

Животноводство и кормопроизводство. 2025. Т. 108. № 3. С. 126-135.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2025. Vol. 108. No. 3. P. 126-135.

Научная статья
УДК 636.082.11:591.151
doi:10.33284/2658-3135-108-3-126

**Аллельное разнообразие по микросателлитным (STR) маркерам у коров
голландской породы**

Ольга Викторовна Митрофанова¹, Любовь Ильинична Соловьева², Юлия Юрьевна Кузичева³

^{1,2,3}Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», Санкт-Петербург, Россия

¹mo1969@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4702-2736>

²lyuba.vasileva1992@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0004-9542-1146>

³kuzicheva@list.ru, <https://orcid.org/0009-0006-2459-495X>

Аннотация. В связи с ограниченным числом производителей, которые используются в стадах голландского скота, мониторинг генетического разнообразия животных не теряет свою актуальность. Для этого используются в том числе и микросателлитные (STR) маркеры, предназначенные для контроля происхождения. Целью нашей работы было оценить аллельное разнообразие микросателлитных локусов у коров голландской породы в ЗАО «Племенной завод Приневское» Ленинградской области. Методом капиллярного электрофореза проанализировано 211 коров по 15 локусам. Всего выявлено 106 аллелей. Высокополиморфными локусами оказались *TGLA227* и *TGLA53*, в которых выявлено по 11 аллельных вариантов, а также локус *TGLA122* с 10 аллельными вариантами. Наибольшая частота (0,701) отмечена для аллеля 248 локуса *SPS115*. Высокие значения наблюдаемой гетерозиготности (0,85) оказались характерны для локусов *TGLA53* и *TGLA122*, а наименьшее значение (0,42) выявлено для локуса *SPS115*. Обнаружено 7 локусов со сниженной гетерозиготностью, что может указывать на наличие родственных спариваний в популяции. Положительные значения F_{ST} отмечены для локусов *BM1818*, *BM1824*, *CSSM66*, *ETH3*, *ETH225*, *SPS115*, *TGLA126*, что также говорит о недостатке в них гетерозигот. В изученной выборке отмечено отклонение частот аллелей от равновесия Харди-Вайнберга практически по всем локусам, кроме *SPS115*.

Ключевые слова: крупный рогатый скот (*Bos taurus*), генетические маркеры, микросателлиты (STR), аллелофонд, полиморфизм

Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР за 2024 г. ВНИИГРЖ (№ FGGN-2024-0015).

Для цитирования: Митрофанова О.В., Соловьева Л.И., Кузичева Ю.Ю. Аллельное разнообразие по микросателлитным (STR) маркерам у коров голландской 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. 2025;108(3):126-135. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-3-126>

Original article

Allelic diversity according to microsatellite (STR) loci in the Holstein cows

Olga V Mitrofanova¹, Lyubov I Solovieva², Yulia Y Kuzicheva³

^{1,2,3}All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals, branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center for Animal Husbandry - VIZh named after Academician L.K. Ernst", St. Petersburg, Russia

¹mo1969@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4702-2736>

²lyuba.vasileva1992@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0004-9542-1146>

³kuzicheva@list.ru, <https://orcid.org/0009-0006-2459-495X>

Abstract. Due to the limited number of sires used in the Holstein herds, the genetic diversity monitoring remains relevant. Microsatellite (STR) markers designed to control origin are used for this purpose. The aim of our work was to assess the allelic diversity of microsatellite loci in the Holstein cows at the Prinevskoye Breeding Farm, Leningrad Region. Capillary electrophoresis was used to analyze 211 cows according to 15 loci. A total of 106 alleles were identified. Highly polymorphic loci included *TGLA227* and *TGLA53*, in which 11 allelic variants were identified, as well as the *TGLA122* locus with 10 allelic variants. The highest frequency (0.701) was noted for allele 248 of the *SPS115* locus. High values of observed heterozygosity (0.85) were found for the *TGLA53* and *TGLA122* loci, and the lowest value (0.42) was found for the *SPS115* locus. Seven loci with reduced heterozygosity were found, which may indicate the presence of consanguineous matings in the population. Positive *F_{ST}* values were noted for the loci *BM1818*, *BM1824*, *CSSM66*, *ETH3*, *ETH225*, *SPS115*, *TGLA126*, which also indicates a lack of heterozygotes in them. In the studied sample, a deviation of allele frequencies from the Hardy-Weinberg equilibrium was noted for almost all loci except *SPS115*.

Keywords: cattle (*Bos taurus*), genetic markers, microsatellites (STR), allele pool, polymorphism

Acknowledgments: the work was performed in accordance to the plan of research works for 2024 of the RRIFAGB (No. FGGN-2024-0015).

For citation: 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>

Введение.

Изучение генофондов сельскохозяйственных животных с помощью анализа полиморфизма различных локусов в геноме является широко распространенным направлением современных исследований. Это связано с первоочередной задачей селекционеров отыскать важные гены-кандидаты или локусы количественных признаков, например, молочной и мясной продуктивности, устойчивости к заболеваниям, репродуктивным показателям. Такой подход поможет вести селекцию на уровне генома, не дожидаясь их фенотипического проявления (Дунин И.М. и др., 2019).

Широкое распространение в генетических исследованиях и селекции получили ДНК-маркеры (Khlestkina EK, 2014). Одним из особых классов таких маркеров служат микросателлиты, или короткие tandemные (простые) повторы (short tandem repeats, STRs), представляющие собой повторы небольших участков генома (Tautz D, 1989). Обычно элемент повтора включает в себя 2-6 нуклеотидов, которые располагаются в tandemной последовательности, образуя серии длиной до 300-400 нуклеотидов. Такие повторы распределены по всему геному у животных, человека и растений (Животовский Л.А., 2006).

Микросателлиты принято считать нейтральными маркерами. Они высокополиморфны, что позволяет использовать их для оценки внутривидового и межвидового генетического разнообразия в популяциях (Deniskova TE et al., 2016). Благодаря высокому темпу мутирования при четком наследовании в ряду поколений STR-повторы успешно применяют для изучения эволюционных процессов (Galinskaya TV et al., 2019). Полиморфизм и наследование по типу кодоминирования

обеспечивает возможность подтверждения происхождения с помощью специально разработанных для отдельных видов панелей микросателлитных маркеров (Бардуков Н.В. и др., 2024). Используют этот тип маркеров и для изучения дифференциации близкородственных биологических видов с целью сохранения их генетической изоляции и выявления гибридных особей (Чекиров К.Б. и др., 2023; Чурбакова Н.А. и др., 2024).

Несмотря на то, что микросателлитный анализ используется в исследованиях уже достаточно давно, его потенциал до конца не исчерпан. Так, в работе Кузнецова В.М. (2023) автор предлагает проводить сравнительный анализ оценок разнообразия/дифференциации по каждому локусу, что позволит комплексно охарактеризовать генетическую изменчивость в популяциях.

Исследования аллелофонда в молочном скотоводстве особенно актуально. Это связано с использованием ограниченного числа производителей, которые являются улучшателями по продуктивным показателям (Дунин И.М. и др., 2019). В связи с этим необходим мониторинг аллельного разнообразия молочных стад по различным полиморфным системам генома, в том числе и по STR-маркерам, которые используются для контроля происхождения.

Цель исследования.

Оценить аллельное разнообразие микросателлитных локусов в выборке коров голштинской породы в ЗАО «Племенной завод Приневское» Ленинградской области.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. ДНК, выделенная из крови коров голштинской породы.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов: протоколы Женевской конвенции и принципы надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Кровь была отобрана у коров ($n=211$) из хвостовой вены и помещена в вакуумные пробирки, содержащие антикоагулянт ЭДТА. ДНК выделяли по методике, которая предполагает использование протеиназы К для очистки продукта от белков. Устранения химических примесей осуществляли с помощью фенола ($pH=8$), уравновешенного Трис-НСl.

Для проведения микросателлитного анализа использовали набор реагентов «Gene Profile Cattle» (Синтол, Россия), предназначенный для генетической идентификации и определения рода крупного рогатого скота (*Bos taurus*). Набор включал в себя реакционную смесь и праймеры для анализа следующих локусов: *BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH3*, *ETH10*, *ETH225*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA53*, *TGLA122*, *TGLA126*, *TGLA227*, *CSSM66*, *CSRM60*, *ILSTS006*.

Оборудование и технические средства. Исследования выполнены с использованием приборной базы лаборатории молекулярной генетики ВНИИГРЖ. Контроль качества ДНК проводили с использованием спектрофотометра Nano Drop 2000 (США). Микросателлитный анализ проводили методом капиллярного электрофореза на приборе «Нанофор-05» (Россия) в соответствии с инструкцией производителя, добавляя в каждую пробирку не менее 5 нг ДНК.

Статистическая обработка. В ходе проведения исследований с помощью «Microsoft Office Excel 2010» («Microsoft», США) были рассчитаны следующие показатели:

- 1) частота встречаемости аллелей

$$p = n/2N,$$

где p – частота аллеля; n – число животных, носителей данного аллеля; N – общее количество обследованных животных;

- 2) среднее число аллелей на локус (N_a);

- 3) наблюдаемая гетерозиготность

$$H_o = h/n,$$

где h – количество гетерозиготных генотипов в локусе; n – общее количество генотипов в локусе;

4) ожидаемая гетерозиготность

$$H_E = 1 - \sum p_i^2,$$

где p_i – частота встречаемости i -го аллеля;

5) индекс фиксации Райта

$$F_{ST} = (H_E - H_O)/H_E,$$

где H_E – ожидаемая гетерозиготность, H_O – наблюдаемая гетерозиготность;

6) теоретические частоты аллелей и генотипов по формуле Харди-Вайнберга

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1;$$

7) критерий согласия Пирсона

$$\chi^2 = \sum ((\Phi - T)^2 / T),$$

где Φ – фактические значения, T – теоретические значения.

Результаты исследования.

При оценке аллелофонда анализируемой выборки коров по 15 STR-маркерам выявлено всего 106 аллелей. Частота встречаемости аллелей колебалась от 0,002 до 0,701 (табл. 1). Наименьшая частота отмечена для 9 аллелей: 85 (локус *TGLA227*), 176 и 178 (локус *TGLA53*), 159 (локус *TGLA122*), 121 и 123 (локус *ETH3*), 264 (локус *SPS115*), 200 (локус *INRA023*), 284 (локус *ILSTS006*).

Таблица 1. Размеры фрагментов и аллельные частоты по STR-локусам у коров голштинской породы (n=211)

Table 1. Fragment sizes and allele frequencies according to STR loci in the Holstein cows (n=211)

<i>TGLA227</i>		<i>TGLA53</i>		<i>TGLA122</i>	
аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>	аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>	аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>
1	2	3	4	5	6
81	0,052	154	0,021	141	0,005
83	0,038	158	0,156	143	0,242
85	0,002	160	0,239	149	0,166
87	0,116	162	0,133	151	0,107
89	0,348	166	0,007	159	0,002
91	0,145	168	0,242	161	0,069
93	0,021	172	0,104	163	0,235
95	0,007	176	0,002	171	0,078
97	0,194	178	0,002	173	0,012
99	0,026	184	0,052	183	0,085
103	0,050	186	0,040		
$\chi^2 = 167,89$		$\chi^2 = 2744,63$		$\chi^2 = 35,03$	
<i>BM1818</i>		<i>BM1824</i>		<i>BM2113</i>	
аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>	аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>	аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>
260	0,005	178	0,258	125	0,348
262	0,502	180	0,204	127	0,166
264	0,038	182	0,069	133	0,007
266	0,429	188	0,464	135	0,284
268	0,009	190	0,005	137	0,047
270	0,017			139	0,147
$\chi^2 = 16,27$		$\chi^2 = 23,26$		$\chi^2 = 231,391$	
<i>ETH10</i>		<i>ETH3</i>		<i>ETH225</i>	
аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>	аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>	аллель/ <i>allele</i>	частота/ <i>frequency</i>

Продолжение таблицы 1

1	2	3	4	5	6
209	0,104	117	0,393	140	0,059
213	0,024	119	0,009	142	0,017
217	0,140	121	0,002	144	0,081
219	0,336	123	0,002	146	0,033
221	0,007	125	0,133	148	0,403
223	0,213	127	0,055	150	0,382
225	0,175	129	0,403	152	0,026
$\chi^2=120,3$		$\chi^2=41,48$		$\chi^2=36,98$	
SPS115		INRA023		ILSTS006	
аллель/ allele	частота/ frequency	аллель/ allele	частота/ frequency	аллель/ allele	частота/ frequency
248	0,701	200	0,002	284	0,002
252	0,199	202	0,185	288	0,348
254	0,019	206	0,213	290	0,038
256	0,059	208	0,005	292	0,171
258	0,005	210	0,296	294	0,431
260	0,014	214	0,299	296	0,009
264	0,002				
$\chi^2=11,84$		$\chi^2=12,16$		$\chi^2=14,32$	
TGLA126		CSRM60		CSSM66	
аллель/ allele	частота/ frequency	аллель/ allele	частота/ frequency	аллель/ allele	частота/ frequency
115	0,355	92	0,230	179	0,052
117	0,514	96	0,111	181	0,007
119	0,038	98	0,081	183	0,142
121	0,066	100	0,043	185	0,156
123	0,026	102	0,536	187	0,092
				189	0,486
				193	0,064
$\chi^2=15,52$		$\chi^2=17,78$		$\chi^2=32,44$	

Наибольшая частота (0,701) отмечена для аллеля 248 локуса *SPS115*. В этом локусе выявлено всего 7 аллелей. При этом частота пяти аллелей оказалась низкой и колебалась от 0,002 (аллель 264) до 0,059 (аллель 256).

Наиболее полиморфными локусами в рамках исследования оказались *TGLA227* и *TGLA53*, в которых было выявлено по 11 аллельных вариантов, а также локус *TGLA122* с 10 аллельными вариантами. При этом в таких локусах наблюдается несколько аллелей, встречающиеся с низкой частотой. По 5 аллелей обнаружено в локусах *TGLA126*, *BM1824*, *CSRM60*. Остальные локусы заняли промежуточное положение по числу выявленных в них аллелей (табл. 2).

Рассчитанные по каждому локусу значения критерия согласия Пирсона χ^2 оказались больше критических значений. Это указывает на отклонения частот аллелей от равновесия Харди-Вайнберга. Исключение составил локус *SPS115*, по которому исследуемая выборка находится в состоянии генетического равновесия ($\chi^2=11,84$).

Значения наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности, а также значения индекса фиксации Райта (F_{st}), рассчитанные по 15 микросателлитным локусам, представлены в таблице 2. У животных нашей выборки наибольшие значения гетерозиготности H_o (0,85) отмечены для локусов *TGLA53* и *TGLA122*, а наименьшее значение H_o (0,42) – для локуса *SPS115*. В локусах *BM1818*, *BM1824*, *CSSM66*, *ETH225*, *ETH3*, *SPS115*, *TGLA126* наблюдался недостаток гетерозигот. При этом разница между показателями H_o и H_E незначительна.

Таблица 2. Полиморфизм STR-локусов в выборке голштинских коров
 Table 2. Polymorphism of STR loci in the Holstein cows

Локус/ <i>Locus</i>	Диапазон аллелей/ <i>Allele range</i>	Число аллелей на локус/ <i>Number of alleles per locus</i>	H_o	H_E	F_{ST}
BM1818	260–270	6	0,555	0,562	0,013
BM1824	178–190	5	0,659	0,671	0,019
BM2113	125–139	6	0,782	0,746	-0,048
CSRM60	92–102	5	0,692	0,640	-0,081
CSSM66	179–193	7	0,687	0,704	0,024
ETH3	117–129	7	0,659	0,662	0,005
ETH10	209–225	7	0,796	0,780	-0,021
ETH225	140–152	7	0,664	0,680	0,024
ILSTS006	284–296	6	0,697	0,662	-0,052
INRA23	200–214	6	0,801	0,743	-0,077
SPS115	248–264	7	0,422	0,464	0,092
TGLA53	154–186	11	0,848	0,826	-0,026
TGLA122	141–183	10	0,853	0,829	-0,029
TGLA126	115–123	5	0,583	0,600	0,028
TGLA227	81–103	11	0,801	0,799	-0,003
Среднее		7,07	0,71	0,69	

Примечание: H_o – наблюдаемая гетерозиготность, H_E – ожидаемая гетерозиготность

Note: H_o – observed heterozygosity; H_E – expected heterozygosity

Для суммарной выборки по всем локусам в соответствии с критерием χ^2 наблюдаемые и ожидаемые значения совпадают ($\chi^2=0,005$).

Обсуждение полученных результатов.

Полученные нами данные о выявленных в выборке коров STR-аллелях и их частотах в целом согласуются с данными других исследователей. При анализе аллелофонда стад голштинского скота из различных регионов страны также показана высокая степень полиморфности микросателлитных локусов (Шукярова Е.Б. и др., 2020; Мещеров Р.К. и др., 2025). У животных Печерского типа в группах холмогорского скота наблюдалось более низкое среднее число аллелей на локус (5,33) (Николаев С.В., 2020). Аналогичная ситуация наблюдалась и у представителей аборигенных пород (Шевелёва О.М. и др., 2021).

Число аллелей в локусах и их распределение позволяет оценить изменчивость генетического потенциала популяции. Равномерное распределение аллелей, как и большое их число, будет говорить о повышении варибельности геномов. Локус, в котором выявляется много различных аллелей, позволяет получить больше информации об исследуемой выборке. В нашей выборке наибольшей информативностью отличились локусы *TGLA53*, *TGLA122*, *TGLA227*, наименьшей – локусы *TGLA126* и *CSRM60* (табл. 2).

Наблюдаемая гетерозиготность (H_o) внутри популяции показывает долю образцов, которые гетерозиготны в данном локусе. Кроме наблюдаемой, рассчитывают и показатель ожидаемой гетерозиготности H_E внутри популяции, который показывает долю гетерозиготности, ожидаемой при случайном скрещивании. Степень наблюдаемой гетерозиготности (H_o) служит мерой генетической изменчивости в популяции. Сниженная гетерозиготность может вести к ухудшению адаптации популяций в изменяющихся условиях. В нашем исследовании выявлены локусы со сниженными значениями гетерозигот, но эти отклонения незначительны.

Значение индекса фиксации (F_{ST}) также позволяет косвенно оценить отклонение частот гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемых значений, которые можно было бы наблюдать в популяции со свободным спариванием между особями. Кроме того, этот показатель позволяет установить связь между индивидуумами отдельной популяции и популяцией в целом. Соответственно, положительное значение F_{ST} будет указывать на недостаток гетерозигот, а его отрицательные значения на избыток (Кузнецов В.М., 2014).

В исследуемой выборке коров значительных отклонений значений наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности не выявлено, что позволяет охарактеризовать исследуемую популяцию как обладающую хорошим адаптационным потенциалом.

В то же время практически по всем локусам, кроме *SPS115*, в изученной выборке отмечено отклонение от равновесия Харди-Вайнберга. Это может быть связано с особенностями подбора производителей в хозяйстве, когда предпочтение отдается улучшателям по продуктивным признакам без учета генотипов по микросателлитным локусам. Возможно, сыграли роль случайные факторы при отборе животных в анализ.

Заключение.

Панель маркеров, которая используется для контроля происхождения в популяциях чернопестрого скота, обладает высоким уровнем полиморфизма, в достаточной степени сбалансированными частотами аллелей, высокой степенью гетерозиготности. Это позволяет использовать ее и для анализа генетической дифференциации. По 15 микросателлитным STR-маркерам в исследуемой выборке ($n=211$) выявлено 106 аллелей, а в наиболее полиморфных локусах *TGLA227* и *TGLA53* по 11 аллельных вариантов. Обнаружено 7 локусов со сниженной гетерозиготностью, что может указывать на наличие родственных спариваний в популяции. Положительные значения F_{ST} отмечены для локусов *BM1818*, *BM1824*, *CSSM66*, *ETH3*, *ETH225*, *SPS115*, *TGLA126*, что также говорит о недостатке в них гетерозигот. В изученной выборке отмечено отклонение частот аллелей от равновесия Харди-Вайнберга практически по всем локусам, кроме *SPS115*.

Список источников

1. Анализ генетической структуры и продуктивности стад крупного рогатого скота голштинской породы отечественной селекции / Р.К. Мещеров, М.И. Дунин, Ш.Р. Мещеров, В.П. Ходыков, Г.Л. Шестакова // *Агрозоотехника*. 2025. Т. 8. № 1. С.1-14. [Meshcherov RK, Dunin MI, Meshcherov ShR, Khodykov VP, Shestakova GL. Analysis of genetic structure and productivity of herds of the Holstein cattle of Russian selection. *Agricultural and Livestock Technology*. 2025;8(1):1-14. (In Russ.)]. doi: 10.15838/alt.2025.8.1.6
2. Генофонд пород молочного скота в России: состояние и перспективы сохранения и использования / И.М. Дунин, С.Е. Тяпугин, Л.А. Калашникова, Р.К. Мещеров, Т.А. Князева, В.П. Ходыков, В.К. Аджибеков, А.Е. Калашникова, Ш.Р. Мещеров // *Зоотехния*. 2019. № 5. С. 2-6. [Dunin IM, Tyapugin SE, Kalashnikova LA, Mescherov RK, Knyazeva TA, Khodykov VP, Adzhibekov VK, Kalashnikov AE, Mescherov ShR. Genefund of dairy cattle breeds of domestic selection: preservation and use perspectives. *Zootekniya*. 2019;5:2-6. (In Russ.)]. doi: 10.25708/ZT.2019.18.21.001
3. Дифференциация *Bos Grunniens* и *Bos Taurus* на основании полиморфизма STR-локусов / Чекиров К.Б. и др. // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2023. Т. 27. № 5. С. 488-494. [Chekirov KB, et al. Differentiation of *Bos grunniens* and *Bos taurus* based on STR locus polymorphism. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2023;27(5):488-494. (In Russ.)]. doi: 10.18699/VJGB-23-59
4. Животовский Л.А. Микросателлитная изменчивость в популяциях человека и методы ее изучения // *Информационный вестник ВОГиС*. 2006. Т. 10. № 1. С. 74-96. [Zhivotovsky LA. Microsatellite variation in human populations and the methods of their analysis. *The Herald of Vavilov Soc Genet Breed Sci*. 2006;10(1):74-96. (In Russ.)].

5. Кузнецов В.М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация // Проблемы биологии продуктивных животных. 2014. № 4. С. 80-104. [Kuznetsov VM. Wright's F-statistics: estimation and interpretation. Problems of Productive Animal Biology. 2014;4:80-104. (*In Russ.*)].
6. Кузнецов В.М. Анализ полокусных оценок аллельного разнообразия STR-маркеров в выборке быков-производителей // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2023. Т. 24. № 5. С. 888-906. [Kuznetsov VM. Analysis of locus estimates of allelic diversity of STR markers in a sample of breeding bulls. Agricultural Science Euro-North-East. 2023;24(5):888-906. (*In Russ.*)]. doi: 10.30766/2072-9081.2023.24.5.888-906
7. Николаев С.В. Генетическая характеристика Печорского типа холмогорского скота по микросателлитным ДНК-маркерам. Генетика и разведение животных. 2020. № 4. С. 61-66. [Nikolayev SV. Genetic characteristics of the Pechora type of Kholmogorsky cattle based on microsatellites and DNA markers. Genetics and Breeding of Animals. 2020;4:61-66. (*In Russ.*)]. doi: 10.31043/2410-2733-2020-4-61-66
8. Определение достоверности происхождения сибирского осетра на основе результатов микросателлитного анализа и коэффициентов генетического сходства / Н.В. Бардуков, А.К. Никипелова, П.И. Отрадных, В.И. Никипелов, А.А. Белоус // Животноводство и кормопроизводство. 2024. Т. 107. № 4. С. 106-119. [Bardukov NV, Nikipelova AK, Otradnov PI, Nikipelov VI, Belous AA. Determining the reliability of the origin of Siberian sturgeon based on the results of microsatellite analysis and genetic similarity coefficients. Animal Husbandry and Fodder Production. 2024;107(4):106-119. (*In Russ.*)]. doi: 10.33284/2658-3135-107-4-106
9. Применение микросателлитного анализа в генетических исследованиях европейского зубра (*Bison bonasus*) / Н.А. Чурбакова, В.Р. Харзинова, О.А. Кошкина, В.В. Волкова // Генетика и разведение животных. 2024. № 1. С. 5-17. [Churbakova N, Kharzinova V, Koshkina O, Volkova V. Application of microsatellite analysis in genetic studies of the European (*Bison bonasus*). Genetics and Breeding of Animals. 2024;1:5-17. (*In Russ.*)]. doi: 10.31043/2410-2733-2024-1-5-17
10. Шевелёва О.М., Часовщикова М.А., Суханова С.Ф. Продуктивные и некоторые биологические особенности генофондной породы скота салерс в условиях Западной Сибири // Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. 2021. Т. 13. № 1. С. 156-173. [Sheveleva OM, Chasovshchikova MA, Sukhanova SF. Productive and some biological features of the salers cattle gene pool in the conditions of Western Siberia. Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. 2021;13(1):156-173. (*In Russ.*)]. doi: 10.12731/2658-6649-2021-13-1-156-173
11. Шукюрова Е.Б., Лукашина А.А., Бузько А.Н. Генетическая характеристика голштинского крупного рогатого скота по ДНК-микросателлитам // Вестник ДВО РАН. 2020. № 4. С. 47-52. [Shukyurova EB, Lukashina AA, Buzko AN. Genetic characteristics of Holstein cattle by DNA microsatellites. Vestnik of the Far East Branch of the Russian Academy of Sciences. 2020;4:47-52. (*In Russ.*)]. doi: 10.37102/08697698.2020.212.4.008
12. Deniskova TE, Semyagin AA, Bagirov VA, Okhlopkov IM, Gladyr EA, Ivanov RV, Brem G, Zinoveva NA. Comparative analysis of the effectiveness of STR and SNP markers for intraspecific and interspecific differentiation of the genus *Ovis*. Russian Journal of Genetics. 2016;52(1):79-84. doi: 10.1134/S1022795416010026
13. Galinskaya TV, Schepetov DM, Lysenkov SN. Prejudices against microsatellite studies and how to resist them. Russian Journal of Genetics. 2019;55(6):657-671. doi: 10.1134/S1022795419060048
14. Khlestkina EK. Molecular markers in genetic studies and breeding. Russ J Genet Appl Res. 2014;4:236-244. doi: 10.1134/S2079059714030022
15. Tautz D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. Nucl Acids Res. 1989;17(16):6463-6471. doi: 10.1093/nar/17.16.6463

References

1. Meshcheroov RK, Dunin MI, Meshcheroov ShR, Khodykov VP, Shestakova GL. Analysis of genetic structure and productivity of herds of the Holstein cattle of Russian selection. *Agricultural and Livestock Technology*. 2025;8(1):1-14. doi: 10.15838/alt.2025.8.1.6
2. Dunin IM, Tyapugin SE, Kalashnikova LA, Mescheroov RK, Knyazeva TA, Khodykov VP, Adzhibekov VK, Kalashnikov AE, Mescheroov ShR. Genefund of dairy cattle breeds of domestic selection: preservation and use perspectives. *Zootechniya*. 2019;5:2-6. doi: 10.25708/ZT.2019.18.21.001
3. Chekirov KB, et al. Differentiation of *Bos grunniens* and *Bos taurus* based on STR locus polymorphism. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2023;27(5):488-494. doi: 10.18699/VJGB-23-59
4. Zhivotovsky LA. Microsatellite variation in human populations and the methods of their analysis. *The Herald of Vavilov Soc Genet Breed Sci*. 2006;10(1):74-96.
5. Kuznetsov VM. Wright's F-statistics: estimation and interpretation. *Problems of Productive Animal Biology*. 2014;4:80-104.
6. Kuznetsov VM. Analysis of locus estimates of allelic diversity of STR markers in a sample of breeding bulls. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2023;24(5):888-906. doi: 10.30766/2072-9081.2023.24.5.888-906
7. Nikolayev SV. Genetic characteristics of the Pechora type of Kholmogorsky cattle based on microsatellites and DNA markers. *Genetics and Breeding of Animals*. 2020;4:61-66. doi: 10.31043/2410-2733-2020-4-61-66
8. Bardukov NV, Nikipelova AK, Otradnov PI, Nikipelov VI, Belous AA. Determining the reliability of the origin of Siberian sturgeon based on the results of microsatellite analysis and genetic similarity coefficients. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(4):106-119. doi: 10.33284/2658-3135-107-4-106
9. Churbakova N, Kharzinova V, Koshkina O, Volkova V. Application of microsatellite analysis in genetic studies of the European (*Bison bonasus*). *Genetics and Breeding of Animals*. 2024;1:5-17. doi: 10.31043/2410-2733-2024-1-5-17
10. Sheveleva OM, Chasovshchikova MA, Sukhanova SF. Productive and some biological features of the salers cattle gene pool in the conditions of Western Siberia. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*. 2021;13(1):156-173. doi: 10.12731/2658-6649-2021-13-1-156-173
11. Shukyurova EB, Lukashina AA, Buzko AN. Genetic characteristics of Holstein cattle by DNA microsatellites. *Vestnik of the Far East Branch of the Russian Academy of Sciences*. 2020;4:47-52. doi: 10.37102/08697698.2020.212.4.008
12. Deniskova TE, Semyagin AA, Bagirov VA, Okhlopkov IM, Gladyr EA, Ivanov RV, Brem G, Zinoveva NA. Comparative analysis of the effectiveness of STR and SNP markers for intraspecific and interspecific differentiation of the genus *Ovis*. *Russian Journal of Genetics*. 2016;52(1):79-84. doi: 10.1134/S1022795416010026
13. Galinskaya TV, Schepetov DM, Lysenkov SN. Prejudices against microsatellite studies and how to resist them. *Russian Journal of Genetics*. 2019;55(6):657-671. doi: 10.1134/S1022795419060048
14. Khlestkina EK. Molecular markers in genetic studies and breeding. *Russ J Genet Appl Res*. 2014;4:236-244. doi: 10.1134/S2079059714030022
15. Tautz D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. *Nucl Acids Res*. 1989;17(16):6463-6471. doi: 10.1093/nar/17.16.6463

Информация об авторах:

Ольга Викторовна Митрофанова, кандидат биологических наук, ведущий биолог, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196625, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское шоссе, д. 55а, +7(921)7964163.

Любовь Ильинична Соловьева, ведущий специалист, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196625, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское шоссе, д. 55а, +7(911)0855565.

Юлия Юрьевна Кузичева, ведущий специалист, Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста», 196625, г. Санкт-Петербург, пос. Тярлево, Московское шоссе, д. 55а, +7(911)2344258.

Information about the authors:

Olga V Mitrofanova, Cand. Sci. (Biology), leading biologist, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals, branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center for Animal Husbandry - VIZh named after Academician L.K. Ernst", St. Petersburg, Tyarlevo, Moscow highway, 55a, 196625, +7(921)7964163.

Lubov I Solovieva, leading specialist, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals, branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center for Animal Husbandry - VIZh named after Academician L.K. Ernst", St. Petersburg, Tyarlevo, Moscow highway, 55a, 196625, +7(911)0855565.

Yulia Y Kuzicheva, leading specialist, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals, branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center for Animal Husbandry - VIZh named after Academician L.K. Ernst", St. Petersburg, Tyarlevo, Moscow highway, 55a, 196625, +7(911)2344258.

Статья поступила в редакцию 24.02.2025; одобрена после рецензирования 24.04.2025; принята к публикации 15.09.2025.

The article was submitted 24.02.2025; approved after reviewing 24.04.2025; accepted for publication 15.09.2025.