

DOI: 10.12731/2658-6649-2025-17-4-1207

EDN: TLZPFZ

УДК 636.597.084.522



Научная статья

ПОЛИМОРФИЗМ МИКРОСАТЕЛИТНЫХ ЛОКУСОВ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ЛИМУЗИНСКОЙ ПОРОДЫ, РАЗВОДИМОГО В РЕСПУБЛИКЕ БАШКОРТОСТАН

*Т.А. Седых, Д.И. Гареева, Н.Р. Субханкулов, В.И. Косилов,
Д.Н. Зорин, М.Ю. Гладких, М.И. Селионова*

Аннотация

Обоснование. Современные молекулярно-генетические технологии позволяют осуществлять мониторинг генетических ресурсов, как на индивидуальном, так и на популяционном уровнях и сокращать сроки генетического совершенствования стад.

Цель исследования – изучение полиморфизма микросателитных локусов у мясного скота лимузинской породы, разводимого на территории Республики Башкортостан. Задачи - изучение полиморфизма микросателитных локусов у скота лимузинской породы, полученного путем поглотительного скрещивания быков лимузинской породы с коровами комбинированного направления продуктивности (симментальская и бестужевская); изучение генетической структуры и показателей генетического разнообразия субпопуляций лимузинского скота.

Материалы и методы. Объект исследования – молодняк лимузинской породы разводимый в стадах, ранее созданных путем поглотительного скрещивания, и принадлежащих хозяйствам - ООО «Мясной союз башкирских производителей» и СПК «Ярославский». Исследования проводилось в генетических лабораториях БГПУ им. М. Акмуллы, ФГБОУ ВО РГАУ МСХА им. К.А. Тимирязева и Башкирского НИИСХ УФИЦ РАН.

Результаты. Установлено, что при анализе 16 STR локусов ДНК крупного рогатого скота лимузинской породы идентифицировано 116 аллелей у I группы животных из стада, где при поглотительном скрещивании материнской основой служила симментальская порода и 74 аллеля - у II группы животных, где материнской основой была бестужевская порода. Число аллелей на один локус у I группы в среднем составило 7,25 у II группы – 4,63. У животных I и II

группы среднее количество эффективных аллелей по локусам составило 4,14 и 3,27. В I группе наблюдаются высокие значения индекса Шенона в локусах TGLA227, BM2113, TGLA53, CSSM66, INRA023. Показатели наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности различаются не значительно. Пространственное расположение генотипов в системе принципиальных координат свидетельствует о том, что изучаемые субпопуляции представляют собой хорошо консолидированные группы, наблюдается сохранение индивидуального генетического разнообразия особей, которые объединены общностью происхождения и принадлежностью к одной породе.

Заключение. Полученные результаты могут быть использованы для рационального использования генетических ресурсов скота лимузинской породы и разработки генетически обоснованных селекционных программ.

Ключевые слова: крупный рогатый скот; микросателлиты; фрагментный анализ; полиморфизм; генетическое разнообразие

Для цитирования. Седых, Т. А., Гареева, Д. И., Субханкулов, Н. Р., Косилов, В. И., Зорин, Д. Н., Гладких, М. Ю., & Селионова, М. И. (2025). Полиморфизм микросателлитных локусов крупного рогатого скота лимузинской породы, разводимого в Республике Башкортостан. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(4), 223-249. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-4-1207>

Original article

POLYMORPHISM OF MICROSATELLITE LOCI OF CATTLE OF THE LIMOUSINE BREED BRED IN THE REPUBLIC OF BASHKORTOSTAN

T.A. Sedykh, D.I. Gareeva, N.R. Subkhangulov, V.I. Kosilov, D.N. Zorin, M.Yu. Gladkikh, M.I. Selionova

Abstract

Background. Modern molecular genetic technologies make it possible to monitor genetic resources, both at individual and population levels, and reduce the time of genetic improvement of herds.

Purpose. The given research aims to study the polymorphism of microsatellite loci in Limousine beef cattle bred in the Republic of Bashkortostan. The objectives include analysing the polymorphism of microsatellite loci in Limousine cattle, produced by absorptive crossing of Limousine bulls with dual-purpose cows (Simmen-

tal and Bestuzhev) and investigating the genetic structure and indicators of genetic diversity of Limousine cattle subpopulations.

Materials and methods. The research objects are young Limousine cattle of absorptive crossing grown in the limited liability farm “Miasnoi soyuz bashkirskikh proizvoditelei (Meat Union of Bashkir Producers) and SEC Yaroslavsky. The research was conducted in the genetic laboratories of the Bashkir State Pedagogical University named after M. Akmulla, the Federal State Budgetary Educational Institution of the Higher Education the Russian State Agricultural University named after K.A. Timiryazev and Bashkir Agricultural Research Institute of the Ufa Federal Research Centre of the Russian Academy of Sciences.

Results. The analysis of 16 STR loci in Limousine cattle DNA revealed 116 alleles in group I, where the maternal foundation was of the Simmental breed, and 74 alleles in group II, where the maternal foundation was of the Bestuzhev breed. The average number of alleles per locus was 7.25 in group I, and 4.63 in group II. The mean number of effective alleles per locus in groups I and II was 4.14 and 3.27, respectively. Group I exhibited high Shannon index values in the loci TGLA227, BM2113, TGLA53, CSSM66, and INRA023. The observed and expected heterozygosity levels showed no significant differences. The spatial arrangement of genotypes in the principal coordinate system indicated that the studied subpopulations represent well-consolidated groups, with the preservation of individual genetic diversity in individuals, united by common ancestry and belonging to the same breed.

Conclusion. The obtained results can be used for the rational use of genetic resources of cattle of the Limousine breed and the development of genetically based breeding programs.

Keywords: cattle; microsatellites; fragment analysis; polymorphism; genetic diversity

For citation. Sedykh, T. A., Gareeva, D. I., Subkhangulov, N. R., Kosilov, V.I., Zorin, D. N., Gladkikh, M. Yu., & Selionova, M. I. (2025). Polymorphism of microsatellite loci of cattle of the Limousine breed bred in the Republic of Bashkortostan. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*, 17(4), 223-249. <https://doi.org/10.12731/2658-6649-2025-17-4-1207>

Введение

Производство высококачественной говядины, полученной от специализированного мясного скота, является актуальной задачей мясного животноводства.

По статистическим данным в 2021 году доля говядины составляла 14,7% от всей продукции мясного животноводства и занимала 3 место на рынке

мяса. Импорт говядины за 2012-2021 гг. снизился более чем в 3 раза при одновременном росте экспорта. Основными потребителями отечественного мяса являются Китай, Казахстан, Саудовская Аравия. Для увеличения производства говядины в России и снижения доли импортных поставок в стране взят курс на развитие специализированного мясного скотоводства. Но, несмотря на это, производство говядины находится еще на достаточно низком уровне, не позволяя увеличить производство до необходимых объемов [16].

В настоящее время, для увеличения объемов производства высококачественной говядины необходимо рационально использовать генетические ресурсы специализированного мясного скота импортной и отечественной селекции.

Широкое внедрение и практическое использование экономически эффективных систем разведения скота на основе конкурентоспособных мясных пород мирового уровня и имеющихся в отдельных регионах страны малоиспользуемых пастбищных ресурсов позволит в полной мере реализовать наименее затратные ресурсосберегающие технологии производства высококачественной говядины. В то же время, специфика современного российского рынка говядины, в отличие от стран с развитым мясным скотоводством, позволяет на долгосрочной основе существенно наращивать объемы ее производства с опорой на внутренний рынок [2].

В качестве одного из радикальных и результативных приемов ускоренного создания высокопродуктивных стад мясного скота в хозяйствах, занимающихся производством говядины, используется поглотительное скрещивание производителей (преимущественно чистопородных) высокопродуктивных мясных пород с коровами молочного и комбинированного направления продуктивности [5; 10], что позволяет расширить использование имеющихся ценных генетических ресурсов мясного скота и повысить производство высококачественной говядины. Данный прием хорошо известен в Республике Башкортостан и ранее широко использовался для создания мясных стад. Суть его заключалась в поглощении наследственности малопродуктивной (с точки зрения мясной продуктивности) материнской породы с последующим преобразованием в 4-5 поколении в заводскую отцовскую породу.

На сегодняшний день рациональное использование ценных с точки зрения селекционно-племенной работы генетических ресурсов не возможно без применения молекулярно-генетических методов, которые помогают выявить особенности генофонда породы, разрабатывать генетически обоснованные программы устойчивого развития пород и их сохранения, выявлять ошибки при анализе достоверности происхождения животных [7; 18; 21]. Постоянный мониторинг генетического и продуктивного потенци-

ала животных является необходимым элементом эффективной селекционно-племенной работы. При этом наряду с использованием традиционной оценки племенной ценности животных широко применяется генотипирование по ряду конкретных генетических маркеров [1; 3; 8; 19].

Популярными генетическими маркерами вследствие высокого уровня полиморфизма и стабильного аутосомного кодоминантного наследования являются микросателлиты [6; 9; 11; 15]. Генетический анализ с применением STR-маркеров позволяет селекционерам эффективно использовать различные подходы для управления селекционным процессом [8; 17; 19; 20]. Типирование на основе микросателлитов дает возможность специалистам на молекулярном уровне оценить генетическое разнообразие пород и популяций, а также получить информацию для повышения эффективности геномной селекции [4; 12; 13; 14]. В целом, современные ДНК-технологии, используемые в ходе постоянного генетического мониторинга пород, как на индивидуальном, так и на популяционном уровнях, позволяют сократить сроки генетического совершенствования стад.

Благодаря разведению герефордской, лимузинской, абердин-ангусской и казахской белоголовой пород в Республике Башкортостан накоплен определенный генофонд мясного скота. В связи с этим целью исследования явилось изучение полиморфизма микросателлитных локусов у мясного скота лимузинской породы, разводимого на территории Республики Башкортостан.

В задачи входило изучение полиморфизма микросателлитных локусов у скота лимузинской породы, полученного путем поглотительного скрещивания быков лимузинской породы с коровами комбинированного направления продуктивности (симментальская и бестужевская); изучение генетической структуры и показателей генетического разнообразия субпопуляций лимузинского скота.

Материалы и методы

Исследования проводились в 2024 г. в научно-исследовательской лаборатории «Центр молекулярных и биотехнологических исследований» Башкирского государственного педагогического университета имени М. Акмуллы, на базе Учебно-научного центра коллективного пользования «Лаборатория геномного анализа животных» Российского государственного аграрного университета – Московской сельскохозяйственной академии имени К.А. Тимирязева и в молекулярно-генетической лаборатории Башкирского научно-исследовательского института сельского хозяйства Уфимского федерального исследовательского центра Российской академии наук.

Материалом для исследования служила кровь бычков и телок. Отбор образцов осуществлялся из яремной вены в пробирки с ЭДТА. Условия содержания животных в подопытных группах были одинаковыми. Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями Russian Regulations, 1987 (Order No. 755 on 12.08.1977 the USSR Ministry of Health) and «The Guide for Care and Use of Laboratory Animals (National Academy Press Washington, D.C. 1966)». При выполнении исследований были приняты усилия, чтобы свести к минимуму страдания животных. Объектом исследований явились бычки и телки лимузинской породы в возрасте 13-14 мес. из стад, созданных путем плотительного скрещивания в хозяйствах СПК «Ярославский» Дуванского района РБ и ООО «Сава-Агро-Япрык» Туймазинского района РБ в период с 2000 по 2005 годы.

I-я опытная группа была сформирована молодняком ($n=40$) из стада ООО «Мясной союз башкирских производителей», расположенного в с. Кривле-Илюшкино Куюргазинского района РБ, родители изучаемых животных были завезены в хозяйство в 2020 г. из ООО «Сава-Агро-Япрык», где стадо было получено путем плотительного скрещивания быков лимузинской породы (Мавр3058, Малыш 126, Гекон 3134, Гранит 1010, Важный 147) и коров симментальской породы. II-я группа была сформирована молодняком ($n=17$) из стада СПК «Ярославский» Дуванского района РБ, стадо было получено путем плотительного скрещивания быков лимузинской породы (Эпи 125, Е 7120, Ротари 0496, Модисон 8845, № 8643) и коров бестужевской породы.

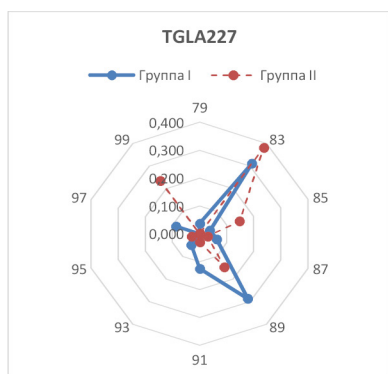
Выделение ДНК проводили с помощью набора ДНК-Экстран 1, для мультиплексного анализа по 16-ти микросателлитным локусам использовали набор Gene Profile Cattle (Научно-производственная компания «СИНТОЛ», Россия). Набор маркеров для анализа включал 16 микросателлитов: TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, CSRM60, SPS115, TGLA122, BM1818, HAUT27, CSSM66, BM1824, ETH3, TGLA126, ETH225, INRA023 и ILSTS006. Фрагменты амплификации идентифицировали на генетическом анализаторе SUPERBIO INTERNATIONAL Honor 1616 (Китай). Идентификацию результатов осуществляли в программе GeneMapper v4.0 (Applied Biosystems) с использованием профиля контрольной ДНК из набора Gene Profile Cattle CD-240. Статистическую обработку данных проводили по стандартным методикам с использованием программного обеспечения GenAlEx v 6.5 (Peakall и Smouse 2006, 2012).

Генетико-популяционный анализ осуществляли по показателям: N_a – количество информативных аллелей, N_e – количество эффективных

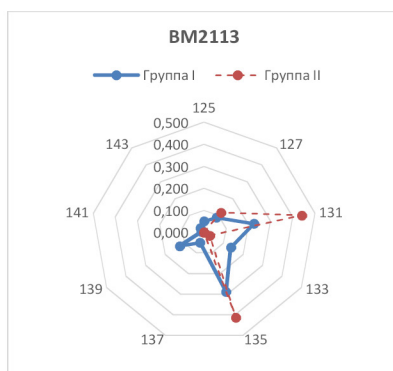
аллелей, I – индекс Шеннона, H_o – наблюдаемая гетерозиготность, H_e – ожидаемая гетерозиготность, F – индекс фиксации Райта. Кластеризацию субпопуляций (стад) крупного рогатого скота проводили с построением диаграммы распределения генотипов животных по микросателлитным локусам в системе принципиальных координат (PCoA).

Результаты

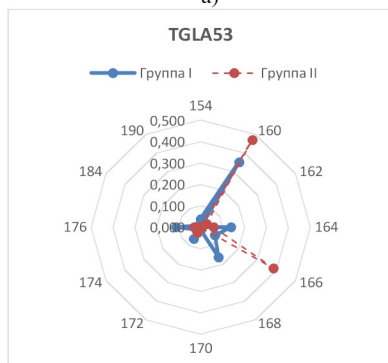
Для мониторинга генетического состояния популяции животных наиболее удобным и общепринятым является анализ STR-маркеров. Оценка генетической структуры изучаемых стад лимузинского скота, созданных путем поглотительного скрещивания, осуществлялась по шестнадцати известным микросателлитным локусам. На рисунке 1 (а, б, в, г, д, е, ж, з, и, к, л, м, н, п, р, с) представлены частоты аллелей изученных локусов.



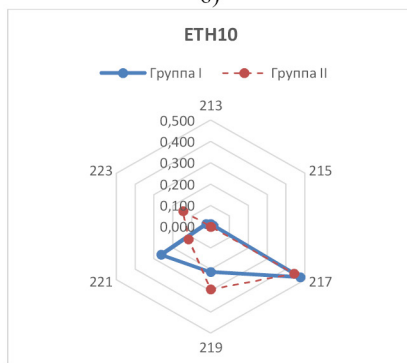
а)



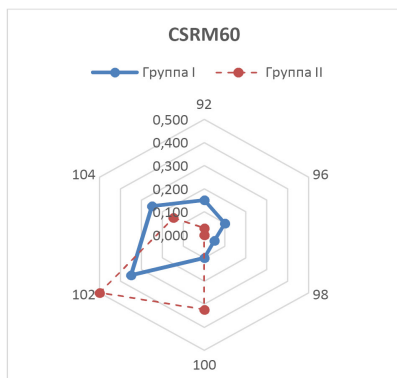
б)



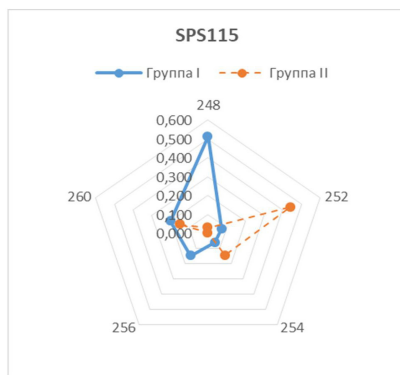
в)



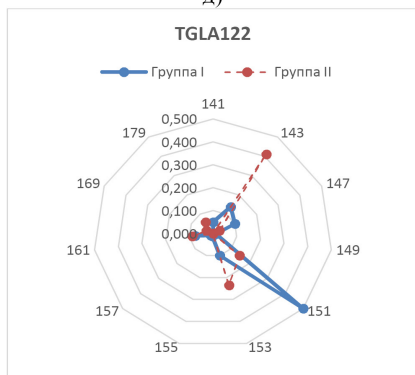
г)



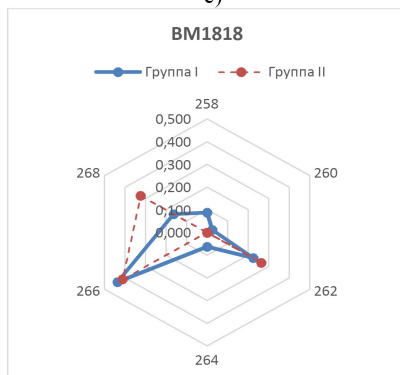
д)



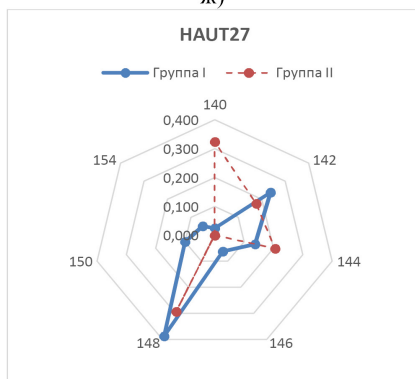
е)



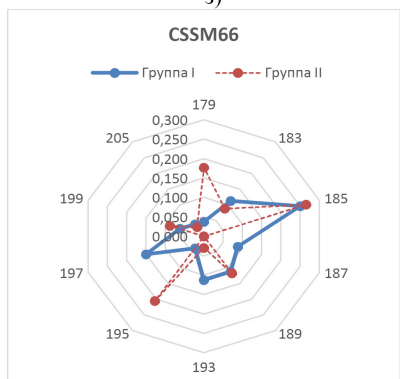
ж)



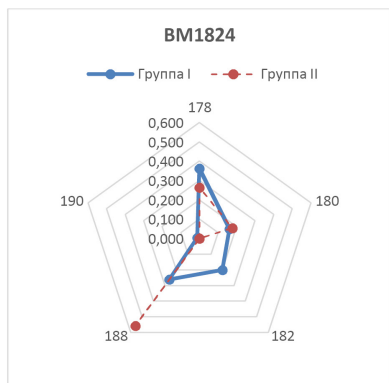
з)



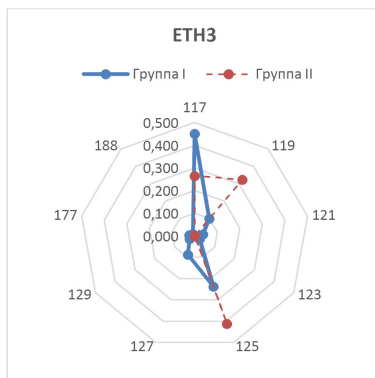
и)



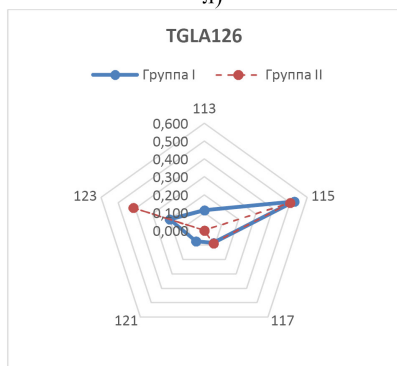
к)



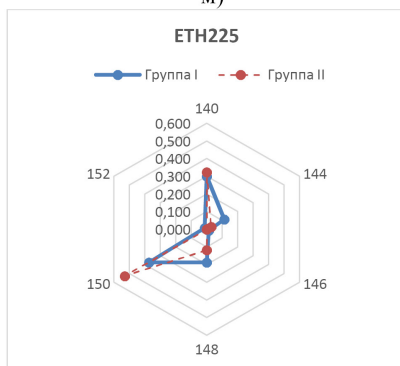
л)



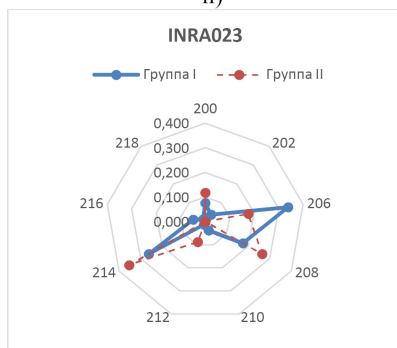
м)



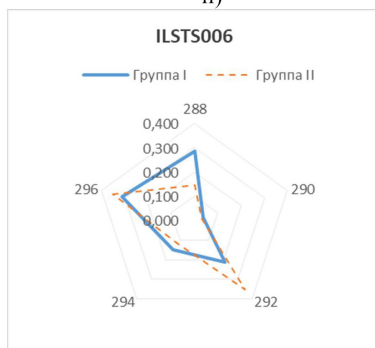
н)



п)



р)



с)

Рис. 1. Частоты аллелей микросателлитных локусов

Распределение генотипов животных по микросателлитным локусам, их аллельное состояние и частоты аллелей характеризуют особенности генетической структуры субпопуляций крупного рогатого скота, полученных путем поглотительного скрещивания с использованием различных материнских пород.

В целом в изучаемых микросателлитных локусах нами отмечено множественный аллелизм, что согласуется с данными других исследований [5; 6; 9-14].

В генетической структуре I группы животных наблюдается 116 аллелей, во II - 74 аллеля, что может свидетельствовать об определенном генетическом разнообразии.

Локус TGLA227. В I группе доля гомозиготных особей по локусу TGLA227 составила 22,50%, при этом наиболее часто встречаются генотипы – 89/89 (7,50%) и 83/83 (7,50%). Доля гетерозиготных животных составила 77,50%, наиболее часто встречающиеся генотипы – 83/89 (15,00%) и 89/77 (10,00%). Во II группе животных доля гомозиготных особей составила 11,80%, встречаются только два генотипа 83/83 (5,90%) и 85/85 (5,90%). Доля гетерозиготных животных составила 88,20%, наиболее часто встречается генотип 83/99 (29,40%). У животных I группы определено 8 аллелей, высокая частота наблюдается (рис.1 а) у аллелей 83 (0,313) и 89 (0,288), у II группы определено 7 аллелей, высокая частота – 83 (0,382) и 99 (0,235). В I группе отсутствуют аллели 95 и 99, во II группе редко встречаются аллели 87, 91 и 95 (0,029) и отсутствуют аллели 79, 93, 97.

Локус BM2113. Доля гомозиготных особей по локусу BM2113 в I группе составила 17,50%, при этом наиболее часто встречается генотип 135/135 (15,00%). Доля гетерозиготных животных составила 82,50%, наиболее часто встречающиеся генотипы – 127/131 (15,00%). Во II группе животных доля гомозиготных особей составила 41,18%, часто встречается генотип 131/131 (23,53%), доля гетерозиготных животных составила 58,82%, наиболее часто встречается генотип 131/135 (29,41%). У животных I группы определено 9 аллелей, высокая частота встречаемости наблюдается (рис.1 б) у аллелей 131 (0,225) и 135 (0,288), у II группы отмечено 4 аллеля, высокая частота – 131 (0,441) и 135 (0,412). В I группе редко встречается аллель 141 (0,013), во II группе редко встречается аллель 133 (0,029) и отсутствуют аллели 125, 137, 139, 141 и 143, которые определяются у животных I группы.

Локус TGLA53. Доля гомозиготных животных по локусу TGLA53 в I группе составила 27,50%, при этом наиболее часто встречается генотип 160/160 (15,00%), доля гетерозиготных животных составила 72,50%,

наиболее часто встречающиеся генотипы –160/168 (10,00%) и 160/176 (12,50%). Во II группе доля гомозиготных особей составила 35,30%, часто встречается генотип 160/160 (23,50%), доля гетерозиготных животных составила 64,70%, наиболее часто встречается генотип 160/166 (29,40%). Высокая частота встречаемости аллелей в этом локусе наблюдается (рис. 1 в) у животных I группы – 160 (0,350) (всего определено 11 аллелей), у II группы – 160 (0,471) и 166 (0,382) (определено 6 аллелей). В I группе редко встречаются аллели 170, 184 и 190 (0,013), во II группе отсутствуют аллели 154, 168, 170, 174, 184 и 190, которые с различной частотой встречаются у животных I группы.

Локус ETH10. Доля гомозиготных животных по локусу ETH10 в I группе составила 20,0%, при этом наиболее часто встречается генотип 217/217 (17,50%), доля гетерозиготных животных составила 80,0%, наиболее часто встречающиеся генотипы –217/219 (25,00%) и 217/221 (27,50%). Во II группе животных доля гомозиготных особей составила 11,76%, часто встречается генотип 160/160 (23,50%), доля гетерозиготных животных составила 64,70%, встречается только два генотипа 217/217 и 219/219 с одинаковой частотой 5,88. В этом локусе (рис. 1 г) у животных I и II групп выявлено 6 и 4 аллеля, отмечена высокая частота аллеля 217 – 0,475 и 0,441 соответственно. В I группе редко встречаются аллели 213 и 215 (0,013), во II группе указанные аллели отсутствуют.

Локус CSRM60. Доля гомозиготных особей по локусу CSRM60 в I и II группах составила 12,50% и 23,59%, при этом наиболее часто встречается генотип 102/102 7,50% и 17,65% соответственно. Доля гетерозиготных животных в I и II группах составила 87,50 и 76,41%, наиболее часто встречающиеся генотипы: 92/102 – 20,00% (в I группе) и 100/102 – 15,00% (во II группе). Высокая частота аллелей в этом локусе наблюдается (рис. 1 д) у животных I группы – 102 (0,350) и 104 (0,250) (всего определено 6 аллелей), у II группы – 100 (0,324) и 102 (0,500) (определено 4 аллеля). Во II группе редко встречается аллель 90 (0,029) и отсутствуют аллели 96 и 98, которые с невысокой частотой встречаются у животных I группы.

Локус SPS115. Доля гомозиготных животных по локусу SPS115 в I и II группах составила 37,50% и 17,65%, при этом наиболее часто встречается генотип – 248/248 (32,50% и 17,65%), доля гетерозиготных животных в этих группах составила 62,50% и 82,35%, наиболее часто в обеих группах встречается генотип 248/260 – 12,50% и 29,41% соответственно. В этом локусе (рис. 1 е) у животных I и II групп определено соответственно 5 и 4 аллеля, наблюдается высокая частота встречаемости аллеля 248 (по

группам - 0,350 и 0,441) и аллеля 260 (0,200 и 0,265). Во II группе отсутствует аллель 254.

Локус *TGLA122*. Доля гомозиготных особей по локусу *TGLA122* в I и II группах составила 27,50% и 5,88%, среди животных I группы наиболее часто встречается генотип 151/151 (22,50%), во II группе отмечено только одно животное гомозиготным генотипом 151/151. Доля гетерозиготных животных в I и II группах составила 72,50% и 94,12%, наиболее часто встречающиеся генотипы: 143/151 (17,50% в I группе) и 143/153 (41,17% во II группе). У животных I группы определено 9 аллелей, высокая частота встречаемости (рис.1 ж) наблюдается у аллелей 151 (0,500), у II группы определено 7 аллелей, высокая частота у аллелей 143(0,412) и 153 (0,253). В I группе редко встречаются аллели 149, 155, 157 (0,013), отсутствуют аллели 169 и 179. Во II группе редко встречаются аллели 147 и 169 (0,029) и отсутствуют аллели 141, 155, 157, которые с невысокой частотой встречаются у животных I группы.

Локус *BM1818*. Доля гомозиготных особей по локусу *BM1818* в I группе составила 27,50%, при этом наиболее часто встречается генотип 266/266 (22,5%), доля гетерозиготных животных составила 72,50%, наиболее часто встречающийся генотип 262/266 (22,50%). Во II группе животных доля гомозиготных особей составила 11,76%, встречаются только два генотипа – 266/266 и 268/268 (5,88%). Доля гетерозиготных животных составила 88,24%, часто встречаются генотипы 262/266 и 266/268 с одинаковой частотой 35,29%. В этом локусе (рис.1з) у животных I и II групп определено 6 и 3 аллеля, отмечена высокая частота у аллеля 266 - 0,438 и 0,412 соответственно, среди животных II группы высокая частота у аллеля 268 (0,324). В I группе редко встречается аллель 260 (0,025), во II группе аллели 258, 260 отсутствуют.

Локус *HAUT27*. В I группе доля гомозиготных особей по локусу *HAUT27* составила 40,00%, при этом наиболее часто встречаются генотипы 148/148 и 142/142 с одинаковой частотой 15,00%. Доля гетерозиготных животных составила 60,00%, наиболее часто встречающиеся генотипы 148/150 (12,50%) и 144/148 (10,00%). Во II группе животных доля гомозиготных особей составила 35,29%, часто встречается генотип 148/148 (17,64%), доля гетерозиготных животных составила 64,71%, наиболее часто встречается генотип 140/144 (17,65%). В этом локусе (рис.1 и) у животных I группы выявлено 7 аллелей, отмечена высокая частота аллеля 148 (0,388), у II группы - 4 аллеля, часто встречаются аллели 140 (0,324) и 148 (0,294). Во II группе аллели 146 и 150 отсутствуют.

Локус CSSM66. Доля гомозиготных животных по локусу CSSM66 в I группе составила 10,00%, при этом наиболее часто встречается генотип 185/185 (5,00%). Доля гетерозиготных животных составила 90,00%, наиболее часто встречается генотип 185/189 (15,00%). Во II группе все животные имеют гетерозиготные генотипы, наиболее часто встречается генотип 199/178 (29,41%). У животных I и II групп определено 10 и 8 аллелей, высокая частота (рис.1 к) наблюдается у аллеля 185 - 0,250 и 0,265 соответственно. Во II группе с одинаковой частотой редко встречаются аллели 193 и 205 (0,029), отсутствуют аллели 187 и 197.

Локус BM1824. В I группе доля гомозиготных особей по локусу BM1824 составила 27,50%, при этом наиболее часто встречается генотип 178/178 (12,50%). Доля гетерозиготных животных составила 72,50%, наиболее часто встречается генотип 178/182 (20,00%). Во II группе, доля гомозиготных животных составила 5,88%, определено одно гомозиготное животное с генотипом 188/188. Доля гетерозиготных животных составила 94,12%, наиболее часто встречается генотип 178/188 (52,94%). В этом локусе (рис.1 л) у животных I группы определено 5 аллелей, отмечена высокая частота аллеля 178 (0,363), у II группы определено 3 аллеля, часто встречается аллель 188 (0,559). Во II группе отсутствуют аллели 182 и 190.

Локус ETH3. Доля гомозиготных особей по локусу ETH3 в I группе составила 20,00%, все они имеют генотип 117/117, доля гетерозиготных животных составила 80,00%, наиболее часто встречающийся генотип – 117/125 (22,50%). Во II группе животных доля гомозиготных особей составила 41,18%, часто встречается генотип 125/125 (23,53%). Доля гетерозиготных животных составила 58,82%, часто встречается генотип 117/115 (23,53%). В этом локусе (рис.1 м) у животных I группы определено 9 аллелей, отмечена высокая частота аллеля 117 - 0,450, среди особей II группы – 3 аллеля и высокая частота у аллелей 125 (0,412) и 119 (0,324). В I группе редко встречаются аллели 188 (0,013) и 123, 129, 177 (0,025), во II группе отсутствуют аллели 121, 123, 127, 129, 177 и 188, которые определены в I группе животных.

Локус TGLA126. Доля гомозиготных особей по локусу TGLA126 в I группе составила 42,50%, при этом часто встречается генотип 115/115 (37,50%). Доля гетерозиготных животных составила 57,50%, наиболее часто встречающийся генотип 115/123 (27,50%). Во II группе доля гомозиготных особей составила 17,65%, все они имеют генотип 115/115. Доля гетерозиготных животных составила 82,35%, часто встречается генотип 115/123 (35,29%). В этом локусе (рис.1 н) у животных I и II групп выявлено

5 и 3 аллеля, отмечена высокая частота аллеля 115 - 0,525 и 0,500 соответственно. Во II группе отсутствуют аллели 113 и 121.

Локус ETH225. В I группе доля гомозиготных особей по локусу ETH225 составила 35,00%, при этом наиболее часто встречается генотип 150/150 (17,50%). Доля гетерозиготных животных составила 65,00%, наиболее часто встречающиеся генотипы 140/150 (15,00%). Во II группе, доля гомозиготных животных составила 47,06%, часто встречаются особи с генотипом 150/150 (29,41%). Доля гетерозиготных животных составила 52,94%, наиболее часто встречается генотип 140/150 (47,06%). В этом локусе (рис.1 п) у животных I группы определено 6 аллелей, отмечена высокая частота аллелей 150 (0,375) и 140 (0,300), у II группы определено 4 аллеля, часто встречаются аллели 140 (0,324) и 150 (0,529). Во II группе отсутствуют аллели 182 и 190.

Локус INRA023. Доля гомозиготных особей по локусу INRA023 в I и II группах составила 17,50% и 29,41%, среди животных I группы наиболее часто встречается генотип 206/206 (7,50%), во II группе - 208/208 (11,77). Доля гетерозиготных животных в I и II группах составила 82,50% и 70,59%, наиболее часто встречающиеся генотипы: 206/214 (20,00%) в I группе и 206/214 (17,67%) и 212/214 (17,67%) во II группе. У животных I группы определено 9 аллелей, высокая частота встречаемости (рис.1 р) наблюдается у аллелей 206 (0,338) и 214 (0,263), у II группы определено 5 аллелей, высокая частота у аллелей 208 (0,265) и 214 (0,353). В I группе редко встречаются аллели 210 и 218 (0,013). Во II группе отсутствуют аллели 202, 210, 216, 218, которые с невысокой частотой встречаются у животных I группы.

Локус ILSTS006. В I группе доля гомозиготных особей по локусу ILSTS006 составила 15,00%, при этом наиболее часто встречается генотип 296/296 (7,50%). Доля гетерозиготных животных составила 85,00%, наиболее часто встречается генотип 288/296 (30,00%). Во II группе, доля гомозиготных животных составила 23,53%, часто встречается генотип 296/296 (17,65%). Доля гетерозиготных животных составила 76,47%, часто встречается генотип 292/294 (23,53%). У животных I группы (рис.1 с) определено 5 аллелей, отмечена высокая частота аллелей 288 (0,288) и 296 (0,313), у II группы также определено 5 аллелей, часто встречаются аллели 292(0,353) и 296 (0,353). Во II группе редко встречается аллель 290, частота которого составила 0,029.

В целом, анализируя показатели распределения частот аллелей в STR локусах по исследуемым популяциям, следует отметить, что в 16-ти локу-

сах есть аллели, которые и в I и во II группе в одних и тех же локусах показывают высокую частоту встречаемости. Так, в обеих группах отмечена высокая частота встречаемости TGLA227 38 (0,313 и 0,382), ETH10 217 (0,475 и 0,441), SPS115 248 (0,513 и 0,441), BM1818 266 (0,438 и 0,412), ILSTS006 296 (0,313 и 0,353), TGLA126 115 (0,525 и 0,500), CSSM66 185 (0,250 и 0,265), TGLA53 160 (0,350 и 0,471), CSRM60 102 (0,350 и 0,500), ETH225 150 (0,375 и 0,529) соответственно.

В пяти локусах в обеих группах животных наблюдаются высокая частота встречаемости разных аллелей. Так в I группе животных отмечена высокая частота встречаемости аллелей BM2113 135 (0,288), TGLA122 151 (0,500), HAUT27 148 (0,388), ETH3 117 (0,450), INRA023 206 (0,338), во II группе животных - высокая частота встречаемости аллелей BM2113 131 (0,441), TGLA122 143 (0,412), HAUT27 140 (0,324), BM1824 188 (0,559), ETH3 125 (0,412), INRA023 214 (0,353).

В таблице 1 приводятся показатели аллельного состояния микросателлитных локусов и индекс Шеннона, характеризующий генетическое разнообразие изучаемых субпопуляций.

Таблица 1.

Показатели аллельного состояния микросателлитных локусов лимузинского скота и генетического разнообразия изучаемых стад

Локус	Показатели					
	Na		Ne		I	
	I	II	I	II	I	II
TGLA227	8	7	4,699	4,042	1,764	1,583
BM2113	9	4	5,517	2,639	1,886	1,082
TGLA53	11	6	5,195	2,676	1,929	1,200
ETH10	6	4	2,936	3,158	1,236	1,255
CSRM60	6	4	4,348	2,651	1,609	1,097
SPS115	5	4	2,988	3,247	1,317	1,277
TGLA122	9	7	3,361	3,853	1,588	1,576
BM1818	6	3	3,563	2,905	1,471	1,082
HAUT27	7	4	4,124	3,778	1,627	1,357
CSSM66	10	8	7,207	5,723	2,124	1,871
BM1824	5	3	3,747	2,418	1,391	0,983
ETH3	9	3	3,571	2,905	1,599	1,082
TGLA126	5	3	2,928	2,340	1,313	0,926
ETH225	6	4	3,587	2,502	1,398	1,057

Локус	Показатели					
	Na		Ne		I	
	I	II	I	II	I	II
INRA023	9	5	4,451	4,042	1,723	1,491
ILSTS006	5	5	4,010	3,503	1,459	1,373
В среднем по группе	7,250 $\pm 0,504^a$ ***	4,625 $\pm 0,397^b$	4,140 $\pm 0,280^a$ **	3,274 $\pm 0,218^b$	1,590 $\pm 0,062$	1,429 $\pm 0,053$
В среднем по популяции	5,938 $\pm$ 0,394		3,707 $\pm$ 0,191		1,429 $\pm$ 0,053	

Примечание: Na – аллели; Ne – эффективные аллели, I – индекс Шеннона
Здесь и далее: *** $p < 0,001$; ** $p < 0,01$; а и б – сравниваемые показатели.

Анализируя полученные результаты, следует отметить, что в I группе среднее количество аллелей на локус с высокой степенью достоверности ($p < 0,001$) превышает аналогичный показатель во II группе на 2,625, количество эффективных аллелей ($p < 0,01$) на 0,866 и наблюдается тенденция увеличения индекса Шеннона – на 0,161, что в определенной степени является свидетельством более высокого генетического разнообразия субпопуляции созданной поглотительным скрещиванием на основе симментальской породы. Число аллелей на локус в I группе варьирует от 5 до 11, во II группе – от 3 до 8.

В среднем по популяции количество аллелей составило 5,938, эффективных аллелей – 3,707, индекс Шеннона – 1,429. Полученные данные согласуются с результатами исследований ряда авторов на черно-пестрой породе, сычевской, бурой швицкой и ярославской породах, где среднее количество аллелей на локус составило 7, в то время как в герефордской и симментальской этот показатель снижен до 3,3 и 5,3 аллелей на локус соответственно [5].

Наибольшее количество аллелей отмечено в обеих группах животных в локусе CSSM66 (10 и 8), только в I группе - в локусах TGLA53 (11) и TGLA122 (9). Наименьшее количество аллелей в обеих группах животных наблюдается в локусах BM1824 - (5;3) и TGLA126 - (5;3), только у II группы - в локусах ETH3 (3) и BM1818 (3). Наибольшее количество эффективных аллелей в обеих группах отмечено в локусе CSSM66 (7,207 и 5,723).

Генетическое разнообразие в популяциях характеризует показатель - индекс Шеннона. Во второй группе значения индекса не превышали 1,583 (TGLA227). Высокие показатели данного индекса наблюдались у бычков

I группы в локусах TGLA227 (1,764), BM2113 (1,886), TGLA53(1,929), CSSM66 (2,124), INRA023 (1,723), что свидетельствует о высоком вкладе аллельного состояния данных локусов в генетическое разнообразие субпопуляции крупного рогатого скота лимузинской породы, разводимого в Куюргазинском районе Республике Башкортостан.

Данные расчетов наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности приводятся в таблице 2.

Таблица 2.

Наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность

Группа	Не	Но	F
I	0,744±0,015 ^{a**}	0,742±0,025	0,003±0,028
II	0,677±0,018 ^б	0,768±0,035	-0,138±0,050
В среднем	0,711±0,013	0,755±0,021	-0,068±0,031

Примечание: Но - наблюдаемая гетерозиготность, Не - ожидаемая гетерозиготность, F - индекс Райта

Анализ показателей ожидаемой гетерозиготности изученных стад выявил достоверные межгрупповые различия ($p < 0,01$), так в I группе данный показатель был выше на 0,067. В разрезе изучаемых групп отмечена незначительная разница между полученными данными наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности, что подтверждается низкими значениями индекса фиксации Райта. В данном случае значения индекса в изучаемых стадах варьировала от - 0,136 до 0,003 и близки к нулю, что свидетельствует о незначительном различии в частотах аллелей изучаемых стад и о низкой дивергенции.

Кластеризация субпопуляций молодняка в РСoA приводится на рисунке 2, где на основе генотипов по микросателитным локусам представлено пространственное распределение каждого исследованного животного.

Анализируя графическое изображение можно сказать, что две изучаемые субпопуляции представляют собой хорошо консолидированные группы, имеющие общую зону распределения генотипов по микросателитным локусам в центре массива. Также отмечено, что определенная часть генотипов расположена за пределами центра массива, особенно это характерно для особей, где материнской основой при создании стада являлась симментальская порода. Пространственное расположение генотипов в системе принципиальных координат свидетельствует о сохранении индивидуального генетического разнообразия особей, которые объединены общностью происхождения и принадлежностью к одной породе.

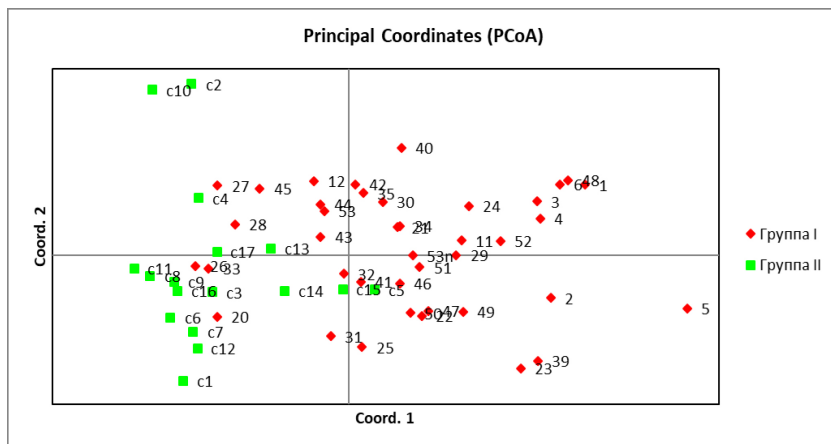


Рис. 2. Кластеризация субпопуляций молодняка лимузинского скота

Заключение

При анализе 16 STR локусов ДНК крупного рогатого скота лимузинской породы идентифицировано 116 аллелей у I группы животных из стада, где при поглотительном скрещивании материнской основой служила симментальская порода и 77 аллеля - у II группы животных, где материнской основой была бестужевская порода. Число аллелей на один локус у I группы в среднем составило 7,25 у II группы – 4,63. У животных I и II группы среднее количество эффективных аллелей по локусам составило 4,14 и 3,27 соответственно. В I группе среднее количество аллелей на локус с высокой степенью достоверности на 2,625 ($p < 0,001$) превышает аналогичный показатель во II группе, что в определенной степени является свидетельством более высокого генетического разнообразия, здесь же количество эффективных аллелей выше на 0,866 ($p < 0,01$). В I группе также наблюдаются высокие значения индекса Шеннона в локусах TGLA227, BM2113, TGLA53, CSSM66, INRA023. Число аллелей на локус в I группе варьирует от 5 до 11, во II группе – от 3 до 8. В среднем по популяции количество аллелей составило 5,938, эффективных аллелей – 3,707, индекс Шеннона – 1,429. Показатели наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности различаются не значительно. Пространственное расположение генотипов в системе принципиальных координат свидетельствует о том, что изучаемые субпопуляции представляют собой хорошо консолидированные группы, наблюдается сохранение индивидуального генетического

разнообразия особей, которые объединены общностью происхождения и принадлежностью к одной породе.

Список литературы

1. Джуламанов, К. М., Селионова, М. И., & Герасимов, Н. П. (2018). Генетическая характеристика популяции герефордского скота. *Вестник Башкирского государственного аграрного университета*, (4(48)), 59–64. <https://doi.org/10.31563/1684-7628-2018-48-4-59-64>. EDN: <https://elibrary.ru/YVBCJN>
2. Дунин, И. М., Тяпугин, С. Е., Мещеров, Р. К., Ходыков, В. П., Аджибеков, В. К., Тяпугин, Е. Е., & Дюльдина, А. В. (2020). Состояние мясного скотоводства в Российской Федерации: реалии и перспективы. *Молочное и мясное скотоводство*, (2), 2–7. <https://doi.org/10.33943/MMS.2020.40.30.001>. EDN: <https://elibrary.ru/TPIWMS>
3. Калашникова, Л. А., Тяпугин, С. Е., Новиков, А. А., & Григорян, Л. Н. (2022). Состояние генофонда в племенном животноводстве Российской Федерации. *Зоотехния*, (12), 13–16. <https://doi.org/10.25708/ZT.2022.12.85.004>. EDN: <https://elibrary.ru/IMAXVW>
4. Каюмов, Ф. Г., & Третьякова, Р. Ф. (2023). Микросателлитный анализ ДНК крупного рогатого скота калмыцкой породы, выращенного в Республике Калмыкия. *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*, (4(102)), 261–265. <https://doi.org/10.37670/2073-0853-2023-102-4-261-265>. EDN: <https://elibrary.ru/YROYCV>
5. Косилов, В. И., Толочка, В. В., Калякина, Р. Г., Быкова, О. А., Гизатуллин, Р. С., & Ермолова, Е. М. (2021). Влияние скрещивания скота разного направления продуктивности на качество мясной продукции помесей. *Аграрный вестник Приморья*, (2(22)), 34–38. EDN: <https://elibrary.ru/STQKNC>
6. Лубенникова, М. В., Афанасьев, В. А., & Афанасьев, К. А. (2024). Полиморфизм микросателлитных маркеров в шебалинской популяции маралов. *Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии*, (1(65)), 163–169. <https://doi.org/10.18286/1816-4501-2024-1-163-169>. EDN: <https://elibrary.ru/UPQOEE>
7. Насамбаев, Е. Г., Бейшова, И. С., Ульянова, Т. В., & Черняева, С. А. (2023). Изучение генетической структуры крупного рогатого скота герефордской породы с применением микросателлитных маркеров. *Наука и образование*, (2-1(71)), 74–82. <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2023-2-1-74-82>. EDN: <https://elibrary.ru/GGXULB>
8. Николаев, С. В., & Ялуга, В. Л. (2024). Генетическая характеристика быков-производителей холмогорской породы в зависимости от их линейной

- принадлежности и уровня голштинизации. *Аграрная наука*, (6), 77–81. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-383-6-77-81>. EDN: <https://elibrary.ru/LHZIEY>
9. Николаев, С. В., & Ялуга, В. Л. (2023). Сравнительная генетическая характеристика микросателлитного профиля голштинизированных и чистопородных холмогорских быков. *Аграрная наука*, (7), 58–62. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-372-7-58-62>. EDN: <https://elibrary.ru/MMSGBJ>
10. Самоделькин, А. Г., Басонов, О. А., Асадчий, А. А., & Козаков, А. В. (2018). Продуктивность помесей различных генотипов при поглотительном скрещивании коров чёрно-пёстрой породы с герефордскими быками. *Вестник Нижегородской государственной сельскохозяйственной академии*, (4(20)), 38–42. EDN: <https://elibrary.ru/YXKHXN>
11. Седых, Т. А., Гладырь, Е. А., Долматова, И. Ю., Волкова, В. В., Гизатуллин, Р. С., & Зиновьева, Н. А. (2014). Полиморфизм микросателлитных локусов крупного рогатого скота герефордской породы различных эколого-генетических генераций. *Вестник АПК Ставрополя*, (3(15)), 121–128. EDN: <https://elibrary.ru/SZBVNB>
12. Столповский, Ю. А., Бекетов, С. В., Солоднева, Е. В., & Кузнецов, С. Б. (2024). Сохранение генетических ресурсов сельскохозяйственных животных. *Главный зоотехник*, (3(248)), 3–18. <https://doi.org/10.33920/sel-03-2403-01>. EDN: <https://elibrary.ru/CWYNQN>
13. Тяпугин, С. Е., Калашникова, Л. А., Новиков, А. А., & Семак, М. С. (2022). Генетическая экспертиза племенной продукции в животноводстве по группам крови и маркерам ДНК. *Зоотехния*, (5), 2–5. <https://doi.org/10.25708/ZT.2022.20.69.001>. EDN: <https://elibrary.ru/MNGTYS>
14. Харзинова, В. Р., Кудрявцев, А. В., Семерикова, М. Н., & Зиновьева, Н. А. (2023). Изучение популяционной структуры и генетического разнообразия чукотской породы северного оленя на основе анализа микросателлитов. *Достижения науки и техники АПК*, (9(37)), 87–92. https://doi.org/10.53859/02352451_2023_37_9_87. EDN: <https://elibrary.ru/VBESRE>
15. Часовщикова, М. А., & Шевелева, О. М. (2018). Генетическая характеристика крупного рогатого скота герефордской породы Тюменской области с использованием микросателлитных ДНК-маркеров. *Вестник ИРГСА*, (88), 141–150. EDN: <https://elibrary.ru/VKFEGI>
16. Шамина, О. В. (2023). Роль мясного скотоводства в формировании мясного баланса России. *Russian Journal of Management*, (2(11)), 184–190. <https://doi.org/10.29039/2409-6024-2023-11-2-184-190>. EDN: <https://elibrary.ru/YGHQNW>

17. Шаталина, О. С., Ткаченко, И. В., & Ярышкин, А. А. (2021). Генетическая структура популяции голштинизированного чёрно-пёстрого скота по микросателлитным локусам. *Генетика*, 57(2), 205–213. <https://doi.org/10.31857/S0016675821020090>. EDN: <https://elibrary.ru/HUEAQD>
18. Bora, Sh., Tessema, T., & Girmay, G. (2023). Genetic diversity and population structure of selected Ethiopian indigenous cattle breeds using microsatellite markers. *Genetics Research*, 2023, 1106755. <https://doi.org/10.1155/2023/1106755>. EDN: <https://elibrary.ru/WRLJG>
19. Petrov, A., & Kamaldinov, E. (2024). Genetic structure of cattle of the Siberian branch by microsatellite loci. *Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*, 72(3), 230–239. <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-72-3-230-239>. EDN: <https://elibrary.ru/OUEOOC>
20. Stevanovic, J., Stanimirovic, Z., Dimitrijevic, V., & Maletic, M. (2010). Evaluation of 11 microsatellite loci for their use in paternity testing in Yugoslav Pied cattle (YU Simmental cattle). *Czech Journal of Animal Science*, 55, 221–226. <https://doi.org/10.17221/183/2009-CJAS>
21. Ubushieva, V., Gorlov, I., Chimidova, N., & Ubushieva, A. (2024). Microsatellite analysis of Kalmyk cattle. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*, 19, 12–18. <https://doi.org/10.22363/2312-797X-2024-19-1-12-18>. EDN: <https://elibrary.ru/BIJLFM>

References

1. Dzhulamanov, K. M., Selionova, M. I., & Gerasimov, N. P. (2018). Genetic characteristics of the Hereford cattle population. *Bulletin of Bashkir State Agrarian University*, (4(48)), 59–64. <https://doi.org/10.31563/1684-7628-2018-48-4-59-64>. EDN: <https://elibrary.ru/YVBCJN>
2. Dunin, I. M., Tyapugin, S. E., Meshcherov, R. K., Khodykov, V. P., Adzhibekov, V. K., Tyapugin, E. E., & Dyuldina, A. V. (2020). State of beef cattle breeding in the Russian Federation: realities and prospects. *Milk and Meat Cattle Breeding*, (2), 2–7. <https://doi.org/10.33943/MMS.2020.40.30.001>. EDN: <https://elibrary.ru/TPIWMS>
3. Kalashnikova, L. A., Tyapugin, S. E., Novikov, A. A., & Grigoryan, L. N. (2022). State of the gene pool in pedigree livestock breeding in the Russian Federation. *Zootechny*, (12), 13–16. <https://doi.org/10.25708/ZT.2022.12.85.004>. EDN: <https://elibrary.ru/IMAXVW>
4. Kayumov, F. G., & Tretyakova, R. F. (2023). Microsatellite DNA analysis of Kalmyk cattle raised in the Republic of Kalmykia. *Proceedings of Orenburg State Agrarian University*, (4(102)), 261–265. <https://doi.org/10.37670/2073-0853-2023-102-4-261-265>. EDN: <https://elibrary.ru/YROYCV>

5. Kosilov, V. I., Tolochka, V. V., Kalyakina, R. G., Bykova, O. A., Gizatullin, R. S., & Ermolova, E. M. (2021). Effect of crossbreeding cattle of different productivity types on meat quality of crossbreds. *Agrarian Bulletin of Primorye*, (2(22)), 34–38. EDN: <https://elibrary.ru/STQKNC>
6. Lubennikova, M. V., Afanasyev, V. A., & Afanasyev, K. A. (2024). Polymorphism of microsatellite markers in the Shebalino population of marals. *Bulletin of Ulyanovsk State Agricultural Academy*, (1(65)), 163–169. <https://doi.org/10.18286/1816-4501-2-Newton-1-163-169>. EDN: <https://elibrary.ru/UPQOEE>
7. Nasambaev, E. G., Beishova, I. S., Ulyanova, T. V., & Chernyaeva, S. A. (2023). Study of the genetic structure of Hereford cattle using microsatellite markers. *Science and Education*, (2-1(71)), 74–82. <https://doi.org/10.52578/2305-9397-2023-2-1-74-82>. EDN: <https://elibrary.ru/GGXULB>
8. Nikolaev, S. V., & Yaluga, V. L. (2024). Genetic characteristics of Holmogor bulls depending on their linear affiliation and level of Holsteinization. *Agrarian Science*, (6), 77–81. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-383-6-77-81>. EDN: <https://elibrary.ru/LHZIEY>
9. Nikolaev, S. V., & Yaluga, V. L. (2023). Comparative genetic characteristics of microsatellite profile of Holsteinized and purebred Holmogor bulls. *Agrarian Science*, (7), 58–62. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-372-7-58-62>. EDN: <https://elibrary.ru/MMSGBJ>
10. Samodelkin, A. G., Basonov, O. A., Asadchiy, A. A., & Kozakov, A. V. (2018). Productivity of crossbreds of various genotypes in absorption crossing of Black-and-White cows with Hereford bulls. *Bulletin of Nizhny Novgorod State Agricultural Academy*, (4(20)), 38–42. EDN: <https://elibrary.ru/YXKHYN>
11. Sedykh, T. A., Gladyr, E. A., Dolmatova, I. Yu., Volkova, V. V., Gizatullin, R. S., & Zinovieva, N. A. (2014). Polymorphism of microsatellite loci in Hereford cattle of various ecological-genetic generations. *Bulletin of AIC Stavropol*, (3(15)), 121–128. EDN: <https://elibrary.ru/SZBVNB>
12. Stolpovsky, Yu. A., Beketov, S. V., Solodneva, E. V., & Kuznetsov, S. B. (2024). Preservation of genetic resources of farm animals. *Chief Zootechnician*, (3(248)), 3–18. <https://doi.org/10.33920/sel-03-2403-01>. EDN: <https://elibrary.ru/CWYNQN>
13. Tyapugin, S. E., Kalashnikova, L. A., Novikov, A. A., & Semak, M. S. (2022). Genetic examination of breeding products in livestock using blood groups and DNA markers. *Zootechny*, (5), 2–5. <https://doi.org/10.25708/ZT.2022.20.69.001>. EDN: <https://elibrary.ru/MNGTYS>
14. Kharzinova, V. R., Kudryavtsev, A. V., Semerikova, M. N., & Zinovieva, N. A. (2023). Study of population structure and genetic diversity of Chukotka reindeer breed based on microsatellite analysis. *Achievements of Science and Technolo-*

- gy of AIC, (9(37)), 87–92. https://doi.org/10.53859/02352451_2023_37_9_87. EDN: <https://elibrary.ru/VBESRE>
15. Chasovshchikova, M. A., & Sheveleva, O. M. (2018). Genetic characteristics of Hereford cattle in Tyumen Oblast using microsatellite DNA markers. *Bulletin of IrGSXA*, (88), 141–150. EDN: <https://elibrary.ru/VKFEGI>
 16. Shamina, O. V. (2023). The role of beef cattle breeding in forming Russia's meat balance. *Russian Journal of Management*, 2(11), 184–190. <https://doi.org/10.29039/2409-6024-2023-11-2-184-190>. EDN: <https://elibrary.ru/YGHQNW>
 17. Shatalina, O. S., Tkachenko, I. V., & Yaryshkin, A. A. (2021). Genetic structure of the Holsteinized Black-and-White cattle population based on microsatellite loci. *Genetics*, 57(2), 205–213. <https://doi.org/10.31857/S0016675821020090>. EDN: <https://elibrary.ru/HUEAQD>
 18. Bora, Sh., Tessema, T., & Girmay, G. (2023). Genetic diversity and population structure of selected Ethiopian indigenous cattle breeds using microsatellite markers. *Genetics Research*, 2023, 1106755. <https://doi.org/10.1155/2023/1106755>. EDN: <https://elibrary.ru/WRLJG>
 19. Petrov, A., & Kamaldinov, E. (2024). Genetic structure of cattle of the Siberian branch by microsatellite loci. *Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*, 72(3), 230–239. <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-72-3-230-239>. EDN: <https://elibrary.ru/OUEOOC>
 20. Stevanovic, J., Stanimirovic, Z., Dimitrijevic, V., & Maletic, M. (2010). Evaluation of 11 microsatellite loci for their use in paternity testing in Yugoslav Pied cattle (YU Simmental cattle). *Czech Journal of Animal Science*, 55, 221–226. <https://doi.org/10.17221/183/2009-CJAS>
 21. Ubushieva, V., Gorlov, I., Chimidova, N., & Ubushieva, A. (2024). Microsatellite analysis of Kalmyk cattle. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*, 19, 12–18. <https://doi.org/10.22363/2312-797X-2024-19-1-12-18>. EDN: <https://elibrary.ru/BIJLFM>

ВКЛАД АВТОРОВ

Седых Т.А.: проведение эксперимента, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.

Гареева Д.И.: проведение эксперимента, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.

Субханкулов Н.Р.: проведение эксперимента, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.

Косилов В.И.: проведение эксперимента, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.

Зорин Д.Н.: проведение эксперимента, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.

Гладких М.Ю.: проведение эксперимента, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.

Селионова М.И.: проведение эксперимента, интерпретация результатов, подготовка текста статьи.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Tatiana A. Sedykh: conducting of the experiment, interpretation of the results, preparation of the text of the paper.

Diana I. Gareeva: conducting of the experiment, interpretation of the results, preparation of the text of the paper.

Niyaz R. Subkhankulov: conducting of the experiment, interpretation of the results, preparation of the text of the paper.

Vladimir I. Kosilov: conducting of the experiment, interpretation of the results, preparation of the text of the paper.

Dmitry N. Zorin: conducting of the experiment, interpretation of the results, preparation of the text of the paper.

Marianna Yu. Gladkikh: conducting of the experiment, interpretation of the results, preparation of the text of the paper.

Marina I. Selionova: conducting of the experiment, interpretation of the results, preparation of the text of the paper.

ДАННЫЕ ОБ АВТОРАХ

Седых Татьяна А.

*Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Башкирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства; Башкирский государственный педагогический университет им. М. Акмуллы
просп. Октября, 71, г. Уфа, 450054, Российская Федерация; ул. Октябрьской революции, 3а, г. Уфа, 450008, Российская Федерация
nio_bsau@mail.ru*

Гареева Диана И.

Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Башкирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства; Башкирский государственный педагогический университет им. М. Акмуллы

*просп. Октября, 71, г. Уфа, 450054, Российская Федерация; ул. Октябрьской революции, 3а, г. Уфа, 450008, Российская Федерация
diana.razgar@mail.ru*

Субханкулов Нияз Р.

*Уфимский федеральный исследовательский центр Российской академии наук, Башкирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства
просп. Октября, 71, г. Уфа, 450054, Российская Федерация
niyazsubhankulov@gmail.com*

Косилов Владимир И.

*Оренбургский государственный аграрный университет
ул. Челюскинцев, 18, г. Оренбург, 480014, Российская Федерация
kosilov_vi@bk.ru*

Зорин Дмитрий Н.

*Российский государственный аграрный университет – Московская сельскохозяйственная академия им. К.А. Тимирязева
ул. Тимирязевская, 49, г. Москва, 127550, Российская Федерация
ethodmitry@mail.ru*

Гладких Марианна И.

*Российский государственный аграрный университет – Московская сельскохозяйственная академия им. К.А. Тимирязева
ул. Тимирязевская, 49, г. Москва, 127550, Российская Федерация
marianna.gladkikh@rgau-msha.ru*

Селионова Марина И.

*Российский государственный аграрный университет – Московская сельскохозяйственная академия им. К.А. Тимирязева
ул. Тимирязевская, 49, г. Москва, 127550, Российская Федерация
selionova@rgau-msha.ru*

DATA ABOUT THE AUTHORS

Tatiana A. Sedykh

Ufa Branch of the Russian Academy of Sciences, Bashkir State Agrarian Institute; Bashkir State Pedagogical Institute named after M. Akmulla

*71, Oktyabrya Ave., Ufa, 450054, Russian Federation; 3a, Oktiabrskoi
revolutsii Str., Ufa, 450008, Russian Federation
nio_bsau@mail.ru
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5401-3179>*

Diana I. Gareeva

*Ufa Branch of the Russian Academy of Sciences, Bashkir State Agrarian
Institute; Bashkir State Pedagogical Institute named after M. Akmulla
71, Oktyabrya Ave., Ufa, 450054, Russian Federation; 3a, Oktiabrskoi
revolutsii Str., Ufa, 450008, Russian Federation
diana.razgar@mail.ru
ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-8279-6538>*

Niyaz R. Subkhankulov

*Ufa Branch of the Russian Academy of Sciences, Bashkir State Agrarian
Institute
71, Oktyabrya Ave., Ufa, 450054, Russian Federation
niyazsubhankulov@gmail.com
ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5038-2551>*

Vladimir I. Kosilov

*Orenburg State Agrarian University
18, Cheliuskintsev Str., Orenburg, 460014, Russian Federation
kosilov_vi@bk.ru
ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4754-1771>*

Dmitry N. Zorin

*Russian State Agrarian University – Moscow Agricultural Academy
named after K.A. Timiryazev
49, Timiryazevskaya Str., Moscow, 127550, Russian Federation
Ethodmitry@mail.ru
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5189-1355>*

Marianna Yu. Gladkikh

*Russian State Agrarian University – Moscow Agricultural Academy
named after K.A. Timiryazev
49, Timiryazevskaya Str., Moscow, 127550, Russian Federation
marianna.gladkikh@rgau-msha.ru
ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-2304-6058>*

Marina I. Selionova

*Russian State Agrarian University – Moscow Agricultural Academy
named after K.A. Timiryazev*

49, Timiryazevskaya Str., Moscow, 127550, Russian Federation

selionova@rgau-msha.ru

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9501-8080>

Поступила 07.11.2024

После рецензирования 15.01.2025

Принята 13.02.2025

Received 07.11.2024

Revised 15.01.2025

Accepted 13.02.2025