Научная статья
УДК 636.22/.28.082
doi:10.35694/YARCX.2026.74.2.016

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА МИКРОСАТЕЛЛИТНОГО ПРОФИЛЯ КОРОВ ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ ДВУХ ПОПУЛЯЦИЙ

Е. Г. Скворцова[1], О. В. Филинская[2], Д. А. Смирнов[3], Л. Родригес Медерос[4], И. А. Залетов[5]
[1, 2, 3, 4, 5]Ярославский государственный аграрный университет, Ярославль, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Гамеровна Скворцова,
e.skvorcova@yarcx.ru, ORCID 0000-0003-0699-7959

Реферат. Проведён анализ генетической структуры двух групп крупного рогатого скота голштинской породы из ООО «Племзавод Барыбино» (BAR, n = 297) и Агрофирма «Детчинское» (EKO, n = 826) с использованием 11 микросателлитных локусов (*TGLA227*, *BM2113*, *TGLA53*, *ETH10*, *SPS115*, *TGLA122*, *INRA23*, *TGLA126*, *BM1818*, *ETH225*, *BM1824*). Определены частоты аллелей, показатели генетического разнообразия (среднее и эффективное число аллелей, наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность, индекс Шеннона), коэффициенты инбридинга (*Fis*), а также генетическая дифференциация (*Fst*) и дистанции Нея. Установлено, что группа BAR характеризуется более высоким уровнем аллельного разнообразия (*Na* = 8,27, *Ne* = 3,84, *I* = 1,45) по сравнению с EKO (*Na* = 6,36, *Ne* = 3,18, *I* = 1,27). В BAR выявлено 15 приватных аллелей, в EKO – ни одного. Наблюдаемая гетерозиготность в BAR (0,725) незначительно превышает ожидаемую (0,700), *Fis* = –0,035, что указывает на избыток гетерозигот. В EKO показатели близки к равновесным (*Ho* = 0,643, *He* = 0,646, *Fis* = 0,005). Значение парного *Fst* составило 0,0111, *Nm* = 22,3, генетическое тождество Нея > 0,95, что свидетельствует об очень слабой дифференциации и интенсивном потоке генов между группами. Таким образом, BAR и EKO генетически близки и могут рассматриваться как единая популяция, однако стадо из ООО «Племзавод Барыбино» обладает более высоким генетическим разнообразием, что важно учитывать при селекционно-племенной работе.

Ключевые слова: *крупный рогатый скот, голштинская порода, микросателлиты, генетическое разнообразие, гетерозиготность, приватные аллели*

COMPARATIVE GENETIC CHARACTERISTICS OF THE MICROSATELLITE PROFILE OF HOLSTEIN COWS OF TWO POPULATIONS

E. G. Skvortsova[1], O. V. Filinskaya[2], D. A. Smirnov[3], L. Rodriguez Mederos[4], I. A. Zaletov[5]
[1, 2, 3, 4, 5]Yaroslavl State Agrarian University, Yaroslavl, Russia

Author responsible for the correspondence: Elena G. Skvortsova,
e.skvorcova@yarcx.ru, ORCID 0000-0003-0699-7959

Abstract. The genetic structure of two groups of Holstein cattle from OOO "Plemzavod Barybino" (BAR, n = 297) and Agrofirm "Detchinskoe" (EKO, n = 826) was analyzed using 11 microsatellite loci (*TGLA227, BM2113, TGLA53, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH225, BM1824*). Allele frequencies, genetic diversity indices (average and effective number of alleles, observed and expected heterozygosity, Shannon index), inbreeding coefficients (*Fis*), as well as genetic differentiation (*Fst*) and Ney distances were determined. The BAR group was found to have a higher level of allelic diversity (*Na* = 8.27, *Ne* = 3.84, *I* = 1.45) compared to EKO (*Na* = 6.36, *Ne* = 3.18, *I* = 1.27). 15 private alleles were identified in BAR, while there was no one in EKO. The observed heterozygosity in BAR (0.725) is slightly higher than expected (0.700), *Fis* = –0.035, which indicates an excess of heterozygotes. In EKO, the indicators are close to equilibrium (*Ho* = 0.643, *He* = 0.646, *Fis* = 0.005). The paired *Fst* value was 0.0111, *Nm* = 22.3, Ney's genetic identity > 0.95, which indicates very weak differentiation and intense gene flow between groups. Thus, BAR and EKO are genetically close and can be considered as a single population, but the herd from OOO "Plemzavod Barybino" has a higher genetic diversity, which is important to take into account in animal selection and breeding work.

Keywords: *cattle, Holstein breed, microsatellites, genetic diversity, heterozygosity, private alleles*

Введение. Результаты микросателлитного анализа ДНК применяют для селекционно-племенной работы, оценки генетической структуры пород и поддержания гетерозиготности в стадах различных видов сельскохозяйственных животных [1; 2]. Зиннатов Ф. Ф. с соавторами при сравнении джерсейской и голштинской пород в Татарстане показали, что среднее число аллелей на локус составило 7,5–7,6, эффективных аллелей – 3,2 и 3,7 соответственно. Наибольшая гетерозиготность у джерсейской породы отмечена в локусе *ETH10* (0,767–0,882), наименьшая – в *BM1824* (0,581–0,559) [3]. Мещеров Р. К. с соавторами выявили преобладающие аллели в локусах *BM1824* (188), *BM2113* (135), *ETH10* (219), *ETH225* (148), *ETH3* (117 и 129), *INRA23* (206, 210, 214) и обнаружили 33 приватных аллеля у голштинской популяции отечественной селекции [4]. Ковалюк Н. В. с соавторами при генотипировании 3000 коров айрширской, голштинской и джерсейской пород установили частоту гомозиготных генотипов 0,38 у джерсейской породы, 0,30 и 0,27 – у голштинской и айрширской; наибольшее аллельное разнообразие выявлено у голштинского скота (9,0 ± 1,7 аллелей на локус) [5]. Калашникова Л. А. с соавторами у голштинской породы из разных регионов показали среднее число аллелей на локус 5,43 ± 0,19, эффективных аллелей – 3,26 ± 0,11, выделили 29 часто встречающихся и 22 приватных аллелей (частота 0,004–0,033) [6]. Недашковский И. С. с коллегами установили, что чёрно-пёстрая голштинская порода лидирует по генетическому разнообразию (*Ho* = 0,72) и числу аллелей на локус; доля внутригрупповой изменчивости составила 86%, межгрупповой – 14% ($p < 0,001$) [7].

График зависимости средней дисперсии размера аллеля от максимального размера аллеля из исследования международного коллектива авторов подтверждает хорошо известную положительную корреляцию между размером аллеля и дисперсией размера аллеля [8]. Согласно мнению Бренига Б. и Шютца Э., почти все микросателлиты расположены в QTL-регионах или связаны с генами, влияющими на племенную ценность. Следовательно, за последние десятилетия частота нескольких аллелей значительно увеличилась или уменьшилась, что привело к снижению общей информативности и исключающей способности панели маркеров [9]. Анвар Х. с коллегами предполагают, что микросателлит *NRF2*-GCC может способствовать регуляции транскрипции транскриптов *NRF2* и их последующего действия в качестве антиоксидантов в сперматозоидах крупного рогатого скота [10].

Цель данного исследования – охарактеризовать генетическую структуру двух стад крупного рогатого скота голштинской породы (ООО «Племзавод Барыбино» и Агрофирма «Детчинское») по 11 микросателлитным локусам, оценить уровень их внутригруппового и межгруппового полиморфизма (гетерозиготность, аллельное разнообразие) и определить степень генетических различий между ними.

Материалы и методы исследования. Материалом для исследования послужила информация базы данных ИАС «СЕЛЭКС» – Молочный скот» крупного рогатого скота голштинской породы из двух племенных хозяйств:

– группа BAR – животные ООО «Племзавод Барыбино» (Московская область);

– группа EKO – животные Агрофирма «Детчинское» (Калужская область).

Общая выборка составила 1123 головы (ООО «Племзавод Барыбино» – 297 гол., Агрофирма «Детчинское» – 826 гол.). Использовали информацию обо всех коровах стада, у которых известен микросателлитный профиль.

Для каждого локуса и каждой популяции рассчитывали частоты аллелей методом прямого подсчёта, наблюдаемую гетерозиготность (*Ho*) как долю особей с гетерозиготным генотипом, ожидаемую гетерозиготность (*He*) по формуле Нэя (1978) [11], среднее число аллелей на локус (*Na*), общее и эффективное, а также коэффициент инбридинга (*Fis*) как отношение (*He* – *Ho*) / *He*. Несмещённую ожидаемую гетерозиготность (*uHe*) рассчитывали по формуле: $(2N / (2N - 1)) \times He$, где *N* – число проанализированных образцов в выборке. Для оценки уровня дифференциации между двумя группами рассчитан парный *Fst* (по Райту, 1978 [12]) с оценкой значимости (1000 перестановок). Генетическую структуру изучали с помощью программы STRUCTURE v.2.3.4. Результаты STRUCTURE визуализировали в программе CLUMPP (для усреднения по прогонам) и Distruct (построение столбчатых диаграмм).

Результаты. Уровень генетического разнообразия (табл. 1) выше в группе BAR. Среднее число аллелей на локус (*Na*) в BAR составило 8,27 против 6,36 в EKO, а эффективное число аллелей (*Ne*) – 3,84 и 3,18 соответственно. Это указывает на более высокое аллельное разнообразие в выборке из ООО «Племзавод Барыбино».

В таблице 2 представлены показатели гетерозиготности стад и значения индекса фиксации.

Наблюдаемая гетерозиготность (*Ho*) в BAR (0,725) незначительно превышает ожидаемую (*He* = 0,700), что даёт отрицательный коэффициент инбридинга (*Fis* = –0,035). Это свидетельствует о небольшом избытке гетерозигот. В группе EKO, напротив, *Ho* (0,643) несколько ниже *He* (0,646), а *Fis* слабоположительный (0,005), что указывает на небольшой дефицит гетерозигот, но в целом равновесие близко к ожидаемому.

Наибольшее число аллелей зафиксировано в локусе *TGLA53* (15 аллелей – в BAR и 8 – в EKO). Наименьшее – в *BM1824* (5 аллелей в обеих группах). В BAR обнаружено 15 приватных (уникальных) аллелей, в EKO – ни одного. Это дополнительно подтверждает более высокое генетическое разнообразие в группе BAR.

Генетическая дифференциация между группами низкая, но статистически значимая. Парный *Fst* составил 0,0111, а число мигрантов на поколение (*Nm*) – 22,3. Согласно классификации Райта, *Fst* менее 0,05 указывает на очень слабую дифференциацию, а высокое *Nm* – на интенсивный поток генов. Таким образом, BAR и EKO представляют собой единую генетическую популяцию без существенного подразделения.

Дистанция Нея (нескорректированная) между группами равна 0,0468, скорректированная – 0,0442, а ге-

Таблица 1 – Показатели аллельного разнообразия двух стад по 11 микросателлитным локусам

Локус	Аллель (все варианты)	Число аллелей (*Na*)		Число эффективных аллелей (*Ne*)	
		BAR	EKO	BAR	EKO
TGLA227	81, 83, 87, 89, 91, 93, 97, 99, 103	9	9	4,64	4,10
BM2113	125, 127, 133, 135, 137, 138, 139	7	6	4,33	4,39
TGLA53	154, 158, 160, 162, 164, 166, 168, 170, 172, 174, 176, 178, 180, 184, 186	15	8	6,98	5,18
ETH10	209, 213, 217, 219, 221, 223, 225	7	6	4,79	3,59
SPS115	248, 252, 254, 256, 258, 260	6	6	2,06	1,86
TGLA122	143, 149, 151, 153, 159, 161, 163, 171, 173, 183	10	7	5,21	3,35
INRA23	200, 202, 206, 208, 210, 212, 214	7	5	3,92	3,73
TGLA126	115, 117, 119, 121, 123	5	5	2,2	1,89
BM1818	260, 262, 264, 266, 268, 270	6	5	2,41	2,14
ETH225	140, 144, 146, 148, 150, 152	6	6	3,08	2,13
BM1824	178, 180, 182, 188, 190	5	5	2,66	2,66

Усреднённые показатели генетического разнообразия

Генетическая группа	*Na* ± SD	*Na*, p ≥ 5% ± SD	*Ne* (ср.) ± SD	*I* ± SD
BAR (ООО «Племзавод Барыбино»)	8,27 ± 0,81	4,45 ± 0,43	3,84 ± 0,46	1,45 ± 0,11
EKO (Агрофирма «Детчинское»)	6,36 ± 0,36	4,18 ± 0,46	3,18 ± 0,34	1,27 ± 0,11

нетическое тождество составляет 0,954–0,957. Это подтверждает высокую степень генетического сходства.

Глобальный анализ по всем локусам даёт средний *Fst* = 0,0111, *Fis* = –0,0160, *Fit* = –0,0047. Отрицательные значения *Fis* и *Fit* указывают на общий избыток гетерозигот в объединённой выборке.

Индекс Шеннона (*I*) в BAR (1,450) выше, чем в EKO (1,266), что также подтверждает большее аллельное разнообразие в первой группе.

На рисунке 1 представлены частоты аллелей по популяциям с графическим представлением локусов для кодоминантных данных.

В целом распределение частот в обеих популяциях достаточно сходно, что согласуется с низким значением *Fst* (0,011) и высокой генетической идентичностью. Однако наблюдаются и заметные различия. Для ряда локусов, например, в области *TGLA53*, *ETH10* и *TGLA122*, частоты отдельных аллелей в BAR и EKO различаются: у BAR выше частоты одних аллелей, у EKO – других. Это указывает на наличие некоторых специфических аллельных вариантов, характерных для каждой группы. В группе BAR чаще встречаются аллели с низкими частотами (редкие аллели), что визуально проявляется как большее количество «столбиков» небольшой высоты. Это соответствует ранее выявленному более высокому аллельному разнообразию в BAR (8,27 аллеля на локус против 6,36 в EKO) и наличию 15 приватных аллелей при их отсутствии в EKO. Напротив, в группе EKO частоты более сконцентрированы на нескольких доминирующих аллелях, что типично для популяции с меньшим разнообразием. Таким образом, график наглядно демонстрирует, что, несмотря на общую генетическую близость, популяции BAR и EKO различаются по структуре аллельного полиморфизма: BAR более разнообразна, EKO – более консолидирована по частотам.

Проведённое исследование показало, что изученные группы голштинского скота из ООО «Племзавод Барыбино» (BAR) и Агрофирма «Детчинское» (EKO) обладают достаточно высоким уровнем генетического разнообразия, сопоставимым с литературными данными по голштинской породе в целом. Среднее число аллелей на локус в группе BAR составило 8,27, в EKO – 6,36. Эти значения близки к показателям, полученным Зиннатовым Ф. Ф. с соавторами для голштинской породы в Татарстане (7,5–7,6) [3], и сопоставимы с данными Ковалюк Н. В. и др. для голштинского скота юга России (9,0 ± 1,7 аллеля на локус) [5]. В то же время они несколько выше, чем среднее количество аллелей (5,43), выявленное Калашниковой Л. А. и др. в голштинских популяциях разных регионов, что может объясняться различиями в

Таблица 2 – Показатели гетерозиготности стад EKO и BAR

Генетическая группа	*Ho*	*He*	*uHe*	*F*
BAR (ООО «Племзавод Барыбино»)	0,725 ± 0,038	0,700 ± 0,035	0,701 ± 0,035	–0,035 ± 0,007
EKO (Агрофирма «Детчинское»)	0,643 ± 0,041	0,646 ± 0,038	0,647 ± 0,038	0,005 ± 0,018

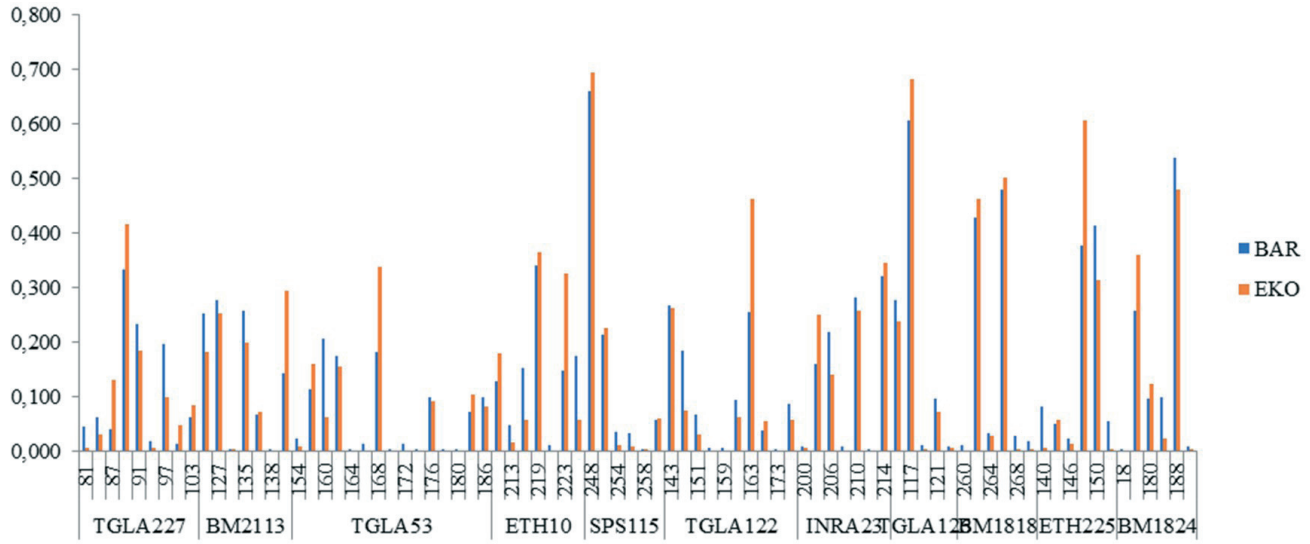

Рисунок 1 – Частоты аллелей по популяциям с графическим представлением локусов для кодоминантных данных (по оси ординат – частоты аллелей, по оси абсцисс – микросателлитные локусы)

используемых наборах маркеров и региональными особенностями [6].

Среднее эффективное число аллелей (*Ne*) в BAR (3,84) и EKO (3,18) также находится в пределах, описанных в литературе: Зиннатов Ф. Ф. с соавторами отмечают *Ne* = 3,7 для голштинской породы, Калашникова Л. А. с соавторами – 3,26, а Недашковский И. С. и др. приводят диапазон от 3,01 до 4,36 [3; 6; 7]. Таким образом, обе группы характеризуются умеренно высоким эффективным разнообразием, что свидетельствует о достаточной генетической вариабельности.

Наблюдаемая гетерозиготность в BAR (0,725) превышает ожидаемую (0,700), что даёт отрицательный коэффициент инбридинга (–0,035) и указывает на избыток гетерозигот. Это хорошо согласуется с литературными данными: Недашковский И. С. с соавторами также сообщают о высокой гетерозиготности у чёрно-пёстрой голштинской породы (*Ho* = 0,72) [7]. В группе EKO значения *Ho* и *He* практически равны (0,643 и 0,646), а *Fis* близок к нулю (0,005), что говорит о равновесном состоянии.

Анализ частот аллелей выявил определённые закономерности. В локусе *BM1824* в наших выборках преобладал аллель 188 (частота 0,539 – в BAR и 0,480 – в EKO), что соответствует данным Мещерова Р. К. с соавторами [4], где этот аллель встречался с частотой 0,423–0,500. В локусе *BM2113* наиболее частым аллелем в BAR был 127 (0,276), а в EKO – 139 (0,295) и 127 (0,252); аллель 135, доминирующий в работе Мещерова Р. К. и др. (0,290–0,360), в наших выборках занимал третье место (0,258 – в BAR, 0,198 – в EKO). В локусе *ETH10* в обеих группах чаще всего встречался аллель 219 (0,340 – в BAR, 0,365 – в EKO), что полностью совпадает с литературными данными (0,412–0,474). В локусе *ETH225* преобладал аллель 148 (0,377 – в BAR, 0,608 – в EKO), что также подтверждает результаты Мещерова Р. К. с соавторами. В локусе *INRA23* наиболее распространёнными были аллели 206, 210 и 214, что согласуется с литературой [4].

В группе BAR обнаружено 15 приватных аллелей, в EKO – ни одного. Это значительно меньше, чем 33 приватных аллеля, описанных Мещеровым Р. К. и др. для голштинской популяции отечественной селекции, но сопоставимо с данными Калашниковой Л. А. и др. (22 приватных аллеля, частота 0,004–0,033). Частота приватных аллелей в BAR составила от 0,0017 до 0,0135, что вписывается в указанный диапазон. Наличие большего числа редких и уникальных аллелей в группе BAR может указывать на более высокое генетическое разнообразие и, возможно, на меньший дрейф генов или целенаправленную селекционную работу по сохранению вариабельности.

Генетическая дифференциация между двумя группами оказалась очень низкой (*Fst* = 0,0111), что соответствует значениям, характерным для внутрипородных популяций. Высокое число мигрантов на поколение (*Nm* = 22,3) свидетельствует об интенсивном потоке генов между хозяйствами, что может быть следствием использования общего генофонда. Интересно, что продуктивные качества коров голштинской породы, разводимых в различных климатических поясах Российской Федерации, могут отличаться с высокой степенью достоверности [13].

Выводы. На основе проведённого микросателлитного анализа 1123 голов крупного рогатого скота голштинской породы из двух племенных хозяйств – ООО «Племзавод Барыбино» (BAR, n = 297) и Агрофирма «Детчинское» (EKO, n = 826) – по 11 высокополиморфным локусам можно сделать следующие выводы. Группа BAR характеризуется более высоким генетическим разнообразием по сравнению с EKO: среднее число аллелей на локус составило 8,27 против 6,36, эффективное число аллелей – 3,84 против 3,18, индекс информативности Шеннона – 1,45 против 1,27. В BAR выявлено 15 приватных (уникальных) аллелей, тогда как в EKO – ни одного. Наблюдаемая гетерозиготность в BAR (0,725) незначительно превышает ожидаемую (0,700), что даёт

отрицательный коэффициент инбридинга (*Fis* = –0,035) и указывает на некоторый избыток гетерозигот. В EKO наблюдаемая гетерозиготность (0,643) близка к ожидаемой (0,646), *Fis* слабоположительный (0,005), что свидетельствует о генетическом равновесии. Генетическая дифференциация между двумя группами очень низкая: парный *Fst* составил 0,0111, число мигрантов на поколение *Nm* = 22,3, а генетическое тождество Нея превышает 0,95. Это доказывает отсутствие значимой популяционной структуры и позволяет рассматривать BAR и EKO как части единой генетической популяции голштинского скота. Однако различия по уровню аллельного богатства и наличию редких аллелей указывают на то, что стадо из ООО «Племзавод Барыбино» генетически более разнообразно, что может быть следствием разных подходов к селекции, объёма выборки или истории формирования стад. Полученные данные могут быть использованы для оптимизации селекционно-племенной работы и сохранения генетического разнообразия в популяции.

Список источников

1. Борисова А. В., Устьянцева А. В., Санганаева А. В. Оценка генетического разнообразия советской тяжеловозной породы лошадей с использованием микросателлитных локусов ДНК // Вестник АПК Верхневолжья. 2024. № 3 (67). С. 62–68. DOI 10.35694/YARCX.2024.67.3.009. EDN HJRINI.

2. Марзанов Н. С., Ситникова О. Н. Генетическая оценка поголовья одомашниваемых лосей по микросателлитам ДНК // Вестник АПК Верхневолжья. 2018. № 3 (43). С. 42–45. EDN VKTPYA.

3. Зиннатов Ф. Ф., Хисматуллин М. М., Гилемханов И. Ю. [и др.] Сравнительная генетическая характеристика микросателлитного профиля коров джерсейской и голштинской пород, разводимых в условия Республики Татарстан // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н.Э. Баумана. 2025. Т. 261, № 1. С. 121–129. DOI 10.31588/2413_4201_1883_1_261_121. EDN QYJFYX.

4. Мещеров Р. К., Дунин М. И., Мещеров Ш. Р. [и др.] Анализ генетической структуры и продуктивности стад крупного рогатого скота голштинской породы отечественной селекции // АгроЗооТехника. 2025. Т. 8, № 1. DOI 10.15838/alt.2025.8.1.6. EDN JPGMOT.

5. Ковалюк Н. В., Волченко А. Е., Ширяева Е. В. [и др.] Структура субпопуляций айрширского, голштинского и джерсейского скота южных регионов России по *CSN2* (rs43703011), *CSN3* (rs43703016) и микросателлитным локусам (*BM1818, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA126, TGLA122, TGLA227, TGLA53*) // Генетика. 2024. Т. 60, № 3. С. 49–58. DOI 10.31857/S0016675824030055. EDN DPECEM.

6. Калашникова Л. А., Ганченкова Т. Б., Рыжова Н. В. [и др.] Генетическая оценка голштинского скота по микросателлитным маркерам ДНК // Генетика. 2025. Т. 61, № 1. С. 55–66. DOI 10.31857/S0016675825010057. EDN VEUINC.

7. Недашковский И. С., Контэ А. Ф., Волкова В. В. [и др.] Популяционно-генетическая характеристика холмогорской породы крупного рогатого скота, разводимой в Архангельской области, на основе микросателлитных маркеров // Достижения науки и техники АПК. 2025. Т. 39, № 1. С. 57–63. DOI 10.53859/02352451_2025_39_1_57. EDN IRTPDU.

8. Xu L., Haasl R. J., Sun J. [et al.] Systematic Profiling of Short Tandem Repeats in the Cattle Genome // Genome Biology and Evolution. 2017. Vol. 9, Is. 1. P. 20–31. DOI 10.1093/gbe/evw256.

9. Brenig B., Schütz E. Recent development of allele frequencies and exclusion probabilities of microsatellites used for parentage control in the German Holstein Friesian cattle population // BMC Genet. 2016. Vol. 17, № 18. DOI 10.1186/s12863-016-0327-z.

10. Anwar K., Thaller G., Saeed-Zidane M. Genetic Variations in the *NRF2* Microsatellite Contribute to the Regulation of Bovine Sperm-Borne Antioxidant Capacity // Cells. 2024. Vol. 13, Is. 19. Art. 1601. DOI 10.3390/cells13191601.

11. Nei M. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from A Small Number of Individuals // Genetics. 1978. Vol. 89, Is. 3. P. 583–590. DOI 10.1093/genetics/89.3.583.

12. Wright S. Evolution and the Genetics of Populations. Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. University of Chicago Press, Chicago, 1978. 590 p.

13. Мухтарова О. М. Эколого-адаптивные особенности молочной продуктивности коров голштинской породы в различных климатических поясах Российской Федерации // Вестник АПК Верхневолжья. 2025. № 1 (69). С. 30–37. DOI 10.35694/YARCX.2025.69.1.005. EDN KIBZPW.

References

1. Borisova A. V., Ust'yantseva A. V., Sanganaeva A. V. Ocenka geneticheskogo raznoobraziya sovetskoj tyazhelovoznoj porody loshadej s ispol'zovaniem mikrosatellitnyh lokusov DNK // Vestnik APK Verhnevolzh'ya. 2024. № 3 (67). S. 62–68. DOI 10.35694/YARCX.2024.67.3.009. EDN HJRINI.

2. Marzanov N. S., Sitnikova O. N. Geneticheskaya ocenka pogolov'ya odomashnivaemyh losej po mikrosatellitam DNK // Vestnik APK Verhnevolzh'ya. 2018. № 3 (43). S. 42–45. EDN VKTPYA.

3. Zinnatov F. F., Khismatullin M. M., Gilemkhanov I. Yu. [i dr.] Sravnitel'naya geneticheskaya harakteristika mikrosatellitnogo profilya korov dzhersejskoj i golshtinskoj porod, razvodimyh v usloviya Respubliki Tatarstan // Uchenye zapiski Kazanskoj gosudarstvennoj akademii veterinarnoj mediciny im. N.E. Baumana. 2025. T. 261, № 1. S. 121–129. DOI 10.31588/2413_4201_1883_1_261_121. EDN QYJFYX.

4. Meshcherov R. K., Dunin M. I., Meshcherov Sh. R. [i dr.] Analiz geneticheskoj struktury i produktivnosti stad krupnogo rogatogo skota golshtinskoj porody otechestvennoj selekcii // AgroZooTekhnika. 2025. T. 8, № 1. DOI 10.15838/alt.2025.8.1.6. EDN JPGMOT.

5. Kovalyuk N. V., Volchenko A. E., Shiryaeva E. V. [i dr.] Struktura subpopulyacij ajrshirskogo, golshtinskogo i dzhersejskogo skota yuzhnyh regionov Rossii po *CSN2* (rs43703011), *CSN3* (rs43703016) i mikrosatellitnym lokusam (*BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53*) // Genetika. 2024. T. 60, № 3. S. 49–58. DOI 10.31857/S0016675824030055. EDN DPECEM.

6. Kalashnikova L. A., Ganchenkova T. B., Ryzhova N. V. [i dr.] Geneticheskaya ocenka golshtinskogo skota po mikrosatellitnym markeram DNK // Genetika. 2025. T. 61, № 1. S. 55–66. DOI 10.31857/S0016675825010057. EDN VEUINC.

7. Nedashkovskij I. S., Konte A. F., Volkova V. V. [i dr.] Populyacionno-geneticheskaya harakteristika holmogorskoj porody krupnogo rogatogo skota, razvodimoj v Arhangel'skoj oblasti, na osnove mikrosatellitnyh markerov // Dostizheniya nauki i tekhniki

АПК. 2025. Т. 39, № 1. S. 57–63. DOI 10.53859/02352451_2025_39_1_57. EDN IRTPDU.

8. Xu L., Haasl R. J., Sun J. [et al.] Systematic Profiling of Short Tandem Repeats in the Cattle Genome // Genome Biology and Evolution. 2017. Vol. 9, Is. 1. P. 20–31. DOI 10.1093/gbe/evw256.

9. Brenig B., Schütz E. Recent development of allele frequencies and exclusion probabilities of microsatellites used for parentage control in the German Holstein Friesian cattle population // BMC Genet. 2016. Vol. 17, № 18. DOI 10.1186/s12863-016-0327-z.

10. Anwar K., Thaller G., Saeed-Zidane M. Genetic Variations in the *NRF2* Microsatellite Contribute to the Regulation of Bovine Sperm-Borne Antioxidant Capacity // Cells. 2024. Vol. 13, Is. 19. Art. 1601. DOI 10.3390/cells13191601.

11. Nei M. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from A Small Number of Individuals // Genetics. 1978. Vol. 89, Is. 3. P. 583–590. DOI 10.1093/genetics/89.3.583.

12. Wright S. Evolution and the Genetics of Populations. Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations. University of Chicago Press, Chicago, 1978. 590 p.

13. Mukhtarova O. M. Ekologo-adaptivnye osobennosti molochnoj produktivnosti korov golshtinskoj porody v razlichnyh klimaticheskih poyasah Rossijskoj Federacii // Vestnik APK Verhnevolzh'ya. 2025. № 1 (69). S. 30–37. DOI 10.35694/YARCX.2025.69.1.005. EDN KIBZPW.

Сведения об авторах

Елена Гамеровна Скворцова – кандидат биологических наук, доцент, заведующий кафедрой зоотехнии, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ярославский государственный аграрный университет», spin-код: 5512-9557.

Оксана Владимировна Филинская – кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, профессор кафедры зоотехнии, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ярославский государственный аграрный университет», spin-код: 2172-0721.

Даниил Артемович Смирнов – магистрант кафедры зоотехнии, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ярославский государственный аграрный университет».

Ланди Родригес Медерос – аспирант кафедры зоотехнии, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ярославский государственный аграрный университет».

Игорь Андреевич Залетов – аспирант кафедры зоотехнии, Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Ярославский государственный аграрный университет».

Information about the authors

Elena G. Skvortsova – Candidate of Biological Sciences, Docent, Head of the Department of Zootechnics, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Yaroslavl State Agrarian University", spin-code: 5512-9557.

Oksana V. Filinskaya – Candidate of Agricultural Sciences, Docent, Professor of the Department of Zootechnics, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Yaroslavl State Agrarian University", spin-code: 2172-0721.

Daniil A. Smirnov – Master's student of the Department of Zootechnics, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Yaroslavl State Agrarian University".

Landy Rodriguez Mederos – Postgraduate student of the Department of Zootechnics, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Yaroslavl State Agrarian University".

Igor A. Zaletov – Postgraduate student of the Department of Zootechnics, Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education "Yaroslavl State Agrarian University".

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.