

## ХАРАКТЕРИСТИКА ПО STR-МАРКЕРАМ СЕРОГО УКРАИНСКОГО СКОТА, РАЗВОДИМОГО В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

© 2024 г. А. С. Мокеев<sup>1,\*</sup>, Н. Н. Фурса<sup>1</sup>, С. В. Бекетов<sup>2,\*\*</sup>, Г. Р. Свищева<sup>2</sup>,  
А. А. Онохов<sup>2</sup>, Ю. А. Столповский<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Институт животноводства степных районов им. М. Ф. Иванова “Аскания-Нова”  
Национального научного селекционно-генетического центра по овцеводству Национальной академии  
аграрных наук, Аскания-Нова, 275230 Россия

<sup>2</sup>Институт общей генетики им. Н. И. Вавилова Российской академии наук, Москва, 119991 Россия

\*e-mail: mokeev.as@mail.ru

\*\*e-mail: svbeketov@gmail.com

Поступила в редакцию 31.05.2024 г.

После доработки 19.06.2024 г.

Принята к публикации 28.06.2024 г.

С использованием 14 микросателлитных маркеров (*BM1824, BM2113, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, ILSTS006, INRA023, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126, TGLA227*) проанализированы выборки стад серого украинского скота ИЖСР им. М. Ф. Иванова “Аскания-Нова” (Херсонская обл.) ( $n = 101$ ) и экспериментального хозяйства с. Черга (Республика Алтай) ( $n = 41$ ). При рассмотрении  $F$ -статистик Райта по исследованным локусам величина  $F_{IS} = -0.0285$  и указывает на избыток гетерозиготных генотипов в популяции серого украинского скота. При этом мала вероятность встречи аллелей общего предка  $F_{IT} = 0.1161$ , а уровень  $F_{ST} = 0.1394$  свидетельствует о средней дивергенции субпопуляций, наибольший вклад в которую вносит локус *Eth3*. При этом количество выявляемых полиморфных локусов – 95.64%, уровень аллельного –  $A_R = 7.66$ , генетического разнообразия –  $H_E = 0.76$  были больше в алтайской субпопуляции, чем в херсонской: 58.13, 4.41, 0.61% соответственно. В то же время херсонское стадо характеризовалось лучшей выравненностью, однородностью и консолидированностью, что позволяет рассматривать его в качестве источника ценного племенного материала при разведении серой украинской породы.

**Ключевые слова:** серый украинский скот, субпопуляции, микросателлиты, генотипирование, популяционно-генетическая характеристика.

**DOI:** 10.31857/S0016675824120081 **EDN:** WAAGJV

Серая украинская порода, прежние названия: серый степной, южно-русский, малороссийский, черкасский, черноморский и кубано-черноморский скот, является одной из древнейших пород, которая ведет свое происхождение от серого степного скота, включающего подольскую и романскую породы, в прошлом широко распространенных в южной части Европы, преимущественно в степной зоне Средиземноморья и Причерноморья. В настоящее время это одна из немногих реликтовых аборигенных пород, сохранившихся до наших дней. До начала двадцатого века серый украинский скот являлся основной рабочей и тягловой породой в Малороссии, а также ценился за мясные качества. Молочная продуктивность коров серой украинской породы небольшая и в среднем составляет 2950 кг, содержание жира в молоке – около 4.5% и белка – 3.45%. С конца XIX в. в связи с освоением

степных целинных земель Северного Причерноморья и Приазовья отмечалось постепенное снижение численности серого украинского скота, которое усилилось в начале XX в. на фоне коллективизации и механизации сельского хозяйства [1].

Однако уже в 1960-х гг. в Советском Союзе была принята государственная программа по сохранению серой украинской породы, в частности были сформированы два генофондных стада: первое в ОПХ “Поливановка” Украинского НИИ разведения и искусственного осеменения КРС (Днепропетровская обл.) (680 голов) и второе в опытном хозяйстве Украинского НИИ животноводства степных районов им. М. Ф. Иванова “Аскания-Нова” (Херсонская обл.) (около 2000 голов). В 1982 г. небольшая группа животных (34 особи) была перевезена из Аскании-Нова в с. Черга (Республика

Алтай) в экспериментальное хозяйство Института цитологии и генетики СО АН СССР [1, 2].

Тем не менее, несмотря на проводимые охранные мероприятия, общая численность серого украинского скота к 1980 г. снизилась до 1000 животных, а в 2007 г. – до 962 особей. В этом же году статус породы был оценен ФАО как критический [3] и к 2022 г. насчитывалось уже 738 особей [4].

Что касается непосредственно Российской Федерации, то серый украинский скот представлен здесь двумя субпопуляциями: около 260 животных содержится в Аскания-Нова и около 100 – в Алтайском экспериментальном племенном центре в с. Черга (Республика Алтай). Учитывая небольшую общую численность серого украинского скота, а также то, что генетическая структура этой породы в сравнительном аспекте мало изучена, цель настоящей работы заключается в том, чтобы с использованием STR-маркеров дать характеристику состояния генофондов двух локальных географически удаленных субпопуляций серого украинского скота, разводимых на территории Российской Федерации. При этом важно отметить, что STR-маркирование до настоящего времени остается наиболее доступным, достаточно информативным и востребованным методом при проведении популяционно-генетических исследований [5, 6].

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Материалом для исследований являлись образцы биоматериала (ушные выщипы) отдельных особей серого украинского скота ИЖСР им. М. Ф. Иванова (Херсонская обл.) (Askan,  $n = 101$ ), включая 97 коров и 4 быка (рис. 1, 2), полученные с использованием технологии FlexoPlusGeno (Caisley, Германия) [7]. Также исследовались пробы ДНК серого украинского скота экспериментального хозяйства с. Черга (Республика Алтай, Шебалинский р-н) (Altai,  $n = 41$ ) из коллекции лаборатории сравнительной генетики животных ИОГен РАН им. Н.И. Вавилова (Москва). ДНК из образцов



Рис. 1. Серый украинский скот (коровы).

хрящевой ткани наружного уха выделяли с помощью набора реагентов “ДНК-Экстрон-2” (ООО “Синтол”, Россия). Животные обеих рассматриваемых субпопуляций были прогенотипированы 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 (ООО “Гордиз”, Россия) согласно инструкции производителя. После начальной денатурации (94°C, 3 мин) амплификацию фрагментов осуществляли в следующем температурно-временном режиме: 4 цикла при 98°C 30 с, 59°C 120 с, 72°C 90 с, 6 – при 94°C 30 с, 59°C 120 с, 72°C 90 с, 18 – 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 термоциклиере Veriti (Thermo Fisher Scientific, США). Капиллярный электрофорез продуктов ПЦР-реакции осуществляли на генетическом анализаторе ABI 3130XL (Applied Biosystems, США) с последующим определением длин аллелей микросателлитов в программном обеспечении GeneMapper v. 4.0. (Applied Biosystems, США).

Основные популяционно-генетические характеристики для каждой выборки были рассчитаны в R-пакете degenet [8]. Частоты аллелей, аллельное богатство и количество частных аллелей оценивали с помощью R-пакета PopGenReport. Для каждой пары “локус–популяция” индекс фиксации, а также наблюдаемую и ожидаемую гетерозиготности оценивали с помощью функции *divBasic* из R-пакета divRsity [9]. *F*-статистики ( $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$  и  $F_{IS}$ ) для каждого локуса рассчитывали с помощью функции  $F_{ST}$  из R-пакета pegas. Дендрограмма, основанная на генетических расстояниях Нея, была построена с помощью алгоритма объединения соседей (NJ), реализованного в R-пакете poppr, анализ главных компонент по исследованным локусам (PCA



Рис. 2. Серый украинский скот (бык).

— Principal Component Analysis) проводили с помощью программного обеспечения PopGenReport [10, 11].

## РЕЗУЛЬТАТЫ

В ходе сравнительного анализа двух географически удаленных популяций серого украинского скота было установлено, что количество полиморфных локусов — 95.64%, и уровень аллельного разнообразия — 7.66, были больше в алтайской субпопуляции, по сравнению с асканийской: 58.13 и 4.41% соответственно (табл. 1).

В то же время значения наблюдаемой ( $H_O$ ) и ожидаемой ( $H_E$ ) гетерозиготностей оказались одинаковыми в алтайской субпопуляции ( $H_O = 0.76$ ,  $H_E = 0.76$ ) и достаточно близкими между собой в асканийской ( $H_O = 0.64$ ,  $H_E = 0.61$ ). При этом в последней при избытке гетерозигот уровень генетической изменчивости был несколько меньше —  $H_E = 0.61$ , по сравнению с алтайской —  $H_E = 0.76$ . На этом фоне рассчитанный коэффициент инбридинга  $F_{IS}$  алтайской популяции был равен 0, в то время как у асканийского скота отмечали незначительный избыток гетерозигот —  $F_{IS} = -0.05$  (табл. 1).

**Таблица 1.** Параметры аллельного и генетического разнообразия субпопуляций серого украинского скота

| Локус          | Субпопуляция        |       |       |       |          |                   |       |       |       |          |
|----------------|---------------------|-------|-------|-------|----------|-------------------|-------|-------|-------|----------|
|                | асканийская (Askan) |       |       |       |          | алтайская (Altai) |       |       |       |          |
|                | P, %                | $A_R$ | $H_O$ | $H_E$ | $F_{IS}$ | P, %              | $A_R$ | $H_O$ | $H_E$ | $F_{IS}$ |
| <i>ETH3</i>    | 66.67               | 3.7   | 0.3   | 0.31  | 0.03     | 83.33             | 5     | 0.83  | 0.74  | -0.12    |
| <i>CSSM66</i>  | 60                  | 4.5   | 0.69  | 0.58  | -0.19    | 90                | 8.59  | 0.88  | 0.82  | -0.07    |
| <i>INRA23</i>  | 60                  | 5.86  | 0.83  | 0.76  | -0.09    | 90                | 8.24  | 0.8   | 0.83  | 0.04     |
| <i>ILSTS6</i>  | 75                  | 5.63  | 0.66  | 0.64  | -0.03    | 100               | 6.96  | 0.76  | 0.79  | 0.04     |
| <i>TGLA227</i> | 60                  | 5.71  | 0.77  | 0.77  | 0        | 100               | 9.75  | 0.73  | 0.82  | 0.11     |
| <i>TGLA126</i> | 83.33               | 4.53  | 0.73  | 0.64  | -0.14    | 100               | 5.69  | 0.73  | 0.61  | -0.20    |
| <i>TGLA122</i> | 33.33               | 4.42  | 0.53  | 0.58  | 0.09     | 86.67             | 11.9  | 0.83  | 0.83  | 0        |
| <i>SPS115</i>  | 50                  | 3.02  | 0.54  | 0.5   | -0.08    | 100               | 6.6   | 0.54  | 0.61  | 0.11     |
| <i>ETH225</i>  | 55.56               | 4.57  | 0.73  | 0.66  | -0.11    | 88.89             | 7.22  | 0.71  | 0.78  | 0.09     |
| <i>TGLA53</i>  | 46.15               | 4.88  | 0.64  | 0.64  | 0        | 100               | 11.76 | 0.76  | 0.84  | 0.10     |
| <i>CSRM60</i>  | 66.67               | 3.95  | 0.59  | 0.61  | 0.03     | 100               | 5.96  | 0.83  | 0.79  | -0.05    |
| <i>BM2113</i>  | 57.14               | 3.94  | 0.6   | 0.59  | -0.02    | 100               | 6.99  | 0.83  | 0.83  | 0        |
| <i>BM1824</i>  | 57.14               | 4.00  | 0.69  | 0.62  | -0.11    | 100               | 6.22  | 0.68  | 0.71  | 0.04     |
| <i>ETH10</i>   | 42.86               | 3.00  | 0.64  | 0.63  | -0.02    | 100               | 6.43  | 0.68  | 0.66  | -0.03    |
| Средняя        | 58.13               | 4.41  | 0.64  | 0.61  | -0.05    | 95.64             | 7.66  | 0.76  | 0.76  | 0        |

Примечание.  $P$  — доля полиморфных локусов;  $A_R$  — аллельное разнообразие;  $H_O$  — наблюдаемая гетерозиготность;  $H_E$  — ожидаемая гетерозиготность;  $F_{IS}$  — коэффициент инбридинга.

В ходе дальнейшего анализа на уникальность выявляемых аллелей было обнаружено 50 приват-аллелей в алтайской субпопуляции и 6 — в асканийской (табл. 2). В то же время в алтайской субпопуляции серого скота — только 10 уникальных аллелей (20% от их общего числа) превышали вероятность обнаружения (равную 0.05); в асканийской субпопуляции число таких аллелей составило 3 или 50%. Причем, если в алтайской субпопуляции приватные аллели выявлялись преимущественно с низкой частотой и в узких пределах обнаружения — 0.06–0.14, то у асканийского скота, несмотря на их немногочисленность, приват аллели встречались чаще и с более широким диапазоном варирирования — 0.16–0.39 (табл. 2).

При рассмотрении  $F$ -статистик по исследованным локусам обеих субпопуляций значение  $F_{IS} = -0.0285$  указывает на избыток гетерозиготных генотипов с малой вероятностью встречи аллелей общего предка в рассматриваемых популяциях  $F_{IT} = 0.1161$ , а уровень  $F_{ST} = 0.1394$  свидетельствует об их средней дивергенции, наибольший вклад в которую вносит локус *Eth3* (табл. 3). Согласно дендрограмме Neighbor-Joining взаимоотношений можно видеть два больших кластера,

**Таблица 2.** Приват-аллели в локусах и субпопуляциях серого украинского скота

| Локус          | Субпопуляция | Аллель | Частота, % | Локус          | Субпопуляция | Аллель | Частота, % |
|----------------|--------------|--------|------------|----------------|--------------|--------|------------|
| <i>ETH3</i>    | Askan        | 115    | 26         | <i>TGLA122</i> | Altai        | 175    | 4          |
| <i>ETH3</i>    | Altai        | 121    | 9          | <i>TGLA122</i> | Askan        | 179    | 3          |
| <i>ETH3</i>    | Altai        | 127    | 13         | <i>TGLA122</i> | Altai        | 183    | 1          |
| <i>CSSM66</i>  | Altai        | 181    | 1          | <i>TGLA122</i> | Altai        | 185    | 4          |
| <i>CSSM66</i>  | Altai        | 187    | 3          | <i>SPS115</i>  | Altai        | 246    | 1          |
| <i>CSSM66</i>  | Altai        | 195    | 5          | <i>SPS115</i>  | Altai        | 252    | 4          |
| <i>CSSM66</i>  | Altai        | 197    | 6          | <i>SPS115</i>  | Altai        | 258    | 1          |
| <i>CSSM66</i>  | Askan        | 199    | 1          | <i>SPS115</i>  | Altai        | 262    | 1          |
| <i>INRA23</i>  | Altai        | 196    | 5          | <i>ETH225</i>  | Altai        | 142    | 5          |
| <i>INRA23</i>  | Altai        | 200    | 13         | <i>ETH225</i>  | Askan        | 146    | 16         |
| <i>INRA23</i>  | Askan        | 202    | 39         | <i>ETH225</i>  | Altai        | 152    | 3          |
| <i>INRA23</i>  | Altai        | 210    | 4          | <i>ETH225</i>  | Altai        | 154    | 1          |
| <i>INRA23</i>  | Altai        | 216    | 1          | <i>ETH225</i>  | Altai        | 156    | 1          |
| <i>ILSTS6</i>  | Altai        | 282    | 1          | <i>TGLA53</i>  | Altai        | 154    | 4          |
| <i>ILSTS6</i>  | Altai        | 300    | 1          | <i>TGLA53</i>  | Altai        | 162    | 2          |
| <i>TGLA227</i> | Altai        | 079    | 3          | <i>TGLA53</i>  | Altai        | 164    | 4          |
| <i>TGLA227</i> | Altai        | 091    | 5          | <i>TGLA53</i>  | Altai        | 176    | 3          |
| <i>TGLA227</i> | Altai        | 097    | 14         | <i>TGLA53</i>  | Altai        | 178    | 4          |
| <i>TGLA227</i> | Altai        | 101    | 3          | <i>TGLA53</i>  | Altai        | 182    | 2          |
| <i>TGLA126</i> | Altai        | 123    | 2          | <i>TGLA53</i>  | Altai        | 186    | 1          |
| <i>TGLA122</i> | Altai        | 139    | 1          | <i>CSRM60</i>  | Altai        | 096    | 7          |
| <i>TGLA122</i> | Altai        | 141    | 10         | <i>CSRM60</i>  | Altai        | 104    | 3          |
| <i>TGLA122</i> | Altai        | 145    | 2          | <i>BM2113</i>  | Altai        | 125    | 4          |
| <i>TGLA122</i> | Altai        | 153    | 2          | <i>BM2113</i>  | Altai        | 131    | 14         |
| <i>TGLA122</i> | Altai        | 161    | 5          | <i>BM2113</i>  | Altai        | 135    | 12         |
| <i>TGLA122</i> | Altai        | 163    | 4          | <i>BM1824</i>  | Altai        | 176    | 1          |
| <i>TGLA122</i> | Askan        | 169    | 3          | <i>BM1824</i>  | Altai        | 184    | 1          |
| <i>TGLA122</i> | Altai        | 173    | 3          | <i>BM1824</i>  | Altai        | 186    | 7          |

сформированных алтайской и асканийской субпопуляциями (рис. 3). При этом серый украинский скот из Черги делится еще на два достаточно удаленных подклUSTERов (или две линии разведения), в один из которых попадают пять особей асканийской субпопуляции, что подтверждает их отдаленные родственные связи [12]. Что же касается асканийской субпопуляции, то она образует куст из нескольких сближенных подклUSTERов (всего восемь родственных групп), отражающих ее множественную линейную структуру.

При последующем рассмотрении тех же самых субпопуляций с использованием метода главных компонент (PCA) (рис. 4) наблюдается их четкое разграничение с выраженной неоднородностью особей в алтайской и консолидацией животных в асканийской субпопуляции.

## ОБСУЖДЕНИЕ

Можно видеть, что при общем рассмотрении популяций серого украинского скота с использованием *F*-статистик Райта отмечается незначительный

**Таблица 3.** *F*-статистики по исследованным локусам субпопуляций серого украинского скота

| Локус          | $F_{IT}$    | $F_{ST}$    | $F_{IS}$     |
|----------------|-------------|-------------|--------------|
| <i>ETH3</i>    | 0.20948280  | 0.23848947  | -0.038090963 |
| <i>CSSM66</i>  | 0.08202644  | 0.19849845  | -0.145317266 |
| <i>INRA23</i>  | 0.07071799  | 0.11239222  | -0.046951181 |
| <i>ILSTS6</i>  | 0.17892123  | 0.18257128  | -0.004465281 |
| <i>TGLA227</i> | 0.11005591  | 0.07895635  | 0.033765563  |
| <i>TGLA126</i> | 0.08620622  | 0.21275222  | -0.160744810 |
| <i>TGLA122</i> | 0.23889019  | 0.19515622  | 0.054338459  |
| <i>SPS115</i>  | 0.01416733  | 0.02679428  | -0.012974590 |
| <i>ETH225</i>  | 0.07487413  | 0.10363076  | -0.032081235 |
| <i>TGLA53</i>  | 0.18498442  | 0.15169638  | 0.039240709  |
| <i>CSRM60</i>  | 0.13075568  | 0.12568836  | 0.005795789  |
| <i>BM2113</i>  | 0.12618519  | 0.13532227  | -0.010567033 |
| <i>BM1824</i>  | 0.08929996  | 0.14285507  | -0.062480814 |
| <i>ETH10</i>   | 0.02944797  | 0.04738194  | -0.018825989 |
| Средняя        | 0.116143961 | 0.139441805 | -0.028525617 |

избыток гетерозигот с отсутствием инбридинга  $F_{IT} = 0.116 < F_{ST}$  (табл. 1), причем в большей степени это относится к херсонской популяции. Все это указывает на то, что в обоих стадах серого украинского скота ведется работа по сохранению генетического разнообразия с той лишь разницей, что более низкий уровень аллельного разнообразия ( $A_R$ ) при большей генетической изменчивости ( $H_E$ ), обнаруживаемый в асканийской субпопуляции, свидетельствует о более интенсивном в ней фенотипическом отборе. Об этом же свидетельствует и большая консолидированность асканийской субпопуляции по данным РСА-анализа.

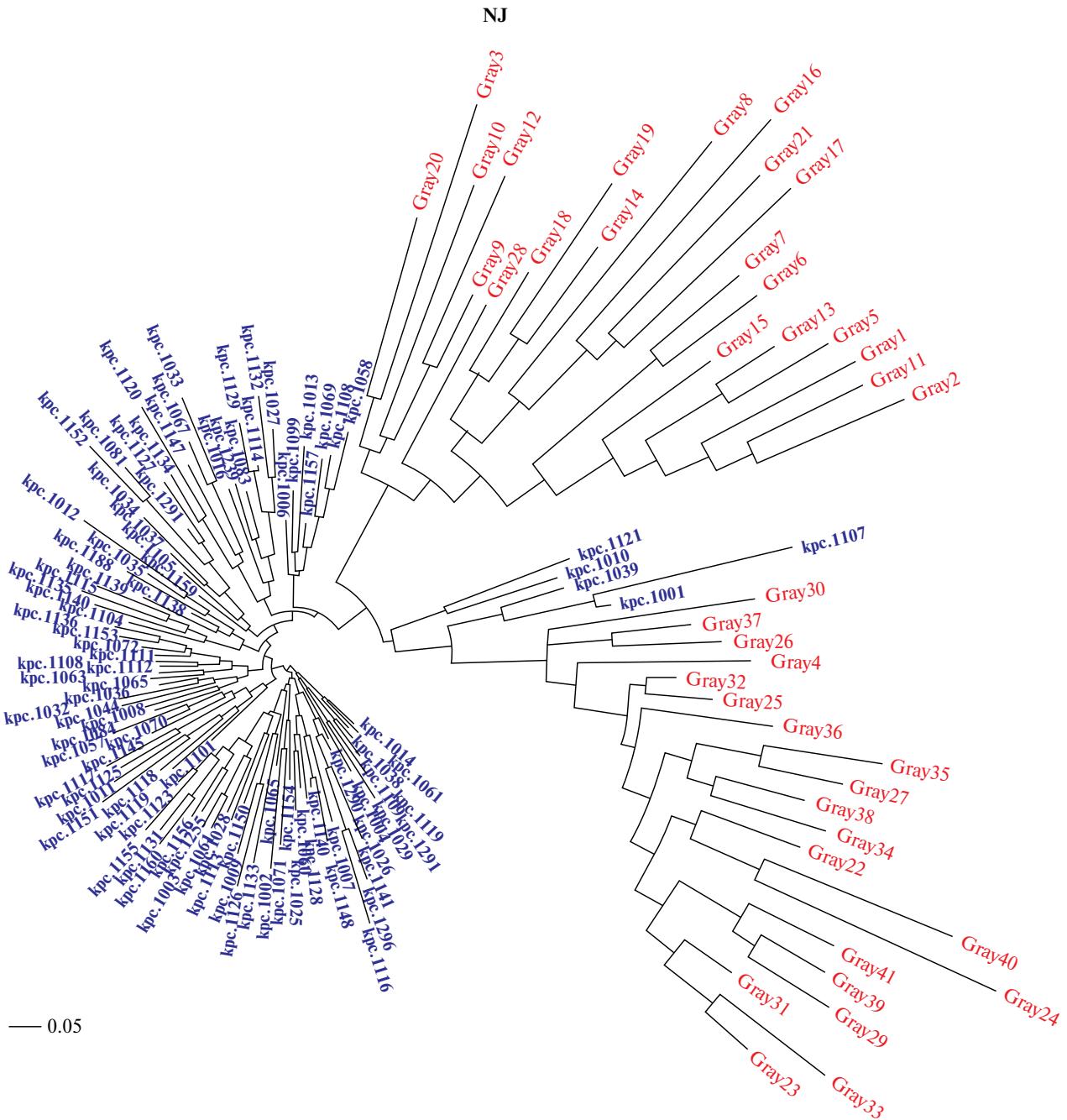
В связи с вышесказанным интересно отметить, что в ранее проведенных исследованиях при оценке аллельного полиморфизма по гену *BoLA-DRB3* с применением индекса Шеннона – Винера ( $H'$ ) самые высокие его значения (3.77 и 3.4) были выявлены у красно-пестрой и голштинских пород КРС и самое низкое – у якутской породы (1.74). Для серого украинского скота асканийской субпопуляции аллельный полиморфизм *BoLA-DRB3* составил 3.26, что сближает его по этому показателю со специализированными молочными породами [13].

В свою очередь, расчет значения  $F_{ST}$  (табл. 3), отражающего степень подразделенности субпопуляций, показал, что 86.1% выявленной у серого украинского скота изменчивости реализуется внутри популяции, включающей асканийскую и алтайскую субпопуляции, и 13.4% ( $F_{ST} = 0.134$ ) приходится на долю межпопуляционной составляющей.

В связи с этим интерес представляет оценка величины  $M$  [14], характеризующей интенсивность потока генов между субпопуляциями. В нашем случае  $M = 1.61$  и  $2M > 1$ , что свидетельствует об отсутствии тенденции к дивергенции рассматриваемых субпопуляций по аллельным частотам [15].

Что же касается величины ожидаемой генетической гетерозиготности ( $H_E$ ), то характерная гетерогенность генетического разнообразия, обнаруживаемая у серого украинского скота, свойственна и для других пород КРС, в том числе региональных и трансграничных. Например, по черно-пестрой породе в разных субпопуляциях величина ожидаемой гетерозиготности  $H_E$  варьировала от минимальной 0.417 до максимальной 0.751 (коэффициент вариации  $Cv = 19.7\%$ ) при среднем значении  $0.608 \pm 0.042$  и 95% доверительном интервале (ДИ) =  $0.526 \div 0.690$ . По голштинской породе значения  $H_E$  изменились от 0.430 до 0.891 (коэффициент вариации 19.4%) при среднем –  $0.639 \pm 0.026$  (95% ДИ,  $0.588 \div 0.690$ ) [16].

Причем одни авторы подобный внутривидовой разброс значений  $H_E$  связывают с использованием в вычислениях малочисленных нерепрезентативных выборок, в то время как другие склонны объяснять его характером динамики происходящих во времени внутривидовых процессов [12, 17]. Принимая во внимание данные точки зрения и с учетом объема выборочных данных, использованных в настоящем исследовании, можно было бы говорить об асканийской субпопуляции как

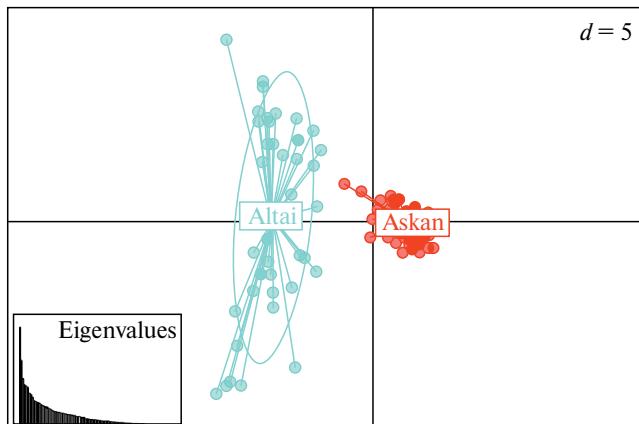


**Рис. 3.** NJ-дендограмма взаимоотношений исследуемых субпопуляций серого украинского скота, построенная на основе попарных генетических дистанций  $D_A$  Нея. Синим цветом обозначена асканийская субпопуляция, красным – алтайская.

наиболее объективно отражающей фактическую генетическую изменчивость серого украинского скота. Наблюдаемые различия  $H_E$  в двух рассматриваемых субпопуляциях также можно объяснить уменьшением поголовья в асканийском стаде и его увеличением в алтайском. Причем сходная картина наблюдалась ранее на Украине в отдельных субпопуляциях серого украинского скота (ООО

“Голосеево” и КСП “Вороньков”), где с ростом численности животных увеличивался показатель генотипической изменчивости ( $H_E$ ) до 0.80 и 0.81 соответственно [18].

Таким образом, по результатам сравнительного анализа асканийского и алтайского серого украинского скота в настоящей работе установлено, что рассматриваемые популяции по изучаемым



**Рис. 4.** Проекция особей исследуемых субпопуляций серого украинского скота на плоскости двух координат по данным PCA-анализа.

микросателлитным локусам характеризуются отсутствием инбридинга, отдаленными родственными связями и различались между собой показателями аллельного и генетического разнообразия: большим для алтайской микропопуляции и меньшим для херсонской. Эти данные свидетельствуют о том, что алтайская популяция по своим генетическим характеристикам была менее подвержена селекционному давлению. В то же время асканийское стадо серого украинского скота при большем линейном разнообразии и избыточной гетерозиготности отличается выравненностью, однородностью и консолидированностью, что позволяет рассматривать его в качестве источника ценного племенного материала при разведении этой породы.

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

Исследование одобрено Этическим комитетом Института общей генетики им. Н. И. Вавилова РАН 17 июня 2024 г., протокол № 3.

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

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Столовский Ю.А. Серая украинская порода // Генетические ресурсы крупного рогатого скота: редкие и исчезающие отечественные породы. М.: Наука, 1993. С. 94–111.
- Glazko V.I. Podolic cattle in the Ukraine and eastern territories // Stočarstvo: Časopis za unapređenje stočarstva. 2001. V. 55. № 1. P. 33–60.
- The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture. Rome, FAO, 2007. 511 p.
- Ukrainian grey/Ukraine (cattle). Domestic animal diversity information system of the food and agriculture organization of the United Nations. Accessed April 2023. <https://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/en/>
- Dakin E.E., Avise J.C. Microsatellite null alleles in percentage analysis // Heredity. 2004. V. 93. P. 504–509. doi: 10.1038/sj.hdy.6800545
- 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. P. 2016. <https://www.mdpi.com>. doi: 10.3390/ani11072016
- Бекетов С.В., Семина М.Т., Мокеев А.С. и др. Перспективы применения технологии “генетического биркования” в животноводстве // Главный зоотехник. 2024. № 5. С. 3–15.
- Jombart T. Adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers // Bioinformatics. 2008. V. 24. P. 1403–1405. doi: 10.1093/bioinformatics/btn129
- Keenan K., McGinnity P., Cross T.F. et al. diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors // Methods Ecol. and Evol. 2013. № 4. P. 782–788. doi:10.1111/2041-210X.12067
- Adamack A.T., Gruber B. PopGenReport: Simplifying basic population genetic analyses in R. Methods // Ecology and Evolution. 2014. № 5. P. 384–387. doi: 10.1111/2041-210X.12158
- Gruber B., Adamack A.T. landgenreport: A new R function to simplify landscape genetic analysis using resistance surface layers // Mol. Ecol. Resources. 2015. V. 15. P. 1172–1178. doi: 10.1111/1755-0998.12381
- Кушнир А.В., Глазко В.И. Серый украинский скот и его близкородственные формы // Сиб. экол. журнал. 2009. Т. 16. № 3. С. 495–506.
- Копылов К.В., Стародуб Л.Ф., Мохначева Н.Б., Супрович Н.П. Особенности изменчивости генома крупного рогатого скота серой украинской породы по цито- и ДНК-маркерам // Акт. пробл. интенсивного развития животноводства. 2019. Вып. 1. С. 60–69.
- Holsinger K.E. Lecture notes in population genetics. Stanford: University of Connecticut, 2010. 275 p. doi: 10.6084/M9.FIGSHARE.100687

15. Кузнецов В.М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация // Пробл. биол. продуктивных животных. 2014. № 4. С. 80–104.
16. Кузнецов В.М. Снижает ли кроссбридинг генетическое разнообразие? Разведение и сохранение пород молочного скота в России. Киров: НИИСХ Северо-Востока, 2017. 104 с.
17. Кузнецов В.М. Сравнение методов оценки генетической дифференциации популяций по микросателлитным маркерам // Зоотехния. 2020. Т. 21. № 2. С. 169–182. doi:10.30766/2072-9081.2020.21.2.169-182
18. Гузеев Ю.В., Мельник О.В., Спиридонос 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.

## Characteristics by STR Markers of Gray Ukrainian Cattle Breed in the Russian Federation

**A. S. Mokeev<sup>a,\*</sup>, N. N. Fursa<sup>a</sup>, S. V. Beketov<sup>b, \*\*</sup>, G. R. Svishcheva<sup>b</sup>,  
A. A. Onokhov<sup>b</sup>, Yu. A. Stolpovsky<sup>b</sup>**

<sup>a</sup>Ivanov Institute of Livestock Husbandry of Steppe Regions “Askania-Nova” – National Scientific Selection and Genetic Center for Sheep Breeding of the National Academy of Agrarian Sciences, Askania-Nova, 275230 Russia

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

\*e-mail: mokeev.as@mail.ru

\*\*e-mail: svbeketov@gmail.com

Using 14 microsatellite markers (*BM1824, BM2113, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, ILSTS006, INRA023, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126, TGLA227*), samples of Ukrainian Grey cattle herds of the M.F. Ivanov Institute “Askania-Nova” (Kherson region) ( $n = 101$ ) and experimental farm of Cherga (Altai Republic) ( $n = 41$ ). When considering Wright's F-statistics for the studied loci, the value  $F_{IS} = -0.0285$  indicates an excess of heterozygous genotypes in the population of Ukrainian Grey cattle, with a low probability of encountering alleles of the common ancestor  $F_{IT} = 0.1161$ , and the level  $F_{ST} = 0.1394$  indicates an average divergence of subpopulations, the largest contribution to which is contributed by the Eth3 locus. At the same time, the number of detected polymorphic loci – 95.64%, the level of allelic diversity –  $A_R = 7.66$  and genetic diversity –  $H_E = 0.76$  were higher in the Altai subpopulation than in the Kherson subpopulation – 58.13%, 4.41, 0.61, respectively. At the same time, the Kherson herd was characterized by better evenness, homogeneity and consolidation, which allows us to consider it as a source of valuable breeding material for breeding the Ukrainian Grey breed.

**Keywords:** Ukrainian Grey cattle, subpopulations, microsatellites, genotyping, population genetic characteristics.