

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2025.54.10>

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПРОФИЛЕЙ СОВРЕМЕННЫХ ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ ОРЛОВСКОЙ РЫСИСТОЙ ПОРОДЫ И ИХ ПРЕДКОВ

Научная статья

Гладких М.Ю.^{1,*}, Селионова М.И.², Политова М.А.³

¹ORCID : 0000-0002-2304-6058;

²ORCID : 0000-0002-9501-8080;

³ORCID : 0000-0003-1753-1716;

^{1,2} Российский государственный аграрный университет – Московская сельскохозяйственная академия имени К.А. Тимирязева, Москва, Российская Федерация

³ Всероссийский научно-исследовательский институт племенного животноводства, Москва, Российская Федерация

* Корреспондирующий автор (marianna1001[at]yandex.ru)

Аннотация

Целью данного исследования была сравнительная характеристика генетических профилей современных представителей лошадей орловской рысистой породы, полученной в разных конных заводах, с образцами исторической ДНК, полученной из скелетов лошадей той же породы, существовавших более 100 лет назад.

Для анализа были использованы данные генотипирования по 17 STR-маркерам.

Были получены препараты ДНК из музейных образцов тканей лошадей орловской рысистой породы – Бычка (1824 г.р.) и Улова (1928 г.р.). Произведено STR-генотипирование музейных образцов и образцов современных представителей орловской рысистой породы (73 головы). Оценка популяционно-генетических характеристик современного поголовья орловской рысистой породы лошадей с учетом компонентов предковых форм показала, что достаточно большая доля современных представителей орловской рысистой породы лошадей значительно отличается от своих древних представителей.

Ключевые слова: микросателлиты, генофонд, историческая ДНК, орловская рысистая порода.

COMPARATIVE CHARACTERISTICS OF THE GENETIC PROFILES OF MODERN ORLOV TROTTERS AND THEIR ANCESTORS

Research article

Gladkikh M.Y.^{1,*}, Selionova M.I.², Politova M.A.³

¹ORCID : 0000-0002-2304-6058;

²ORCID : 0000-0002-9501-8080;

³ORCID : 0000-0003-1753-1716;

^{1,2} Russian State Agrarian University – Moscow Agricultural Academy named after K.A. Timiryazev, Moscow, Russian Federation

³ All Russian Research Institute for Animal Breeding, Moscow, Russian Federation

* Corresponding author (marianna1001[at]yandex.ru)

Abstract

The purpose of this study was to compare the genetic profiles of modern representatives of the Orlov trotting horses obtained at different stud farms with samples of historical DNA obtained from the skeletons of horses of the same breed that existed more than 100 years ago.

Genotyping data for 17 STR markers were used for the analysis.

DNA preparations were obtained from museum tissue samples of two Orlov trotting horses – Bychok (born in 1824) and Ulov (born in 1928). STR-genotyping of museum samples and samples of modern representatives of the Orlov trotting breed (73 heads) was performed. The assessment of the population and genetic characteristics of the modern population of the Orlov trotting horse breed, taking into account the components of ancestral forms, showed that a fairly large proportion of modern representatives of the Orlov trotting breed differ significantly from their ancient representatives.

Keywords: microsatellites, gene pool, historical DNA, Orlov trotting breed.

Введение

Орловская рысистая порода лошадей является первой заводской породой лошадей, созданной в России. С момента ее создания прошло почти два столетия. За это время порода прошла путь от чистопородного разведения до скрещивания с американскими рысаками и рядом других пород до признания того факта, что она национальным достоянием и представляет собой культурно-историческую ценность.

С одной стороны, в настоящее время орловская рысистая порода не входит в «группу риска» по классификации ФАО: маточное поголовье увеличивается, к ипподромным испытаниям добавляется спортивно-досуговое направление, что ведет к увеличению численности лошадей этой породы, применяемых также в конном спорте. С другой стороны, каждая порода имеет свои популяционно-генетические характеристики, сформировавшиеся в результате племенной работы с ней и отличающие ее от других пород того же направления продуктивности [1], [5], [10].

Поэтому при идентификации принадлежности лошадей к орловской рысистой породе становится значимым использовать при оценке не только данные STR-генотипирования лошадей, живущих в настоящее время, но и данные животных, имеющих предковые генетические компоненты, характерные для поголовья этой породы сразу после создания, когда основным методом разведения являлось чистопородное разведение [2], [3], [8], [9]. В настоящее время база данных микросателлитных профилей, на основании которой осуществляется оценка достоверности происхождения пробанда и его отнесения к орловской рысистой породе составлена из данных о генотипах лошадей, которые рождены в последние два десятка лет. Поэтому в нее могут входить лошади, сохраняющие в своей структуре геномные компоненты, специфичные для орловского рысака, так и животные, которые имеют компоненты, привнесенные в геном данной породы в процессе ее развития в последние полтора-два столетия [4].

С этой точки зрения извлечение исторической ДНК из останков двух лошадей, являвшихся яркими представителями породами разных поколений, поможет проанализировать и уточнить популяционно-генетические параметры породы с учетом исторических компонентов ДНК. Примечательно, что Бычок (1924 г.р.) отстоит всего на четыре поколения от родоначальника орловского рысака и является рекордистом 1836 года, а Улов (1928 г.р.), также являющийся рекордистом, позволяет оценить изменения, произошедшие через 100 работ с породой. Оба этих жеребца активно использовались в разведении, что позволяет ожидать обнаружения породоспецифичных генетических компонентов у данных представителей породы.

Поэтому цель исследований заключалась в сравнительной характеристике генетических профилей предковых форм орловского рысака и его современных представителей.

Материал и методы исследования

Объект исследований. В качестве объекта исследований были выбраны лошади орловской рысистой породы, находящиеся в Алтайском конном заводе и в отделениях Тамбовского ипподрома. Именно поголовье Тамбовского ипподрома обеспечило представительство лошадей разных конных заводов (Воронежская область, Московская область, Пермская область, Республика Чувашия и ряда других), поскольку в связи с реконструкцией Центрального московского ипподрома большая часть поголовья, поступившего из этих заводов, была переведена в Тамбов. Среди исследуемых животных были жеребцы и кобылы, возраст лошадей – 3 года и старше. Все животные прошли оценку по рабочим качествам и экстерьеру. Доля животных, являющихся близкими родственниками, не превышает 5%.

Для получения образцов древней ДНК были использованы скелеты лошадей орловской рысистой породы Бычка (1924 г.р.) и Улова (1928 г.р.), которые хранятся в коллекции Научно-художественного музея Российского государственного аграрного университета – МСХА имени К.А. Тимирязева (рис. 1).

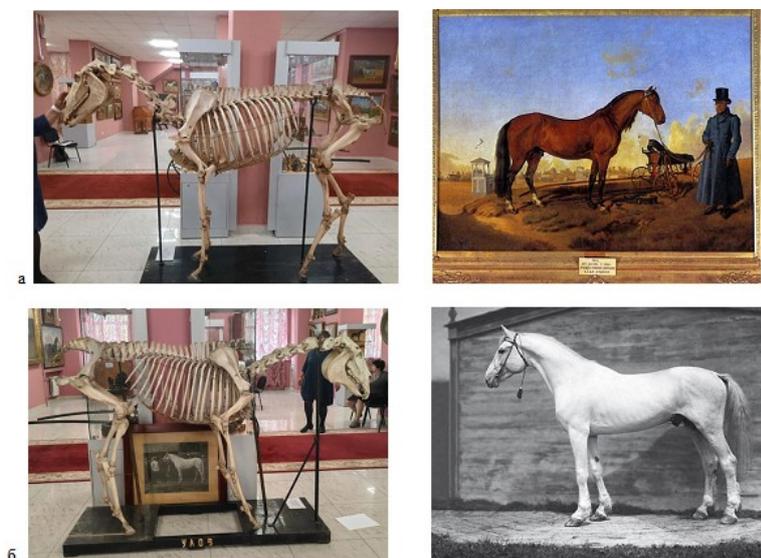


Рисунок 1 - Скелеты и изображения лошадей орловской рысистой породы, используемых для получения древней ДНК
DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2025.54.10.1>

Примечание: а) Бычок (1924 г.р., Молодой Атласный – Домашняя), автор картины И.Н. Раух; б) Улов (1928 г.р., Ловчий – Удачная)

Биологический материал и его обработка. Биоматериалом современных лошадей послужили волосяные луковицы.

Для получения древней ДНК использовали зубы лошадей: у Бычка был извлечен премоляр, у Улова – нижний клык. Для выделения ДНК из костной ткани применяли набор реагентов COrDIS «ЭКСТРАКТ» ДЕКАЛЬЦИН в соответствии с инструкцией производителя.

Перед проведением лабораторных исследований все образцы были зашифрованы. Анализ проводили по 17 микросателлитных локусов ДНК (АНТ4, АНТ5, ASB2, ASB17, ASB23, CA425, HMS1, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7,

HTG4, HTG6, HTG7, HTG10, LEX3 и VHL20), рекомендуемых международным обществом генетики животных (ISAG) для лошадей. Определение полиморфизма микросателлитных локусов ДНК лошадей осуществляли в лаборатории биотехнологической компании «ГОРДИЗ» (г. Москва) с использованием 17 микросателлитных локусов, рекомендованных ISAG с использованием собственного набора праймеров (Extra Gene™ DNA Prep 200). ДНК амплифицировали на термоциклере 2720 Cyler Gene Amp PCR (Applied Biosystems Inc., США) с помощью полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием праймеров с флуоресцентно-меченной меткой. Электрофорез продуктов амплификации осуществлялся на автоматическом 4-капиллярном генетическом анализаторе 3130 DNA Analyzer (Applied Biosystems Inc., США). Расшифровка и документирование полученных графических результатов осуществлялась на компьютере с помощью программного обеспечения автоматической расшифровки результатов фрагментного анализа DNA Genotyper® и Gene Mapper™ ID v3.2.

Статистические методы. Для обработки полученных данных использовали GenAlEx 6.5 для MS Excel [6]. Для оценки соответствия полученных распределений частот генотипов равновесию Харди-Вайнберга использовали метод хи-квадрат. Значение $p < 0,05$ считалось статистически значимым. Для сравнения генетической структуры исследуемых групп использовался пакет STRUCTURE 2.3.4 как инструмент кластерного анализа [5]. Для математического подтверждения результатов (метод Evanno) результаты, полученные в STRUCTURE 2.3.4, обрабатывались в веб-программе Clumpack [7].

Результаты исследования и обсуждение

Поскольку лошади орловской рысистой породы могут отличаться в зависимости от региона происхождения, что обусловлено различиями используемых производителей, то мы разделили группу современных лошадей на 6 подгрупп: 1 – лошади из конных заводов Воронежской области (21 гол.), 2 – лошади, в родословной которых встречаются представители разных конных заводов (композиционная группа) (36 гол.), 3 – лошади из Московского конного завода (4 гол.), 4 – лошади из конных заводов и хозяйств Украины (9 гол.), 5 – лошади из Пермского конного завода (3 гол.). Отдельную группу 5 составили лошади древней группы. Однако надо отметить, что Бычок, рожденный на конном заводе И. Шишкина, происходит из Воронежской области, а Улов скорее является представителем популяции Московской области.

Оценив результаты генотипирования, было установлено, что в обоих образцах древней ДНК не удалось выявить полиморфизм во всех 17 локусах. Согласно данным А.С. Абдельмановой, если генотипировано менее 50% локусов, то такой образец считается неудачным и должен быть исключен из дальнейшего анализа [4]. Также были отмечены ошибки амплификации в виде ложных аллелей. В нашем исследовании у Бычка однозначные данные удалось получить для 9 локусов (52,9%), а у Улова – для 12 локусов (70,5%).

Оценка результативности генотипирования, проведенная по 17 микросателлитным локусам (табл. 1), показала, что наименьшей успешностью генотипирования отличались локусы HMS7, ASB23, ASB2, HTG10, HTG7, HMS2, CA425.

Таблица 1 - Аллельное богатство лошадей орловской рысистой породы в зависимости от времени и региона происхождения (Na)

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2025.54.10.2>

Лocus	Группа				
	1	2	3	4	5
VHL20	7	7	3	6	4
HTG4	5	6	3	4	3
AHT4	7	8	4	4	1
HMS7	4	5	2	4	0
HTG6	4	4	1	3	1
AHT5	5	6	3	5	2
HMS6	4	4	2	4	2
ASB23	7	6	2	6	0
ASB2	6	6	3	4	0
HTG10	6	5	3	4	0
HTG7	3	4	2	3	2
HMS3	6	6	3	6	2
HMS2	5	7	2	5	0
ASB17	10	11	3	7	4
LEX3	6	7	2	5	1
HMS1	3	5	2	4	1
CA425	5	5	2	3	0

Очевидно, что наибольшим аллельным богатством отличается локус ASB17. Максимальное число аллелей составило 11 у группы 3 (композиционная) и 10 – у лошадей из хозяйств Воронежской области (группа 1). Высоким полиморфизмом (от 5 аллелей и выше) характеризуется большинство локусов, за исключением двух локусов – HMS6 и HTG7, где число аллелей во всех группах не превышает четырёх. Наименьшим полиморфизмом практически во всех локусах характеризуется группа лошадей Пермского конного завода, что во многом может быть обусловлено небольшим числом животных. Также необходимо дополнительно проанализировать родственные связи производителей, от которых получены лошади в каждой из региональных групп, с целью объяснения формирования числа аллелей в каждом из локусов.

Далее мы оценили число частных аллелей в каждой из групп (табл. 2).

Таблица 2 - Приватные аллели в разных группах лошадей орловской рысистой породы в зависимости от времени и региона происхождения

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2025.54.10.3>

Группа	Локус	Аллели	Частота
Группа 1	HTG6	I	0,024
	ASB23	G	0,024
	HTG10	I	0,048
		P	0,024
	CA425	L	0,024
Группа 2	AHT4	I	0,014
	HTG6	P	0,028
	ASB23	M	0,014
	HTG7	M	0,014
	HMS2	P	0,014
	LEX3	P	0,028
Группа 4	HMS1	M	0,014
Группа 5	VHL20	Q	0,056
			0,250

Группа лошадей Воронежской области характеризовалась наличием приватных аллелей в 4 локусах, при этом в локусе HTG10 было выделено два аллеля. Группа 2 (композиционная) отличалась 6 локусами, в каждом из которых был выделен один приватный аллель. При этом у первой и второй групп установлено 2 общих локуса – HTG6 и ASB23, в которых выявлены приватные аллели.

Интересно, что группе 4 (лошади украинского происхождения) в локусе HMS1, как и у группы 2, также выделен приватный аллель. У лошадей исторической группы приватный аллель Q выделен в локусе VHL20, обладателем которого является самый древний по происхождению Бычок, и который не пересекается с лошадьми других групп.

Для того чтобы оценить, как изменились соотношения генетических компонентов у современных лошадей по сравнению с древними формами, был проведен кластерный анализ с применением ПО STRUCTURE 2.3.4 (рис. 2).

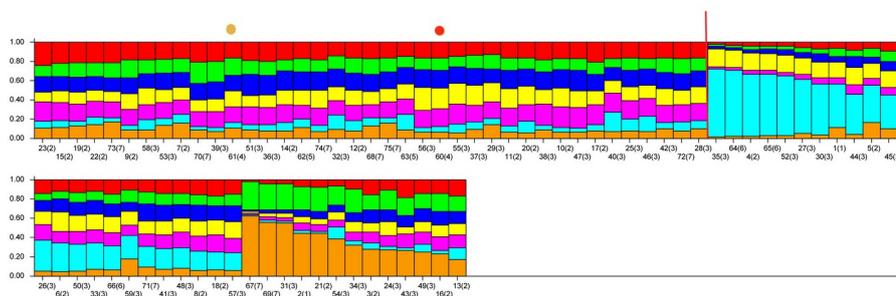


Рисунок 2 - Результаты кластерного анализа лошадей орловской рысистой породы по 17 микросателлитным локусам при K=7 с разбиением по отдельным животным накопленным итогом

DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2025.54.10.4>

Примечание: желтой точкой отмечен профиль Улова, а красной точкой – профиль Бычка

Результаты исследования генетической структуры показывают, что сто лет, которые разделяют Улова и Бычка, и те, селекционные процессы, которые за это время прошли в породе, привели к некоторому изменению пропорций генетических компонентов в их профилях. Тем не менее, 53,4% современных представителей орловской породы имеют генетические профили, сходные по пропорциям генетических компонентов с историческими образцами. Среди этих животных можно выделить, как минимум две группы, одна из которых более консолидирована с Бычком, а вторая – с Уловом. В эту часть поголовья, что интересно попали лошади практически из всех групп происхождения, на которые мы разделили изначально все исследуемое поголовье. Дополнительно (на рисунке этот массив отделен красной вертикальной чертой) обозначились три подгруппы лошадей, которые кардинально отличаются по генетической структуре профилей от вышеописанной группы: в одной доля компонентов, выделенных голубым цветом, преобладает над всеми остальными, а во второй сильно выделяется доля, обозначенная песочным цветом и, следом, зеленым. Для понимания, какое же число групп было выявлено с помощью кластерного анализа мы оценили полученные результаты с помощью программы CLAMPUCK. Максимальное значение коэффициента Delta K выявлено

при $K=7$. Это значит, что на все поголовье лошадей, включая древних, состоит из 7 подгрупп, различных по композиции генетической информации.

Заключение

В настоящей работе представлены результаты генотипирования лошадей орловской рысистой породы по 17 микросателлитным локусам в соответствии с рекомендацией ISAG (International Society for Animal Genetics).

Анализ генетического разнообразия показал, что в породе наблюдается появление внутривидовых групп, которые отличаются по соотношению генетических компонентов. Среди современных представителей породы выявлены животные, генетические профили которых сходны с генетическими профилями древних представителей породы, которые можно считать эталоном породы.

Для понимания механизма появления трех групп лошадей, структура генетических профилей которых сильно отлична от структуры, свойственной орловской рысистой породе, необходимо провести дополнительные исследования, целью которых должен стать поиск причин изменения генетического разнообразия.

Следующим шагом должна быть разработка предложений для Национальной Ассоциации заводчиков и владельцев лошадей орловской рысистой породы по стабилизации генетического разнообразия в породе с помощью корректировки планов племенной работы, а также созданию базы данных генетических профилей лошадей орловской рысистой породы.

Финансирование

Исследование выполнено в рамках комплексного проекта «Научно-технологические фронтиры» программы стратегического академического лидерства «Приоритет-2030» по теме «Генетические технологии и биотехнологические методы воспроизводства в селекции, питании и обеспечении благополучия животных для повышения эффективности животноводства».

Благодарности

Выражаем благодарность Национальной Ассоциации заводчиков и владельцев лошадей орловской рысистой породы за помощь в организации сбора проб

Конфликт интересов

Не указан.

Рецензия

Сообщество рецензентов Международного научно-исследовательского журнала
DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2025.54.10.5>

Funding

The study was carried out within the framework of the complex project "Scientific and Technological Frontiers" of the program of strategic academic leadership "Priority-2030" on the topic "Genetic Technologies and Biotechnological Methods of Reproduction in Animal Breeding, Nutrition and Welfare to Improve the Efficiency of Animal Husbandry".

Acknowledgement

We express our gratitude to the National Association of Breeders and Owners of Orlov Trotter Horses for their assistance in organizing the collection of samples

Conflict of Interest

None declared.

Review

International Research Journal Reviewers Community
DOI: <https://doi.org/10.60797/JAE.2025.54.10.5>

Список литературы / References

1. Политова М.А. Перспективы использования орловской рысистой породы в классических видах конного спорта и характеристика современных представителей породы, выступавших в спорте в 2017-2020 гг. / М.А. Политова // Известия СПбГАУ. — 2021. — 4 (65). — С. 87–95. — URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/perspektivy-ispolzovaniya-orlovskoy-rysishtoy-porody-v-klassicheskikh-vidah-konnogo-sporta-i-harakteristika-sovremennykh> (дата обращения: 01.12.24).
2. Рождественская Г.А. Оценка по качеству потомства производителей орловской рысистой породы, продуцирующих на племенных фермах и у частных владельцев / Г.А. Рождественская, Г.В. Калинкина, В.В. Крешихина // Коневодство и конный спорт. — 2016. — 4. — С. 11–14. — EDN WHRFUN.
3. Рождественская Г.А. Динамика племенного поголовья орловской рысистой породы с начала XX по XXI век / Г.А. Рождественская, В.В. Крешихина // Коневодство и конный спорт. — 2018. — 5. — С. 8–10. — DOI: 10.25727/HS.2018.5.19891. — EDN YCMGBV.
4. Abdelmanova A.S. Tracing the historical genetic components in turano-mongolian cattle breeds based on the microsatellite analysis of modern and museum samples / A.S. Abdelmanova, V.R. Kharzinova, V.V. Volkova [et al.] // Journal of Animal Science. — 2021. — Т. 99. — № S3. — P. 253–254. — DOI: 10.1093/jas/skab235.463. — EDN CFLDRO.
5. Blohina N. Analysis of the Genetic Structure of 29 Horse Breeds of Russian Selection by str Markers / N. Blohina, L. Khrabrova // Genetics. — 2024. — Т. 60. — № 8. — P. 54–65. — DOI: 10.31857/S0016675824080057.
6. Evanno G. Detecting the Number of Clusters of Individuals Using the Software STRUCTURE: a simulation study / G. Evanno, S. Regnaut, J. Goudet // Molecular Ecology. — 2005. — Vol. 14. — № 8. — P. 2611–2620. — DOI 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x. — EDN MEKJRR.
7. Peakall R. Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research – an update / R. Peakall, P.E. Smouse // Bioinformatics. — 2012. — Vol. 28. — № 19. — P. 2537–2539. — DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460.
8. Slagboom M. Conservation of local Red cattle breeds by collaboration with a mainstream Red dairy cattle breed / M. Slagboom, V. Milkevych, H. Liu [et al.] // Livestock Science. — 2022. — Vol. 260. — 104936 p. — DOI: 10.1016/j.livsci.2022.104936. — EDN MDAEGD.
9. Sponenberg D.P. Conservation Strategies for Local Breed Biodiversity / D.P. Sponenberg, A. Martin, C. Couch [et al.] // Diversity. — 2019. — Vol. 11. — № 10. — 177 p. — DOI: 10.3390/d11100177.

10. Tkachova I.V. Genealogical lines in the Orlov Trotter breed horses of the Ukrainian part of the population / I.V. Tkachova, A.A. Frolova // *The Animal Biology*. — 2021. — Vol. 23. — № 4. — P. 20–26. — DOI: 10.15407/animbiol23.04.020.

Список литературы на английском языке / References in English

1. Politova M.A. Perspektivy ispol'zovaniya orlovskoj rysistoj породы v klassicheskikh vidah konnogo sporta i harakteristika sovremennyh predstavitelej породы, vystupavshih v sporte v 2017-2020 gg. [Prospects for using of orlovskaya trotting breed in classic equestrian sports and characteristics of modern sport performers in 2017-2020] / M.A. Politova // *Proceedings of SPbSAU*. — 2021. — 4(65). — P. 87–95. — URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/perspektivy-ispolzovaniya-orlovskoy-rysistoj-porody-v-klassicheskikh-vidah-konnogo-sporta-i-harakteristika-sovremennyh> (accessed: 01.12.24). [in Russian]

2. Rozhdestvenskaya G.A. Otsenka po kachestvu potomstva proizvoditelej orlovskoj rysistoj породы, produtsirujuschih na plemennyh fermah i u chastnyh vladel'tsev [Evaluation on the offspring quality of Orlov trotter sires producing at breeding farms and in private owners] / G.A. Rozhdestvenskaya, G.V. Kalinkina, V.V. Kreshihina // *Konevodstvo i konnyj sport [Horse Breeding and Equestrian Sport]*. — 2016. — 4. — P. 11–14. — EDN WHRFUN. [in Russian]

3. Rozhdestvenskaya G.A. Dinamika plemennogo pogolov'ja orlovskoj rysistoj породы s nachala XX po XXI vek [Dynamics of breeding stock of orlov trotter breed from the beginning of the XX to the XXI century] / G.A. Rozhdestvenskaya, V.V. Kreshihina // *Konevodstvo i konnyj sport [Horse Breeding and Equestrian Sport]*. — 2018. — 5. — P. 8–10. — DOI: 10.25727/HS.2018.5.19891. — EDN YCMGBV. [in Russian]

4. Abdelmanova A.S. Tracing the historical genetic components in turano-mongolian cattle breeds based on the microsatellite analysis of modern and museum samples / A.S. Abdelmanova, V.R. Kharzinova, V.V. Volkova [et al.] // *Journal of Animal Science*. — 2021. — T. 99. — № S3. — P. 253–254. — DOI: 10.1093/jas/skab235.463. — EDN CFLDRO.

5. Blohina N. Analysis of the Genetic Structure of 29 Horse Breeds of Russian Selection by str Markers / N. Blohina, L. Khrabrova // *Genetics*. — 2024. — T. 60. — № 8. — P. 54–65. — DOI: 10.31857/S0016675824080057.

6. Evanno G. Detecting the Number of Clusters of Individuals Using the Software STRUCTURE: a simulation study / G. Evanno, S. Regnaut, J. Goudet // *Molecular Ecology*. — 2005. — Vol. 14. — № 8. — P. 2611–2620. — DOI 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x. — EDN MEKJRR.

7. Peakall R. Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research – an update / R. Peakall, P.E. Smouse // *Bioinformatics*. — 2012. — Vol. 28. — № 19. — P. 2537–2539. — DOI: 10.1093/bioinformatics/bts460.

8. Slagboom M. Conservation of local Red cattle breeds by collaboration with a mainstream Red dairy cattle breed / M. Slagboom, V. Milkevych, H. Liu [et al.] // *Livestock Science*. — 2022. — Vol. 260. — 104936 p. — DOI: 10.1016/j.livsci.2022.104936. — EDN MDAEGD.

9. Sponenberg D.P. Conservation Strategies for Local Breed Biodiversity / D.P. Sponenberg, A. Martin, C. Couch [et al.] // *Diversity*. — 2019. — Vol. 11. — № 10. — 177 p. — DOI: 10.3390/d11100177.

10. Tkachova I.V. Genealogical lines in the Orlov Trotter breed horses of the Ukrainian part of the population / I.V. Tkachova, A.A. Frolova // *The Animal Biology*. — 2021. — Vol. 23. — № 4. — P. 20–26. — DOI: 10.15407/animbiol23.04.020.