

Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 2. С. 108-120.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2026. Vol. 109. No 2. P. 108-120.

Научная статья
УДК 636.082.11 (470.5)
doi: 10.33284/2658-3135-109-2-108

Генетическая структура уральской популяции герефордского скота в динамике поколений по микросателлитным локусам ДНК

Николай Павлович Герасимов¹, Киниспай Мурзагулович Джуламанов²

^{1,2}Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, Оренбург, Россия

¹nick.gerasimov@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2295-5150>

²kinispai.d@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8039-7471>

Аннотация. Мониторинг динамических процессов в генофонде мясного скота востребован для реализации программы поддержки, сохранения и генетического улучшения отечественных породных ресурсов. Целью исследования являлось изучение генетической структуры племенного стада герефордского скота на Южном Урале в динамике поколений по микросателлитным локусам ДНК. Объектом исследования являлось поголовье коров (n=88) и молодняка (n=58) герефордской породы скота из племенного завода ООО «Агрофирма Калининская» Челябинской области. Генотипирование проведено по 15 микросателлитным локусам: TGLA227, ETH10, BM2113, TGLA53, CSRM60, SPS115, TGLA122, BM1818, CSSM66, BM1824, ETH3, TGLA126, ETH225, INRA023, ILSTS006. Анализ состояния генетических ресурсов уральской популяции герефордского скота свидетельствует о значительном резерве изменчивости генофонда породы. Наблюдаемая гетерозиготность в двух последовательных поколениях варьировала в пределах 0,680-0,714 ед., а количество эффективных аллелей составляло 3,875-3,925 ед. на локус. Наблюдалось повышение параметров генетической изменчивости в группе молодняка относительно маточного контингента стада, что сопровождалось ростом избытка гетерозигот ($F=-0,010$). Отмечаемая динамика в генофонде стада объясняется влиянием гетерогенного подбора родительских пар с использованием племенного материала импортного происхождения, что подтверждается генетической дистанцией $D=0,032$ и сходством $I=0,969$ по Нею между исследуемыми половозрастными группами. Расчет степени отличия последовательных поколений свидетельствует о значительной дифференциации изучаемых групп ($F_{st}=0,018$; $P\leq 0,001$). Таким образом, уральская популяция герефордской породы располагает значительными генетическими ресурсами, что является следствием гетерозологического подбора родительских пар.

Ключевые слова: герефордская порода, генофонд, популяция, генетическая структура, микросателлитный локус, аллель, гетерозиготность

Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР на 2025-2027 гг. ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (№ FNWZ-2025-0008).

Для цитирования: Герасимов Н.П., Джуламанов К.М. Генетическая структура уральской популяции герефордского скота в динамике поколений по микросателлитным локусам ДНК // Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 2. С. 108-120. [Gerasimov NP, Dzhulamanov KM. Genetic structure of the Ural population of Hereford cattle in the dynamics of generations based on microsatellite DNA loci. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(2):108-120. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-2-108>

Original article

Genetic structure of the Ural population of Hereford cattle in the dynamics of generations based on microsatellite DNA loci

Nikolay P Gerasimov¹, Kinispay M Dzhulamanov²

^{1,2}Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, Orenburg, Russia

¹nick.gerasimov@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2295-5150>

² kinispai.d@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8039-7471>

Abstract. Monitoring of dynamic processes in the gene pool of beef cattle is necessary for the implementation of a program for supporting, preserving, and genetically improving domestic breed resources. The aim of the research was to study the genetic structure of the breeding herd of Hereford cattle in Southern Ural in the dynamics of generations using microsatellite DNA loci. The object of the study was the number of cows ($n=88$) and young animals ($n=58$) of the Hereford breed from the breeding farm of Agrofirma Kalinskaya LLC in the Chelyabinsk Region. Genotyping was performed using 15 microsatellite loci: TGLA227, ETH10, BM2113, TGLA53, CSRM60, SPS115, TGLA122, BM1818, CSSM66, BM1824, ETH3, TGLA126, ETH225, INRA023, and ILSTS006. An analysis of the genetic resources of the Ural population of Hereford cattle indicates a significant reserve of variability in the gene pool of the breed. The observed heterozygosity in two consecutive generations varied between 0.680 and 0.714, and the number of effective alleles was 3.875 to 3.925 per locus. There was an increase in the parameters of genetic variability in the young group relative to the mature herd, which was accompanied by an increase in the excess of heterozygotes ($F=-0.010$). The observed dynamics in the herd's gene pool are explained by the effect of heterogeneous mating of parent pairs using imported breeding material, which is confirmed by the genetic distance $D=0.032$ and identity $I=0.969$ according to Nei between the studied sex-age groups. The calculation of the degree of difference between consecutive generations indicates a significant differentiation between the studied groups ($F_{st}=0.018$; $P\leq 0.001$). Thus, the Ural population of the Hereford breed has significant genetic resources, which is a result of heteroecological selection of parent pairs.

Keywords: Hereford breed, gene pool, population, genetic structure, microsatellite loci, allele, heterozygosity

Acknowledgments: the work was supported in accordance to the plan of research works for 2025-2027 FSBRI FRC BST RAS (No. FNWZ-2025-0008).

For citation: Gerasimov NP, Dzhulamanov KM. Genetic structure of the Ural population of Hereford cattle in the dynamics of generations based on microsatellite DNA loci. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2026;109(2):108-120. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-2-108>

Введение.

Проблема поддержания биологического разнообразия приобретает все большую актуальность на государственном уровне (Митрофанова О.В. и др., 2025). Главной целью охраны отечественных породных и генетических ресурсов является сохранение уникальных генофондов животных, характерных для локальных популяций, обеспечивающих адаптацию к конкретным природно-климатическим условиям разведения, устойчивости к болезням и внутripородную стабильность (Слепцов И.И. и др., 2019; Svishcheva G et al., 2020). Герефордская порода мясного скота имеет значительное распространение как в России (2 место по численности пробонитированного скота), так и в мире, что определяется высокой пластичностью генофонда и приспособительными свойствами (Барсукова М.А. и др., 2025). Существенные внутripородные резервы генетической изменчивости фактически обуславливают высокие продуктивные, воспроизводительные и племенные качества герефордов в самых разнообразных экологических условиях (Шевелева О.М. и Часовщикова М.А., 2018). В этой связи остро встает вопрос мониторинга генетических ресурсов отечественных популяций герефордской породы на уровне генома для контроля изменений в генофонде

под влиянием селекционно-племенной работы, использования быков-производителей импортного происхождения, приобретение племенного молодняка из стран ближнего и дальнего зарубежья.

Важным инструментом для анализа генетической изменчивости пород являются идентификация микросателлитных последовательностей ДНК из-за высокой частоты встречаемости, полиморфизма, равномерного распределения по геному, принципу менделевского наследования, а также простоты исследований с помощью ПЦР-метода и электрофореза (Авадани Д.А. и др., 2025). Микросателлитные последовательности ДНК представляют собой короткие tandemные повторы (STR) из небольшого числа повторяющихся звеньев, содержащих 3-6 нуклеотидов. Количество повторов обычно составляет от 5 до 60 раз, длина фрагмента обычно не превышает 400 п.н. (Олейник С.А. и Лесняк А.В., 2025).

Таким образом, мониторинг динамических процессов в генофонде мясного скота востребован для реализации программы поддержки, сохранения и генетического улучшения отечественных породных ресурсов. Организация рациональной стратегии управления резервами внутривидовой изменчивости обеспечит совершенствование мясной продуктивности племенных стад и повышению эффективности отрасли (Дубовскова М.П. и др., 2025).

Цель исследования.

Изучить генетическую структуру племенного стада герефордского скота на Южном Урале в динамике поколений по микросателлитным локусам ДНК.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Поголовье герефордского скота (n=153) из племенного завода ООО «Агрофирма Калининская» Челябинской области.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов: Модельный закон Межпарламентской Ассамблеи государств-участников Содружества Независимых Государств "Об обращении с животными", ст. 20 (постановление МА государств-участников СНГ № 29-17 от 31.10.2007 г.), протоколы Женевской конвенции и принципы надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009), Руководство по работе с лабораторными животными (http://fnbst.ru/?page_id=3553). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов. Все процедуры над животными были выполнены в соответствии с правилами Комитета по этике животных ФНЦ БСТ РАН.

Схема эксперимента. Генетическую структуру стада изучали на поголовье коров (n=88), молодняка (n=58) и быков-производителей (n=7) герефордской породы скота.

В качестве биоматериала у животных отбиралась кровь из яремной вены с использованием вакуумных пробирок с антикоагулянтом (ЭДТА). Генотипирование по STR-локусам проведено набором COrDIS Cattle (ООО «Гордиз», Россия) по 15 микросателлитным локусам: TGLA227, ETH10, BM2113, TGLA53, CSRM60, SPS115, TGLA122, BM1818, CSSM66, BM1824, ETH3, TGLA126, ETH225, INRA023, ILSTS006, рекомендованных Международными организациями для контроля происхождения крупного рогатого скота (FAO, 2004).

Оборудование и технические средства. ДНК-исследования выполнялись на оборудовании ООО «Уралплемсервис» (г. Екатеринбург).

Статистическая обработка. Статистический анализ данных проведен с использованием программы GenAlEx 6.5. Определяли общее количество аллелей (Na), число эффективных аллелей (Ne), фактическую гетерозиготность (Ho), ожидаемую гетерозиготность (He), индекс Шеннона (I), индекс фиксации (F). Меру информационного полиморфизма (PIC) рассчитывали согласно рекомендации Чеснокова Ю.В. и Артемьевой А.М. (2015). Соответствие наблюдаемых и ожидаемых генотипов генному равновесию проверяли методом хи-квадрат (χ^2).

Результаты исследования.

Генотипирование стада по изучаемым локусам ДНК позволило идентифицировать 133 аллеля (N), размер которых варьировал от 69 до 300 пар нуклеотидов (табл. 1).

Таблица 1. Генетическая структура герефордской породы по микросателлитным локусам
 Table 1. Genetic structure of the Hereford breed by microsatellite loci

Локус / Loci	Аллель / Allele	Группа / Group			Локус / Loci	Аллель / Allele	Группа / Group		
		коровы / Dams (n=88)	молодняк / Young cattle (n=58)	всего / Total (n=153)			коровы / Dams (n=88)	молод- няк / Young cattle (n=58)	всего / Total (n=153)
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
TGLA227	69	0,006	-	0,003	CSRM60	88	0,017	-	0,010
	79	0,006	-	0,003		90	0,040	-	0,023
	81	0,057	0,129	0,085		92	0,250	0,310	0,278
	83	0,045	0,086	0,065		94	0,006	-	0,003
	87	0,097	0,181	0,127		96	0,074	0,034	0,056
	89	0,318	0,259	0,294		98	0,210	0,216	0,209
	91	0,313	0,207	0,275		100	0,023	0,112	0,056
	93	0,091	0,043	0,069		102	0,375	0,293	0,348
	97	0,068	0,095	0,078		104	0,006	0,026	0,013
ETH10	213	-	0,009	0,003	SPS115	114	-	0,009	0,003
	215	0,097	0,103	0,105		244	-	0,009	0,003
	217	0,295	0,207	0,271		246	-	0,026	0,010
	219	0,222	0,284	0,242		248	0,264	0,224	0,248
	221	0,381	0,397	0,376		252	0,149	0,164	0,156
	225	0,006	-	0,003		254	0,098	0,069	0,083
BM2113	125	0,017	0,026	0,020		256	0,132	0,121	0,126
	127	0,017	0,017	0,017		258	0,006	0,009	0,007
	129	0,051	0,017	0,036		260	0,351	0,379	0,368
	131	0,045	0,052	0,050	TGLA122	141	0,092	0,035	0,066
	133	0,108	0,095	0,103		143	0,420	0,518	0,457
	135	0,267	0,284	0,278		147	0,040	0,026	0,033
	137	0,091	0,060	0,076		149	0,075	0,070	0,076
	139	0,278	0,302	0,291		151	0,075	0,158	0,106
	141	0,119	0,103	0,109		153	0,006	0,026	0,013
	143	-	0,043	0,017		161	0,115	0,061	0,099
	162	0,006	-	0,003		163	-	0,018	0,007
	154	0,011	0,009	0,010		165	0,006	0,009	0,007
	158	-	0,070	0,026		169	0,069	0,018	0,050
	160	0,205	0,272	0,230		179	-	0,009	0,003
	162	0,301	0,351	0,329		183	0,103	0,053	0,083

Продолжение таблицы 1

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
TGLA53	164	0,034	-	0,020	TGLA126	107	0,046	0,009	0,030
	166	0,063	0,026	0,049		113	0,006	-	0,003
	168	0,080	0,070	0,076		115	0,448	0,371	0,418
	170	0,028	0,018	0,026		117	0,379	0,509	0,431
	172	0,097	0,105	0,099		119	0,006	-	0,003
	176	0,170	0,053	0,118		121	0,057	0,078	0,066
	178	0,011	0,018	0,013		123	0,057	0,026	0,046
	184	-	0,009	0,003		126	-	0,009	0,003
INRA023	200	0,017	0,017	0,016	ILSTS006	280	-	0,009	0,003
	202	-	0,009	0,003		284	0,006	-	0,003
	206	0,178	0,129	0,158		288	0,278	0,246	0,267
	208	0,103	0,121	0,115		290	-	0,053	0,021
	210	-	0,009	0,003		292	0,284	0,333	0,301
	212	-	0,026	0,010		294	0,233	0,281	0,253
	214	0,695	0,681	0,688		296	0,108	0,044	0,082
	216	0,006	-	0,003		298	0,045	0,018	0,034
	294	-	0,009	0,003		300	0,045	0,018	0,034
ETH225	140	0,131	0,172	0,144	BM1824	176	0,017	0,009	0,013
	142	0,017	0,017	0,016		178	0,159	0,182	0,177
	144	0,131	0,155	0,141		180	0,063	0,109	0,083
	146	0,119	0,164	0,141		182	0,506	0,455	0,477
	148	0,409	0,328	0,382		184	-	0,027	0,010
	150	0,193	0,155	0,173		186	0,011	0,027	0,017
	158	-	0,009	0,003		188	0,205	0,136	0,180
						190	0,040	0,055	0,043
ETH3	117	0,330	0,405	0,353	CSSM66	179	0,007	0,009	0,008
	118	0,006	-	0,003		181	0,007	0,018	0,012
	119	0,563	0,457	0,520		183	0,090	0,080	0,085
	121	0,023	0,034	0,029		185	0,090	0,125	0,106
	125	0,034	0,017	0,029		187	0,164	0,152	0,159
	127	0,028	0,052	0,039		189	0,194	0,143	0,171
	129	0,017	0,034	0,026		191	-	0,027	0,012
BM1818	260	0,040	0,061	0,053		193	0,149	0,223	0,183
	262	0,213	0,175	0,209		195	0,007	0,107	0,053
	264	0,023	0,114	0,056		197	0,194	0,116	0,159
	266	0,684	0,614	0,646		199	0,097	-	0,053
	268	0,017	0,018	0,017					
	270	0,023	0,018	0,020					

Количество аллелей в изучаемых локусах варьировало от 6 до 12 и в среднем составляло $8,867 \pm 0,515$ на локус. В группе полновозрастных коров выявлено 114 аллелей, которые распределены по 5-10 единиц и в среднем приходилось $7,600 \pm 0,486$ на локус. Генофонд молодняка был шире на 5 аллелей, а средняя концентрация увеличилась на 0,333 аллели на локус.

В исследуемом стаде наибольшее число аллелей приходилось на локусы: TGLA53 и TGLA122 (по 12 аллелей), BM2113 и CSSM66 (по 11 аллелей) и CSRM60 (с 10 аллелями). Меньшая полиморфность установлена в локусах: ETH10 и BM1818 (по 6 аллелей), а также ETH3 и ETH225 (по 7 аллелей).

При достаточно высоком количестве наблюдаемых аллелей в генофонде стада число эффективных аллелей (N_e) составило 59,3, что на 73,7 аллелей меньше фактически идентифицированных. В среднем на локус приходилось $3,95 \pm 0,325$ аллеля, что значительно ниже по сравнению с их наблюдаемым (N_a) количеством (рис. 1). В разрезе изучаемых групп данный параметр варьировал в пределах 3,875-3,925 ед. при наивысшем уровне среди контингента молодняка, что свидетельствует о повышении генетического разнообразия популяции у следующего поколения герефордов. Число активно действующих аллелей по изученным микросателлитам колебалось от 1,956 в локусе INRA023 до 7,284 в локусе CSSM66.

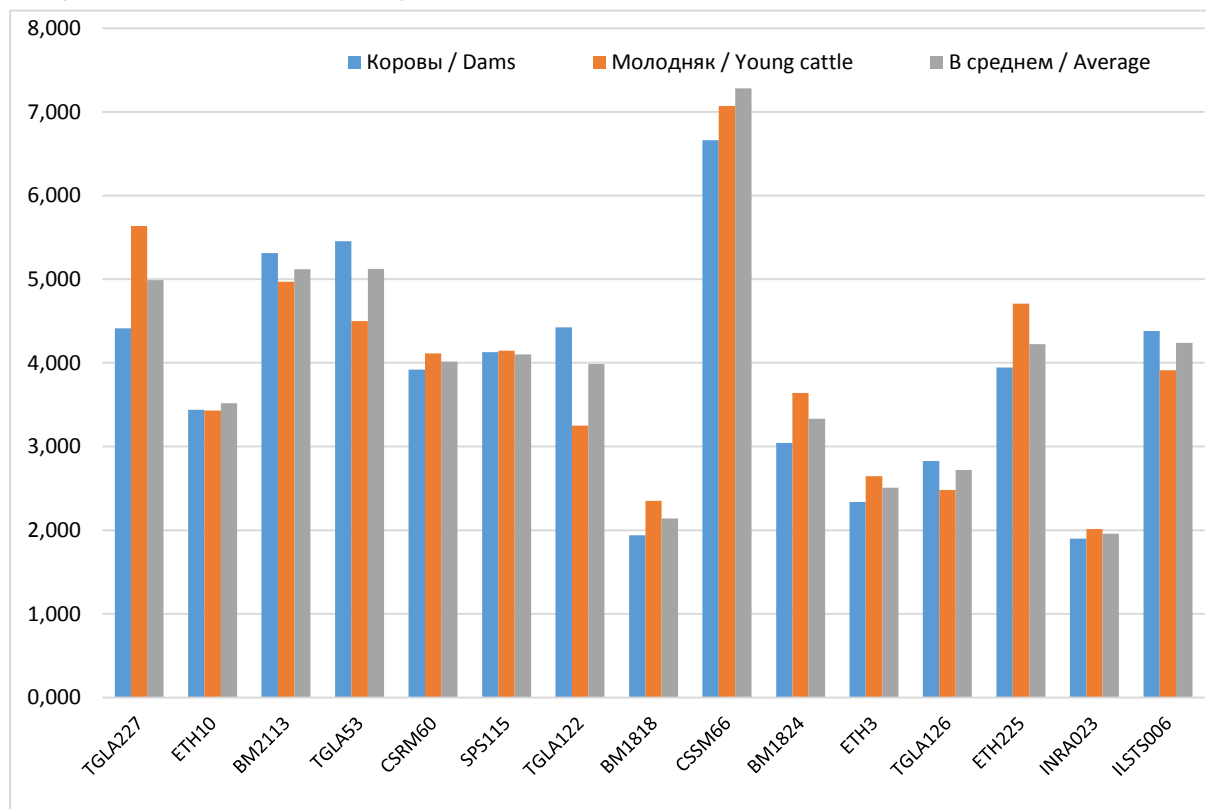


Рисунок 1. Динамика числа эффективных аллелей (N_e) в исследованных микросателлитах, ед.
 Figure 1. Dynamics of the number of effective alleles in the studied microsatellites, pieces

Специфичными для стада аллелями, которые встречались у более 50 % поголовья, являются 266-аллель локуса BM1818 с частотой 0,646, а также аллели 119 и 214, которые выявлены у 52,0 % и 68,8 % животных в локусах ETH3 и INRA023 соответственно. В остальных локусах аллели распределены более равномерно, а в среднем количество аллелей с частотой более 5 % составляло $4,667 \pm 0,398$ на локус. В группе полновозрастных коров данный параметр составлял 4,600, а у молодняка – 4,667 ед.

Доля гомозиготных генотипов значительно варьирует в разрезе отдельных локусов от 16,3 до 53,3 % соответственно на ETH10 и INRA023 участках, а в среднем доля гомозиготности по стаду составляет $30,3 \pm 2,582$ %, что указывает на довольно невысокий уровень гомозиготности изучаемой популяции (табл. 2). Племенное поголовье стада ООО «Агрофирма Калининская» сохраняет значительный ресурс генетического разнообразия, что подтверждает отрицательное значение коэффициента инбридинга особей ($F_{is} = -0,075$).

Таблица 2. Характеристика уральской популяции герефордов по гомозиготности
Table 2. Characteristics of the Ural Herford population by homozygosity

Локус / Loci	N	Количество гомозиготных генотипов ($N_{\text{гом.}}$) / Number of homozygous genotypes	Уровень гомозиготности (C_a), % / Level of homozygosity, %
TGLA227	153	32	20,90
ETH10	153	25	16,30
BM2113	151	41	27,20
TGLA53	152	44	28,90
CSRM60	151	41	27,20
SPS115	151	37	24,50
TGLA122	151	34	22,50
BM1818	151	67	44,40
CSSM66	123	54	43,90
BM1824	150	48	32,00
ETH3	153	40	26,10
TGLA126	152	51	33,60
ETH225	153	35	22,90
INRA023	152	81	53,30
ILSTS006	146	46	31,50
В среднем / Average	$149,467 \pm 1,944$	$45,07 \pm 3,668$	$30,347 \pm 2,582$

Наблюдаемая гетерозиготность (H_o) в исследуемом стаде оказалась довольно высокой $0,697 \pm 0,026$, то есть доля гетерозиготных генотипов в популяции герефордов составляла 70 % (табл. 3).

У коров данный параметр составлял 0,680, что было ниже показателя среди молодняка на 0,034. Среди отдельных локусов фактическая гетерозиготность стада варьировала в диапазоне 0,467-0,837, у коров – 0,425-0,773, у молодняка – 0,517-0,914. Наиболее высокая доля гетерозигот наблюдалась в локусах ETH10 (0,837), TGLA227 (0,791) и TGLA122 (0,775). Наименьший показатель наблюдаемой гетерозиготности отмечался в локусах INRA023 (0,467), BM1818 (0,556) и CSSM66 (0,561).

Из 15 исследуемых микросателлитных локусов в 6 случаях величина фактической гетерозиготности превосходила ожидаемый показатель в среднем по стаду, а именно на участках ETH10, TGLA122, BM1818, ETH3, TGLA126 и ETH225. В 9 STR-маркерах герефордской породы наблюдался дефицит гетерозиготности ($H_e > H_o$). В группе коров преимущество фактической величины относительно ожидаемой зафиксировано на 5 участках ДНК, тогда как среди молодняка такая разница выявлена уже в 8 локусах.

В стаде ООО «АФ Калининская» показатели наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности достоверно не различались между собой: $0,697 \pm 0,026$ и $0,715 \pm 0,027$ ($P > 0,05$), а разница между этими величинами составляла 0,018 в пользу ожидаемого коэффициента. Следовательно, племенной подбор в популяции происходит неслучайно, и наблюдается незначительная инбредность стада, обусловленная искусственным отбором животных.

Таблица 3. Характеристика популяций герефордской породы по гомозиготности и гетерозиготности

Table 3. Characteristics of Hereford population by homozygosity and heterozygosity

Локус / Loci	Наблюдаемая гетерозиготность (Ho) / Observed heterozygosity (Ho)			Ожидаемая гетерозиготность (He) / Expected heterozygosity (He)			Значение P для χ^2 -критерия по уравнению Харди-Вайнберга / P-value for χ^2 - criterion according to the Hardy-Weinberg equation		
	коровы /Dams (n=88)	молодняк / Young cattle (n=58)	всего / Total (n=153)	коровы /Dams (n=88)	молодняк / Young cattle (n=58)	всего / Total (n=153)	коровы /Dams (n=88)	молодняк / Young cattle (n=58)	всего / Total (n=153)
TGLA227	0,773	0,810	0,791	0,774	0,823	0,800	0,393	0,107	0,248
ETH10	0,773	0,914	0,837	0,709	0,708	0,716	0,642	0,028	0,146
BM2113	0,761	0,655	0,728	0,812	0,799	0,805	0,713	0,042	0,113
TGLA53	0,739	0,667	0,711	0,817	0,778	0,805	0,329	0,852	0,004
CSRM60	0,670	0,828	0,728	0,745	0,757	0,751	0,000	0,685	0,000
SPS115	0,759	0,741	0,755	0,758	0,759	0,756	0,854	0,229	0,232
TGLA122	0,770	0,754	0,775	0,774	0,692	0,749	0,812	0,838	0,767
BM1818	0,540	0,561	0,556	0,484	0,575	0,533	0,853	0,000	0,024
CSSM66	0,567	0,554	0,561	0,850	0,859	0,863	0,002	0,000	0,000
BM1824	0,636	0,727	0,680	0,671	0,725	0,700	0,000	0,018	0,000
ETH3	0,670	0,845	0,739	0,572	0,622	0,601	0,992	0,225	0,551
TGLA126	0,655	0,672	0,664	0,646	0,597	0,632	0,344	0,001	0,039
ETH225	0,739	0,828	0,771	0,747	0,788	0,763	0,878	0,762	0,901
INRA023	0,425	0,517	0,467	0,474	0,504	0,489	0,000	0,000	0,000
ILSTS006	0,716	0,632	0,685	0,772	0,744	0,764	0,033	0,000	0,000
В среднем / Average	0,680±0,026	0,714±0,031	0,697±0,026	0,707±0,030	0,715±0,026	0,715±0,027	-	-	-

Более высокое значение информационный индекс Шеннона показывает на повышенный уровень разнообразия локуса (табл. 4).

Информационный индекс Шеннона отличался умеренной вариабельностью от 0,986 в локусе INRA023 до 2,101 в локусе CSSM66, а в среднем по стаду составлял 1,54±0,086. У половозрелых коров данный параметр колебался от 0,894-1,985, а у поголовья молодняка – 1,069-2,062 на этих же участках ДНК. Полученные данные свидетельствуют о существенной генетической неоднородности изучаемых половозрелых групп герефордского скота.

Средние значения меры информационного полиморфизма (PIC) оказались довольно высокими и варьировали в пределах 0,707-0,715, с преимуществом у группы молодняка на 0,008. Причем в обеих группах наиболее высокий уровень полиморфизма зафиксирован для локуса CSSM66 (PIC=0,850-0,859), менее информативным являлся участок INRA023 (PIC=0,474-0,504).

Индекс фиксации (F) является мерой дифференциации генетической структуры племенных стад. Анализ данных свидетельствует о том, что в двух последовательных поколениях герефордов значения параметра противоположны: у коров индекс фиксации положительный (F=0,029), у молодняка – отрицательный (F=-0,010). При этом популяции со значениями F<0 классифицируются как подверженные аутбридингу, что указывает на увеличение генетического разнообразия и снижение внутригруппового родства. Это стало следствием использования в воспроизводстве стада быков-производителей канадской селекции при гетерогенном подборе к коровам стада. В целом для уральской популяции герефордов характерным является положительное значение индекса фиксации на уровне 0,016±0,034, свидетельствующие о дефиците гетерозиготных особей. Высокие положительные значения индекса фиксации установлены в локусах ILSTS006 (0,104), CSSM66 (0,350), TGLA53 (0,117), а высокие отрицательные выявлены на участках ETH3 (-0,228) и ETH10 (-0,169).

Таблица 4. Показатели генетического разнообразия герефордской породы по микросателлитным локусам
Table 4. Indicators of the genetic diversity of the Hereford breed by microsatellite loci

Локус / <i>Loci</i>	Индекс Шеннона (I) / <i>Shannon Index (I)</i>			Мера информационного полиморфизма (PIC) / <i>Polymorphism information content (PIC)</i>			Индекс фиксации (F) / <i>Fixation index (F)</i>		
	коро- вы / <i>Dams</i> (n=88)	молод- няк / <i>Young cattle</i> (n=58)	всего / <i>Total</i> (n=153)	коро- вы / <i>Dams</i> (n=88)	молод- няк / <i>Young cattle</i> (n=58)	всего / <i>Total</i> (n=153)	коровы / <i>Dams</i> (n=88)	молод- няк / <i>Young cattle</i> (n=58)	всего / <i>Total</i> (n=153)
TGLA227	1,717	1,820	1,786	0,774	0,823	0,800	0,001	0,015	0,011
ETH10	1,317	1,326	1,339	0,709	0,708	0,716	-0,089	-0,290	-0,169
BM2113	1,881	1,870	1,889	0,812	0,799	0,805	0,062	0,180	0,095
TGLA53	1,906	1,807	1,919	0,817	0,778	0,805	0,096	0,143	0,117
CSRM60	1,577	1,550	1,602	0,745	0,757	0,751	0,100	-0,093	0,030
SPS115	1,528	1,615	1,568	0,758	0,759	0,756	-0,001	0,023	0,002
TGLA122	1,828	1,679	1,812	0,774	0,692	0,749	0,005	-0,090	-0,034
BM1818	0,962	1,166	1,073	0,484	0,575	0,533	-0,116	0,023	-0,044
CSSM66	1,985	2,062	2,101	0,850	0,859	0,863	0,333	0,355	0,350
BM1824	1,384	1,580	1,483	0,671	0,725	0,700	0,052	-0,003	0,028
ETH3	1,091	1,179	1,156	0,572	0,622	0,601	-0,172	-0,359	-0,228
TGLA126	1,257	1,087	1,209	0,646	0,597	0,632	-0,014	-0,126	-0,051
ETH225	1,538	1,654	1,588	0,747	0,788	0,763	0,011	-0,051	-0,010
INRA023	0,894	1,069	0,986	0,474	0,504	0,489	0,102	-0,027	0,044
ILSTS006	1,604	1,543	1,617	0,772	0,744	0,764	0,072	0,152	0,104
В среднем / <i>Average</i>	1,498± 0,089	1,534± 0,079	1,542± 0,086	0,707± 0,030	0,715± 0,026	0,715± 0,027	0,029± 0,030	-0,010± 0,046	0,016± 0,034

Существенное влияние быков импортного происхождения на генофонд породы подтверждается генетической дистанцией по Нею между исследуемыми половозрастными группами, которая составляла $D=0,032$, а сходство – $I=0,969$. Расчет степени отличия последовательных поколений методом AMOVA свидетельствует о значительной дифференциации изучаемых групп ($F_{st}=0,018$; $P \leq 0,001$).

Обсуждение результатов исследования.

Для реализации федеральной научно-технической программы генетического улучшения мясного скота особое внимание ученых и практиков занимает состояние породных ресурсов и динамика генофонда отечественных племенных стад (Сангаков А.К., 2025). В настоящее время наиболее объективным и точным инструментом для характеристики генетической структуры популяций является анализ микросателлитных локусов ДНК (STR-маркеры) (Hastarina R et al., 2025). Основной задачей нашего исследования являлась оценка динамических процессов в генофонде стаде под влиянием гетерогенного подбора родительских пар с использованием племенного материала импортного происхождения. Для этого мы провели анализ генетического разнообразия двух последовательных поколений (коров-матерей и молодняка) уральской популяции герефордов. Результаты свидетельствуют о повышении наблюдаемой гетерозиготности у потомства на 0,034 ед.

относительно маточного поголовья. Наши данные схожи с показателями северо-кавказской популяции герефордской породы, в которой зарегистрировано увеличение гетерозиготности у следующего поколения на 0,07 ед. (Дубовскова М.П. и др., 2025). В Западной Сибири наблюдалось превышение ожидаемой над фактической гетерозиготностью в стаде герефордов на 0,077 ед. (Гладырь Е.А. и др., 2013), что, в общем, согласуется с нашими данными при разнице 0,018 ед. Однако следует отметить значительно большую инбредность сибирской популяции герефордов по сравнению с уральскими аналогами. Если наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготности достоверно не различаются между собой, то племенной подбор родительских пар в популяции происходит практически случайно. Более высокое значение ожидаемой гетерозиготности указывает на инбредность популяции, а превышение наблюдаемой гетерозиготности указывает на преобладание системы случайного подбора родителей над инбридингом (Хайнацкий В.Ю., 2023).

Олейник С.А. и Лесняк А.В. (2025) считают, что одним из наиболее часто используемых инструментов для характеристики популяционного разнообразия является информационный индекс Шеннона. В их исследованиях на джерсейской породе этот параметр составлял $I=1,198$ ед., что гораздо ниже данных нашего генотипирования на 0,344 ед. Таким образом, в уральской популяции герефордов внутривидовое разнообразие поддерживается на достаточном уровне, чему, в частности, способствует использование в воспроизводстве стада быков разных эколого-генетических групп, в том числе канадской и американской селекций. Чередование племенного материала для случайной кампании с цикличностью в 2-3 года создает предпосылки для существенной генетической дифференциации последовательных поколений (маточного стада и их потомства). Отличие разных половозрастных групп в нашем исследовании достигало $F_{st}=0,018$ ($P \leq 0,001$). Однако следует отметить, что установленная генетическая дифференциация недостаточна для формирования обособленных внутривидовых групп. Так, по данным Hall SJG (2022) значения F_{st} от 0,05 до 0,15 характеризуют умеренную дифференциацию между популяциями, от 0,15 до 0,25 – высокую, а более 0,25 – очень высокую дифференциацию.

Заключение.

Анализ состояния генетических ресурсов уральской популяции герефордского скота на основе микросателлитных локусов ДНК свидетельствует о значительном резерве изменчивости генофонда породы. Так, наблюдаемая гетерозиготность в двух последовательных поколениях варьировала в пределах 0,680-0,714 ед., а количество эффективных аллелей составляло 3,875-3,925 ед. на локус. При этом наблюдалось повышение параметров генетической изменчивости в группе молодняка относительно маточного контингента стада, что сопровождалось ростом избытка гетерозигот ($F=-0,010$). Отмечаемая динамика в генофонде стада объясняется влиянием гетерогенного подбора родительских пар с использованием племенного материала импортного происхождения, что подтверждается генетической дистанцией $D=0,032$ и сходством $I=0,969$ по Нею между исследуемыми половозрастными группами. Расчет степени отличия последовательных поколений свидетельствует о значительной дифференциации изучаемых групп ($F_{st}=0,018$; $P \leq 0,001$). Таким образом, уральская популяция герефордской породы располагает значительными генетическими ресурсами, что является следствием гетероэкологического подбора родительских пар.

Список источников

1. Барсукова М.А., Петров А.Ф., Нарожных К.Н. Оценка генетического разнообразия скота породы герефорд на основе микросателлитных маркеров // Достижения науки и техники АПК. 2025. Т. 39. № 2. С. 52-57. [Barsukova MA, Petrov AF, Narodnykh KN. Assessment of genetic diversity of Hereford cattle based on microsatellite markers. Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex. 2025;39(2):52-57. (In Russ.)]. doi: 10.53859/02352451_2025_39_2_52
2. Генетическая характеристика крупного рогатого скота разных пород Западной Сибири по STR-маркерам / Д.А. Авадани, Г.М. Гончаренко, Т.С. Хорошилова и др. // Известия Тими-

рязевской сельскохозяйственной академии. 2025. № 5. С. 97-110. [Avadani D, Goncharenko GM, Khoroshilova TS, et al. Genetic characteristics of cattle breeds in Western Siberia using STR markers. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2025;1(5):97-110. (*In Russ.*)]. <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2025-5-97-110>

3. Дубовскова М.П., Шевхужев А.Ф., Погодаев В.А. Резервы генетической изменчивости по STR-локусам в селекции скота герефордской породы, разводимого на Северном Кавказе // Достижения науки и техники АПК. 2025. Т. 39. № 6. С. 42-47. [Dubovskova MP, Shevkhuzhev AF, Pogodaev VA. Genetic variability reserves for STR loci in the breeding of Hereford cattle bred in the North Caucasus. *Achievements of Science and Technology in Agro-Industrial Complex*. 2025;39(6):42-47. (*In Russ.*)]. doi: 10.53859/02352451_2025_39_6_42

4. Митрофанова О.В., Соловьева Л.И., Кузичева Ю.Ю. Аллельное разнообразие по микросателлитным (STR) маркерам у коров голштинской породы // Животноводство и кормопроизводство. 2025. Т. 108. № 3. С. 126-135. [Mitrofanova OV, Solovieva LI, Kuzicheva YY. Allelic diversity according to microsatellite (STR) loci in the Holstein cows. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2025;108(3):126-135. (*In Russ.*)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-3-126>

5. Олейник С.А., Лесняк А.В. Оценка генетических параметров в субпопуляции скота джерсейской породы на основе изучения STR-маркеров и их потенциального влияния на изменчивость показателей развития животных // Сельскохозяйственная биология. 2025. Т. 60. № 2. С. 271-286. [Oleinik SA, Lesnyak AV. Assessment of genetic parameters in a subpopulation of Jersey cattle based on the study of STR markers and their potential impact on the variability of animal development indicators. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. 2025;60(2):271-286. (*In Russ.*)]. doi: 10.15389/agrobiology.2025.2.271rus doi: 10.15389/agrobiology.2025.2.271eng

6. Полиморфизм 15 микросателлитных локусов ДНК у крупного рогатого скота калмыцкой породы и аборигенного якутского скота, разводимых на территории Республики Саха (Якутия) / И.И. Слепцов, В.В. Додохов, Н.И. Павлова, Ф.Г. Каюмов // Животноводство и кормопроизводство. 2019. Т. 102. № 2. С. 60-67. [Sleptsov II, Dodokhov VV, Pavlova NI, Kayumov FG. Polymorphism 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.*)]. doi: 10.33284/2658-3135-102-2-60

7. Сангаков А.К. Генетическая структура популяции казахской белоголовой породы на Южном Урале по полиморфизмам генов гормона роста и лептина // Вестник АПК Верхневолжья. 2025. № 3(71). С. 106-111. [Sangakov AK. Genetic structure of the Kazakh White-Headed population in the Southern Urals by polymorphisms of growth hormone and leptin genes. *Herald of Agroindustrial complex of Upper Volga region*. 2025;3(71):106-111. (*In Russ.*)]. doi: 10.35694/YARCX.2025.71.3.015

8. Хайнацкий В.Ю. Генетическая структура стада казахской белоголовой породы по микросателлитным локусам // Пермский аграрный вестник. 2023. № 3(43). С. 118-125. [Khaynatskiy VYu. Genetic structure of the herd of Kazakh white-headed breed by microsatellite loci. *Perm Agrarian Journal*. 2024;3(47):146-154. (*In Russ.*)]. doi: 10.47737/2307-2873_2023_43_118

9. Характеристика аллелофонда крупного рогатого скота некоторых мясных пород, разводимых на территории Южного Урала и Западной Сибири / Е.А. Гладырь, Н.А. Зиновьева, Д.Б. Косян и др. // Достижения науки и техники АПК. 2013. № 3. С. 61-63. [Gladyr EA, Zinov'eva NA, Kosyan DB, 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*. 2013;3:61-63. (*In Russ.*)].

10. Чесноков Ю.В., Артемьева А.М. Оценка меры информационного полиморфизма генетического разнообразия // Сельскохозяйственная биология. 2015. Т. 50. № 5. С. 571-578. [Chesnokov YuV, Artemyeva AM. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. 2015;50(5):571-578. (*In Russ.*)]. doi: 10.15389/agrobiology.2015.5.571rus doi: 10.15389/agrobiology.2015.5.571eng

11. Шевелёва О.М., Часовщикова М.А. Характеристика генетической структуры стада герефордской породы по STR-локусам // Животноводство и кормопроизводство. 2018. Т. 101. № 4. С. 71-78. [Shevelyova OM, Chasovshchikova MA. Characteristics of the genetic structure of the Herford herd according to STR loci. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2018;101(4):71-78. (*In Russ.*)].
12. FAO (2004). Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans for global management of cattle genetic resources using reference. Microsatellites animal genetic diversity (MoDaD). [Internet]. 58 p. Available from: <https://openknowledge.fao.org>
13. Hall SJG. Genetic differentiation among livestock breeds-values for Fst. *Animals (Basel)*. 2022;12(9):1115. doi: 10.3390/ani12091115
14. Hastarina R, Purnomoadi A, Sutopo S, Lestari DA, Mustofa F, Gariri PN, Prahara PG, Kamila FT, Philco SV, Da'i MAM, Setiaji A. Analysis of genetic diversity and phylogenetic relationships among Indonesian native cattle breeds using microsatellite markers: A review. *Veterinary World*. 2025;18(4):1036-1046. doi: 10.14202/vetworld.2025.1036-1046
15. Svishcheva G, Babayan O, Lkhasaranov B, Tsendsuren A, Abdurasulov A, Stolpovsky Y. Microsatellite diversity and phylogenetic relationships among East Eurasian *Bos taurus* breeds with an emphasis on rare and ancient local cattle. *Animals (Basel)*. 2020;10(9):1493. doi: 10.3390/ani10091493

References

1. Barsukova MA, Petrov AF, Narodnykh KN. Assessment of genetic diversity of Hereford cattle based on microsatellite markers. *Achievements of science and technology in agro-industrial complex*. 2025;39(2):52-57. doi: 10.53859/02352451_2025_39_2_52
2. Avadani D, Goncharenko GM, Khoroshilova TS, et al. Genetic characteristics of cattle breeds in Western Siberia using STR markers. *Izvestiya of Timiryazev Agricultural Academy*. 2025;1(5):97-110. <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2025-5-97-110>
3. Dubovskova MP, Shevkhuzhev AF, Pogodaev VA. Genetic variability reserves for STR loci in the breeding of Hereford cattle bred in the North Caucasus. *Achievements of science and technology in agro-industrial complex*. 2025;39(6):42-47. doi: 10.53859/02352451_2025_39_6_42
4. Mitrofanova OV, Solovieva LI, Kuzicheva YY. Allelic diversity according to microsatellite (STR) loci in the Holstein cows. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2025;108(3):126-135. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-3-126>
5. Oleinik SA, Lesnyak AV. Assessment of genetic parameters in a subpopulation of Jersey cattle based on the study of STR markers and their potential impact on the variability of animal development indicators. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. 2025;60(2):271-286. doi: 10.15389/agrobiology.2025.2.271rus doi: 10.15389/agrobiology.2025.2.271eng
6. Sleptsov II, Dodokhov VV, Pavlova NI, Kayumov FG. Polymorphism 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. doi: 10.33284/2658-3135-102-2-60
7. Sangakov AK. Genetic structure of the Kazakh White-Headed population in the Southern Urals by polymorphisms of growth hormone and leptin genes. *Herald of Agroindustrial complex of Upper Volga region*. 2025;3(71):106-111. doi: 10.35694/YARCX.2025.71.3.015
8. Khaynatskiy VYu. Genetic structure of the herd of Kazakh white-headed breed by microsatellite loci. *Perm Agrarian Journal*. 2024;3(47):146-154. doi: 10.47737/2307-2873_2023_43_118
9. Gladyr EA, Zinov'eva NA, Kosyan DB, 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*. 2013;3:61-63.
10. Chesnokov YuV, Artemyeva AM. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. 2015;50(5):571-578. doi: 10.15389/agrobiology.2015.5.571rus doi: 10.15389/agrobiology.2015.5.571eng

11. Shevelyova OM, Chasovshchikova MA. Characteristics of the genetic structure of the Herford herd according to STR loci. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2018;101(4):71-78.
12. FAO (2004). Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans for global management of cattle genetic resources using reference Microsatellites animal genetic diversity (MoDaD). [Internet]. 58 p. Available from: <https://openknowledge.fao.org>
13. Hall SJG. Genetic differentiation among livestock breeds-values for Fst. *Animals (Basel)*. 2022;12(9):1115. doi: 10.3390/ani12091115
14. Hastarina R, Purnomoadi A, Sutopo S, Lestari DA, Mustofa F, Gariri PN, Prahara PG, Kamila FT, Philco SV, Da'i MAM, Setiaji A. Analysis of genetic diversity and phylogenetic relationships among Indonesian native cattle breeds using microsatellite markers: A review. *Veterinary World*. 2025;18(4):1036-1046. doi: 10.14202/vetworld.2025.1036-1046
15. Svishcheva G, Babayan O, Lkhasaranov B, Tsendsuren A, Abdurasulov A, Stolpovsky Y. Microsatellite diversity and phylogenetic relationships among East Eurasian *Bos taurus* breeds with an emphasis on rare and ancient local cattle. *Animals (Basel)*. 2020;10(9):1493. doi: 10.3390/ani10091493

Информация об авторах:

Николай Павлович Герасимов, доктор биологических наук, ведущий научный сотрудник селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, д. 29, тел.: 8-912-358-96-17.

Киниспай Мурзагулович Джуламанов, доктор сельскохозяйственных наук, заведующий селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, д. 29, тел.: 8(3532)30-81-74.

Information about the authors:

Nikolay P Gerasimov, Dr. Sci. (Biology), Leading Researcher, Breeding and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29 9 Yanvarya St., Orenburg, 460000, tel.: 8-912-358-96-17.

Kinispay M Dzhulamanov, Dr. Sci. (Agriculture), Head of the Breeding and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29 9 Yanvarya st., 460000, Orenburg., tel.: 8(3532)30-81-74.

Статья поступила в редакцию 20.03.2026; одобрена после рецензирования 08.04.2026; принята к публикации 15.06.2026.

The article was submitted 20.03.2026; approved after reviewing 08.04.2026; accepted for publication 15.06.2026.