

Научная статья / *Original article*

УДК 636.22/28.082

DOI: 10.31208/2618-7353-2025-32-36-45

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОФОНДНОГО СТАДА КРАСНОЙ СТЕПНОЙ ПОРОДЫ

GENETIC CHARACTERISTICS OF THE GENE POOL HERD OF RED STEPPE BREED

Татьяна А. Князева, кандидат сельскохозяйственных наук

Ирина Е. Багаль, кандидат биологических наук

Арсений П. Шевчук, научный сотрудник

Tatyana A. Knyazeva, PhD (Agriculture)

Irina E. Bagal, PhD (Biology)

Arsenii P. Shevchuk, Researcher

Всероссийский научно-исследовательский институт
племенного дела, п. Лесные Поляны, Пушкино, Московская область

All-Russian Research Institute of Breeding, Lesnye Polyany, Pushkino, Moscow Region, Russia

Контактное лицо: Князева Татьяна Александровна, ведущий научный сотрудник, лаборатория разведения красных пород скота, Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела; 141212, Московская область, г. Пушкино, п. Лесные Поляны, ул. Ленина, д. 13; e-mail: red-step@mail.ru; тел.: 8(495)515-95-57; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3022-9538>.

Для цитирования: Князева Т.А., Багаль И.Е., Шевчук А.П. Генетическая характеристика генофондного стада красной степной породы // Аграрно-пищевые инновации. 2025. Т. 32. № 4. С. 36-45. <https://doi.org/10.31208/2618-7353-2025-32-36-45>.

Principal Contact: Tatyana A. Knyazeva, Leading Researcher, Laboratory of Breeding of the Red Steppe Cattle Breed, All-Russian Research Institute of Breeding; 13, Lenina st., Lesniye Polyany, Pushkino, Moscow Region, 141212, Russian Federation; e-mail: red-step@mail.ru; tel.: +7(495)515-95-57; ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-3022-9538>.

For citation: Knyazeva TA, Bagal IE, Shevchuk AP. Genetic characteristics of the gene pool herd of Red Steppe breed. *Agrarno-pishchevye innovacii* = *Agrarian-and-food innovations*. 2025;32(4):36-45. (In Russ.). <https://doi.org/10.31208/2618-7353-2025-32-36-45>.

Резюме

Цель. Изучить генетическое разнообразие животных красной степной породы генофондного стада для разработки стратегии закрытого разведения породы в целях её сохранения.

Материалы и методы. В исследование были включены 225 коров красной степной породы генофондного стада. Для изучения генетического разнообразия генофондного стада использовали 13 микросателлитных локусов. Генетическим материалом являлась кровь крупного рогатого скота. Микросателлитный анализ ДНК был проведён с использованием набора реагентов для мультиплексного анализа микросателлитных маркеров крупного рогатого скота COrDISCattle (ООО «ГОРДИЗ», г. Москва). Первичную обработку данных фрагментного анализа амплификаторов осуществляли с помощью программного обеспечения GeneMapper (Applied Biosystems, США). Число аллелей (n_a) и эффективных аллелей (n_e) оценивали для каждого микросателлитного локуса при помощи программного обеспечения GenALEX 6.5, рассчитывали показатели информативности и гетерозиготности.

Результаты. Все исследованные локусы были высокоинформативными и полиморфными. Всего в 13 микросателлитных локусах было выявлено 210 аллелей, из которых 16 (22,5%) имели частоту ниже 5%. Количество выявленных аллелей на локус варьировалось от четырех до десяти со средним значением $6,45 \pm 0,51$. Среднее эффективное число аллелей (Ne) составило $3,83 \pm 0,332$. Средние значения наблюдаемой (Ho) и ожидаемой (He) гетерозиготности составили $0,746 \pm 0,027$ и $0,713 \pm 0,027$, соответственно. Тест на равновесие Харди-Вайнберга свидетельствует о том, что генофондное стадо крупного рогатого скота красной степной породы находится в состоянии равновесия.

Заключение. Выявлен высокий уровень гетерозиготности животных генофондного стада и отсутствие инбридинга (индекс фиксации $F = -0,047 \pm 0,027$), что не ограничивает в выборе быков при закреплении за маточным поголовьем в рамках оптимизации стратегии разведения в закрытом стаде.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, красная степная порода, STR, гетерозиготность, индекс фиксации

Abstract

Purpose. Study the genetic diversity of animals of the Red Steppe breed of the gene pool herd to develop a strategy for closed breeding of the breed in order to preserve it.

Materials and Methods. 225 Red Steppe cows from the gene pool herd were included in the study. Thirteen microsatellite loci were used to assess the genetic diversity of the gene pool herd. Cattle blood served as the genetic material. Microsatellite DNA analysis was performed using the COrDISCattle reagent kit for multiplex analysis of cattle microsatellite markers (GORDIZ LLC, Moscow). Primary processing of the fragment analysis data was performed using GeneMapper software (Applied Biosystems, USA). The number of alleles (na) and effective alleles (ne) were assessed for each microsatellite locus using GenALEX 6.5 software, and informativeness and heterozygosity indices were calculated.

Results. All loci studied were highly informative and polymorphic. A total of 210 alleles were identified in 13 microsatellite loci, of which 16 (22.5%) had a frequency below 5%. The number of alleles identified per locus ranged from four to ten, with an average value of 6.45 ± 0.51 . The average effective number of alleles (Ne) was 3.83 ± 0.332 . The average values of observed (Ho) and expected (He) heterozygosity were 0.746 ± 0.027 and 0.713 ± 0.027 , respectively. The Hardy-Weinberg equilibrium test indicates that the gene pool of the Red Steppe breed is in equilibrium.

Conclusion. A high level of heterozygosity of the animals of the gene-pool herd and the absence of inbreeding were revealed (fixation index $F = -0.047 \pm 0.027$), which does not limit the choice of bulls when assigning them to the broodstock as part of optimizing the breeding strategy in the closed herd.

Keywords: cattle, Red Steppe breed, STR, heterozygosity, fixation index

Введение. Целью программ разведения малочисленных локальных пород крупного рогатого скота является поддержание генетического разнообразия для сохранения их жизнеспособности [1-4].

При существующей тенденции вытеснения местных пород коммерческими возможны необратимые потери ценного отечественного генофонда, сформированного в процессе многолетней адаптации скота к локальным условиям окружающей среды [5].

Локальные популяции крупного рогатого скота сохраняют большую индивидуальную изменчивость по сравнению с коммерческими породами, являются важным резервом генетической вариабельности, т.к. обладают присущими только им комбинациями аллелей. Такие

аллели должны быть обнаружены, сохранены и использованы в селекционной работе. Поэтому крайне актуально выявить генетическую уникальность пород, в том числе красных молочных пород [6-8].

Генетическая структура любой популяции определяется ее генофондом, который представляет собой совокупность всех аллелей и их вариантов, определяющих наследственную изменчивость признаков. Понимание генетической структуры различных популяций крупного рогатого скота важно для сохранения местных пород и их совершенствования. Наиболее распространенным методом изучения структуры популяции является генотипирование по аллелям микросателлитных локусов ДНК [9-11].

В популяционно-генетических исследованиях крупного рогатого скота широко применяются высокополиморфные короткие tandemные повторы в некодирующих областях генома – так называемые микросателлиты (Short Tandem Repeats, STR). Анализ STR-локусов позволяет оценить генетическое разнообразие, структуру популяций, уровень инбридинга, а также устанавливать филогенетические связи [12].

В этом исследовании мы использовали хорошо зарекомендовавшие себя инструменты популяционно-генетического анализа для оценки структуры и генетического разнообразия генофондного стада красной степной породы.

Цель исследования – изучить генетическое разнообразие животных красной степной породы генофондного стада для разработки стратегии закрытого разведения породы в целях её сохранения.

Материалы и методы. Для реализации поставленной цели были использованы результаты исследования 13-ти микросателлитных локусов ДНК крупного рогатого скота красной степной породы – 225 коров (СПК «Племзавод Вторая Пятилетка», Ставропольский край), проведенного в условиях лаборатории ДНК-технологий ФГБНУ ВНИИплем (Московская обл., пос. Лесные Поляны) и лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» (г. Ставрополь).

Нами был изучен аллельный профиль 7 наиболее многочисленных групп дочерей быков-производителей: Императора 9310, Весеннего 5077, Имана 314, Аллюра 308, Ленто 909 и Буряка 5973.

Генетическим материалом являлась кровь крупного рогатого скота, которую получали из хвостовой вены каждого животного в вакуумные пробирки объемом 9 мл с антикоагулянтом (ЭДТА). Выделение ДНК проводили с использованием набора ДНК-Экстрап-2 (Синтол, Россия), согласно прилагаемой инструкции производителя. Количество (нг/мкл) и чистоту выделенной ДНК оценивали с помощью микроспектрофотометра Nano-500 (Allsheng, Китай). Соотношение оптических плотностей (A260/A280 и A260/A230) находилось в диапазоне 1,8–2,0.

Микросателлитный анализ ДНК был проведён с использованием набора реагентов для мультиплексного анализа микросателлитных маркеров крупного рогатого скота COrDISCattle (ООО «ГОРДИЗ», г. Москва).

Первичную обработку данных фрагментного анализа амплификаторов, полученных в мультиплексной ПЦР на капиллярном секвенаторе Applied Biosystems ABI Prism 3130 (Applied Biosystems, США), осуществляли с помощью программного обеспечения GeneMapper (Applied Biosystems, США). Затем создавали таблицу формата xls (Microsoft Excel), согласно руководству программы, либо экспортировали в формат исходных данных для обработки в

программах генетического анализа. Далее при помощи программного обеспечения GenALEX 6.5 для каждого микросателлитного локуса оценивали наблюдаемое число аллелей (n_a), число эффективных аллелей (n_e) и рассчитывали показатели информативности (I – информационный индекс Шеннона), показатели гетерозиготности (H_e -ожидаемой, H_o -наблюдаемой).

F-фиксированный индекс вычисляли по формуле:

$$F = (H_e - H_o) / H_e = 1 - (H_o / H_e).$$

Результаты и обсуждение. Анализ 13-ти микросателлитных локусов коров генофондного стада красной степной породы позволил выявить 110 аллелей.

Частота встречаемости аллелей в исследуемом массиве животных варьировала от 0,002 до 0,616. С наибольшей частотой (от 0,616 до 0,307) встречались 13 аллелей: 219, 115, 117 и 102 (локус TGLA126), 248, 266, 135 и 143 (локус SPS115), 140 (локус ETH225) и 178, 185, 264, 127 (локус BM1824). С минимальной частотой встречались 32 аллеля – от 0,002 до 0,011. Наиболее полиморфным был локус TGLA122 (17 аллелей).

Анализ частотного распределения аллельных вариантов позволил выявить аллели, наиболее характерные для генофондного стада красной степной породы, по каждому из микросателлитных локусов ДНК.

Характер распределения частот аллелей внутри каждого локуса у животных красной степной породы в целом имеет неравномерный и сходный характер. Аллели 219 локуса ETH10 и 115 локуса TGLA126 имели наибольшую частоту – 0,616 и 0,613, соответственно. Носителями аллеля 115 является 61% животных. В локусе TGLA126 аллель 117 встречается с частотой 0,596.

Выявлено, что у животных генофондного стада из 5 аллелей микросателлитного локуса BM1824 чаще встречается аллель 178 с частотой 0,327.

Среди 7 аллелей локуса BM2113 преобладает аллель 135 с частотой 0,367. Из 8 аллелей локуса CSRM60 доминирует аллель 102 с частотой 0,551. Из 9 аллелей локуса CSSM66 чаще выявляется аллель 185 с частотой 0,326. Из 6 аллелей локуса ETH10 чаще выявляется аллель 219 с частотой 0,616.

Из 7 аллелей локуса ETH3 с частотой 0,596 преобладает аллель 117. Из 7 аллелей локуса SPS115 доминирует аллель 248 с частотой 0,438.

Из 17 аллелей локуса TGLA122 с частотой 0,364 преобладает аллель 143. Из 5 аллелей локуса TGLA126 преобладает аллель 115 с частотой 0,613.

Из 10 аллелей локуса TGLA227 чаще выявляется аллель 91 с частотой 0,298. Из 14 аллелей локуса TGLA53 доминирует с частотой встречаемости 0,263 аллель 160.

Из 6 аллелей локуса BM1818 с частотой встречаемости 0,369 и 0,324 наиболее распространены аллели 266 и 264, соответственно.

В нашем исследовании были выявлены мажорные (частота встречаемости $> 0,5$), редкие (частота встречаемости – 0,2-0,5) и приватные аллели (частота встречаемости $< 0,2$) у животных генофондного стада красной степной породы.

Наибольшее количество приватных аллелей установлено в локусе TGLA 122 – 10 аллелей и локусе TGLA53 – 6 аллелей (таблица 1).

Анализ изученных аллелей по 13 микросателлитным локусам генофондного стада красной степной породы показал, что мажорные аллели обнаружены в локусах: ETH10, ETH3 и TGLA126.

Таблица 1. Частота встречаемости приватных аллелей в генофондном стаде красной степной породы

Table 1. Frequency of occurrence of private alleles in the gene pool of the Red Steppe breed

Локус <i>Locus</i>	Аллель <i>Allele</i>	Частота <i>Frequency</i>
BM2113	137	0,002
CSRМ60	88	0,002
CSRМ60	94	0,007
CSSM66	199	0,002
ETH10	223	0,007
ETH3	121	0,004
ETH3	123	0,002
ETH3	129	0,007
ETH3	125	0,002
SPS115	261	0,002
TGLA122	151	0,002
TGLA122	143	0,002
TGLA122	141	0,007
TGLA122	149	0,007
TGLA122	157	0,004
TGLA122	159	0,002
TGLA122	165	0,002
TGLA122	173	0,002
TGLA122	175	0,002
TGLA122	163	0,002
TGLA227	87	0,007
TGLA227	85	0,009
TGLA227	95	0,004
TGLA53	170	0,009
TGLA53	174	0,009
TGLA53	178	0,009
TGLA53	180	0,004
TGLA53	182	0,004
TGLA53	186	0,009
BM1818	258	0,007

Оценка генетического разнообразия генома животных генофондного стада красной степной породы показала, что наибольшее количество аллельных вариантов выявлено для локуса TGLA122 (17), число эффективных аллелей составило 4,28, значение информационного индекса Шеннона 1,716 (таблица 2). Средний уровень наблюдаемой гетерозиготности (H_o) во всех локусах превысил 0,569.

Наиболее высокий уровень наблюдаемой гетерозиготности выявлен у 4-х локусов: TGLA53 (0,871), TGLA227 (0,853), BM1824 (0,853), TGLA122 (0,836), уровень ожидаемой гетерозиготности по этим локусам достиг 0,830; 0,803; 0,776; 0,767, соответственно. Индекс фиксации F по всем перечисленным локусам имел отрицательные значения: TGLA53 (-0,048), TGLA227 (-0,062), BM1824 (-0,100), TGLA122 (-0,090), что указывает на избыток гетерозигот.

Таблица 2. Оценка генетического разнообразия генома животных генофондного стада красной степной породы

Table 2. Assessment of the genetic diversity of the genome of animals from the gene pool of the Red Steppe breed

Локус Locus	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
BM1824	225	6	4,462	1,594	0,853	0,776	0,778	-0,100
BM2113	225	7	3,851	1,527	0,778	0,740	0,742	-0,051
CSRM60	224	8	2,644	1,284	0,607	0,622	0,623	0,024
CSSM66	224	9	4,942	1,785	0,830	0,798	0,799	-0,041
ETH10	225	6	2,304	1,119	0,604	0,566	0,567	-0,068
ETH225	225	7	4,877	1,722	0,796	0,795	0,797	-0,001
ETH3	225	9	2,448	1,228	0,627	0,592	0,593	-0,059
SPS115	225	7	3,536	1,450	0,729	0,717	0,719	-0,016
TGLA122	225	17	4,288	1,716	0,836	0,767	0,768	-0,090
TGLA126	225	5	2,293	1,074	0,569	0,564	0,565	-0,009
TGLA227	225	10	5,083	1,776	0,853	0,803	0,805	-0,062
TGLA53	224	14	5,899	2,008	0,871	0,830	0,832	-0,048
BM1818	225	6	3,258	1,283	0,751	0,693	0,695	-0,084

Примечание: Na – число аллелей; Ne – число эффективных аллелей; I – Индекс Шеннона; Ho – наблюдаемая гетерозиготность (средний уровень наблюдаемой гетерозиготности); He – ожидаемая гетерозиготность; uHe – несмешенная ожидаемая гетерозиготность; F – фиксированный индекс

*Note: Na – number of alleles; Ne – number of effective alleles; I – Shannon index;
Ho – observed heterozygosity (average level of observed heterozygosity);
He – expected heterozygosity; uHe – unbiased expected heterozygosity; F – fixed index*

На основании результатов генотипирования групп дочерей быков красной степной породы по микросателлитным локусам ДНК установлен перечень и частоты аллельных вариантов, указывающие на высокий уровень генетического разнообразия исследованных структур генофондного стада (таблица 3).

Группы дочерей быков в генофондном стаде имеют высокую степень генетического разнообразия: среднее количество аллелей по группам варьирует от 4,5 до 7,2 аллелей на локус. Количество эффективных аллелей колеблется от 3,0 до 4,0 на локус.

Наибольшим уровнем генетического разнообразия характеризуются дочери быка Весеннего 5077, у которых $3,97 \pm 0,394$ эффективных аллелей на локус, меньшим – дочери Императора 9310 ($3,04 \pm 0,221$).

В группах дочерей всех быков информационный индекс Шеннона колеблется от $1,239 \pm 0,093$ до $1,483 \pm 0,035$. Показатель фактической гетерозиготности в среднем по всем группам дочерей быков красной степной породы имеет высокие значения и варьирует от $0,712 \pm 0,056$ до $0,772 \pm 0,034$.

Полученные нами результаты исследований свидетельствуют, что по уровню внутрипопуляционной гетерозиготности животные красной степной породы также превосходят суксунскую породу, которая относится к малочисленным отечественным красным породам. Дефицит гетерозигот у суксунской породы составил 4,4 % [10].

У животных генофондного стада выявлен избыток гетерозигот, что подтверждается отрицательным значением индекса фиксации - 0,047.

Таблица 3. Характеристика генетического разнообразия генофондного стада красной степной породы
Table 3. Characteristics of the genetic diversity of the gene pool of the Red Steppe breed

Популяция <i>Population</i>	n	Na	Ne	I	H₀	He	uHe	χ²	F
Генофондное стадо <i>The gene pool herd</i>	225	8,53±0,958	3,83±0,332	1,505±0,081	0,746±0,030	0,713±0,027	0,0013	-0,047±0,027	
Дочери Императора 9310 <i>Imperators 9310' daughters</i>	51	6,00±0,392	3,04±0,221	1,278±0,062	0,772±0,034	0,646±0,029	0,652±0,029	0,0246	-0,201±0,033
Дочери Весеннего 5077 <i>Vesennijs 5077' daughters</i>	18	6,15±0,564	3,97±0,394	1,483±0,035	0,739±0,050	0,717±0,028	0,737±0,029	0,0007	-0,201±0,041
Дочери Имана 314 <i>Imans 314' daughters</i>	10	5,00±0,300	3,50±0,244	1,361±0,073	0,762±0,033	0,692±0,028	0,728±0,03	0,0071	-0,111±0,045
Дочери Аллора 308 <i>Allyurs 308' daughters</i>	34	6,69±0,485	3,60±0,257	1,463±0,071	0,715±0,034	0,703±0,024	0,713±0,025	0,0002	-0,170±0,032
Дочери Ленто 909 <i>Lentos 909' daughters</i>	12	5,84±0,517	3,55±0,355	1,400±0,105	0,712±0,056	0,677±0,037	0,706±0,038	0,0018	-0,046±0,058
Дочери Буряка 5973 <i>Buryaks 5973' daughters</i>	8	4,54±0,386	3,16±0,277	1,239±0,093	0,760±0,048	0,653±0,031	0,696±0,033	0,0175	-0,170±0,061

Показатель гетерозиготности у животных красной степной породы генофондного стада значительно превышает аналогичный показатель у животных родственных красных пород: англерской ($0,369 \pm 0,122$) и красной датской ($0,296 \pm 0,176$), полученный в исследованиях Schmidtmann C. et al. [11].

Соответствие уровня фактической гетерозиготности ожидаемым показателям отмечается в группах дочерей быков Весеннего 5077 (Но $0,739 \pm 0,050$; Не $\pm 0,717$), Аллюра 308 (Но $0,715 \pm 0,034$; Не $0,703 \pm 0,024$) и Зимера 2575 (Но $0,747 \pm 0,031$; Не $0,711 \pm 0,726$). Индекс фиксации F в группах дочерей этих быков составил $-0,201 \pm 0,041$; $-0,17 \pm 0,032$ и $-0,049 \pm 0,015$.

Все микросателлитные локусы генома красной степной породы имели высокий уровень полиморфизма. Среднее количество аллелей на локус составило $8,53 \pm 0,958$ при фактических колебаниях от 6-х до 17-ти аллелей на локус, среднее число эффективных аллелей – $3,83 \pm 0,332$, средний информационный индекс Шеннона $1,50 \pm 0,081$.

Популяции малочисленных европейских красных пород, таких как красная литовская, бурая латвийская, норвежская комолая, отличаются от отечественной красной степной породы более низкой гетерозиготностью: показатель наблюдаемой гетерозиготности у этих пород находится на уровне $0,613$ - $0,671$ [11].

Таким образом, высокие значения аллельного разнообразия и гетерозиготности, полученные в этом исследовании, подтверждают, что отечественная красная степная порода крупного рогатого скота, сохраняемая в условиях генофондного стада, при отсутствии отбора представляет собой важный источник генетической изменчивости.

Благодарность: Работа выполнена в рамках Государственного задания № 082-00240-25-00 «Проведение исследований по оптимизации программы селекции в генофондном стаде красной степной породы с оценкой генетической дифференциации структурных единиц породы».

Acknowledgement: The work was completed under a government order № 082-00240-25-00 «Conducting research to optimize the selection program in the gene pool herd of the red steppe breed with an assessment of the genetic differentiation of the structural units of the breed».

Список источников

1. Senczuk G., Mastrangelo S., Ciani E., Battaglini L., Cendron F., Ciampolini R., et al. The genetic heritage of Alpine local cattle breeds using genomic SNP data // Genet Sel Evol. 2020. Vol. 52(1). Article number: 40. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00559-1>.
2. Papachristou D., Koutsouli P., Laliotis G.P., Kunz E., Upadhyay M., Seichter D., et al. Genomic diversity and population structure of the indigenous Greek and Cypriot cattle populations // Genet Sel Evol. 2020. Vol. 52(1). Article number: 43. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00560-8>.
3. Столповский Ю.А., Бекетов С.В., Солоднева Е.В., Кузнецов С.Б. Сохранение генетических ресурсов сельскохозяйственных животных // Главный зоотехник. 2024. № 3 (248). С. 3-18. <https://doi.org/10.33920/sel-03-2403-01>.
4. Амерханов Х.А. Роль и место животноводства в обеспечении продовольственной безопасности России // Молочное и мясное скотоводство. 2024. № 4. С. 3-6. <https://doi.org/10.33943/MMS.2024.65.11.001>.
5. Кузнецов В.М. Анализ показателей разнообразия STR-локусов в выборках производителей красной скандинавской и голштинской пород // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2024. Т. 25. № 3. С. 465-482. <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.3.465-482>.

6. Писаренко А.В. Популяционный мониторинг генофондных пород крупного рогатого скота как основа сохранения биоразнообразия // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). 2024. № 1 (70). С. 261-270. <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-70-1-261-270>.
7. Соловьева О.И., Садовникова М.А. Генетические ресурсы в скотоводстве России: актуальные проблемы и тенденции // Международный журнал аграрной науки и образования. 2024. № 2 (2). С. 46-51.
8. Khamzina A.K., Yurchenko A.A., Yudin N.S., Ibragimov P.S., Ussenbekov Y.S., Lar-kin D.M. History, status and genetic characteristics of native cattle breeds from the Republic of Kazakhstan // Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii. 2024. Vol. 28(4). P. 416-423. <https://doi.org/10.18699/vjgb-24-47>.
9. Столповский Ю.А., Кузнецов С.Б., Солоднева Е.В., Шумов И.Д. Новая система генотипирования крупного рогатого скота на основе технологии ДНК-микрочипов // Генетика. 2022. Т. 58. № 8. С. 1-15. <https://doi.org/10.31857/S0016675822080094>.
10. Руденко О.В. Мониторинг структуры эритроцитарных антигенов в генофондном стаде красного горбатовского скота // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агрономия и животноводство. 2025. Т. 20. № 2. С. 287-299. <https://doi.org/10.22363/2312-797X-2025-20-2-287-299>.
11. Schmidtmann C., Schönherz A., Guldbrandtsen B., et al. Assessing the genetic background and genomic relatedness of red cattle populations originating from Northern Europe // Genet Sel Evol. 2021. Vol. 53(1). Article number: 23. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00613-6>.
12. Viryanski D. Microsatellite markers – a tool for molecular characterization of cattle genetic resources // Bulgarian Journal of Agricultural Science. 2019. Vol. 25(1). P. 158-165.

References

1. Senczuk G, Mastrangelo S, Ciani E, Battaglini L, Cendron F, Ciampolini R, et al. The genetic heritage of Alpine local cattle breeds using genomic SNP data. *Genet Sel Evol*. 2020;52(1):40. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00559-1>.
2. Papachristou D, Koutsouli P, Laliotis GP, Kunz E, Upadhyay M, Seichter D, et al. Genomic diversity and population structure of the indigenous Greek and Cypriot cattle populations. *Genet Sel Evol*. 2020;52(1):43. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00560-8>.
3. Stolpovsky IuA, Beketov SV, Solodneva EV, Kuznetsov SB. Conservation of genetic resources of farm animals. *Glavnyj zootekhnik = Head of animal breeding*. 2024;248(3):3-18. (In Russ.). <https://doi.org/10.33920/sel-03-2403-01>.
4. Amerkhanov HA. Role and place of animal husbandry in ensuring food security in Russia. *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo = Dairy and meat cattle farming*. 2024;(4):3-6. (In Russ.). <https://doi.org/10.33943/MMS.2024.65.11.001>.
5. Kuznetsov VM. Analysis of the diversity of STR-loci in the samples of bulls of Red Scandinavian and Holstein breeds. *Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka = Agricultural Science Euro-North-East*. 2024;25(3):465-482. (In Russ.). <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2024.25.3.465-482>.
6. Pisarenko AV. Population monitoring of gene-pool breeds of cattle as a basis for biodiversity conservation. *Vestnik NGAU (Novosibirskij gosudarstvennyj agrarnyj universitet) = Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*. 2024;70(1):261-270. (In Russ.). <https://doi.org/10.31677/2072-6724-2024-70-1-261-270>.
7. Solovieva OI, Sadovnikova MA. Genetic resources in cattle breeding in Russia: current

- topics and trends. *Mezhdunarodnyj zhurnal agrarnoj nauki i obrazovaniya = International Journal of Agrarian Science and Education*. 2024;2(2):46-51. (In Russ.).
8. Khamzina AK, Yurchenko AA, Yudin NS, Ibragimov PS, Ussenbekov YS, Larkin DM. History, status and genetic characteristics of native cattle breeds from the Republic of Kazakhstan. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2024; 28(4):416-423. <https://doi.org/10.18699/vjgb-24-47>.
9. Stolpovsky IuA, Kuznetsov SB, Solodneva EV, Shumov ID. New cattle genotyping system based on DNA microarray technology. *Genetika = Genetics*. 2022;58(8):1-15. (In Russ.). <https://doi.org/10.31857/S0016675822080094>.
10. Rudenko OV. Monitoring of erythrocyte antigen structure in the gene pool herd of Red Gorbatov cattle. *Vestnik Rossijskogo universiteta druzhby narodov. Seriya: Agronomiya i zhivotno-vodstvo = RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*. 2025;20(2):287-299. (In Russ.). <https://doi.org/10.22363/2312-797X-2025-20-2-287-299>.
11. Schmidtmann C, Schönherz A, Guldbrandtsen B, et al. Assessing the genetic background and genomic relatedness of red cattle populations originating from Northern Europe. *Genet Sel Evol*. 2021;53(1):23. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00613-6>.
12. Viryanski D. Microsatellite markers – a tool for molecular characterization of cattle genetic resources. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*. 2019;25(1):158-165.

Вклад авторов: Все авторы в равной степени участвовали в проведении исследований и написании рукописи, несут равную ответственность за некорректное цитирование, самоцитирование и возможный плагиат.

Contribution of the authors: All authors contributed equally to the research and writing of the manuscript and bear equal responsibility for incorrect citations, self-citations, and possible plagiarism.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

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

Информация об авторах (за исключением контактного лица):

Багаль Ирина Евгеньевна – ведущий научный сотрудник, лаборатория ДНК-анализа, Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела; 141212, Московская область, Пушкино, п. Лесные Поляны, ул. Ленина, д. 13; e-mail: ade_57@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-9365-0544>;

Шевчук Арсений Павлович – научный сотрудник, лаборатория разведения красных пород скота, Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела; 141212, Московская область, Пушкино, п. Лесные Поляны, ул. Ленина, д. 13; e-mail: vniiplem.kras@outlook.com; ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-7257-3097>;

Information about the authors (excluding the contact person):

Irina E. Bagal – Leading Researcher, DNA analysis laboratory, All-Russian Research Institute of Breeding; 13, Lenina st., Lesniye Polyany, Pushkino, Moscow Region, 141212, Russian Federation; e-mail: ade_57@mail.ru; ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-9365-0544>;

Arsenii P. Shevchuk – Researcher, Laboratory of Breeding of the Red Steppe Breed, All-Russian Scientific Research Institute of Breeding; 13, Lenina st., Lesniye Polyany, Pushkino, Moscow Region, 141212, Russian Federation; e-mail: vniiplem.kras@outlook.com; ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-7257-3097>.

Статья поступила в редакцию / The article was submitted: 10.11.2025;
одобрена после рецензирования / approved after reviewing: 10.12.2025;
принята к публикации / accepted for publication: 12.12.2025