
ЗООТЕХНИЯ, БИОЛОГИЯ И ВЕТЕРИНАРНАЯ МЕДИЦИНА

**Генетическая характеристика крупного рогатого скота
разных пород Западной Сибири по STR-маркерам**

Диана Александровна Авадани¹, Галина Моисеевна Гончаренко¹✉,
Татьяна Сергеевна Хорошилова¹, Наталья Борисовна Гришина¹,
Ольга Леонидовна Халина¹, Елена Юрьевна Заборских²,
Ирина Сергеевна Кондрашкова³

¹Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий РАН,
Краснообск, Новосибирская область, Россия

²Горно-Алтайский научно-исследовательский институт сельского хозяйства –
филиал Национального исследовательского Томского государственного университета,
Республика Алтай, Россия

³Алтайский государственный аграрный университет, Барнаул, Россия

✉ Автор, ответственный за переписку: gal.goncharenko@mail.ru

Аннотация

Использование микросателлитного анализа в контроле достоверности происхождения молодняка позволило создать обширную информационную базу генетических маркеров крупного рогатого скота, которую успешно можно использовать для контроля селекционных процессов в породах и отдельных стадах. Цель исследований заключалась в изучении генетического разнообразия 7 пород крупного рогатого скота молочного и мясного направлений продуктивности, их филогенетического родства, межпородной и внутривидовой дифференциации, генетического разнообразия, гомо-гетерозиготности, инбридинга и других популяционно-генетических параметров. Генотипирование животных проведено набором реагентов «GeneProfile Cattle», предназначенным для генетической идентификации и определения родства крупного рогатого скота (*Bos taurus*), по 16 локусам микросателлитов. На примере одного локуса *TGLA53* показаны порода специфичность частот аллелей и определенные различия. Аллели 174, 178, 182, 186, 188, 190 во всех породах встречаются крайне редко или не выявлены. Напротив, аллели 160, 162, 172 встречаются от 28,8 до 44,4%. Приватных аллелей в голштинской породе выявлено 13, в симментальской и герефордской породах – по 1 аллелю, в красно-пестрой – 2. Количество аллелей на локус в голштинской породе – 12, красно-пестрой голштинской – 9,75, красной степной – 8,94, герефордской – 10,25, галловейской – 8,44, в казахской белоголовой породе – 5,69. Число эффективных аллелей варьирует от 3,59 (казахская белоголовая) до 4,66 (голштинская). Индекс Шенона находится в пределах 1,43–1,71. Индекс Fis имеет отрицательное значение и варьирует от минус 0,02 до минус 0,12. Уровень наблюдаемой гетерозиготности сопоставим с ожидаемой гетерозиготностью, избытка гетерозигот и инбридинга не выявлено. Отдельные кластеры образуют герефордская и казахская белоголовая порода, красно-пестрая голштинская и голштинская, галловейская и симментальская породы. Полученные результаты можно рассматривать в качестве базы сравнения в последующих поколениях, а также в оценке пород других регионов.

Ключевые слова

Порода, микросателлиты, полиморфизм, аллель, гетерозиготность, индекс фиксации, генное равновесие

Благодарности

Исследования выполнены в рамках государственного задания в соответствии с планом научно-исследовательских работ на 2021–2030 гг. (№ FNUU-2024–0003).

Для цитирования

Авадани Д.А., Гончаренко Г.М., Хорошилова Т.С., Гришина Н.Б. и др. Генетическая характеристика разных пород крупного рогатого скота по STR- маркерам // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2025. № 5. С. 97–110.

LIVESTOCK BREEDING, BIOLOGY AND VETERINARY MEDICINE

Genetic characteristics of cattle breeds in Western Siberia using STR markers

Diana A. Avadani¹, Galina M. Goncharenko¹✉,
Tatyana S. Khoroshilova¹, Natalia B. Grishina¹, Olga L. Khalina¹,
Elena Yu. Zaborskikh², Irina S. Kondrashkova³

¹ Siberian Federal Scientific Center for Agrobiotechnologies
of the Russian Academy of Sciences, Krasnoobsk, Novosibirsk Region, Russia

² Gorno-Altai Research Institute of Agriculture,
Branch of the Tomsk State University, Republic of Altai, Russia

³ Altai State Agricultural University, Barnaul, Russia

✉ **Corresponding author:** gal.goncharenko@mail.ru

Abstract

The use of microsatellite analysis for parentage verification has enabled the creation of an extensive information base of genetic markers for cattle, which can be successfully used to control breeding processes in breeds and individual herds. The aim of our research was to study the genetic diversity of seven breeds of dairy and beef cattle, their phylogenetic relationships, interbreed and intrabreed differentiation, genetic diversity, homo- and heterozygosity, inbreeding, and other population-genetic parameters. Genotyping of animals was performed using the “GeneProfile Cattle” reagent kit, designed for genetic identification and kinship determination of cattle (*Bos taurus*) based on 16 microsatellite loci. The breed-specific nature of allele frequencies and certain differences are shown using the example of one locus, TGLA53. Alleles 174, 178, 182, 186, 188, and 190 are extremely rare or not found in all breeds; conversely, alleles 160, 162, and 172 occur from 28.8% to 44.4%. Thirteen private alleles were identified in the Holstein breed, one allele each in the Simmental and Hereford breeds, and two in the red-and-white breed. The number of alleles per locus in the Holstein breed is 12, red-and-white Holstein is 9.75, red steppe is 8.94, Hereford is 10.25, Galloway is 8.44, and Kazakh white-headed is 5.69. The number of effective alleles varies from 3.59 (Kazakh white-headed) to 4.66 (Holstein). The Shannon index ranges from 1.43 to 1.71. Fis has a negative value and varies from minus 0.02 to minus 0.12. The level of observed heterozygosity is comparable to the expected heterozygosity; no excess of heterozygotes or inbreeding was detected. Separate clusters are formed by the Hereford and Kazakh white-headed breeds, red-and-white Holstein and Holstein, and Galloway and Simmental breeds. The results obtained can be considered as a basis for comparison in subsequent generations, as well as in the evaluation of breeds from other regions.

Keywords

Breed, microsatellites, polymorphism, allele, heterozygosity, fixation index (Fis), gene equilibrium (Hardy-Weinberg equilibrium)

Acknowledgments

This research was conducted under a state assignment in accordance with the research plan for 2021–2030 (No. FNUU-2024–0003).

For citation

Avadani D.A., Goncharenko G.M., Khoroshilova T.S., Grishina N.B. et al. Genetic characteristics of cattle breeds in Western Siberia using STR markers. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2025. No. 5. P. 98–110.

Введение Introduction

Генотипирование крупного рогатого скота методом микросателлитного анализа позволяет идентифицировать животных по определенному числу локусов и сопоставлять унифицированные данные в любой лаборатории. В связи с этим накоплена большая база данных, которую можно использовать не только для контроля происхождения животных, но и для расчета популяционно-генетических параметров, что особенно важно при длительном мониторинге или в сравнении с другими породами, популяциями. В настоящее время опубликованы данные по генетической характеристике с использованием STR-маркеров отдельных пород в разных регионах [2, 6, 10, 18]. В то же время можно отметить, что пока недостаточно данных для длительного мониторинга изменчивости частот аллелей микросателлитов под действием давления селекции, и это представляет интерес в дальнейшем с точки зрения сохранения генетических ресурсов, их разнообразия [4, 5]. Например, используя данные иммуногенетического анализа, провели анализ 9 поколений холмогорской породы, по результатам которого показано повышение степени гомозиготности и количества эффективных аллелей при скрещивании ее с голштинской породой. При этом генетическая дистанция между чистопородными быками холмогорской породы и голштинизированными быками увеличилась [12].

Интерес представляют также генеалогические связи между породами разного направления продуктивности, установленные на основании частот аллелей локусов микросателлитов, потенциально не оказывающих влияния на развитие фенотипических признаков животных [5, 20].

Использование широкой панели локусов позволило установить аллельный профиль черно-пестрой породы крупного рогатого скота Новосибирской области [1], голштинской и черно-пестрой пород Северного Зауралья [15, 16, 19], якутского скота [3, 14], герфордской породы [18], калмыцкой породы [13], белорусской черно-пестрой породы [2]. Все эти исследования характеризуют аллельный профиль и генетические особенности каждой породы. Однако в сравнительном аспекте они не изучены, поэтому в задачу наших исследований входили оценка внутривидового разнообразия, степени дифференцированности, определение генетических дистанций и филогенетических взаимоотношений разных пород Сибирского региона.

Методика исследований Research method

Исследования проведены на 4 породах молочного направления продуктивности: голштинской, красно-пестрой голштинской, красной степной, симментальской и 3 мясных пород скота: герфордской, казахской белоголовой, галловейской. Всего генотипировано по 16 локусам микросателлитов 1638 гол.

Микросателлитный анализ проведен с использованием набора реагентов «GeneProfile Cattle», предназначенного для генетической идентификации и для определения родства крупного рогатого скота (*Bos taurus* L.). Исследования проведены методом мультиплексной амплификации 16-ти STR-локусов с последующим анализом длин ПЦР-продуктов путем капиллярного электрофореза (TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, CSRM60, SPS115, TGLA122, BM1818, HAUT27, CSSM66, BM1824, ETH3, TGLA126, ETH225, INRA023, ILSTS006), 12 из которых рекомендованы Международным обществом генетики животных (International Society of Animal Genetics-ISAG). Три локуса рекомендованы Продовольственной и сельскохозяйственной организацией Объединенных Наций (Food and agriculture Organization of the United Nations – FAO) для генетических исследований домашних животных: CSSM66, CSRM60, ILSTS006. Также дополнительно включен высокополиморфный локус HAUT27.

Праймеры для ПЦР подобраны с учетом проведения амплификации всех 16 STR-локусов в одной пробирке. Размер амплифицированных ПЦР-продуктов находится в диапазоне от 64 до 236 пар нуклеотидов (с учетом всех известных аллелей). Анализ результатов ПЦР провели методом капиллярного электрофореза с использованием автоматического генетического анализатора «НАНОФОР 05».

Частотную характеристику генотипов изучаемых генов оценивали по формуле Харди-Вайнберга для двухаллельных систем с использованием критерия χ^2 . Расчет популяционно-генетических параметров осуществили с использованием программ GenAlEx и Past. в соответствии с рекомендациями [17].

Результаты и их обсуждение

Results and discussion

Сравнительная оценка генетических особенностей 6 пород крупного рогатого скота молочного и мясного направлений продуктивности: голштинская, красно-пестрая голштинская, красная степная, симментальская, герефордская, галловейская – на примере одного наиболее полиморфного локуса TGLA53 представлена в таблице 1. Казахскую белоголовую породу в анализ частот аллелей локуса TGLA53 не включали в связи с малочисленностью исследованного поголовья. Концентрация частоты аллелей этого локуса в исследуемых породах имеет некоторую закономерность независимо от направления продуктивности животных. Так, аллели 156, 188 и 190 174, 178, 182, 186, 188, 190 крайне редко встречаются у представителей всех пород (от 0,0 до 0,1%) или не выявлены. Аллель 176 чаще встречается в молочных породах (4,2–12,1%), у животных мясного направления продуктивности он выявляется с незначительной частотой (0,0–2,0%).

В то же время ряд аллелей в породах встречается довольно часто: от 28,8 до 44,4% (160,162, 172). При этом следует отметить значительные отличия в генетическом профиле пород по некоторым аллелям. Так, аллель 154 в красно-пестрой породе определен у 9,5% животных, что выше, чем у галловейской, герефордской, красной степной и голштинской породах, на 3,8–6,8% ($p \leq 0,05$; $p \leq 0,01$). В TGLA53 локусе в красно-пестрой породе выявлена наиболее высокая частота аллеля – 160–44,6%, что значительно выше, чем в красной степной и герефордской породах, где его частота находится уровне 2,8–3,3%. Следует отметить также высокую частоту этого аллеля в галловейской породе (31,5%), превышающую встречаемость его на 12,3–14,0% в симментальской и голштинской породах ($p \leq 0,05$; $p \leq 0,01$).

Высокая вариативность пород наблюдается по частоте аллеля 162. В голштинской породе он находится на уровне 24,0%, что превышает все

остальные сравниваемые породы на 11,3–21,4% ($p \leq 0,001$). Частота аллеля 164 составляет 0,3–3,0% за исключением галловейской породы, где он выявлен у 28,8%. Аллель 166 встречается сравнительно меньше: от 0,1% (геррефордская) до 8,2% (симментальская) ($p \leq 0,001$).

Таблица 1

Частота генотипов локуса TGLA53 в стадах разных пород, %

Table 1

Frequency of TGLA53 locus genotypes in different breed herds, %

Ал- лель	Порода					
	Симмен- тальская	Красно-пе- страя голлштинская	Голштинская	Красная степная	Геррефордская	Галловейская
	n=201	n=364	n=500	n=98	n=350	n=111
154	7,0±1,8	9,5±1,5	5,7±1,0	3,1±1,8	4,7±1,1	2,7±1,5
156	0,0±0,0	0,0±0,0	0,1±0,1	0,0±0,0	0,0±0,0	0,0±0,0
158	2,0±0,9	4,4±1,1	11,7±1,4	5,1±2,2	0,1±0,2	5,0±2,1
160	16,2±2,6	44,4±2,6	17,5±0,8	2,8±1,7	3,3±1,0	31,5±4,4
162	12,7±2,3	7,0±1,3	24,0±1,9	12,2±3,3	2,6±0,9	4,5±2,0
164	3,0±1,2	1,2±0,6	0,3±0,3	2,6±1,6	2,3±0,8	28,8±4,3
166	8,2±1,9	0,3±0,3	3,6±0,8	5,1±2,2	0,1±0,2	3,6±1,8
168	15,9±2,6	10,4±1,6	11,1±1,4	8,2±2,8	2,1±0,8	4,1±1,9
170	11,9±2,9	1,4±0,6	2,3±0,7	10,2±3,0	6,3±1,3	16,2±3,5
172	9,0±2,0	1,2±0,6	0,2±0,2	4,6±2,1	19,9±2,1	1,4±1,1
174	0,2±0,3	0,4±0,0	0,2±0,2	0,0±0,0	1,1±0,6	0,0±0,0
176	4,2±1,4	12,1±1,7	8,6±1,3	2,0±1,4	0,6±0,4	0,0±0,0
178	0,2±0,3	2,9±0,9	0,1±0,1	2,0±1,4	0,0±0,0	0,5±0,7
180	0,2±0,3	0,0±0,0	0,2±0,2	8,2±2,8	0,1±0,2	0,4±0,6
182	0,5±0,5	0,0±0,0	0,1±0,1	3,1±1,8	0,1±0,2	0,5±0,7
184	0,2±0,3	1,9±1,7	5,7±1,0	2,6±1,6	0,0±0,0	0,5±0,7
186	6,5±1,7	2,9±0,9	7,4±1,2	2,6±1,6	2,0±0,7	0,5±0,7
188	0,0±0,0	0,0±0,0	0,1±0,1	0,0±0,0	0,0±0,0	0,0±0,0
190	0,2±0,3	0,0±0,0	0,0±0,0	0,0±0,0	0,1±0,2	0,0±0,0

В исследуемых породах наблюдается вариативность аллеля 168. Значительные различия на уровне 13,8% определены между симментальской и герефордской породами ($p \leq 0,001$). Различия между другими породами несколько ниже, хотя достигают порога достоверности между красно-пестрой и герефордской, а также между красно-пестрой и галловейской ($p \leq 0,05$).

В частоте аллелей 170 и 172 также наблюдаются значительные межпородные различия. Вариативность составляет от 0,2 до 19,9%.

Сравнительная оценка наших результатов с аналогичными исследованиями других пород показала некоторое совпадение. Так, на породе якутского скота также к наиболее полиморфному локусу отнесен локус *TGLA53*, где определено 10 аллелей, среди которых наиболее распространенным является 160 (0,534) [3]. Аллель 160 является наиболее распространенным и в голштинской породе (0,190) [19]. Аналогичные результаты получены на герефордской породе Тюменской области [18].

На основании частот аллелей всех 16 локусов построена дендрограмма филогенетического родства исследованных пород крупного рогатого скота (рис. 1).

Наиболее тесное сходство имеют герефордская и казахская белоголовая породы, что вполне объяснимо их происхождением. Казахская белоголовая порода создана на основе герефордской. Также близкое родство имеют красно-пестрая голштинская и голштинская породы, что является отражением генезиса красно-пестрой породы. Еще один кластер образуют галловейская и симментальская породы, аллельная структура которых оказалась ближе по сравнению с красной степной, образовавшей отдельный кластер, на что, видимо, влияние оказали быки красного корня.

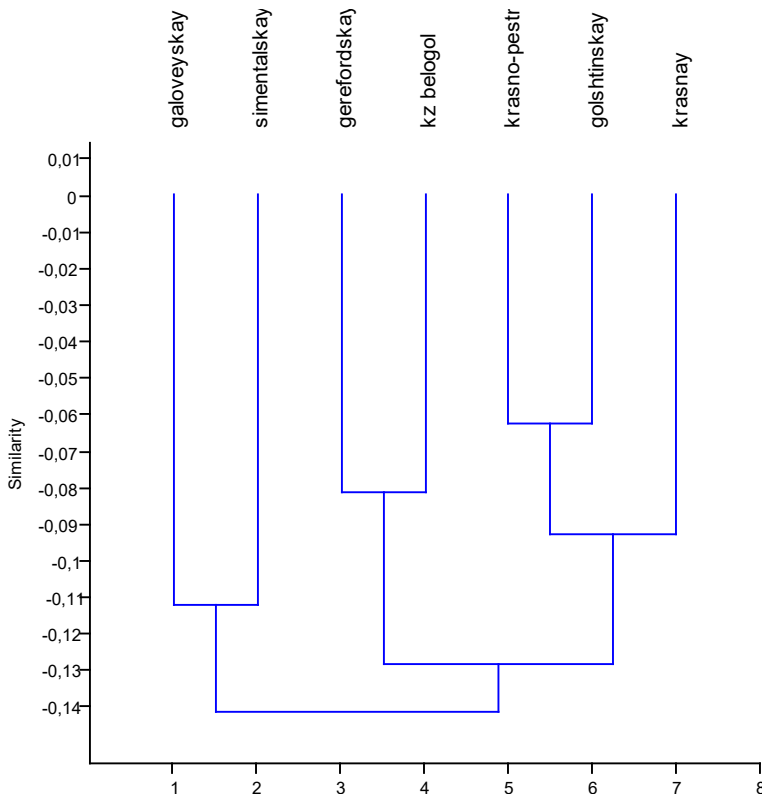


Рис. 1. Дендрограмма филогенетического родства пород крупного рогатого скота

Figure 1. Dendrogram of phylogenetic relationship of cattle breeds

Сравнительная оценка генетико-популяционных параметров изучаемых пород показывает, что голштинская порода отличается прежде всего более высокой полиморфностью, имея больше всего аллелей на локус (12,0), что превышает данный показатель в красной степной и галловейской породах на 3,06 и 3,56 соответственно ($p < 0,01$) (табл. 2). При этом следует отметить, что наиболее значительные различия выявлены между голштинской и казахской белоголовой породами (6,31), и это можно считать пока предварительными данными в связи с низкой численностью в исследованиях казахской белоголовой породы ($p < 0,001$).

В галловейской породе наблюдается и самое низкое число эффективных аллелей – 3,59, что существенно ниже в сравнении с голштинской на 1,07 ($p < 0,05$). Кроме того, следует отметить, что в галловейской и казахской белоголовой породах наблюдается пониженный индекс Шеннона. При сравнении с голштинской породой этот показатель ниже на 0,23–0,28 ($p < 0,05$). Следует отметить, что в этих двух породах не выявлено специфических приватных аллелей.

Во всех исследованных породах уровень наблюдаемой гетерозиготности совпадает с ожидаемой гетерозиготностью, то есть избытка гетерозигот не выявлено. Кроме того, в стадах всех пород инбридинга не наблюдается. Индекс фиксации имеет отрицательное значение, близкое к нулю (табл. 3). Значение наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности в исследованных породах практически одинаковое. Некоторое превышение этого показателя наблюдается при сравнении красной степной и галловейской пород (0,07, $p \leq 0,05$).

Таблица 2

Характеристика аллельного профиля STR-локусов разных пород крупного рогатого скота

Table 2

Characteristics of the allelic profile of STR loci in different cattle breeds

Порода	n	Na	Ne	I	No
Симментальская	201	10,19±0,78	4,33±0,40	1,64±0,09	0,63±0,06
Красно-пестрая голштинская	364	9,75±0,68	4,32±0,29	1,65±0,07	0,13±0,09
Голштинская	500	12,00±0,98	4,66±0,40	1,71±0,08	0,81±0,29
Красная степная	98	8,94±0,67	4,62±0,32	1,70±0,07	0,00
Герефордская	350	10,25±0,66	4,13±0,39	1,58±0,08	0,06±0,06
Галловейская	111	8,44±0,66	3,59±0,27	1,48±0,06	0,00
Казахская белоголовая	14	5,69±0,47	3,82±0,36	1,43±0,09	0,00

Na – среднее количество аллелей на локус; Ne – количество эффективных аллелей; No – Private Alleles – количество приватных аллелей; I – индекс Шеннона

Характеристика полиморфизма STR-локусов пород крупного рогатого скота

Table 3

Characteristics of STR loci polymorphism in cattle breeds

Порода	n	Ho	He	Fis
Симментальская	201	0,75±0,03	0,73±0,03	-0,02
Красно-пестрая голштинская	364	0,81±0,02	0,75±0,02	-0,08
Голштинская	500	0,80±0,02	0,75±0,02	-0,06
Красная степная	98	0,81±0,04	0,77±0,04	-0,05
Геррефордская	350	0,82±0,02	0,73±0,02	-0,12
Галловейская	111	0,74±0,04	0,70±0,02	-0,06
Казахская белоголовая	14	0,77±0,11	0,70±0,03	-0,10

Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; Fis – индекс фиксации

Несмотря на значительные различия пород по частоте отдельных аллелей, в локусах уровень наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности находится в пределах 0,74–0,82, что совпадает с данными по голштинской породе [19]. Несколько ниже наблюдаемая гетерозиготность определена в масштабных исследованиях сибирского отродья черно-пестрой и голштинской пород (10233 гол.), которая находилась на уровне (0,69) [11]. Также в черно-пестрой породе Новосибирской области наблюдаемая гетерозиготность по отдельным стадам варьировала в пределах 0,701–0,755 [1]. По сообщению [9], в белорусской черно-пестрой породе уровень наблюдаемой гетерозиготности варьировал по стадам от 0,882–0,923, в отдельных локусах составлял 0,980.

Более ранними нашими исследованиями с использованием 10 микросателлитных локусов гетерозиготность 3 пород Сибири была установлена на уровнях 0,582 (галловейская), 0,624 (геррефордская) и 0,653 (казахская белоголовая) [8]. В закрытой популяции якутского скота уровень гетерозиготности также находился на уровне 0,602, что даже ниже, чем в немногочисленной породе калмыцкого скота, где этот показатель был на уровне 0,778 [7, 13].

Количество частных аллелей в породах значительно различается. Как и следовало ожидать, больше всего определено аллелей в стадах голштинской породы – 13 (табл. 4). По одному специфическому аллелю выявлено в симментальской и геррефордской породах, в красно-пестрой – 2 аллеля.

Приватные аллели в породах крупного рогатого скота**Private alleles in cattle breeds**

Популяция	Локус	Аллель	Частота
Симментальская	CSRM60	114	0,005
Красно-пестрая	BM1818	274	0,001
Красно-пестрая	ETH3	131	0,003
Голштинская	TGLA53	156	0,001
Голштинская	TGLA53	188	0,001
Голштинская	ETH10	211	0,001
Голштинская	TGLA122	159	0,003
Голштинская	TGLA122	167	0,001
Голштинская	TGLA122	185	0,001
Голштинская	TGLA122	1632	0,001
Голштинская	HAUT27	155	0,001
Голштинская	BM1824	198	0,001
Голштинская	BM1824	200	0,001
Голштинская	ETH3	113	0,003
Голштинская	ETH3	225	0,001
Голштинская	TGLA126	109	0,001
Герефордская	ETH3	103	0,004

Выводы**Conclusions**

Сравнительная оценка пород крупного рогатого скота по полиморфизму 16 локусов микросателлитов показала, что каждая порода имеет свою генетическую структуру, характерную частоту аллелей, отличительные особенности приватных и эффективных аллелей. При этом уровень гомо- и гетерозиготности, индекс фиксации в целом не претерпевают каких-либо значимых отличий.

В локусе *TGLA53* выявлены аллели как с низкой, так и с высокой частотой встречаемости, присущей для одной породы или нескольких, что может быть следствием видовой, породной принадлежности или влиянием селекционных процессов.

Установлена высокая близость генофондов герефордской и казахской белоголовой, красной голштинской и голштинской пород, что вполне объяснимо их генезисом. При этом более высокое генетическое разнообразие выявлено в голштинской породе по сравнению с другими породами. Инбридинга во всех исследуемых породах не наблюдается.

Дальнейшие исследования будут направлены на мониторинг селекционно-генетических параметров, поддержание генного разнообразия в стадах за счет отбора и подбора родительских пар при направленной селекции.

Список источников

1. Айтназаров Р.Б., Мишакова Т.М., Юдин Н.С. Оценка генетического разнообразия и филогенетических отношений черно-пестрого скота Новосибирской области с использованием микросателлитных маркеров // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2021. № 8 (25). С. 831–838. <https://doi.org/10.18699/VJ21.096>
2. Аржанкова Ю.В., Мосачихина И.А., Харитонов А.В. Генетические особенности черно-пестрого и помесного крупного рогатого скота по микросателлитным локусам // *Известия Великолукской сельскохозяйственной академии*. 2015. № 1. С 7-11. EDN: TNVQEV
3. Владимиров Л.Н., Мачахтырова В.А., Мачахтыров Г.Н. и др. Генетическое разнообразие популяции аборигенного якутского скота по микросателлитным локусам // *Вестник НГАУ*. 2024. № 2 (71). С. 199–208. <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-71-2-199-208>
4. Глазко В.И. Геномная селекция крупного рогатого скота: исследовательские и прикладные задачи // *Известия Тимирязевской сельскохозяйственной академии*. 2011. № 5. С. 126–134. EDN: OIPTJJ
5. Глазко В.И., Косовский Г.Ю., Глазко Т.Т., Федорова Л.М. ДНК-маркеры и «Микросателлитный код» (обзор) // *Сельскохозяйственная биология*. 2023. № 2 (58). С. 223–248. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.2.223rus>
6. Гладырь Е.А., Гончаренко Г.М., Горелов П.В. и др. Изучение изменчивости микросателлитов при создании нового типа мясного скота Сибири // *Достижения науки и техники АПК*. 2011. № 10. С. 30–32. EDN: OYVBHZ
7. Гладырь Е.А., Шадрина Я.Л., Горелов П.В. и др. Характеристика аллелофонда якутского скота по микросателлитам // *Сельскохозяйственная биология*. 2011. № 6. С. 65–69. EDN: ONLDRB
8. Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А., Косян Д.Б. и др. Характеристика аллелофонда крупного рогатого скота некоторых мясных пород, разводимых на территории Южного Урала и Западной Сибири // *Достижения науки и техники АПК*. 2014. № 3. С. 61–64. EDN: PXWWXJ
9. Глинская Н.А. Анализ генетической дифференциации популяций крупного рогатого скота черно-пестрой породы белорусской селекции по STR- локусам // *Вестник Полесского государственного университета*. 2013. № 2. С 21-26
10. Николаев С.В., Ялуга В.Л. Сравнительная генетическая характеристика микросателлитного профиля голштинизированных и чистопородных холмогорских быков // *Аграрная наука*. 2023. № 7. С. 58–62. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-372-7-58-62>

11. Петров А.Ф., Камалдинов Е.В. Генетическая структура сибирского отряда по микросателлитным маркерам // *Вестник НГАУ*. 2024. № 3 (72). С. 230–239. <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-72-3-230-239>
12. Прожерин В.П., Селькова И.В., Калашников А.Е. Генетическая изменчивость быков-производителей архангельской популяции холмогорской породы крупного рогатого скота по поколениям // *Вестник РГАУ*. 2020. № 4 (48). С. 47–53. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.2.223rus>
13. Слепцов И.И., Додохов В.В., Павлова Н.И., Каюмов Ф.Г. Полиморфизм 15 микросателлитных локусов ДНК у крупного рогатого скота калмыцкой породы и аборигенного якутского скота, разводимых на территории Республики Саха (Якутия) // *Животноводство и кормопроизводство*. 2019. № 2 (102). С. 60–67. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-102-2-60>
14. Филиппова Н.П., Павлова Н.И., Корякина Л.П. и др. Микросателлитный анализ якутского скота // *Животноводство и кормопроизводство*. 2018. Т. 101, № 4. С. 58–63.
15. Часовщикова М.А. Генетическая характеристика голштинской породы крупного рогатого скота с использованием микросателлитных ДНК-маркеров // *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*. 2019. № 2 (76). С. 191–193. EDN: OESLHF
16. Часовщикова М.А. Генетическая характеристика черно-пестрой породы крупного рогатого скота с использованием микросателлитных маркеров // *Вестник Бурятской государственной академии имени В.Р. Филиппова*. 2021. № 1 (62). С. 64–69. <https://doi.org/10.34655/bgsha.2021.62.1.009>
17. Чесноков Ю.В., Артемьева А.М. Оценка меры информационного полиморфизма генетического // *Сельскохозяйственная биология*. 2015. Т 5, № 5. С. 571–578. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.5.571rus>
18. Шевелёва О.М., Часовщикова М.А. Характеристика генетической структуры стада герефордской породы по STR-локусам // *Животноводство и кормопроизводство*. 2018. № 4 (101). С. 71-78
19. Шукюрова Е.Б., Лукашина А.А., Бузько А.Н. Генетическая характеристика голштинского крупного рогатого скота по ДНК-микросателлитам // *Вестник Дальневосточного отделения Российской академии наук*. 2020. № 4. С. 47–52. <https://doi.org/10.37102/08697698.2020.212.4.008>
20. Olschewsky A., Hinrichs D. An overview of the use of genotyping techniques for assessing genetic diversity in local farm animals breeds. *Animal (Basel)*. 2021;11(7):2016. <https://doi.org/10.3390/ani11072016>

References

1. Aitnazarov R.B., Mishakova T.M., Yudin N.S. Assessment of genetic diversity and phylogenetic relationships in black pied cattle in the Novosibirsk region using microsatellite markers. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2021;25(8):831-838. (In Russ.) <https://doi.org/10.18699/VJ21.096>
2. Arzhankova Yu.V., Mosachikhina I.A., Kharitonov A.V. Genetic features of black-and-white and crossbred cattle by microsatellite loci. *Izvestiya Velikolukskoy selskokhozyaystvennoy akademii*. 2015;(1):7-11. (In Russ.)
3. Vladimirov L.N., Machakhtyrova V.A., Machakhtyrov G.N., Shadrina Ya.L. et al. Genetic diversity of the population of aboriginal Yakut cattle by microsatellite locuses. *Vestnik NGAU (Novosibirsk State Agrarian University)*. 2024;(2(71)):199-208. (In Russ.) <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-71-2-199-208>

4. Glazko V.I. Genomic selection of cattle: research and applied tasks. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2011;(5):126-134. (In Russ.)
5. Glazko V.I., Kosovsky G.Yu., Glazko T.T., Fedorova L.M. DNA markers and microsatellite code (review). *Agricultural Biology*. 2023;58(2):223-248. (In Russ.) <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.2.223rus>
6. Gladyr E.A., Goncharenko G.M., Gorelov P.V., Goryacheva T.S. et al. The study of microsatellite variability during creation of new Syberian type of beef cattle. *Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex*. 2011;(10):30-32. (In Russ.)
7. Gladyr E.A., Shadrina Ya.L., Gorelov P.V., Davaahuu L. et al. The characteristics of allele pool of Yakut cattle using microsatellites. *Agricultural Biology*. 2011;46(6):65-69. (In Russ.)
8. Gladyr E.A., Zinov'eva N.A., Kosyan D.B., Volkova V.V. et al. Characteristic of cattle allelepool for several meat breeds bred in the Southern Urals and Western Siberia. *Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex*. 2014;(3):61-64. (In Russ.)
9. Hlinskaya N. The analysis of genetic differentiation of populations of cattle of black and motley breed of the Belarusian selection on STR-loci. *Vestnik Polesskogo gosudarstvennogo universiteta. Seriya prirodovedcheskikh nauk*. 2013;(2):21-26. (In Russ.)
10. Nikolaev S.V., Yaluga V.L. Comparative genetic characteristics of microsatellite profile of Holstein and purebred Kholmogorsky bulls. *Agricultural Science*. 2023;(7):58-62. (In Russ.) <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-372-7-58-62>
11. Petrov A.F., Kamaldinov E.V. Genetic structure of cattle of the Siberian branch by microsatellite loci. *Vestnik NGAU (Novosibirsk State Agrarian University)*. 2024;(3(72)):230-239. (In Russ.) <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-72-3-230-239>
12. Prozerin V., Selkova I., Kalashnikov A. Genetic variability of sire bulls in the Arkhangelsk population of the Kholmogory breed when observed over generations. *Bulletin of the Ryazan State Agrotechnological University named after P.A. Kostychev*. 2020;(4(48)):47-53. (In Russ.) <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2023.2.223rus>
13. Sleptsov I., Dodokhov V., Pavlova N., Kayumov F. Polimorphism of 15 DNA microsatellite loci of Kalmyk cattle and aboriginal Yakut cattle bred on the territory of the Republic of Sakha (Yakutia). *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2019;102(2):60-67. (In Russ.) <https://doi.org/10.33284/2658-3135-102-2-60>
14. Filippova N.P., Pavlova N.I., Koryakina L.P., Stepanov N.P. et al. Microsatellite analysis of Yakut cattle. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2018;101(4):58-63. (In Russ.)
15. Chasovchshikova M.A. Genetic characteristics of Holstein cattle using microsatellite DNA markers. *Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. 2019;(2(76)):191-193. (In Russ.)
16. Chasovschikova M.A. Genetic characteristics of the black-and-white cattle breed using microsatellite markers. *Vestnik Buryatskoy gosudarstvennoy akademii imeni V.R. Filippova*. 2021;(1(62)):64-69. (In Russ.) <https://doi.org/10.34655/bgsha.2021.62.1.009>
17. Chesnokov Yu.V., Artemeva A.M. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Agricultural Biology*. 2015;50(5):571-578. (In Russ.) <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2015.5.571rus>
18. Shevelyova O.M., Chasovshchikova M.A. Characteristics of the genetic structure of the Herford herd according to STR loci. *Husbandry and Fodder Production*. 2018;101(4):71-78. (In Russ.)
19. Shukyurova E.B., Lukashina A.A., Buzko A.N. Genetic characteristics of Holstein cattle by DNA microsatellites. *Vestnik of the Far East Branch*

of the Russian Academy of Sciences. 2020;(4(212)):47-52. (In Russ.)
<https://doi.org/10.37102/08697698.2020.212.4.008>

20. Olschewsky A, Hinrichs D. An Overview of the Use of Genotyping Techniques for Assessing Genetic Diversity in Local Farm Animal Breeds. *Animal (Basel)*. 2021;11(7):2016. <https://doi.org/10.3390/ani11072016>

Сведения об авторах

Диана Александровна Авадани, младший научный сотрудник лаборатории биотехнологии, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий Российской академии наук»; 630501, Российская Федерация, Новосибирская область, г. Краснообск, ул. Центральная, 7; e-mail: kehi666@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0007-3401-8793>

Галина Моисеевна Гончаренко, д-р биол. наук, главный научный сотрудник лаборатории биотехнологии, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий Российской академии наук»; 630501, Российская Федерация, Новосибирская область, г. Краснообск, ул. Центральная, 7; e-mail: gal.goncharenko@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6248-0167>

Татьяна Сергеевна Хорошилова, канд. биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории биотехнологии, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий Российской академии наук»; 630501, Российская Федерация, Новосибирская область, г. Краснообск, ул. Центральная, 7; e-mail: tatagoryacheva@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0002-7226-6292>

Наталья Борисовна Гришина, канд. биол. наук, старший научный сотрудник лаборатории биотехнологии, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий Российской академии наук»; 630501, Российская Федерация, Новосибирская область, г. Краснообск, ул. Центральная, 7; e-mail: natalja.grishina@gmail.com; <https://orcid.org/0009-0004-5795-7329>

Ольга Леонидовна Халина, научный сотрудник лаборатории биотехнологии, Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Сибирский федеральный научный центр агробиотехнологий Российской академии наук»; 630501, Российская Федерация, Новосибирская область, г. Краснообск, ул. Центральная, 7; e-mail: halinaolga@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-4608-9023>

Елена Юрьевна Заборских, канд. с.-х. наук, старший научный сотрудник лаборатории животноводства, филиал Федерального государственного автономного образовательного учреждения высшего образования «Национальный исследовательский Томский государственный университет» – «Горно-Алтайский научно-исследовательский институт сельского хозяйства»; 649100, Российская Федерация, Республика Алтай, с. Майма, ул. Катунская, 2; e-mail: altayhorse@yandex.ru

Ирина Сергеевна Кондрашкова, канд. биол. наук, доцент кафедры общей биологии, биотехнологии и разведения животных, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Алтайский государственный аграрный университет»; 656049, Российская Федерация, г. Барнаул, пр-кт Красноармейский, 73; e-mail: kondr.i.s@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-9840-9872>

Information about the authors

Diana A. Avadani, Junior Research Associate at the Laboratory of Biotechnology, Siberian Federal Scientific Center for Agrobiotechnologies of the Russian Academy of Sciences; 7 Tsentralnaya St., Krasnoobsk, Novosibirsk Region, 630501, Russian Federation; e-mail: kehi666@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0007-3401-8793>

Galina M. Goncharenko, DSc (Bio), Chief Research Associate at the Laboratory of Biotechnology, Siberian Federal Scientific Center for Agrobiotechnologies of the Russian Academy of Sciences; 7 Tsentralnaya St., Krasnoobsk, Novosibirsk Region, 630501, Russian Federation; e-mail: gal.goncharenko@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0001-6248-0167>

Tatyana S. Khoroshilova, CSc (Bio), Senior Research Associate at the Laboratory of Biotechnology, Siberian Federal Scientific Center for Agrobiotechnologies of the Russian Academy of Sciences; 7 Tsentralnaya St., Krasnoobsk, Novosibirsk Region, 630501, Russian Federation; e-mail: tatagoryacheva@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0002-7226-6292>

Natalia B. Grishina, CSc (Bio), Senior Research Associate at the Laboratory of Biotechnology, Siberian Federal Scientific Center of Agrobiotechnology, Russian Academy of Sciences; 7 Tsentralnaya St., Krasnoobsk, Novosibirsk Region, 630501, Russian Federation; e-mail: natalja.grishina@gmail.com; <https://orcid.org/0009-0004-5795-7329>

Olga L. Khalina, Research Associate at the Laboratory of Biotechnology, Siberian Federal Scientific Center for Agrobiotechnologies of the Russian Academy of Sciences; 7 Tsentralnaya St., Krasnoobsk, Novosibirsk Region, 630501, Russian Federation; e-mail: halinaolga@mail.ru; <https://orcid.org/0009-0002-4608-9023>

Elena Yu. Zaborskikh, CSc (Ag), Senior Research Associate at the Laboratory of Animal Husbandry, Gorno-Altay Research Institute of Agriculture, Branch of Tomsk State University; 2 Katunskaya St., Maima Vlg, Republic of Altai, 649100, Russian Federation; e-mail: altayhorse@yandex.ru

Irina S. Kondrashkova, CSc (Bio), Associate Professor at the Department of General Biology, Biotechnology and Animal Breeding, Altai State Agricultural University; 73 Krasnoarmeysky Ave., Barnaul, 656049, Russian Federation; e-mail: kondr.i.s@yandex.ru; <https://orcid.org/0000-0001-9840-9872>