

## 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: sybeketov@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 охраняемые 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

хрящевой ткани наружного уха выделяли с помощью набора реагентов “ДНК-Экстрен-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 термоциклере 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. 1. Серый украинский скот (коровы).



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).

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 варьирования – 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 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.

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 подкластера (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 подкластеров (всего восемь родственных групп), отражающих ее множественную линейную структуру.

При последующем рассмотрении тех же самых субпопуляций с использованием метода главных компонент (РСА) (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].

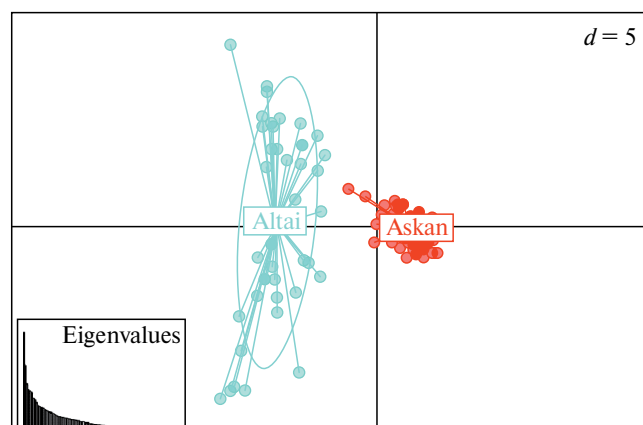
В свою очередь, расчет значения  $F_{ST}$  (табл. 3), отражающего степень подразделенности субпопуляций, показал, что 86.1% выявленной у серого украинского скота изменчивости реализуется внутри популяции, включающей асканийскую и алтайскую субпопуляции, и 13.4% ( $F_{ST} = 0.134$ ) приходится на долю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

1. Столповский Ю.А. Серая украинская порода // Генетические ресурсы крупного рогатого скота: редкие и исчезающие отечественные породы. М.: Наука, 1993. С. 94–111.
2. Glazko V.I. Podolic cattle in the Ukraine and eastern territories // Stočarstvo: Časopis za unapređenje stočarstva. 2001. V. 55. № 1. P. 33–60.
3. The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture. Rome, FAO, 2007. 511 p.
4. 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/>
5. Dakin E.E., Avise J.C. Microsatellite null alleles in parentage analysis // Heredity. 2004. V. 93. P. 504–509. doi: 10.1038/sj.hdy.6800545
6. 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
7. 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.
8. Jombart T. Adegnet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers // Bioinformatics. 2008. V. 24. P. 1403–1405. doi: 10.1093/bioinformatics/btn129
9. 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
10. 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
11. 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
12. Кушнир А.В., Глазко В.И. Серый украинский скот и его близкородственные формы // Сиб. экол. журнал. 2009. Т. 16. № 3. С. 495–506.
13. 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.
14. 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., Спиридонов В.Г., Мельничук С.Д. Сравнительный анализ генетической структуры микропопуляции серой украинской породы крупного рогатого скота по ДНК-маркерам // Науковий вісник ЛНУВМБТ імені С. З. Гжицького. 2015. Т. 17. № 3(63). С. 166–171.

## 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*

<sup>\*</sup>*e-mail: mokeev.as@mail.ru*

<sup>\*\*</sup>*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.