясь возможности использования разработанных тест-систем для генетической экспертизы, а именно установления родства, вероятность совпадения генотипов индивидуума в тест-системе венгерских благородных оленей — 1 к 374 триллионам, в то время как для маралов она составляет 1 к 301,2 триллиону, тем самым обе системы практически исключают возможность совпадения генотипов, точность исключения обоих родителей для двух тест-систем составила выше 99%, что говорит о высокой информативности разработанных STR-панелей.

Полученные в настоящем исследовании высокие показатели достоверности происхождения ($P1X = 99,99\%$; $P2X = 99,88\%$; $P3X = 99,99\%$) свидетельствуют о высокой разрешающей способности разработанной тест-системы. Данные значения согласуются с результатами, представленными в работе Жолная А. (Zsolnai, A.) с соавторами [23], где для панели из девяти STR-локусов благородного оленя вероятность исключения

при установлении родства по одному родителю составила 99,6%. Полученное значение совокупного дискриминирующего потенциала разработанной тест-системы (99,9999999999996%) сопоставимо с данными Недзвецкой Д.Э. [24], где для тест-системы у лося этот показатель также достиг порога 99,999999999999%. Помимо этого, в разработанной STR-панели тринадцать локусов имели показатель PIC выше 0,5, что говорит о высокоинформативности данных локусов, а локус BM848 является среднеинформативным (PIC 0,452). Авторы работы [25] подразделяют локусы по степени их пригодности для криминалистического анализа на три группы: высокоинформативные (PIC > 0,50), среднеинформативные (PIC от 0,25 до 0,50) и неинформативные (PIC < 0,25).

Выводы/Conclusion

Разработанная первая стандартизированная отечественная мультиплексная тест-система на основе 14 STR-маркеров обладает высокой информативностью. Установлено, что 13 из 14 локусов характеризуются высоким уровнем полиморфизма (PIC > 0,5), при этом максимальная информативность отмечена для маркеров Haut14, T26 и TGLA53. Локус BM848 (PIC = 0,452) отнесен к категории среднеинформативных, что не снижает общей эффективности панели. Дискриминирующая способность отдельных локусов варьирует от 0,702 до 0,972, а комбинированная дискриминирующая способность (CPD) всей панели составляет 99,9999999999996 %, при этом вероятность совпадения индивидуумов (PI) $3,32 \cdot 10^{-15}$, что подтверждает исключительно высокую идентификационную способность разработанной тест-системы. Генеалогические параметры ($P1X = 99,99\%$, $P2X = 99,88\%$, $P3X = 99,99\%$) подтверждают надежность системы для установления родственных связей, включая подтверждение происхождения по обоим родителям, по одному родителю и исключение ложного родства. Данная высокоинформативная тест-система может использоваться для решения широкого круга задач в области животноводства, природоохранной деятельности и фундаментальной науки.

В сфере мараловодства тест-система может быть использована для генетической паспортизации поголовья, контроля достоверности происхождения и оптимизации селекционно-племенной работы. Внедрение ДНК-технологий позволит повысить точность ведения родословных, исключить ошибки при подборе родительских пар и, как следствие, сохранить ценный генофонд.

В контексте борьбы с браконьерством и проведения судебно-генетических экспертиз STR-панель может эффективно использоваться при расследовании случаев браконьерства. С ее помощью можно с высокой точностью идентифицировать биологические образцы, изъятые у подозреваемых, и устанавливать их принадлежность конкретному виду животных, что особенно

важно для доказательства незаконной добычи маралов.

Наконец, возможность применения в популяционно-генетических исследованиях открывает новые перспективы для уточнения таксономического статуса марала. Поскольку вопросы внутривидовой систематики благородного оленя (*Cervus elaphus*) до настоящего времени остаются дискуссионными,

сравнительный анализ аллелофонда марала с другими подвидами с использованием стандартизированной панели высокополиморфных маркеров позволит получить объективные данные о степени их генетической дифференциации и внести вклад в разрешение многолетних споров о филогенетическом положении марала в составе подвида благородных оленей.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках темы Государственного задания № FGGN-2024-0018

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Golosova O.S. *et al.* Genetic Diversity of the Eastern Subspecies of Red Deer (*Cervus elaphus*) in Russia Revealed by mtDNA and Microsatellite Polymorphism. *Biology Bulletin Reviews*. 2023; 13(5): 482–494. <https://doi.org/10.1134/s2079086423050110>
- Бессонова Н.М., Петрусова Н.С., Мещеряков И.В. Особенности поведения Алтае-сайской породы маралов в условиях паркового содержания в ООО «Марал-Толусома». *Исследование живой природы Кыргызстана*. 2016; (1): 87–91. EDN CYRICO
- Лукашева М.А. Особенности нарушений природоохранного режима на территории Алтайского заповедника. *Биоразнообразие и устойчивое развитие*. 2023; 8(2): 36–46. EDN AJDVJG
- Никипелова А.К., Бардуков И.В., Никипелов В.И. Стандартизация анализа STR-маркеров у сибирского осетра (*Acipenser baerii*): разработка референсной системы контроля длин аллелей. *Ветеринария и кормление*. 2025; (5): 78–83. <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2025-5-17>
- Волкова В.В., Харзинова В.Р., Ильина А.Э. Молекулярно-генетическая верификация, контроль достоверности происхождения и генетическая идентификация домашнего яка (*Bos grunniens*) на основе анализа микросателлитов. *Достижения науки и техники АПК*. 2025; 39(7): 67–72. EDN NWPCFE
- Никипелов В.И. и др. Разработка мультимаркерной STR-панели и оценка достоверности происхождения аквакультурной стерляди (*Acipenser ruthenus*). *Известия Нижневолжского агроуниверситетского комплекса: Наука и высшее профессиональное образование*. 2024; (3): 273–283. EDN MWHQJQ
- Харзинова В.Р. и др. Разработка мультимаркерной панели микросателлитов для оценки достоверности происхождения и степени дифференциации популяций северного оленя *Rangifer tarandus*. *Сельскохозяйственная биология*. 2015; 50(6): 756–765. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.6.756rus>
- Бардуков Н.В., Никипелова А.К., Белоус А.А., Зинovieva Н.А. Разработка мультимаркерной панели микросателлитов для генетической паспортизации сибирского осетра (*Acipenser baerii*). *Сельскохозяйственная биология*. 2023; 58(6): 1057–1067. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.6.1057rus>
- Зинovieva Н.А. и др. Микросателлиты как инструмент для оценки динамики аллелофонда при создании приюточного типа среднерусской породы медоносной пчелы *Apis mellifera*. *Сельскохозяйственная биология*. 2011; 46(6): 75–79. EDN ONLDRV
- Цыб А.М., Бакоев Н.Ф. Микросателлитные локусы, используемые для оценки генетического разнообразия вида *Cervus elaphus* (обзор литературы). *Генетика и разведение животных*. 2025; (3): 51–63. <https://doi.org/10.31043/2410-2733-2025-3-51-63>
- Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*. 2012; 28(19): 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
- Kuehn R., Schroeder W., Pirchner F., Rottmann O. Genetic diversity, gene flow and drift in Bavarian red deer populations (*Cervus elaphus*). *Conservation Genetics*. 2003; 4(2): 157–166. <https://doi.org/10.1023/A:1023394707884>
- Polziehn R.O., Hamr J., Mallory F.F., Strobeck C. Microsatellite analysis of North American wapiti (*Cervus elaphus*) populations. *Molecular Ecology*. 2000; 9(10): 1561–1576. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2000.01033.x>
- Feulner P.G.D., Bielfeldt W., Zachos F.E., Bradvarovic J., Eckert I., Hartl G.B. Mitochondrial DNA and microsatellite analyses of the genetic status of the presumed subspecies *Cervus elaphus montanus* (Carpathian red deer). *Heredity*. 2004; 93(3): 299–306. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800504>
- Edelhoff H., Zachos F.E., Fickel J., Epps C.W., Balkenhol N. Genetic analysis of red deer (*Cervus elaphus*) administrative management units in a human-dominated landscape. *Conservation Genetics*. 2020; 21(2): 261–276. <https://doi.org/10.1007/s10592-020-01248-8>
- Frank K. *et al.* Genetic traces of dispersal and admixture in red deer (*Cervus elaphus*) populations from the Carpathian Basin. *European Journal of Wildlife Research*. 2022; 68(5): 55. <https://doi.org/10.1007/s10344-022-01602-w>
- Szabolcsi Z. *et al.* Constructing STR Multiplexes for Individual Identification of Hungarian Red Deer. *Journal of Forensic Sciences*. 2014; 59(4): 1090–1099. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.12403>
- Zhang Q., Zeng Z.-G., Ji Y.-J., Zhang D.-X., Song Y.-L. Microsatellite variation in China's Hainan Eld's deer (*Cervus eldi hainanus*) and implications for their conservation. *Conservation Genetics*. 2008; 9(3): 507–514. <https://doi.org/10.1007/s10592-007-9359-2>
- Лубенникова М.В., Афанасьев В.А., Афанасьев К.А. Полиморфизм микросателлитных маркеров в шебалинской популяции маралов. *Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии*. 2024; (1): 163–169. EDN UPQOEE

All authors bear responsibility for the work and presented data.

All authors made an equal contribution to the work.

The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism.

The authors declare no conflict of interest.

FUNDING

The research was carried out with the financial support of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation within the framework of the State Assignment No. FGGN-2024-0018

REFERENCES

- Golosova O.S. *et al.* Genetic Diversity of the Eastern Subspecies of Red Deer (*Cervus elaphus*) in Russia Revealed by mtDNA and Microsatellite Polymorphism. *Biology Bulletin Reviews*. 2023; 13(5): 482–494. <https://doi.org/10.1134/s2079086423050110>
- Bessonova N.M., Petrusova N.S., Meshcheryakov I.V. Peculiarities of the behavior of the Altai-Sayan breed of marals in the conditions of park content in LLC "Maral-Tolusoma". *Kyrgyzstan live nature research*. 2016; (1): 87–91 (in Russian). EDN CYRICO
- Lukashova M.A. Features of violations of the nature protection regime on the territory of the Altai nature reserve. *Biodiversity and Sustainable Development*. 2023; 8(2): 36–46 (in Russian). EDN AJDVJG
- Nikipelova A.K., Bardukov I.V., Nikipelov V.I. Standardization of STR-markers analysis in Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*): development of a reference system for allele length control. *Veterinaria i kormlenie*. 2025; (5): 78–83 (in Russian). <https://doi.org/10.30917/ATT-VK-1814-9588-2025-5-17>
- Volkova V.V., Kharzinova V.R., Il'ina A.E. Molecular genetic verification, validation of origin, and genetic identification of domestic yak (*Bos grunniens*) based on microsatellite analysis. *Achievements of science and technology in agribusiness*. 2025; 39(7): 67–72 (in Russian). EDN NWPCFE
- Nikipelov V.I. *et al.* Development of a multilocus str panel and assessment of the reliability of the origin of the aquaculture sterlet (*Acipenser ruthenus*). *Proceedings of Nizhnevolskiy agrouniversity complex: science and higher vocational education*. 2024; (3): 273–283 (in Russian). EDN MWHQJQ
- Kharzinova V.R. *et al.* Development of multiplex microsatellite panel to assess the parentage verification in and differentiation degree of reindeer populations (*Rangifer tarandus*). *Agricultural Biology*. 2015; 50(6): 756–765. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.6.756eng>
- Bardukov N.V., Nikipelova A.K., Belous A.A., Zinovieva N.A. Development of multiplex panel of microsatellites for genetic studies of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) bred in commercial aquaculture. *Agricultural Biology*. 2023; 58(6): 1057–1067. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.6.1057eng>
- Zinovieva N.A. *et al.* Microsatellites as a tool for evaluation of allele pool dynamics when creation of Prioksky type of middle Russian honey bee. *Agricultural Biology*. 2011; 46(6): 75–79 (in Russian). EDN ONLDRV
- Tsyb A., Bakoev N. Application of microsatellite analysis in the study of the genetic diversity of the *Cervus elaphus* species. *Genetics and breeding of animals*. 2025; (3): 51–63 (in Russian). <https://doi.org/10.31043/2410-2733-2025-3-51-63>
- Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*. 2012; 28(19): 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
- Kuehn R., Schroeder W., Pirchner F., Rottmann O. Genetic diversity, gene flow and drift in Bavarian red deer populations (*Cervus elaphus*). *Conservation Genetics*. 2003; 4(2): 157–166. <https://doi.org/10.1023/A:1023394707884>
- Polziehn R.O., Hamr J., Mallory F.F., Strobeck C. Microsatellite analysis of North American wapiti (*Cervus elaphus*) populations. *Molecular Ecology*. 2000; 9(10): 1561–1576. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2000.01033.x>
- Feulner P.G.D., Bielfeldt W., Zachos F.E., Bradvarovic J., Eckert I., Hartl G.B. Mitochondrial DNA and microsatellite analyses of the genetic status of the presumed subspecies *Cervus elaphus montanus* (Carpathian red deer). *Heredity*. 2004; 93(3): 299–306. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800504>
- Edelhoff H., Zachos F.E., Fickel J., Epps C.W., Balkenhol N. Genetic analysis of red deer (*Cervus elaphus*) administrative management units in a human-dominated landscape. *Conservation Genetics*. 2020; 21(2): 261–276. <https://doi.org/10.1007/s10592-020-01248-8>
- Frank K. *et al.* Genetic traces of dispersal and admixture in red deer (*Cervus elaphus*) populations from the Carpathian Basin. *European Journal of Wildlife Research*. 2022; 68(5): 55. <https://doi.org/10.1007/s10344-022-01602-w>
- Szabolcsi Z. *et al.* Constructing STR Multiplexes for Individual Identification of Hungarian Red Deer. *Journal of Forensic Sciences*. 2014; 59(4): 1090–1099. <https://doi.org/10.1111/1556-4029.12403>
- Zhang Q., Zeng Z.-G., Ji Y.-J., Zhang D.-X., Song Y.-L. Microsatellite variation in China's Hainan Eld's deer (*Cervus eldi hainanus*) and implications for their conservation. *Conservation Genetics*. 2008; 9(3): 507–514. <https://doi.org/10.1007/s10592-007-9359-2>
- Lubennikova M.V., Afanasyev V.A., Afanasyev K.A. Polymorphism of microsatellite markers in shebala population of red deer. *Vestnik of Ulyanovsk State Agricultural Academy*. 2024; (1): 163–169 (in Russian). EDN UPQOEE

20. Radko A., Zalewski D., Rubiś D., Szumiec A. Genetic Differentiation among 6 Populations of Red Deer (*Cervus elaphus* L.) in Poland Based on Microsatellite DNA Polymorphism. *Acta Biologica Hungarica*. 2014; 65(4): 414–427. <https://doi.org/10.1556/ABiol.65.2014.4.6>
21. Talbot J., Haigh J., Plante Y. A parentage evaluation test in North American Elk (Wapiti) using microsatellites of ovine and bovine origin. *Animal Genetics*. 1996; 27(2): 117–119. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1996.tb00480.x>
22. Чесноков Ю.В., Артемьева А.М. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия. *Сельскохозяйственная биология*. 2015; (5): 571–578. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.5.571rus>
23. Zsolnai A. et al. Development of eight-plex microsatellite PCR for parentage control in deer. *Archiv für Tierzucht*. 2009; 52(2): 143–149. <https://doi.org/10.5194/aab-52-143-2009>
24. Недзвецкая Д.Э., Котова С.А., Забавская Т.В., Рыбакова В.И., Гребенчук А.Е., Цыбовский И.С. Разработка микросателлитной панели для идентификации биологических образцов лоса (*Alces alces*) в судебно-экспертных исследованиях. *Экспериментальная биология и биотехнология*. 2022; (2): 27–36. <https://doi.org/10.33581/2957-5060-2022-2-27-36>
25. Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*. 1980; 32(3): 314–331.

ОБ АВТОРАХ

Антон Михайлович Цыб

аспирант
senior.tsyb@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4054-120X>

Вероника Руслановна Харзинова

кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник
veronika0784@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-8067-0404>

Некрюз Фарходович Бакоев

кандидат сельскохозяйственных наук, научный сотрудник
nekrusz82@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0324-3580>

Федеральный исследовательский центр
животноводства — ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста,
п. Дубровицы, д. 60, г.о. Подольск Московской обл.,
142132 Россия

20. Radko A., Zalewski D., Rubiś D., Szumiec A. Genetic Differentiation among 6 Populations of Red Deer (*Cervus elaphus* L.) in Poland Based on Microsatellite DNA Polymorphism. *Acta Biologica Hungarica*. 2014; 65(4): 414–427. <https://doi.org/10.1556/ABiol.65.2014.4.6>
21. Talbot J., Haigh J., Plante Y. A parentage evaluation test in North American Elk (Wapiti) using microsatellites of ovine and bovine origin. *Animal Genetics*. 1996; 27(2): 117–119. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1996.tb00480.x>
22. Chesnokov Yu.V., Artemyeva A.M. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Agricultural Biology*. 2015; (5): 571–578. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.5.571eng>
23. Zsolnai A. et al. Development of eight-plex microsatellite PCR for parentage control in deer. *Archives of Animal Breeding*. 2009; 52(2): 143–149. <https://doi.org/10.5194/aab-52-143-2009>
24. Nedzvedskaya D.E., Kotava S.A., Zabauskaya T.V., Rybakova V.I., Hrebanchuk A.Ya., Tsybovsky I.S. Development of a microsatellite panel for identification of biological samples of moose (*Alces alces*) in forensic research. *Experimental Biology and Biotechnology*. 2022; (2): 27–36 (in Russian). <https://doi.org/10.33581/2957-5060-2022-2-27-36>
25. Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*. 1980; 32(3): 314–331.

ABOUT THE AUTHORS

Anton Mikhailovich Tsyb

Graduate Student
senior.tsyb@yandex.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4054-120X>

Veronika Ruslanovna Kharzinova

Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher
veronika0784@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-8067-0404>

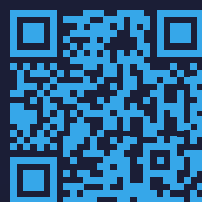
Nekruz Farkhodovich Bakoev

Candidate of Agricultural Sciences, Researcher
nekrusz82@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-0324-3580>

L.K. Ernst Federal Research Center for Animal
Husbandry,
60 Dubrovitsy settlement, Podolsk, Moscow region, 142132,
Russia



Подпишитесь на Telegram канал
ИД «Аграрная наука»



Еженедельно вы будете получать
свежие новости АПК
и сельского хозяйства,
анонсы отраслевых событий,
знакомьтесь с результатами
научных исследований,
репортажами и интервью.



Оформите подписку на информационные
e-mail рассылки



Дважды в неделю на ваш e-mail ящик
будут приходить уведомления
о топовых событиях АПК,
аналитика, прогнозы,
приглашения на выставки
и конференции.

Через наши рассылки вы можете познакомиться
со своими товарами и услугами
потенциальных клиентов.

Связаться с редакцией:
Тел. +7 (495) 777-67-67
(доб. 1453)
agrovetpress@inbox.ru