

УДК 636.2:575.17

## СРАВНИТЕЛЬНЫЙ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫЙ АНАЛИЗ ЗЕБУВИДНОГО СКОТА С ПОРОДАМИ *Bos taurus*

© 2024 г. С. В. Бекетов<sup>1,2,\*</sup>, Г. Р. Свищева<sup>1</sup>, В. П. Упельник<sup>2</sup>, С. А. Сенатор<sup>2</sup>, С. Б. Кузнецов<sup>1</sup>,  
Э. А. Николаева<sup>1</sup>, Ю. А. Столповский<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, 119991 Россия

<sup>2</sup>Главный ботанический сад им. Н.В. Цицина Российской академии наук, Москва, 127276 Россия

\*e-mail: svbeketov@gmail.com

Поступила в редакцию 13.10.2023 г.

После доработки 31.10.2023 г.

Принята к публикации 07.11.2023 г.

С использованием 14 STR-локусов (*BM1824*, *BM2113*, *CSRM60*, *CSSM66*, *ETH3*, *ETH10*, *ETH225*, *ILSTS006*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA53*, *TGLA122*, *TGLA126*, *TGLA227*) проведено сравнительное генотипирование популяции зебувидного скота (*Bos taurus* × *Bos indicus*) и восьми популяций пород *B. taurus*, включая шесть отечественных (холмогорская, ярославская, красная горбатовская, костромская, тагильская, серая украинская), а также двух трансграничных европейских пород (голландская и бурая швейцарская). Всего было исследовано 562 особи. По результатам STR-анализа установлено, что все популяционные выборки *B. taurus* характеризовались средним аллельным разнообразием  $A_R = 4.87–6.7$  и достаточно высоким уровнем генетической изменчивости  $H_E = 0.68–0.76$  с незначительным преобладанием случайных спариваний  $F_{IS} = -0.1... 0.0$ . У зебувидного скота соответствующие показатели составили  $A_R = 5.96$ ,  $H_E = 0.72$  и  $F_{IS} = -0.0278$ . При этом различия в генетической структуре рассматриваемых пород *B. taurus* в значительной степени определялись популяционно-демографическими колебаниями, а выявляемые в популяции зебувидного скота генетическая и фенотипическая неоднородности связаны с уменьшением действия искусственного отбора.

**Ключевые слова:** зебувидный скот, породы *Bos taurus*, микросателлиты, генетическая структура, изменчивость, филогения.

**DOI:** 10.31857/S0016675824030079 **EDN:** DOVSFO

В 2022 г. общая численность крупного рогатого скота (*Bos taurus* и *Bos indicus*, включая их помесные формы) во всем мире составила около 940 млн голов [1], причем более половины мирового поголовья приходилось на две страны: Индию и Бразилию, где в структуре крупного рогатого скота традиционно преобладают зебу (*B. indicus*). Несмотря на низкое качество мяса и незначительную молочную продуктивность, зебу, в отличие от европейского скота (*B. taurus*), обладает резистентностью к ряду заболеваний и высокой способностью переваривать трудноусвояемые растительные корма [2]. При этом молоко коров зебу по своим качественным показателям характеризуется высоким содержанием жира (5–6%) и белка (3.7–4.2%) [3]. Указанные преимущества позволяют использовать зебу для выведения помесных форм и пород, получаемых на основе межвидовой гибридизации (*B. taurus* × *B. indicus*).

Среди наиболее известных примеров гибридного скота с использованием зебу можно назвать

такие породы мясного направления, как санта-гертруда, брангус, бифмастер, чербрей, индубразил, из молочных пород – это австралийский молочный зебувидный скот, ямайка-хоуп, кубинская сибонья и др. [4–7].

В нашей стране идея использования зебу для получения гибридов и создания новых жирно- и белкомолочных пород крупного рогатого скота, устойчивых к заболеваниям и неблагоприятному климату, впервые возникла в “Аскания-Нова” и была реализована в 30-е гг. прошлого столетия М.Ф. Ивановым, И.С. Журавком и А.Е. Мокеевой, затем Е.П. Стеклёвым, П.Н. Буйной, Ю.С. Мусиенко и др. [8]. Впоследствии селекционная работа по созданию высокопродуктивных форм зебувидного скота продолжилась на Кавказе и в Средней Азии, где имелись местные породы зебу (азербайджанская и туркменская), а также примитивный зебувидный скот хорасанского типа (Узбекистан, Таджикистан, Туркмения). На основе этого по-

голова были созданы крупные массивы швицебувидных и красных зебувидных коров [9–11].

В 1956 г. на базе научно-экспериментального хозяйства (НЭХ) “Снегири” Главного ботанического сада АН СССР (Московская обл.) впервые в нечерноземной зоне России начался эксперимент по получению и разведению гибридов коров черно-пестрой породы с быками азербайджанского зебу [12]. В дальнейшем создание новых групп животных проводили с прилитием крови кубинского и новозеландского зебу, а также пенджабского зебу породы сахивал. В 1999 г. для увеличения молочности и улучшения формы вымени у гибридных животных в скрещиваниях стали использовать голштинских быков [12, 13]

Однако несмотря на то, что стадо зебувидного скота в Московской обл. существует вот уже более 60 лет, имеется всего лишь одна работа, в которой проводилось сравнение генотипов зебувидных коров с породами *B. taurus* по ISSR-маркерам [14]. Целью нашего исследования стало сравнительное изучение зебувидного скота НЭХ “Снегири” и пород *B. taurus* с использованием микросателлитной пролиферации ДНК. В отличие от ISSR этот метод является более эффективным и востребованным при изучении генетической структуры популяций. Достаточно сказать, что по данным мировых научных публикаций за период с 2005 по 2020 гг. при генотипировании разных видов сельскохозяйственных животных чаще всего применялись именно STR-маркеры – 48% [15].

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалом для исследований являлись образцы биоматериала (кровь) зебувидного скота НЭХ “Снегири” (Московская обл.) (NewKRS,  $n = 73$ ) и животных восьми пород *B. taurus*, в т. ч. двух европейских: бурой швицкой (Костромская обл., Костромской р-н) (BrSwis,  $n = 50$ ) и голштинской (Московская обл.) (Holst,  $n = 176$ ), также шести отечественных: холмогорской (Республика Коми, Интинский р-н) (Kholm,  $n = 50$ ), ярославской (Ярославская обл., Ярославский р-н) (Yagos,  $n = 50$ ), тагильской (Пермская обл., Октябрьский р-н) (Tagil,  $n = 49$ ), красной горбатовской (Нижегородская обл., Павловский р-н) (RedGor,  $n = 50$ ), костромской (Костромская обл., Костромской р-н) (Kostr,  $n = 20$ ) и серой украинской (Республика Алтай, Шебалинский р-н) (Grey,  $n = 44$ ). ДНК выделяли из лейкоцитарной фракции крови с помощью набора реагентов Diatom™ DNA Prep 200 (ООО

“ИзогенЛаб”, Россия) в соответствии с рекомендациями производителя.

Всего было прогенотипировано 562 животных по 14 STR-маркерам (*BM1824*, *BM2113*, *CSRM60*, *CSSM66*, *ETH3*, *ETH10*, *ETH225*, *ILSTS006*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA53*, *TGLA122*, *TGLA126*, *TGLA227*).

Мультиплексный ПЦР-анализ микросателлитных локусов, содержащих короткие tandemные повторы, проводили с использованием набора COrdIS Cattle (“Гордиз”, Москва, Россия) согласно инструкции производителя. После начальной денатурации 94°C 3 мин амплификацию фрагментов осуществляли в следующем температурно-временном режиме: четыре цикла при 98°C 30 с, 59°C 120 с, 72°C 90 с, с 6 циклами при 94°C 30 с, 59°C 120 с, 72°C, 90 с, с 18 циклами при 90°C 30 с, 59°C 120 с, 72°C, 75 с и окончательным удлинением при 68°C 15 мин. Полимеразную цепную реакцию выполняли на термоциклере Veriti (ThermoFisherScientific, США). Капиллярный электрофорез продуктов ПЦР-реакции проводили на генетическом анализаторе ABI 3130XL (Applied Biosystems, США) с последующим определением длин аллелей микросателлитов в программном обеспечении GeneMapper v. 4.0. (Applied Biosystems).

Для оценки структуры популяций зебувидного скота и пород *B. taurus* использовали следующие показатели: среднее число индивидуумов, генотипированных по локусам ( $N$ ), аллельное разнообразие ( $A_R$ ), наблюдаемая ( $H_O$ ) и ожидаемая ( $H_E$ ) гетерозиготности, доля полиморфных локусов, коэффициент инбридинга ( $F_{IS}$ ) [16]. Расчет уровней аллельного и генетического разнообразия, определение приват-аллелей,  $F$ -статистик Райта, оценку равновесия Харди–Вайнберга и анализ главных компонент по исследованным локусам (Principal Component Analysis, PCA) проводили с помощью программного обеспечения PopGenReport Version 3.0.4. [17, 18]. Межпородные филогенетические отношения устанавливали путем построения дендрограммы по методу NJ (Neighbor-Joining) [19] на основе генетических расстояний  $D_A$  Нея [20].

## РЕЗУЛЬТАТЫ

С использованием STR-маркеров были определены генотипы крупного рогатого скота, включая популяцию зебувидного скота НЭХ “Снегири”. Как показано в табл. 1, наибольшие значения доли

**Таблица 1.** Параметры аллельного и генетического разнообразия популяций крупного рогатого скота

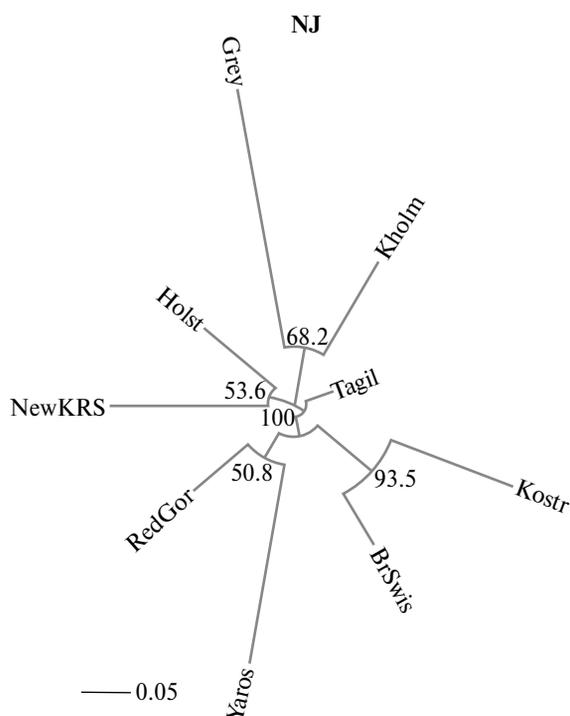
Породы КРС	$N$	Полиморфные локусы, %	$A_R$	$H_O$	$H_E$	$F_{IS}$	$HWE$
Holst	176	62.36	5.52	0.72	0.71	-0.0141	0.8067
Tagil	49	71.16	6.7	0.77	0.76	-0.0132	0.0704
Kholm	50	60.36	5.8	0.73	0.73	0	0.0980
RedGorb	50	68.8	6.21	0.78	0.73	-0.0685	0.9987
BrSwitsk	50	50.09	5.28	0.77	0.70	-0.1	0
Grey	44	54.46	4.87	0.73	0.65	-0.0441	0.0023
Yaros	50	58.4	5.57	0.72	0.70	-0.0286	0.6586
Kostr	20	54.48	5.44	0.71	0.68	-0.0441	0.6156
NewKRS	73	63.81	5.96	0.74	0.72	-0.0278	0.7029

Примечание.  $N$  – число проанализированных образцов;  $A_R$  – аллельное разнообразие;  $H_O$  – наблюдаемая гетерозиготность;  $H_E$  – ожидаемая гетерозиготность;  $F_{IS}$  – коэффициент инбридинга;  $HWE$  – уровень значимости для отклонений от равновесия Харди–Вайнберга.

полиморфных локусов – 71.16% и уровня аллельного разнообразия – 6.7 были отмечены у тагильского скота, а наименьшие у бурого швицкого – 50.09 и 5.28 соответственно. Зебувидный скот по этим показателям занимал промежуточное положение с долей полиморфных локусов – 63.81% и величиной аллельного разнообразия равной 5.96.

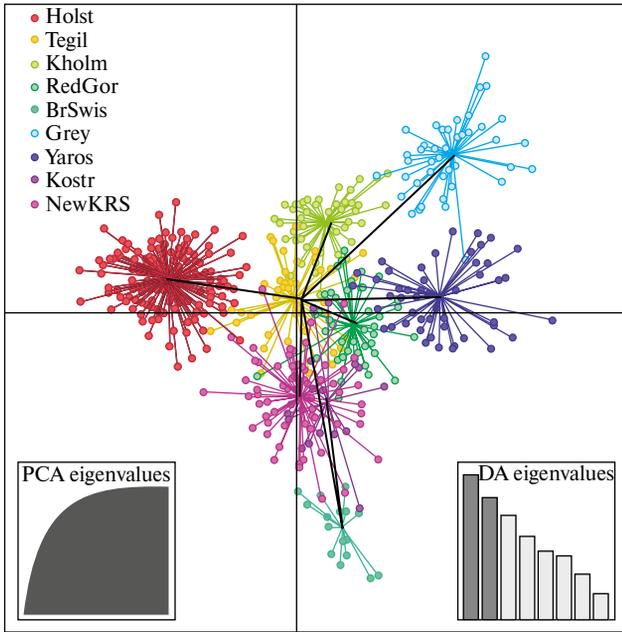
Значения наблюдаемой ( $H_O$ ) и ожидаемой гетерозиготности ( $H_E$ ) во всех рассматриваемых популяциях оказались очень близки между собой. Особенно это было характерно для хол-

могорских коров ( $H_O = 0.73$ ,  $H_E = 0.73$ ) и в наименьшей степени для серого украинского скота ( $H_O = 0.73$ ,  $H_E = 0.65$ ). При этом за исключением холмогорской породы у которой коэффициент инбридинга  $F_{IS}$  оказался равным 0, во всех остальных популяциях крупного рогатого скота, включая зебувидный скот, отмечали незначительное преобладание случайных спариваний –  $F_{IS}$  от -0.01 до -0.0685. Тем не менее достоверные отклонения от равновесия Харди–Вайнберга получены только по двум породам: бурой швицкой и серой украинской (табл. 1).



**Рис. 1.** Филогенетическое дерево популяционных выборок пород *B. taurus* и зебувидного скота НЭХ "Снегири" методом NJ с генетическими расстояниями  $D_A$  Нея.

Всего в рассматриваемых популяциях крупного рогатого скота было обнаружено 24 приват-аллеля, в т. ч. по одному у костромского, бурого швицкого и голштинского скота и 7 – в популяции серых украинских коров. У зебувидного скота выявлены 4 приват-аллеля, три из которых превышали вероятность появления равную 0.1. Приват-аллель 123 встречался в локусе *Eth3* только у ярославского скота, 284 в локусе *Ilsts006* – у серого украинского, 106 в локусе *Csrn60* – у холмогорского и 121 в локусе *Bm2113* – у тагильского, причем из всех пород с наибольшей частотой (30%) выявлялся только аллель 171 в локусе *Tgla122* в популяции голштинского скота (табл. 2). При рассмотрении  $F$ -статистик по исследованным локусам значение  $F_{IS} = -0.0268$  указывает на незначительный избыток гетерозиготных генотипов, с невысокой вероятностью встречи аллелей общего предка в рассматриваемых популяциях  $F_{IT} = 0.07$ , а уровень  $F_{ST} = 0.0942$  свидетельствует о их средней дивергенции, наибольший вклад в которую вносит локус *Tgla126* (табл. 3). Определенный интерес представляет сравнение дендрограммы Neighbor-Joining и графика главных компонент (PCA) (рис. 1 и 2). Можно видеть, что согласно Neighbor-Joining взаимоотношениям



**Рис. 2.** Проекция особей исследуемых популяций пород *B. taurus* и зебувидного скота НЭХ “Снегири” на плоскости двух координат по данным PCA-анализа.

**Таблица 2.** Приват-аллели в локусах и популяциях крупного рогатого скота

Локус	Популяция	Аллель	Частота встречаемости, %
<i>Eth3</i>	Yaros	123	3
<i>Inra023</i>	Grey	196	14
<i>Inra023</i>	Tagil	204	1
<i>Inra023</i>	RedGor	216	5
<i>Ilsts006</i>	Grey	284	1
<i>Tgla227</i>	NewKRS	085	5
<i>Tgla122</i>	Kholm	139	3
<i>Tgla122</i>	Tagil	145	2
<i>Tgla122</i>	Kostr	159	1
<i>Tgla122</i>	Holst	171	30
<i>Sps115</i>	NewKRS	250	3
<i>Sps115</i>	Grey	261	1
<i>Sps115</i>	Grey	262	1
<i>Eth225</i>	BrSwis	156	4
<i>Eth225</i>	NewKRS	160	9
<i>Tgla53</i>	NewKRS	152	1
<i>Tgla53</i>	Tagil	182	3
<i>Tgla53</i>	Tagil	188	1
<i>Csrm60</i>	Kholm	106	1
<i>Bm2113</i>	Tagil	121	1
<i>Bm2113</i>	Grey	143	2
<i>Bm1824</i>	RedGor	174	13
<i>Bm1824</i>	Grey	176	1
<i>Bm1824</i>	Grey	184	1

**Таблица 3.** *F*-статистики по исследованным локусам популяций крупного рогатого скота

Локус	$F_{IS}$	$F_{ST}$	$F_{IT}$
<i>Eth225</i>	-0.0342	0.0663	0.0344
<i>Eth10</i>	-0.0549	0.0716	0.0206
<i>Csrm60</i>	-0.0404	0.0719	0.0344
<i>Csrm66</i>	0.0157	0.0885	0.1028
<i>Tgla227</i>	-0.0228	0.0892	0.0685
<i>Bm1824</i>	0.0135	0.0926	0.1049
<i>Tgla122</i>	-0.0403	0.0927	0.0561
<i>Eth3</i>	0.0016	0.0928	0.0943
<i>Tgla53</i>	-0.0143	0.0945	0.0816
<i>Sps115</i>	-0.0169	0.0956	0.0803
<i>Bm2113</i>	-0.0432	0.1008	0.0620
<i>Ilsts006</i>	-0.0518	0.1102	0.0641
<i>Inra023</i>	-0.0033	0.1170	0.1142
<i>Tgla126</i>	-0.0839	0.1345	0.0618
Средняя	-0.0268	0.0942	0.0700

(рис. 1), зебувидный скот формирует один подкластер с голштинской породой, входя в общий кластер с холмогорским и серым украинским скотом. Действительно, голштинская порода использовалась для повышения продуктивности зебувидного скота НЭХ “Снегири” [3]. В свою очередь основой голштинского скота послужила голландская остфризская порода, которая использовалась и при создании холмогорского скота [21]. Что же касается близости никак не связанных между собой серой украинской и холмогорской пород, то в данном случае скорее всего проявляется эффект “романовской овцы” [22], когда популяция не родственная ни одной из рассматриваемых групп животных случайным образом объединяется с разными породами. В нашем случае это серая украинская порода, которая ведет свое происхождение от серого степного скота, включающего подольскую и романскую породы, в прошлом широко распространенных в южной части Европы, а также степной в зоне Средиземноморья и Причерноморья [23].

С другой стороны, не вызывает сомнений обнаруживаемое на дендрограмме родство бурой швицкой и костромской пород, так как последняя была создана путем скрещивания местного костромского скота с альгаузской и бурой швицкой породами. Вполне естественным выглядит также объединение ярославских и красных горбатовских коров, являющихся в своей основе отродьями двух ветвей великорусского скота: северного и приокского. В то время как относительная обособленность тагильской породы объясняется тем, что она была выведена из местного

низко продуктивного уральского скота с участием ярославской и холмогорской пород [21].

При последующем рассмотрении тех же самых популяций с использованием метода главных компонент (РСА) (рис. 2) мы видим несколько иную картину межпородных взаимодействий. Так, в отличие от Neighbor-Joining-дендрограммы популяции голштинского, бурого швицко-го и серого украинского скота локализируются на графике РСА достаточно обособленно, при том что совершенно неродственные друг другу породы, представленные популяциями тагильского, красного горбатовского, костромского и зебувидного скота оказались сближенными. В частности, популяция зебувидного скота в значительной степени перекрывается с животными костромской породы, несколько менее – с красным горбатовским и тагильским скотом, и совсем незначительно – с бурыми швицкими и голштинскими коровами. Такое несоответствие, вероятнее всего, определяется внутривидовой генетической неоднородностью зебувидного скота НЭХ “Снегири”, выявляемой и путем визуальной экстерьерной оценки.

Например в стаде зебувидного скота встречаются четыре основных окрасочных фенотипа (рис. 3, 4): два преобладающих – практически черный и пегий (черно-белый), и два редких –

красный и коричневый с затемненной головой и подпалинами. Следует сказать, что выявляемые цвета характерны для исходных родительских форм зебувидного скота НЭХ “Снегири”: пегая и черная соответствуют масти холмогорского и голштинского скота, а красная и коричневая – нативной окраске зебу.

## ОБСУЖДЕНИЕ

В современной научной литературе имеется большое количество работ, посвященных изучению полиморфных структур ДНК крупного рогатого скота, в т. ч. по STR-маркерам. Чаще всего с использованием микросателлитного генотипирования сравнивали породы *B. taurus* и *B. indicus* в пределах одного, либо обоих таксонов [24–29]. Гораздо меньше изучены помеси или породы, созданные при участии зебу [30, 31] и практически отсутствуют исследования по сравнительному анализу популяционно-генетической структуры и родства пород *B. taurus* и *B. indicus* с зебувидным скотом [32, 33].

В этом контексте достаточно близка алгоритму нашего исследования работа бразильских ученых, изучавших пять местных креольских пород крупного рогатого скота, две европейские породы молочного направления и три породы зебу [34]. Согласно их данным, рассматриваемые породы



Рис. 3. Зебувидный скот НЭХ “Снегири” масти черно-пестрого и голштинского скота.



Рис. 4. Зебувидный скот НЭХ “Снегири” масти зебу.

*B. taurus* и *B. indicus* отличались высоким аллельным и генетическим разнообразием и незначительным уровнем инбридинга. При этом параметры  $F$  статистик для исследуемых популяций характеризовали их, как имеющих дефицит гетерозигот  $F_{IS} = 0.071$ , со средней дифференциацией  $F_{ST} = 0.078$  и отклонением от случайного спаривания в сторону незначительного инбридинга  $F_{IT} = 0.144 > F_{ST}$ .

Примечательно, что сходные значения сводных оценок  $F$ -статистик отмечают для подавляющего большинства пород *B. taurus* и *B. indicus* [35]. Значительно реже при изучении генетической структуры популяций крупного рогатого скота выявляют избыток гетерозигот и преобладание неродственных спариваний. Чаще всего подобные отклонения могут быть обусловлены снижением селекционного отбора, влиянием интрогрессии пород-улучшателей или же проведением специальных мероприятий, направленных на сохранение малочисленных пород [36].

Кроме того, большинство авторов отмечают, что аборигенные и региональные культурные породы крупного рогатого скота в отличие от специализированных трансграничных пород, характеризуются более высокой генетической изменчивостью [27, 32, 34]. Тем не менее в нашем исследовании эта закономерность не подтвердилась для костромской, ярославской и серой украинской пород, ожидаемая гетерозиготность которых ( $H_E = 0.65–0.70$ ) оказалась меньшей или была одинаковой при сравнении с популяциями бурого швицкого и голштинского скота ( $H_E = 0.70–0.71$ ) (табл. 1).

Возможная причина подобного отклонения кроется в популяционно-демографических изменениях. Общеизвестно, что уменьшение популяции приводит к снижению ее генетической изменчивости [27], и напротив, увеличение поголовья – к повышению [37]. Так, рост единственной в стране популяции тагильского скота, которая за 11 лет увеличилась в 2.5 раза со 104 до 260 голов [38], мог сказаться на увеличении ее ожидаемой гетерозиготности до  $H_E = 0.76$ , а следствием уменьшения численности алтайской популяции серого украинского скота стал невысокий уровень генетической изменчивости –  $H_E = 0.65$  относительно крупных стад этой породы в украинских хозяйствах ООО “Голосеево” и КСП “Вороньков”, где этот же самый показатель составил  $H_E = 0.80$  и  $0.81$  соответственно [39]. Если же рассматривать породы в целом, то за период с

2010 по 2021 гг. общая численность костромского скота в Российской Федерации сократилась на 31.9%, а ярославского – на 45.9%, что также не могло не сказаться на изменении генетической структуры их популяций [38].

Что же касается зебувидного скота НЭХ “Снегири”, то здесь значения аллельного разнообразия  $A_R = 5.96$  и уровня гетерозиготности  $H_E = 0.72$  оказались примерно сходными с соответствующими показателями у африканского зебувидного скота санга ( $A_R = 6.07–6.25$ ,  $H_E = 0.71–0.72$ ) и зенга ( $A_R = 5.97–6.27$ ,  $H_E = 0.71–0.72$ ) [33]. Считается, что санга образовался путем гибридизации местного безгорбого крупного рогатого скота *Bos taurus africanus* с зебу, а зенга – скрещиванием зебу с санга [40, 41]. Однако если у скота зенга и санга наблюдается дефицит гетерозигот, то в популяции зебувидного скота НЭХ “Снегири” отмечается их избыток.

Таким образом, при сравнении зебувидного скота (*B. indicus* × *B. taurus*) с породами *B. taurus* по микросателлитным маркерам было установлено, что все рассматриваемые выборки характеризовались средним аллельным разнообразием и достаточно высоким уровнем генетической изменчивости, с незначительным преобладанием случайных спариваний. При этом различия в генетической структуре рассматриваемых пород *B. taurus* преимущественно определялись популяционно-демографическими колебаниями, а выявляемая в популяции зебувидного скота (*B. indicus* × *B. taurus*) генетическая и фенотипическая (по масти) неоднородность обусловлена уменьшением действия искусственного отбора.

Исследования выполнены при финансовой поддержке РФ – проект № 23-16-00059 и Государственного задания Министерства науки и высшего образования РФ “Оценка генетического потенциала национальных пород крупного рогатого скота” № 122020800034-4.

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Shahbandeh M.* Cattle Population Worldwide 2012–2023. 2023. <https://www.statista.com>.

2. *Negussie B., Brannang E., Rottmann O.J.* Reproductive performance and herd life of dairy cattle at Asella livestock farm, Arsi, Ethiopia. II. Crossbreds with 50, 75 and 87.5% European inheritance // *J. of Animal Breeding and Genetics*. 1999. V. 116. I. 3. P. 225–234.
3. *Амерханов Х.А., Соловьева О.И., Морозова Н.И.* и др. Оценка экономического эффекта использования в молочном скотоводстве животных черно-пестрой породы с кровностью зебу // *Известия ТСХА*. 2020. Вып. 2. С. 116–133. <https://doi.org/10.26897/0021-342X-2020-2-116-135>
4. *Яковлев А.А.* Вопросы использования зебу в селекционно-племенной работе с крупным рогатым скотом в Российской Федерации // *Мат. Всесоюз. совещ. по гибридизации крупного рогатого скота с зебу*. Тбилиси, 1982. С. 29–46.
5. *Schneeberger C.P., Wellington K.E., MacDowell R.E.* Performance of Jamaica Hope cattle in commercial dairy herds in Jamaica // *J. Dairy Sci.* 1982. 65. P. 1364–1371.
6. *Suárez M.A., Zubizarreta I., Pérez T.* Genotype by environment interaction in “Siboney de Cuba” cattle // *Livestock Res. for Rural Development*. 2009. V. 21. № 9. P. 31–42.
7. *Amer P.R., Santos B., Byrne T.J. et al.* Updates to the New Zealand national breeding objective for dairy cattle // *Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet.* 2013. V. 20. P. 471–474.
8. *Гузев Ю.* Зебувидный скот – перспективы развития в Украине // *Тваринництво України*, 2012. Т. 42. № 12. С. 17–20.
9. *Вердиев З.К.* Зебуводство. М., 1986. 240 с.
10. *Амерханов Х.А., Шевхужев А.Ф., Эльдаров Б.А.* Гибридизация крупного рогатого скота на Северном Кавказе. М.: Илекса, 2014. 424 с.
11. *Аюбов Б.М.* Молочная продуктивность, качество и некоторые технологические свойства молока коров разводимых в Таджикистане: Дис. ... канд. с.-х. наук. Душанбе: Таджикский аграр. ун-т им. Ширинашот Шотемур, 2016. 123 с.
12. *Упелниек В.П., Завгородний С.В., Махнова Е.Н., Сенатор С.А.* История происхождения и перспективы распространения зебувидного типа черно-пестрой породы крупного рогатого скота (обзор) // *Достижения науки и техники АПК*. 2020. Т. 34. № 11. С. 66–72. <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2020-11211>
13. *Рубенков А.А.* Высокопродуктивное гибридное молочное стадо. Москва: Колос, 1977. 127 с.
14. *Kosovsky G. Yu., Glazko T.T., Arkhipov A.V. et al.* The use of ISSR markers for characterization of genetic differentiation of cattle breeds // *Проблемы биологии продуктивных животных*. 2016. № 3. С. 91–97.
15. *Olschewsky A., Hinrichs D.* An overview of the use of genotyping techniques for assessing genetic diversity in local farm animal breeds // *Animals*. 2021. V. 11. № 7. <https://www.mdpi.com>. <https://doi.org/10.3390/ani11072016>
16. *Кузнецов В.М.* Сравнение методов оценки генетической дифференциации популяций по микросателлитным маркерам // *Зоотехния*. 2020. Т. 21. № 2. С. 169–182. <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.2.169-182>
17. *Adamack A.T., Gruber B.* PopGenReport: Simplifying basic population genetic analyses in R. *Methods // Ecol. Evol.* 2014. № 5. P. 384–387. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12158>
18. *Gruber B., Adamack A.T.* landgenreport: A new R function to simplify landscape genetic analysis using resistance surface layers // *Mol. Ecol. Resour.* 2015. V. 15. P. 1172–1178. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12381>
19. *Huson D., Bryant D.* 2006. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies // *Mol. Bio. and Evol.* V. 23. № 2. P. 254–267. <https://doi.org/10.1093/molbev/msj030>.
20. *Takezaki N.* Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA // *Genetics*. 1996. V. 144 № 1. P. 389–399. <https://doi.org/10.1093/genetics/144.1.389>
21. *Столповский Ю.А., Гостева Е.Р., Солоднева Е.В.* Генетические и селекционные аспекты истории развития скотоводства на территории России. М.: Акварель, 2022. 87 с.
22. *Бекетов С.В., Денискова Т.Е., Доцев А.В. и др.* Популяции тувинских короткожирнохвостых овец в структуре генофонда пород овец Российской Федерации // *Генетика*. 2024. Т. 60. №1. С. 80–93.
23. *Столповский Ю.А.* Серая украинская порода. Генетические ресурсы крупного рогатого скота: редкие и исчезающие отечественные породы. М.: Наука, 1993. С. 94–111.
24. *Beja-Pereira A., Alexandrino P., Bessa I. et al.* Genetic characterization of southwestern European bovine breeds: A historical and biogeographical reassessment with a set of 16 microsatellites // *J. of Heredity*. 2003. V. 94. P. 243–50. <https://doi.org/10.1093/jhered/esg055>
25. *Tapio I., Varv S., Bennowitz J. et al.* Prioritization for conservation of northern European cattle breeds based on analysis of microsatellite data // *Conservation Biology*. 2006. V. 20. P. 1768–1779. <https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2006.00488.x>
26. *Li M.H., Kantanen J.* Genetic structure of Eurasian cattle (*Bos taurus*) based on microsatellites: Clarification for their breed classification // *Animal Genetics*. 2009. V. 41. P. 150–158. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01980.x>
27. *Sodhi M., Mukesh M., Mishra B.P. et al.* Microsatellite analysis of genetic population structure of zebu cattle (*Bos indicus*) breeds from north-western region of India // *Animal Biotechnology*. 2011. V. 22. P. 16–29.
28. *Sharma R., Maitra A., Singh P.K., Tandia M.S.* Genetic diversity and relationship of cattle populations of East India: Distinguishing lesser known cattle populations and established breeds based on STR markers // *Free PMC Article*. 2013. № 2. P. 359. <https://doi.org/10.1186/2193-1801-2-359>

29. Lokugalappatti L.G. S., Wickramasinghe S., PABD A. et al. Indigenous cattle of Sri Lanka: Genetic and phylogeographic relationship with Zebu of Indus Valley and South Indian origin // PLoS One. 2023. V. 18. № 8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.028276>
30. Bicalho H.M.S., Pimenta C.G., Mendes I.K.P. et al. Determination of ancestral proportions in synthetic bovine breeds using commonly employed microsatellite markers // Genet. Mol. Res. 2006. V. 5. № 3. P. 432–437.
31. Baimukanov D.A., Semenov V.G., Nurbaev S.D. et al. Inter-population genetic diversity of cattle of the Kazakhstan population of Santa Gertrude breed of Zhetysu type by microsatellite DNA // IOP Conf. Series: Earth and Envir. Sci. Int. AgroScience Conf. (AgroScience-2020). Cheboksary, Russia: IOP Publishing, 2020. V. 604. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/604/1/012043>
32. Brennehan R.A., Chase Jr. C.C., Olson T.A. et al. Genetic diversity among Angus, American Brahman, SenepolRomo sinuano cattle breeds // Animal Genetics. 2007. V. 38. P. 50–53. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2006.01551.x>
33. Zerabruk M., Li M.H., Kantanen J. et al. Genetic diversity and admixture of indigenous cattle from North Ethiopia: Implications of historical introgressions in the gateway region to Africa // Animal Genetics. 2012. V. 43. P. 257–266. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02245.x>
34. Egito A.A., Paiva S.R., Albuquerque M do S.M. et al. Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil // BMC Genetics 2007. <https://www.researchgate.net/publication/5780025>. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-8-83>
35. Кузнецов В.М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация // Проблемы биологии продуктивных животных. 2014. № 4. С. 80–104.
36. Manatriron S., Fischerleitner F., Baumung R. Genetic characterization among some Austrian and Hungarian cattle breeds // Arch. Tierz. 2008. V. 51. №. 5. P. 426–437.
37. Кушнир А.В., Глазко В.И. Серый украинский скот и его близкородственные формы // Сибирский экологический журнал. 2009. Т. 16. № 3. С. 495–506. <https://doi.org/10.1134/S1995425509030205>
38. Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации. М.: Изд-во ВНИИплем, 2021. 262 с.
39. Лузев Ю.В., Мельник О.В., Спиридонов В.Г., Мельничук С.Д. Сравнительный анализ генетической структуры микропопуляции серой украинской породы крупного рогатого скота по ДНК-маркерам // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С.З. Гжицького. 2015. Т. 17 № 3 (63) С. 166–171.
40. Rege J.E.O. The state of African cattle genetic resources I. Classification framework and identification of threatened and extinct breeds // Animal Gen. Res. 1999. V. 25. P. 1–25. <https://doi.org/10.1017/S1014233900003448>
41. Kwondo K., Taehyung K., Tadelle D. et al. The mosaic genome of indigenous African cattle as a unique genetic resource for African pastoralism // Nature Genetics. 2020. V. 52. № 10. P. 1099–1110. <https://doi.org/10.1038/s41588-020-0694-2>

## COMPARATIVE MICROSATELLITE ANALYSIS OF ZEBOID CATTLE WITH BREEDS OF *Bos taurus*

S. V. Beketov<sup>a,b,\*</sup>, G. R. Svishcheva<sup>a</sup>, V. P. Upelnik<sup>b</sup>, S. A. Senator<sup>b</sup>, S. B. Kuznetsov<sup>a</sup>,  
E. A. Nikolaeva<sup>a</sup>, Yu. A. Stolpovsky<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Vavilov Institute of General Genetics of Russian Academy of Sciences, Moscow,  
119991 Russia

<sup>b</sup>Tsitsin Main Botanical Garden, Russian Academy of Sciences, Moscow, 127276 Russia

\*e-mail: svbeketov@gmail.com

Comparative genotyping of a population of zeboid cattle (*Bos taurus* × *Bos indicus*) and eight populations of *B. taurus* breeds, including six domestic (Holmogorskaya, Yaroslavskaya, Red Gorbatovskaya, Kostromskaya, Tagil'skaya, Gray Ukrainian) and two transboundary European breeds (Holstein and Brown Swiss). A total of 562 individuals were examined. Based on the results of the STR analysis, it was found that all population samples of *B. taurus* were characterized by an average allelic diversity  $A_R = 4.87–6.7$  and a fairly high level of genetic variability  $H_E = 0.68–0.76$  with a slight predominance of random matings  $F_{IS} = -0.1... 0.0$ . In zeboid cattle, the corresponding indicators were  $A_R = 5.96$ ,  $H_E = 0.72$  and  $F_{IS} = -0.0278$ . At the same time, differences in the genetic structure of the *B. taurus* breeds under consideration were largely determined by population-demographic fluctuations, and the genetic and phenotypic heterogeneity detected in the population of zeboid cattle was determined by a decrease in the effect of artificial selection.

Keywords: zeboid cattle, *Bos taurus* breeds, microsatellites, genetic structure, variability, phylogeny.