

ОЦІНКА ФІЛОГЕНЕТИЧНИХ ЗВ'ЯЗКІВ У ТВАРИННИЦТВІ

І. О. Супрун, кандидат сільськогосподарських наук

Проаналізовано та узагальнено методи визначення філогенетичної дистанції між популяціями у тваринництві. Встановлено, що окремі маркерні системи є більш придатними для визначення генетичної відстані між породами й пошуку філогенетичних зв'язків. Зроблено висновок, що використання окремих маркерів також дозволить розширити та накопичувати інформацію про генетичну варіацію в тваринництві.

Порода, походження, кластер, маркер, ISSR-типуння, рівень поліморфізму, генетична дистанція.

Породи сільськогосподарських тварин сформувалися впродовж тривалого періоду людської праці та природного відбору. Різні напрями продуктивності та численні породи певного напрямку є результатом соціально-економічних факторів, оскільки були створені, щоб відповідати людським потребам та природно-кліматичним факторам як наслідок пристосування у процесі еволюції. Генетична різноманітність порід свійських тварин, сформована у процесі еволюції у відповідь на хвороби, зміни в довкіллі чи ринкових умовах, дає змогу розвивати нове використання молекулярних маркерів для її оцінки. Втрата генетичної різноманітності серед порід свійських тварин є втратою історії цивілізації.

Упродовж останніх років було зроблено важливий вклад у вивчення генетичної дистанції між породами окремих видів сільськогосподарських тварин завдяки дослідженням цілого ряду науковців світу.

Характеристика генетичної структури популяції може стати першим кроком у напрямі збереження породи та її відновлення, і сприяє здійсненню програм розведення [25]. Це особливо важливо в Україні, де проблема ідентифікації завдяки генетичним дослідженням залишається невирішеною. Фенотипові чи морфофізіологічні відмінності між породами окремих видів тварин добре описані, проте генофондні відмінності досі залишаються малодослідженими [6].

Донедавна найбільш ефективними маркерами у світі щодо виявлення поліморфізму вважали мікросателітні маркери (прості тандемні повтори, STR). Змінювана кількість тандемних повторів (VNTRs), випадково ампліфікована поліморфна ДНК (RAPD), одиничний поліморфізм (SSCPs), рестриктні поліморфні фрагменти з різною довжиною (RFLPs), ампліфіковані поліморфні фрагменти з різною довжиною (AFLPs) зазвичай не застосовуються для генотипування у тваринництві.

Генетичні маркери забезпечують інформацію про поліморфізм певних локусів. Використання молекулярних маркерів для вивчення генетич-

ного різноманіття дає нам інформацію як про спорідненість між породами та їх походження, так і про процес одомашнення видів у цілому.

Дослідження генетичної різноманітності, генетичної відстані між породами та філогенетичного зв'язку між ними здійснювали переважно за використання мікросателітних маркерів. Оскільки поліморфні мікросателітні повтори зустрічаються в еукаріотичному геномі, вони є важливими маркерами для порівняння генетичної варіації, ідентифікації походження, і дрейфу генів [14, 20, 40] і донедавна були найбільш уживаними маркерами для аналізу структури популяції диких і одомашнених видів [16, 29, 36].

Предтечами використання мікросателітних маркерів для визначення генетичної різноманітності порід та встановлення походження і належності до порід були поліморфізм білків, групи крові [12]. Так японські генетики [34] вивчали 22 локуси за поліморфізмом білків у 2415 коней, що представляли 34 японські та азійські популяції. Результати даних досліджень та висвітлені філогенетичні зв'язки між азійськими породами коней дещо суперечать даним про географічну міграцію коней у регіоні. Вчені пояснюють дану невідповідність нечисленністю популяцій, ефектом «шийка пляшки» та низьким поліморфізмом білків. Останнім часом багато мікросателітних маркерів було ізольовано з геному коней [40].

Розвиток ДНК-технологій уможливив розвиток більш передових методів ідентифікації.

Спочатку опрацювання технології, мікросателітні маркери широко застосовували для картування локусів кількісних ознак, пов'язаних із продуктивними чи функціональними особливостями тварин, а тісно зчеплені локуси використовували для здійснення маркерної селекції. Їх використання було передумовою для так званих генів-кандидатів, відповідальних за кількісні ознаки сільськогосподарських тварин [23, 31]. Наявні детальні наукові результати використання молекулярних маркерів для оцінки генетичного різноманіття та ідентифікації економічно важливих ознак у тваринництві на даний час для різних сільськогосподарських видів [5, 7, 22, 26,31].

Аналіз спектрів продуктів ампліфікації регіонів між мікросателітними повторами було використано для оцінки генетичного різноманіття та ідентифікації міжвидових і міжпородних відмінностей великої рогатої худоби яків, овець, оленів. Так, мікросателітні маркери використовували для аналізу структури популяції диких і одомашнених овець [16, 30, 36].

З часом використання мікросателітних маркерів стало звичним методом оцінки генетичного різноманіття тварин. Peter et al., 2007, проаналізував структуру популяції та генетичну різноманітність 57 Європейських порід овець з 15 Європейських країн [36]. Генотипування популяцій овець було проведено за участю мікросателітних маркерів, із подальшим аналізом кластерів за моделлю Bayesian. У результаті даних досліджень було ідентифіковано такі кластери: жирнохвості вівці Середнього Сходу, південно-східні Європейські вівці та північно-західні Європейські вівці. У межах останньої групи було додатково виділено два менш виразні під-кластери Мериносових та Альпійських порід.

За результатами Європейського проекту з дослідження порід свиней за участю мікросателітних маркерів та подальшим розрахунком генетичної дистанції підтвердилася наявність кластерів і серед Європейських порід свиней та доведено кластеризацію ліній у межах головних порід [30].

Мікросателітні ДНК-маркери було успішно застосовано для ідентифікації походження коней [17, 39]. Коні різних порід в усьому світі були прогенотиповані за мікросателітами. Завдяки використанню даного типу маркерів вивчено філогенетичні зв'язки багатьох популяцій коней у Європі, у тому числі коні Пржевальського [24, 27], Іспанські Кельтські породи [10, 18], Норвезькі породи [14] і різні Європейські та Азіатські породи [20, 25, 28, 40, 42].

Проте, мікросателітні маркерні системи можуть бути неефективними для аналізу аборигенних порід через недостатність вивчення їх геномів відносно нуклеотидної послідовності мікросателітних алелів та їх частот. Висока вартість обладнання й стандартних наборів маркерів також робить їх використання проблематичним для масового застосування у популяціях.

Поряд із широко застосовуваними мікросателітними маркерами для досліджень генетичної різноманітності застосовують і такі унікальні, як AFLP, mtDNA та маркери Y-хромосоми.

Аналіз мітохондріальної ДНК та AFLP фінгерпринтингу також допомагає пояснити процеси приручення сучасних свійських тварин [13, 32] та висвітлює деякий паралелізм у проблемах, пов'язаних зі спорідненістю й збереженням свійських і диких видів [38].

Завдяки даному виду маркерів, японські вчені [24] оцінили генетичну різноманітність порід коней та висвітили філогенетичні зв'язки між азійськими породами коней, які дещо суперечать даним про географічну міграцію [34, 40]. Так Ishida et al., 1995, було оцінено генетичну різноманітність чотирьох порід коней (Чистопородної верхової, Японської, Монгольських коней і коней Пржевальського). Кількість даних популяцій у Японії свого часу різко зменшилася, а потім її було відновлено – ефект проходження через «шийку пляшки». Користуючись методом генотипування мітохондріального регіону d-loop ДНК (mtDNA), вчені оцінили міжпородну генетичну диференціацію за трьома основними позиціями з метою визначення пріоритетних напрямів збереження досліджуваних порід у країні. Вони також визначили філогенетичний зв'язок між згаданими породами коней. Результати підтвердили наявність існування Чистокровної верхової породи в Японії як відокремленого кластера. Генетична дистанція між двома Азійськими породами виявилася незначною [24].

Використання маркерів у межах вивчення різноманітності дає змогу поглибити знання про походження й розвиток видів тварин і породотворні процеси. Користуючись моделлю Weitzmann [43] та принципом оцінки генетичного різноманіття Eding et al. [21], у Європейському Консорціумі Різноманітності Європейської худоби визначили частку вкладу кожної породи в загальне генетичне різноманіття та ідентифікували найважливіші породи з точки зору збереження генетичної різноманітності Північно-

Європейських порід рогатої худоби. Було досліджено генетичні відстані між 69 Європейськими породами рогатої худоби, щоб вказати на пріоритети для їх збереження.

Одним із варіантів використання молекулярних маркерів є ампліфікація міжмікросателітних фрагментів ДНК, які розташовані між двома інвертованими SSR-локусами геному – ISSR-PCR [15, 44]. ISSR-типування (Inter - Simple Sequence Repeat) базується на використанні праймерів комплементарних обраному мікросателітному мотиву [1, 3].

У геномах рослин і тварин кількість повторів мікросателітів дуже велика, що робить ISSR-метод ефективним і зручним у генетичному аналізі. Послідовності мікросателітів оточують багато генів і можуть бути використані як якірні послідовності до цих генів. Цей метод почав розвиватися в 1994 р. і дотепер набув значного поширення в дослідженнях генофондів різних видів рослин, для картування геномів і маркування агрономічно-важливих ознак [2, 4, 3, 15, 37]. Використання даного типу молекулярних маркерів було застосовано для вивчення генетичної різноманітності в рибицтві, конярстві, бджільництві [1, 2, 3, 4, 5, 6, 8, 9].

Продукти ISSR ампліфікації утримують на флангах інвертовану мікросателітну послідовність праймера. Порівняно з RAPD-методом, збільшується точність відпалу і зменшується його "випадковість" або анонімність. Як і RAPD, ISSR не потребує попереднього клонування й секвенування фрагментів для підбору праймерів. Метод відтворюваний у чітких умовах реакції. Послідовність ISSR-праймерів підбирається дуже ретельно, а в аналізі використовуються лише "яскраві" продукти ISSR ампліфікації.

Ця технологія більш пристосована для вивчення унікальних порід, де послідовності нуклеотидів невідомі, і є менш вартісною порівняно з SSR-ПЛП технологією.

ISSR-ПЛП характеризується високою відтворюваністю і може бути використаний для дослідження генетичної варіації в породах та між породами, дає змогу ідентифікувати види та популяції, порівняно з іншими методами полілокусного спрямування.

Аналіз генетичних взаємовідносин між дослідженими групами тварин проводять із використанням індексів генетичної схожості й генетичних відстаней. Наочно оцінити генетичні взаємозв'язки, що існують між порівнюваними популяціями, дає можливість кластерний аналіз методом UPGMA або методом найближчого зв'язування (NJ) з наступною побудовою графіків-дендрограм. Для побудови дендрограми застосовують матрицю індексів генетичної схожості між популяціями тварин, розрахованих на основі частот алелів за допомогою комп'ютерного опрацювання в програмі «Treecon 1.3b». За допомогою даної програми на основі складених матриць розраховується матриця генетичних відмінностей, яка відображує ступінь спорідненості досліджуваних популяцій [33, 35, 41].

Варто зазначити, що останнє десятиліття у світовій молекулярній генетиці присвячено вивченню одиничних замін нуклеотидів (SNP). Величезна їх кількість у геномах кожного виду сільськогосподарських

тварин та новітні технології для генотипування за даним типом маркерів, відпрацьовані на сьогодні у світі, витісняють інші типи маркерів зі сфери досліджень генетичного різноманіття видів та порід.

Як і у вівчарстві, скотарстві та свинарстві, вивчення генетичної різноманітності порід коней здійснюється, як правило, у національному та регіональному масштабах без залучення дослідження генетичних ресурсів із інших регіонів. Для більш глибокого й узагальненого розуміння різноманітності різних видів свійських тварин необхідне залучення різних зразків генетичного матеріалу та застосування стандартного набору маркерів. Тоді можливе комбінування результатів, отриманих після аналізу в різних регіонах та в межах мета-аналізів.

Окрім цього, такий аналіз генетичного різноманіття та генетичної дистанції між породами за використання різних типів маркерів дає можливість розстановки пріоритетів під час вирішення проблеми збереження окремих порід.

Отже, визначення генетичного поліморфізму в межах популяцій є важливою складовою підтримки породи й репродуктивних програм багатьох сільськогосподарських видів, у тому числі коней.

Список літератури

1. Бардуков Н. В. Профили ДНК-маркеров (ISSR-PCR) у лошадей рысистых пород / Н. В. Бардуков, Г. К. Коновалова, В. И. Глазко // Изв. ТСХА. – 2010. – № 6. – С. 152–157.
2. Воронкова В. Н. Сравнительный анализ информативности ISSR-маркеров для оценки генетического разнообразия пород лошадей / В. Н. Воронкова, Цэндсүрэн Цэдэв, Г. Е. Сулимова // Генетика. – 2011. – Т. 47. – № 8. – С. 1131 – 1134.
3. Глазко В. И. Введение в ДНК-технологии и биоинформатику / В. И. Глазко, Г. В. Глазко ; под ред. Т. Т. Глазко. – К., 2001. – 544 с.
4. Дубін О. В. Генетична диференціація геномів за маркерами ISSR-PCR та RAPD-PCR : дис. ... канд. с.-г. наук : 03.00.15 / Дубін Олексій Вікторович. – Чубинське, 2009. – 154 с.
5. Метлицька О. І. Методологія ДНК-паспортизації генофондів сільськогосподарських тварин за гіперваріабельними локусами геному : дис. ... д-ра с.-г. наук : 03.00.15 / Метлицька Олена Іванівна. – Полтава, 2012. – 382 с.
6. Применение межмикросателлитного анализа ДНК для оценки популяционной структуры, идентификации и сходства генофондов пород и видов domestцированных животных / Ю. А. Столповский, О. Е. Лазебный, К. Ю. Столповский [и др.] // Генетика. – 2010. – Т. 46, № 6. – С. 825–833.
7. Сидоренко О.В. Поліморфізм генів рецепторів естрогену (ESR) і меланокортину-4 (MC4R) у свиней : дис. ... канд. с.-г. наук : 03.00.15 / Сидоренко Олена Василівна. – Чубинське, 2011. – 125 с.
8. Феофилов А. В. Дифференциация генофондов алтайских рысистых пород лошадей по ISSR-PCR маркерам / А. В. Феофилов, Н. В. Бардуков, В. И. Глазко // Генетика. – 2011. – Т. 47, № 9. – С. 1230–1235.
9. Шостак Л. В. Генетичний поліморфізм російського осетра (*Acipenser gueldenstaedtii*): автореф. дис. на здобуття наук. ступеня канд. с.-г. наук / Л. В. Шостак. – Чубинське, 2012. – 22 с.

10. Arranz J. J. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites / J. J. Arranz, N. Y. Bayo, F. Sanprimitivo // *Anim. Genet.* – 1998. – V. 29. – P. 435–440.
11. Azari M. Intermicrosatellite PCR Implication for Genetic Diversity Study of 12 Cattle and Yak Breeds. / M. Azari, O.E. Lazebnyi, G.E. Sulimova, // *Otkrytoe Obrazovanie.* – 2006. – V. 3. – P. 50–52.
12. Baumung R. Genetic diversity studies in farm animals – a survey / R. Baumung, H. Simianer, I. Hoffmann // *Journal of Animal Breeding and Genetics.* – 2004. – V. 121. – P. 361–373.
13. Beja-Pereira A. The origin of European cattle: Evidence from modern and ancient DNA / A. Beja-Pereira, D. Caramelli, C. Lalueza-Fox, C. Vernesi, N. Ferrand, A. Casoli, F. Goyache, L.J. Royo, S. Conti, M. Lari, A. Martini, L. Ouragh, A. Magid, A. Atash, A. Zsolnai, P. Boscato, C. Triantaphylidis, K. Ploumi, L. Sineo, F. Mallegni, P. Taberlet, G. Erhardt, L. Sampietro, J. Bertranpetit, G. Barbujani, G. Luikart, G. Bertorelle // *Proceedings of the National Academy of Science USA.* – 2006. – V. 103. – P. 8113–8118.
14. Bjornstad G. Genetic structure of Norwegian horse breeds / G. Bjornstad, E. Gunby, K. H. Roed // *J. Anim. Breed. Genet.* – 2000. – V. 117. – P. 307–317.
15. Bornet B. Highly informative nature of inter simple sequence repeat (ISSR) sequences amplified using triand tetra-nucleotide primers from DNA of cauliflower (*Brassica oleracea* var. *botrytis* L.) / B. Bornet, C. Muller, F. Paulus, M. Branchard // *Genome.* – 2002. – V. 45. – P. 890–896.
16. Bowcock AM. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites / AM. Bowcock, A. Ruiz-Linares, J. Tomfohrde, E. Minch, JR Kidd, LL Cavalli-Sforza // *Nature.* – 1994. – V. 368. – P. 455–457.
17. Bowling A. T. Blood group and protein polymorphism gene frequencies for seven breeds of horses in the United States / A. T. Bowling, R. S. Clark, // *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.* – 1985. – V. 16. – P. 93–108.
18. Canon J. The genetic structure of Spanish Celtic horse breeds inferred from microsatellite data / J. Canon, M. L. Checa, S. C. Carleo, J. L. Vega-Pla, M. Vallejo, S. Dunner // *Anim. Genet.* – 2000. – V. 31. – P. 39–48.
19. Carter M.J. An inexpensive and simple method for DNA purifications on silica particles / M. J. Carter, I. D. Milton // *Nucleic Acids Res.* – 1993. – Vol. 21. – P. 1044–1046.
20. Cunningham E.P. Microsatellite diversity, pedigree relatedness and the contributions of founder lineages to thoroughbred horses / E. P. Cunningham, J. J. Dooley, R. K. Splan, D. G. Bradley, // *Anim Genet.* – 2001. – V. 32. P. 360–364.
21. Eding H. Assessing the contribution of breeds to the genetic diversity in conservation schemes / H. Eding, P.M.A. Crooijmans, M.A.M. Groenne, T.H.E Meuwissen. // *Genetics Selection Evolution.* – 2002. – V. 34. – P. 613–633.
22. Erhardt G. Use of molecular markers for evaluation of genetic diversity in animal production / G. Erhardt, C. Weimann // *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* – Vol. 15 (Supl. 1).
23. Hiendleder S. Mapping of QTL for body conformation and behaviour in cattle / S. Hiendleder, H. Thomsen, N. Reinsch, J. Bennewitz, B. Leyhe-Horn, C. Looft, N. Xu, I. Medjugorac, I. Russ, C. Kuhn, G.A. Brockmann, J. Blumel, B. Brenig, F. Reinhardt, R. Reents, G. Averdunk, M. Schwerin, M. Forster, E. Kalm, G. Erhardt // *Journal of Heredity.* – 2003. – V. 94. – P. 496–506.
24. Ishida N. Mitochondrial DNA sequences of various species of the genus *Equus* with special reference to the phylogenetic relationship between Przewalskii's

wild horse and domestic horse / N. Ishida, T. Oyunsuren, S. Mashima, H. Mukoyama, N. Saitou // *J Mol Evol.* – 1995. – V. 41. – P. 180–188.

25. Iwanczyk E. Genetic Structure and Phylogenetic Relationships of the Polish Heavy Horse / E. Iwanczyk, R. Juras, G. Cholewinski, E. Gus Cochran // *J. Appl. Genet.* – 2006. – Vol. 47, 4. – P. 353–359.

26. Jann O. C. Geographic distribution of haplotypes diversity at the bovine casein locus/ O. C. Jann, E.M. Ibeagha-Awemu, C. Ozbeyaz, P. Zaragoza, J. L. Williams, P. Ajmone-Marsan, J. A. Lenstra, K. Moazami-Goudarzi, G. Erhardt // *Genetic Selection and Evolution.* – 2004. – V. 36. – P. 243–257.

27. Kavar T. Domestication of the horse: Genetic relationships between domestic and wild horses / T. Kavar, P. Dovc // *Livest Sci.* – 2008. – V. 116 (1–3). – P. 1–14.

28. Khanshour Anas M. Maternal phylogenetic relationships and genetic variation among Arabian horse populations using whole mitochondrial DNA D-loop sequencing *BMC* / Anas M. Khanshour, Ernest Gus, Cothran Khanshour // *Genetics.* – 2013. – V. 14. – P. 83.

29. Kim KI. Phylogenetic relationships of Cheju horses to other horse breeds as determined by mtDNA D-loop sequence polymorphism / KI. Kim, YH. Yang, SS. Lee, C. Park, R. Ma, JL. Bouzat, HA. Lewin // *Anim Genet.* – 1999. – V. 30 (2) . – P. 102–108.

30. Kol, N. V. Polymorphism of ISSR–PCR Markers in Tuvinian Population of Reindeer *Rangifer tarandus* / N. V. Kol, O. E. Lazebnyi // *Russ. J. Genet.* – 2006. – Vol. 42, 12. – P. 1464–1466.

31. Kuhn, C. Quantitative trait loci mapping of functional traits in the German Holstein cattle population/ C. Kuhn, J. Bennewitz, N. Reinsch, N. Xu, H. Thomsen, C. Looft, C. A. Brockmann, M. Schwerin, C. Weimann, S. Hiendleder, G. Erhardt, G., I. Medjugorac, M. Forster, B. Brenig, F. Reinhardt, R. Reents, I. Russ, G. Averdunk, J. Blumel, E. Kalm // *Journal of Dairy Science.* – 2003. – V. 86. – P. 360–368.

32. Negrini R. Differentiation of European Cattle by AFLP fingerprinting / R. Negrini, I. J. Nijmann, E. Milanese, K. Moazami Goudarzi, J. J. Williams, G. Erhardt, S. Dunner, C. Rodellar, A. Valentini, D.G. Bradley, I. Olsaker, J. Kantanen, P. Ajmone-Marsan, J. A. Lenstra, the European Cattle Genetic Diversity consortium // *Animal Genetics.* – 2007. – V. 38. – P. 60–66.

33. Nei M. Mathematical model for studying genetic variation in terms restriction endonucleases / M. Nei, W.-H. Li // *Proceedings the National Academy Sciences. USA.* – 1979. – V. 76. – P. 5269–5273.

34. Nozawa K. Phylogenetic relationships among Japanese native and alien horses estimated by protein polymorphisms / K. Nozawa, T. Shotake, S. Ito, Y. Kawamoto // *J. Equine Sci.* – 1998. – V. 9. – P. 53–69.

35. Peacall R. GENALEX 6: genetic analysis in Excel Population genetic software and research / R. Peacall, P. E Smouse // *Molecular Ecology Notes.* – 2006. – V. 6. – P. 288–295.

36. Peter, C. Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds / C. Peter, M. Bruford, T. Perez, S. Dalamitra, G. Hewitt, G. Erhardt // *Animal Genetics.* – 2007. – V. 38. – P. 37–44.

37. Raina, S. N. RAPD and ISSR Fingerprints for Analysis of Genetic Diversity, Varietal Identification, and Phylogenetic Relationships in Peanut (*Arachis hypogaea*) Cultivars and Wild Species/ S. N. Raina, V. Rani, T. Kojima // *Genome.* – 2001. – Vol. 44, 5. – P. 763–772.

38. Taberlet P. Are cattle, sheep, and goats endangered species? / P. Taberlet, A. Valentini, H. R. Rezaei, S. Naderi, F. Pompanon, R. Negrini, P. Ajmone-Marsan // *Molecular Ecology*, in press. – 2007.

39. Takezaki N. Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA / N. Takezaki, M. Nei // *Genetics*. – 1996. – V. 144. – P. 389–399.

40. Tozaki N. Mukoyama Microsatellite Variation in Japanese and Asian Horses and Their Phylogenetic Relationship Using a European Horse Outgroup / N. Tozaki, T. Takezaki, N. Hasegawa, M. Ishida, M. Kurosawa, N. Tomita, H. Saitou // *Journal of Heredity*. – 2003. – V. 94 (5). – P. 374–380.

41. Van de Peer Y. TREECON for Windows: a software package for the construction and drawing evolutionary trees for the Microsoft Windows environment // *Computer Application in the Biosciences*. 1994. – V. 10, № 5. – P. 569–570.

42. Vila C. Widespread origins of domestic horse lineages / C. Vila, JA. Leonard, A. Gotherstrom, S. Marklund, K. Sandberg, K. Liden, RK. Wayne, H. Ellegren // *Science*. – 2001. – V. 291. – P. 474–477.

43. Weitzman M. L. What to preserve? An application of diversity theory to crane conservation // *The Quarterly Journal of Economics*. – 1993. – V. 108. – P. 157–183.

44. Zietkiewicz E. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification / E. Zietkiewicz, A. Rafalski, D. Labuda // *Genomics*. – 1994. – V. 20. – P. 176–183.