

С. В. Николаев¹, ✉
В. Л. Ялуга²

¹ Институт агrobiотехнологий
им. А. В. Журавского ФИЦ
«Коми научный центр Уральского
отделения Российской академии наук»,
Сыктывкар, Россия

² Федеральное исследовательское
центр комплексного изучения
Арктики им. академика Н. П. Лаврова
Уральского отделения Российской
академии наук, Архангельск, Россия

✉ semen.nikolaev.90@mail.ru

Поступила в редакцию:
20.04.2023

Одобрена после рецензирования:
01.06.2023

Принята к публикации:
19.06.2023

Semyon V. Nikolaev¹, ✉
Vladimir L. Yaluga²

¹ A. V. Zhuravsky Institute of
Agrobiotechnologies of the Komi Scientific
Center of the Ural Branch of the Russian
Academy of Sciences, Syktyvkar, Russia

² The Federal Research Center for
Comprehensive Study of the Arctic named
after Academician N. P. Laverov of the
Ural Branch of the Russian Academy of
Sciences, Arkhangelsk, Russia

✉ semen.nikolaev.90@mail.ru

Received by the editorial office:
20.04.2023

Accepted in revised:
01.06.2023

Accepted for publication:
19.06.2023

Сравнительная генетическая характеристика микросателлитного профиля голштинизированных и чистопородных холмогорских быков

РЕЗЮМЕ

Актуальность. По причине повсеместной метизации холмогорская порода находится на грани полного исчезновения, что требует разработки мероприятий, направленных на сохранение не только самих животных, но и их генетического разнообразия. Для анализа генетического состояния популяции наиболее удобными можно считать микросателлиты, что обусловлено высоким уровнем их полиморфизма.

Методы. Материалом для генетической экспертизы служила криоконсервированная сперма быков-производителей, принадлежащих РГУСП «Коми» по племенной работе (г. Сыктывкар). Для анализа были отобраны образцы от 64 чистопородных холмогорских и 36 с различным уровнем голштинизации быков-производителей. Аллельную структуру STR-маркеров определяли в лаборатории ДНК-технологий ФГБНУ «ВНИИплем». Генетический и статистический анализ проведен по общепринятым в биологии и зоотехнии методикам.

Результаты. Среди чистопородных быков выявлены 9 приват-аллелей, а у помесных производителей — 13. Наиболее полиморфными среди голштинизированных животных были локусы TGLA122 ($N_a = 10$) и TGLA227 ($N_a = 11$), у чистопородных — TGLA227 ($N_a = 9$) и TGLA53 ($N_a = 10$). Максимальное соответствие числа фактических и эффективных аллелей наблюдалось по локусу BM1824, а минимальное — по TGLA227. Индекс Шеннона был максимальным по локусу TGLA122 (2,046) у помесных и по TGLA53 (2,011) у чистопородных быков, а наименьший — по BM1818 (1,050 и 1,174). Разнообразие аллелофонда анализируемых локусов у метизированных животных была незначительно выше (на 0,26). Средний индекс фиксации у помесей отклонялся в сторону незначительного дефицита гетерозиготности (0,017), а у чистопородных быков — избытка (-0,025). Наибольшее генетическое родство между двумя выборками наблюдалось по локусу SPS115 (0,996), а наименьшее — по CSSM66 (0,827).

Ключевые слова: холмогорская порода, голштинизированные помеси, аллелофонд, микросателлиты, полиморфизм, генетическое разнообразие, индекс фиксации

Для цитирования: Николаев С. В., Ялуга В. Л. Сравнительная генетическая характеристика микросателлитного профиля голштинизированных и чистопородных холмогорских быков. *Аграрная наука*. 2023; 372(7): 58–62. <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-372-7-58-62>

© Николаев С. В., Ялуга В. Л.

Comparative genetic characteristics of microsatellite profile of holstein and purebred kholmogorsky bulls

ABSTRACT

Relevance. Due to widespread metisation the Kholmogorskaya breed is on the verge of complete extinction, which requires the development of measures aimed at preserving not only the animals themselves, but also their genetic diversity. Microsatellites can be considered the most convenient for analyzing the genetic state of a population, due to the high level of their polymorphism.

Methods. The material for genetic examination was cryocon-served sperm of bulls-producers belonging to the RSUP «Komi» for breeding work (Syktyvkar). Samples from 64 pure-bred Kholmogorsky and 36 with different levels of Holstein breeding bulls were selected for analysis. The allelic structure of STR markers was determined in the laboratory of DNA technologies of FGBNU «VNIIPlem». The genetic and statistical analysis was carried out according to the methods generally accepted in biology and animal science.

Results. Among purebred bulls 9 privat-alleles were identified, and in crossbreed producers — 13. The most polymorphic among Holstein animals were loci TGLA122 ($N_a = 10$) and TGLA227 ($N_a = 11$), in purebred animals — TGLA227 ($N_a = 9$) and TGLA53 ($N_a = 10$). The maximum correspondence between the number of actual and effective alleles was observed at the BM1824 locus, and the minimum at TGLA227. The Shannon index was the highest for the locus TGLA122 (2,046) in crossbreeds and for TGLA53 (2,011) in purebred bulls, and the lowest for BM1818 (1,050 and 1,174). The diversity of the allelofund of the analyzed loci in the metized animals was slightly higher (by 0.26). The average fixation index in crossbreeds deviated towards a slight deficit of heterozygosity (0.017), and in purebred bulls an excess (-0.025). The greatest genetic relationship between the two samples was observed at the SPS115 locus (0.996), and the smallest at CSSM66 (0.827).

Key words: Kholmogorsky breed, Holstein crossbreeds, allelofund, microsatellites, polymorphism, genetic diversity, fixation index

For citation: Nikolaev S.V., Yaluga V.L. Comparative genetic characteristics of microsatellite profile of Holstein and purebred Kholmogorsky bulls. *Agrarian science*. 2023; 372(7): 58–62 (In Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2023-372-7-58-62>

© Nikolaev S.V., Yaluga V.L.

Введение/Introduction

Холмогорская порода крупного рогатого скота считается одной из старейших и наилучших отечественных пород. Формирование данной группы животных происходило в условиях Европейского Севера, поэтому порода хорошо приспособлена к суровому климату и скудному неполноценному кормлению при относительно неплохих показателях молочной продуктивности [1, 2]. Улучшение хозяйственно полезных признаков породы на данный момент осуществляется главным образом путем скрещивания с голштинским скотом [3–5].

Использование мирового генофонда для улучшения продуктивных показателей скота отечественной селекции привело к сокращению поголовья ряда пород, в том числе и холмогорской [6, 7]. Республика Коми — единственный из регионов России, где в наибольшей степени сохранился генофонд чистопородного и низкокровного по голштинам отечественного холмогорского скота [8]. Однако по причине уменьшения численности оставшиеся разрозненные стада утрачивают способность к эффективному воспроизводству и селекции [9]. Стоит отметить, что сокращение количества особей в популяции приводит к нарастанию вероятности инбридинга и повышению гомозиготности генов, что требует разработки особых мероприятий, направленных на сохранение не только самих животных, но и их генетического разнообразия.

Изучение генетических параметров является одним из способов оценки состояния популяции [10]. С этой позиции наиболее удобными и доступными маркерами для проведения генетического анализа можно считать микросателлиты (STR-маркеры, короткие tandemные повторы), что обусловлено высоким уровнем их полиморфизма и повторяемости результатов генотипирования [11, 12]. Так, STR-маркеры применяют для молекулярно-генетического сравнения линий и семейств, оценки генетического разнообразия, стабильности пород и отдельных популяций, при маркировании генотипов, контроле происхождения, изучении потоков генов. Микросателлиты могут сочетаться с маркерами полиморфизма структурных или митохондриальных генов [13].

Цель исследований — провести сравнительный анализ аллелофонда ДНК-микросателлит у голштинизированных и чистопородных быков-производителей в Республике Коми.

Материал и методы исследования / Material and methods

Исследования выполнены в 2022–2023 гг. в отделе «Печорская опытная станция» ФИЦ Коми НЦ УрО РАН (Сыктывкар, Республика Коми, Россия). Материалом для генетической экспертизы служила криоконсервированная сперма быков-производителей, принадлежащих РГУСП «Коми» по племенной работе (г. Сыктывкар). Всего для ДНК-анализа были отобраны образцы от 64 чистопородных и 36 с различным уровнем голштинизации холмогорских быков-производителей. Чистопородные быки относились к 12 генеалогическим линиям, а помесные производители — к 5 холмогорским и 3 линиям голштинской породы.

Молекулярно-генетические исследования проведены в лаборатории ДНК-технологий Всероссийского научно-исследовательского института племенного дела

(г. Пушкино). Выделение ДНК проводили с использованием колонок Nexttec (Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Германия) в соответствии с рекомендациями производителя. Микросателлитный профиль коров изучали с помощью ДНК-анализатора с лазерным детектором ABI3130xl (Applied Biosystems, США).

ПЦР анализ выполнен по 15 STR-локусам: BM1818, BM1824, BM2113, CSRM60, CSSM66, ETH10, ETH225, ETH3, ILSTS6, INRA23, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53. При генетической оценке определяли среднее число аллелей на локус (N_a), их частоту (q), ошибку частот (Mq), степень наблюдаемой (H_o) и ожидаемой (H_e) гетерозиготности, число эффективных аллелей (N_e), количество приват-аллелей и сумму их частот ($\sum q$), индексы фиксации (F_{is}) и Шеннона (I), коэффициенты генетического сходства (r) и генетического расхождения (d) между выборками.

Статистический анализ проведен по общепринятым в биологии и зоотехнии методикам¹ с использованием программы RusExcel².

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Анализ аллелофонда STR-маркеров показал (табл. 1), что по локусу BM1818 наиболее распространенной (как среди чистопородных, так и помесных животных) являлась аллель 266. Локус BM1824 характеризовался максимальной встречаемостью аллели 188 у голштинизированных быков ($q = 40,54$), тогда как у чистопородных производителей в 1,8 раза чаще встречался микросателлит 182 ($q = 40,48$, $p \leq 0,01$). STR 137 локуса BM2113 была наиболее распространенной в обеих выборках, однако у чистопородных быков частота аллели была выше в 1,6 раза ($p \leq 0,05$). По локусу CSRM60 чаще встречались микросателлиты 92 ($q = 31,08$ и $q = 31,75$) и 102 ($q = 35,14$ и $q = 30,16$), по локусу CSSM66 у помесных животных максимальное распространение получила аллель ($q = 28,38$), а у чистопородных — 193 ($q = 30,16$), которая встречалась в 2,5 раза чаще по отношению к голштинизированным производителям ($p \leq 0,001$). Локус ETH3 характеризовался преобладанием аллели 113 ($q = 33,78$ и $q = 32,54$), ETH225 — 150 ($q = 36,49$ и $q = 47,62$). По локусу ETH10 чаще встречались микросателлиты 219 ($q = 51,35$ и $q = 55,56$), при этом частота аллели 217 у чистопородных быков была ниже почти в 4 раза ($p \leq 0,01$) по сравнению с помесными. Наиболее распространенным STR-маркером по локусу SPS115 являлся повтор 248 ($q = 56,76$ и $q = 60,32$), по локусу ILSTS6 — 292 ($q = 43,24$ и $q = 34,92$), по TGLA126 — 117 ($q = 50,00$ и $q = 45,24$). Локус INRA23 характеризовался преобладанием микросателлита 206 ($q = 31,08$ и $q = 30,95$), при этом аллель 212 данного локуса у голштинизированных животных встречалась в 2,5 раза реже по сравнению с чистопородными быками ($p \leq 0,05$). У помесных быков по локусу TGLA53 чаще встречался STR 160 ($q = 32,43$), а у чистопородных — 162 ($q = 20,63$), при этом встречаемость аллели 166 у данной группы была в 2,5 раза выше ($p \leq 0,05$). Локус TGLA122 характеризовался преобладанием микросателлита 143, который у чистопородных быков встречался в 1,9 раза чаще ($p \leq 0,001$). Наиболее распространенной по локусу TGLA227 являлась аллель 89 ($q = 22,97$ и $q = 28,57$), а микросателлит 95 данного локуса у чистопородных быков имел частоты в 8,8 раза выше по сравнению с помесными ($p \leq 0,001$).

¹ Меркурьева Е.К. Биометрия в селекции и генетике сельскохозяйственных животных. М.: Колос. 1970; 330.

² Компания ITVA Limited Liability Company. Программное обеспечение компании лицензировано и имеет цифровую подпись Symantec. Россия, 194356, Санкт-Петербург, ул. Корякова, д. 18

Таблица 1. Частоты STR-маркеров у чистопородных и голштинизированных быков-производителей холмогорской породы
Table 1. Frequencies of STR markers in purebred and Holstein bulls-producers of the Kholmogorsky breed

STR	Помеси		Чистопородные		STR	Помеси		Чистопородные		STR	Помеси		Чистопородные	
	q	Mq	q	Mq		q	Mq	Q	Mq		q	Mq	q	Mq
Локус BM1818					Локус BM1824					Локус BM2113				
258	1,35	1,36	–	–	178	24,32	5,06	19,05	3,50	125	17,57	4,48	11,90	2,89
262	29,73	5,39	35,71	4,27	180	12,16	3,85	7,14	2,29	127	18,92	4,62	9,52	2,62
264	5,41	2,66	10,32	2,71	182	22,97	4,96	40,48**	4,37	133	1,35	1,36	–	–
266	58,11	5,81	47,62	4,45	188	40,54	5,79	33,33	4,20	135	20,27	4,74	11,11	2,80
268	5,41	2,66	3,97	1,74	Локус CSSM66					137	25,68	5,15	41,27*	4,39
270	–	–	2,38	1,36	179	8,11	3,22	13,49	3,04	139	16,22	4,34	23,81	3,79
Локус CSRM60					181	1,35	1,36	–	–	141	–	–	2,38	1,36
92	31,08	5,45	31,75	4,15	183	28,38	5,31	23,81	3,12	Локус ETH10				
94	–	–	0,79	0,79	185	14,86	4,19	15,08	2,41	209	–	–	0,79	0,79
96	9,46	3,45	18,25	3,44	187	20,27	4,74	7,94*	4,09	213	16,22	4,34	24,60	3,84
98	13,51	4,03	3,97*	1,74	189	10,81	3,66	–	–	215	1,35	1,36	4,76	1,90
100	8,11	3,22	9,52	2,62	193	12,16	3,85	30,16***	2,29	217	18,92	4,62	4,76**	1,90
102	35,14	5,63	30,16	4,09	195	–	–	2,38	3,12	219	51,35	5,89	55,56	4,43
104	–	–	2,38	1,36	197	4,05	2,32	7,14	2,41	221	5,41	2,66	6,35	2,17
106	2,70	1,91	3,17	1,56	Локус ETH3					223	5,41	2,66	–	–
Локус ETH225					117	33,78	5,57	32,54	4,17	225	1,35	1,36	3,17	1,56
140	18,92	4,62	14,29	3,12	119	28,38	5,31	26,98	3,95	Локус SPS115				
144	4,05	2,32	7,94	2,41	121	14,86	4,19	16,67	3,32	248	56,76	5,84	60,32	4,36
146	1,35	1,36	3,17	1,56	125	4,05	2,32	0,79	0,79	250	1,35	1,36	1,59	1,11
148	32,43	5,52	26,98	3,95	127	16,22	4,34	15,87	3,26	252	16,22	4,34	15,87	3,26
150	36,49	5,67	47,62	4,45	129	2,70	1,91	7,14	2,29	254	9,46	3,45	4,76	1,90
152	6,76	2,96	–	–	Локус INRA23					256	10,81	3,66	12,70	2,97
Локус ILSTS6					198	2,70	1,91	2,38	1,36	260	5,41	2,66	4,76	1,90
286	1,35	1,36	2,38	1,36	200	–	–	1,59	1,11	Локус TGLA126				
288	12,16	3,85	5,56	2,04	202	1,35	1,36	–	–	115	21,62	4,85	27,78	3,99
290	6,76	2,96	8,73	2,51	206	31,08	5,45	30,95	4,12	117	50,00	5,89	45,24	4,43
292	43,24	5,84	34,92	4,25	208	12,16	3,85	15,08	3,19	119	17,57	4,48	19,84	3,55
294	27,03	5,23	31,75	4,15	210	18,92	4,62	15,87	3,26	121	2,70	1,91	1,59	1,11
296	5,41	2,66	9,52	2,62	212	5,41	2,66	13,49*	3,04	123	8,11	3,22	5,56	2,04
300	4,05	2,32	7,14	2,29	214	27,03	5,23	19,84	3,55	Локус TGLA227				
Локус TGLA53					216	1,35	1,36	0,79	0,79	77	2,70	1,91	1,59	1,11
154	6,76	2,96	4,76	1,90	Локус TGLA122					81	14,86	4,19	18,25	3,44
56	1,35	1,36	6,35	2,17	139	1,35	1,36	3,17	1,56	83	1,35	1,36	–	–
158	4,05	2,32	–	–	141	6,76	2,96	1,59	1,11	87	9,46	3,45	2,38	1,36
160	32,43	5,52	19,84	3,55	143	29,73	5,39	57,14***	4,41	89	22,97	4,96	28,57	4,02
162	13,51	4,03	20,63	3,61	149	4,05	2,32	–	–	91	18,92	4,62	22,22	3,70
166	6,76	2,96	16,67*	3,32	151	16,22	4,34	23,02	3,75	93	8,11	3,22	3,17	1,56
168	9,46	3,45	13,49	3,04	159	9,46	3,45	–	–	95	1,35	1,36	11,90***	2,89
176	18,92	4,62	12,70	2,97	161	10,81	3,66	–	–	97	14,86	4,19	7,94	2,41
178	–	–	1,59	1,11	163	4,05	2,32	3,17	1,56	101	2,70	1,91	3,97	1,74
184	–	–	0,79	0,79	171	9,46	3,45	7,94	2,41	103	2,70	1,91	–	–
186	6,76	2,96	3,17	1,56	173	8,11	3,22	3,97	1,74					

* $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$, *** $p \leq 0,001$ достоверно по отношению к значениям голштинизированного скота

Анализ аллелофонда показал, что среди чистопородных быков встречается 9 микросателлит, не выявленных у помесных животных (табл. 2), средняя частота которых составила 2,15%. У голштинизированных производителей установлено 13 приват-аллелей средней распространенностью 6,76%. Особо стоит отметить микросателлиты 189 локуса CSSM66, 159 и 161 локуса TGLA122, которые очень часто встречались у помесных производителей ($q = 9,46–10,81$), но не регистрировались у чистопородных быков.

Наиболее полиморфными (табл. 3) среди голштинизированных животных были локусы TGLA122 ($N_a = 10$) и TGLA227 ($N_a = 11$), а среди чистопородных — TGLA227 ($N_a = 9$) и TGLA53 ($N_a = 10$). Наименьшее количество STR-маркеров у быков двух групп присутствовало по локусу BM1824 ($N_a = 4$). В среднем у помесных производителей наблюдалось незначительное превосходство фактического числа аллелей (на четыре варианта).

Таблица 2. Приват-аллели по 15 анализируемым микросателлитным локусам у голштинизированных и чистопородных быков-производителей холмогорской породы
Table 2. Private alleles for 15 analyzed microsatellite loci in Holstein and purebred bulls-producers of the Kholmogorsky breed

Локус	Голштинизированные		Чистопородные	
	STR	Σq	STR	Σq
BM1818	258	1,35	270	2,38
BM2113	133	1,35	141	2,38
CSRM60	–	–	94, 104	3,17
CSSM66	181, 189	12,16	195	2,38
ETH10	223	5,41	209	0,79
ETH225	152	6,76	–	–
INRA23	202	1,35	200	1,59
TGLA53	158	4,05	178, 184	2,38
TGLA122	149, 159, 161	24,32	–	–
TGLA227	83, 103	4,05	–	–
Частота, $M \pm m$	X	$6,76 \pm 2,48$	X	$2,15 \pm 0,29$

Таблица 3. Генетическая характеристика голштинизированных и чистопородных холмогорских быков по 15 STR-маркерам
Table 3. Genetic characteristics of Holstein and purebred Kholmogorsky bulls by 15 STR-markers

Локус	Популяция	Na	Аллели с q ≥ 10%	Ne	Na/Ne	I	Ho	He	Fis
BM1818	Помесные	5	2	2,31	2,16	1,050	0,649	0,568	-0,143
	Чистопородные	5	3	2,72	1,84	1,172	0,667	0,633	-0,054
BM1824	Помесные	4	4	3,44	1,16	1,304	0,568	0,709	0,199
	Чистопородные	4	3	3,16	1,27	1,237	0,667	0,684	0,025
BM2113	Помесные	6	5	5,00	1,20	1,646	0,784	0,800	0,020
	Чистопородные	6	4	3,80	1,58	1,517	0,762	0,737	-0,034
CSRM60	Помесные	6	3	3,93	1,53	1,526	0,757	0,745	-0,016
	Чистопородные	8	3	4,21	1,90	1,625	0,810	0,763	-0,062
CSSM66	Помесные	8	5	5,60	1,43	1,853	0,784	0,821	0,045
	Чистопородные	7	4	4,99	1,40	1,737	0,810	0,799	-0,014
ETH3	Помесные	6	4	4,07	1,47	1,530	0,784	0,755	-0,038
	Чистопородные	6	4	4,22	1,42	1,536	0,746	0,763	0,022
ETH10	Помесные	7	3	3,01	2,33	1,384	0,622	0,668	0,069
	Чистопородные	7	2	2,64	2,65	1,284	0,698	0,621	-0,124
ETH225	Помесные	6	3	3,57	1,68	1,418	0,622	0,720	0,136
	Чистопородные	5	3	3,06	1,63	1,295	0,635	0,673	0,056
SPS115	Помесные	6	3	2,69	2,23	1,296	0,622	0,628	0,010
	Чистопородные	6	3	2,44	2,46	1,215	0,651	0,590	-0,103
ILSTS6	Помесные	7	3	3,52	1,99	1,500	0,730	0,716	-0,020
	Чистопородные	7	2	4,03	1,74	1,607	0,746	0,752	0,008
INRA23	Помесные	8	4	4,46	1,79	1,660	0,784	0,776	-0,010
	Чистопородные	8	5	4,95	1,62	1,725	0,825	0,798	-0,034
TGLA53	Помесные	9	3	5,44	1,65	1,908	0,811	0,816	0,006
	Чистопородные	10	5	6,59	1,52	2,011	0,841	0,848	0,008
TGLA126	Помесные	5	3	2,99	1,67	1,285	0,568	0,665	0,146
	Чистопородные	5	3	3,08	1,62	1,262	0,571	0,675	0,154
TGLA122	Помесные	10	3	6,29	1,59	2,046	0,784	0,841	0,068
	Чистопородные	7	2	2,57	2,72	1,272	0,682	0,610	-0,118
TGLA227	Помесные	11	4	2,99	3,68	1,958	0,811	0,665	-0,220
	Чистопородные	9	4	3,08	2,92	1,849	0,746	0,675	-0,105
M±m	Помесные	6,93 ± 0,52	3,47 ± 0,22	3,95 ± 0,31	1,84 ± 0,16	1,558 ± 0,076	0,712 ± 0,024	0,726 ± 0,021	0,017 ± 0,027
	Чистопородные	6,67 ± 0,44	3,33 ± 0,26	3,70 ± 0,31	1,89 ± 0,14	1,490 ± 0,070	0,724 ± 0,021	0,708 ± 0,021	-0,025 ± 0,019

Распространенность микросателлитов с частотой 10% и более у помесных быков была максимальной по локусам BM2113 и CSSM66 (по пять аллелей), а минимальная — по BM1818 (две аллели). Среди чистопородных животных данный показатель характеризовался наибольшим значением по локусам INRA23 и TGLA53 (по пять аллелей) и наименьшим — по ETH10, ETH10, ILSTS6 и TGLA122 (по две аллели). Число эффективных аллелей было минимальным по локусу BM1818 ($N_e = 2,31$) у голштинизированных и по SPS115 ($N_e = 2,44$) у чистопородных быков, а максимальным — по TGLA122 ($N_e = 6,29$) и TGLA53 ($N_e = 6,59$) соответственно. В среднем у помесных животных количество эффективных аллелей было незначительно выше (на 0,25). Наибольшее соответствие числа фактических и эффективных аллелей наблюдалось по локусу BM1824 (1,16 у помесных быков и 1,27 — у чистопородных), а наименьшее — по TGLA227 (3,68 и 2,92).

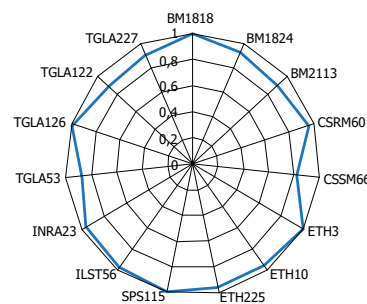
Наибольшее генетическое разнообразие наблюдалось по локусу TGLA122 ($I = 2,046$) у помесных и по TGLA53 ($I = 2,011$) у чистопородных быков, а наименьшее — по BM1818 ($I = 1,050$ и 1,174). В среднем у голштинизированных животных разнообразность аллелофонда анализируемых локусов была незначительно выше. Максимальная наблюдаемая гетерозиготность у голштинизированных производителей в равной степени наблюдалась по локусам TGLA227 и TGLA53

Таблица 4. Коэффициенты генетического сходства и генетического расстояния между отдельными STR-локусами у голштинизированных и чистопородных холмогорских быков

Table 4. Coefficients of genetic similarity and genetic distance between individual STR loci in Holstein and chi-pedigree Kholmogorsky bulls

Локус	R	D
BM1818	0,981	0,019
BM1824	0,933	0,069
BM2113	0,898	0,108
CSRM60	0,960	0,041
CSSM66	0,827	0,190
ETH3	0,992	0,008
ETH10	0,955	0,046
ETH225	0,964	0,037
SPS115	0,996	0,004
ILSTS6	0,971	0,029
INRA23	0,969	0,032
TGLA53	0,878	0,131
TGLA126	0,989	0,011
TGLA122	0,887	0,120
TGLA227	0,917	0,086
M±m	0,941 ± 0,013	0,062 ± 0,014

Рис. 1. Генетическое сходство между микросателлитными локусами у голштинизированных и чистопородных холмогорских быков
Fig. 1. Genetic similarity between microsatellite loci in Holstein and purebred Kholmogorsky bulls



($H_o = 0,811$), а у чистопородных — только по TGLA53 ($H_o = 0,811$). Наиболее огомозиготными локусами у помесных быков можно считать BM1824 и TGLA126 ($H_o = 0,568$), а у чистопородных — TGLA126 ($H_o = 0,571$), при этом средний показатель гетерозиготности у данной группы животных был незначительно выше. Ожидаемая гетерозиготность у помесей была максимальной по локусу TGLA122 ($H_e = 0,841$), а минимальная — по BM1818 ($H_e = 0,568$), у чистопородных быков максимальная по TGLA53 ($H_e = 0,848$), минимальная — по SPS115 ($H_e = 0,590$). Анализ соответствия наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности показал, что у голштинизированных быков выраженный избыток гетерозигот просматривается по локусу TGLA227 ($Fis = -0,220$), а дефицит — по BM1824 ($Fis = 0,199$). Для чистопородных производителей избыток гетерозигот был характерен для локуса ETH10 ($Fis = -0,124$), а дефицит — для TGLA126 ($Fis = 0,154$). В среднем индекс фиксации у помесей отклонялся в сторону незначительного дефицита гетерозиготности (0,017), а у чистопородных быков — избытка (-0,025).

Наибольшее генетическое родство (табл. 4, рис. 1) между двумя выборками наблюдалось по локусу SPS115 ($r = 0,996$), а наименьшее — по CSSM66 ($r = 0,827$). Средний коэффициент генетического сходства между помесными и чистопородными быками составил $0,941 \pm 0,013$.

Выводы/Conclusions

Метизация холмогорского скота голштинским, по всей видимости, привела к элиминации отдельных аллелей и появлению ранее не регистрируемых вариантов ДНК-микросателлитов у данной группы животных. Несмотря на большее количество генеалогических линий у чистопородных производителей, холмогорские быки по аллельной структуре STR-маркеров оказались генетически менее разнообразны, что, по всей види-

мости, обусловлено сокращением численности животных отечественной селекции. Вместе с тем смещение индекса фиксации у чистопородных производителей в сторону избытка фактической гетерозиготности указывает на минимальную вероятность инбридинга на данном этапе разведения. Таким образом, полученные данные позволяют оптимизировать мероприятия, направленные на сохранение аллельного разнообразия исчезающего генофонда холмогорского скота.

Все авторы несут ответственность за свою работу и представленные данные.

Все авторы внесли равный вклад в эту научную работу. Авторы в равной степени участвовали в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data.

All authors have made an equal contribution to this scientific work. The authors were equally involved in writing the manuscript and bear the equal responsibility for plagiarism. The authors declare no conflict of interest.

ФИНАНСИРОВАНИЕ:

Исследования выполнены в рамках государственного задания Минобрнауки России № FGMW 2019-0051 и проекта межрегионального научно-образовательного центра мирового уровня «Российская Арктика: новые материалы, технологии и методы исследования».

FUNDING:

The research was carried out within the framework of the state assignment of the Ministry of Education and Science of the Russian Federation No. FGMW 2019-0051 and the project of the interregional world-class scientific and educational center «Russian Arctic: new materials, technologies and research methods».

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Матюков В.С., Тырина Ю.О., Кантанен Ю., Столповский Ю.А. О генетических особенностях и селекционной ценности местного скота (на примере холмогорской породы). *Сельскохозяйственная биология*. 2013; 48(2): 19–30. <https://elibrary.ru/pzaxlp>
2. Матюков В.С. Еще раз о генофонде и селекции холмогорского скота. Монография. Сыктывкар. 2007; 139. ISBN 978-5-7934-0208-8 <https://elibrary.ru/qkzbrz>
3. Прожерин В.П., Ялуга В.Л., Рухлова Т.А., Кувакина И.В., Хуснутдинова Е.Д. Система селекционно-племенной работы с холмогорской породой крупного рогатого скота в Архангельской области на 2014–2019 годы. Архангельск. 2014; 122. ISBN 978-5-7536-0430-9 <https://www.elibrary.ru/trdrsf>
4. Николаев С.В., Шемуранова Н.А. Продуктивность коров холмогорской породы с различной степенью голштинизации в условиях Республики Коми. *Молочное и мясное скотоводство*. 2020; (2): 19–23. <https://doi.org/10.33943/MMS.2020.82.49.005>
5. Прожерин В.П., Ялуга В.Л., Калашникова Л.А. Проблемы сохранения отечественных пород молочного скота. *Зоотехния*. 2016; (9): 2–4. <https://www.elibrary.ru/wmwmur>
6. Паронян И.А. Возможности сохранения и совершенствования генофонда пород крупного рогатого скота отечественной селекции. *Достижения науки и техники АПК*. 2018; (5): 63–66. <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2018-10516>
7. Матюков В.С., Жариков Я.А., Лобов Д.В. Сохранить холмогорскую породу — основу органического сельского хозяйства на Севере. *Известия Санкт-Петербургского государственного аграрного университета*. 2019; 55: 63–69. <https://doi.org/10.24411/2078-1318-2019-12063>
8. Матюков В.С., Жариков Я.А., Зинovieva Н.А. Генетическая история и ценность генофонда исчезающей холмогорской породы. *Молочное и мясное скотоводство*. 2018; (2): 2–8. <https://www.elibrary.ru/xmgueh>
9. Николаев С.В., Конопельцев И.Г., Матюков В.С. Воспроизводительные качества коров холмогорской породы в сравнении с другими породами скота молочного направления в Республике Коми. *Современные научно-практические достижения в ветеринарии. Сборник статей Международной научно-практической конференции*. Киров: Вятская государственная сельскохозяйственная академия. 2019; 10: 52–56. <https://www.elibrary.ru/kasjel>
10. Кузнецов В.М. Сравнение методов оценки генетической дифференциации популяций по микросателлитным маркерам. *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. 2020; 21(2): 169–182. <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.2.169-182>
11. Radko A., Rychlik T. Use of blood group tests and microsatellite DNA markers for parentage verification in a population of Polish Red-and-White cattle. *Annals of Animal Science*. 2009; 9(2): 119–125.
12. Dotsev A.V. et al. Microsatellite-based heterozygosity fitness correlations in reindeer. *Journal of Animal Science*. 2019; 97(S3): 266. <https://doi.org/10.1093/jas/skz258.541>
13. Van de Goor L.H.P., Panneman H., Van Haeringen W.A. A proposal for standardization in forensic bovine DNA typing: allele nomenclature of 16 cattle-specific short tandem repeat loci. *Animal Genetics*. 2009; 40(5): 630–636. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01891.x>

REFERENCES

1. Matyukov V.S., Tyrina Yu.O., Kantanen Yu., Stolpovskii Yu.A. About features and selective value of the gene pool in local cattle (for Kholmogory breed as an example). *Agricultural biology*. 2013; 48(2): 19–30 (In Russian). <https://elibrary.ru/pzaxlp>
2. Matyukov V.S. Once again about the gene pool and breeding of Kholmogorsky cattle. Monograph. Syktyvkar. 2007; 139 (In Russian). ISBN 978-5-7934-0208-8 <https://elibrary.ru/qkzbrz>
3. Prozherin V.P., Yaluga V.L., Rukhlova T.A., Kuvakina I.V., Khusnutdinova E.D. The system of selection and breeding work with the Kholmogorsky breed of cattle in the Arkhangelsk region for 2014–2019. Arkhangelsk. 2014; 122 (In Russian). ISBN 978-5-7536-0430-9 <https://www.elibrary.ru/trdrsf>
4. Nikolaev S.V., Shemuranova N.A. Productivity of cows of the kholmogorskaya breed with varying degrees of holstein in the Komi Republic. *Dairy and Beef Cattle Farming*. 2020; (2): 19–23 (In Russian). <https://doi.org/10.33943/MMS.2020.82.49.005>
5. Prozherin V.P., Yaluga V.L., Kalashnikova L.A. Gene pool preservation problems of Russian dairy cattle breeds. *Zootekhnika*. 2016; (9): 2–4 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/wmwmur>
6. Paronyan I.A. Possibilities of preservation and improvement of the gene pool of cattle of domestic breeding. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2018; (5): 63–66 (In Russian). <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2018-10516>
7. Matyukov V.S., Zharikov Ya.A., Lobov D.V. Preserve the Kholmogorsky breed — the basis of organic agriculture in the North. *Izvestiya Saint-Petersburg State Agrarian University*. 2019; 55: 63–69 (In Russian). <https://doi.org/10.24411/2078-1318-2019-12063>
8. Matyukov V.S., Zharikov Ya.A., Zinovieva N.A. Genetic history and value of the gene pool appearing Holmogorsky breed. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2018; (2): 2–8 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/xmgueh>
9. Nikolaev S.V., Konopel'tsev I.G., Matyukov V.S. Reproducible qualities of cows of the Kholmogorsky breed in comparison with other breeds of dairy cattle in the Komi Republic. *Modern scientific and practical achievements in veterinary medicine. Proceedings of the International scientific and practical conference*. Kirov: Vyatka State Agrotechnological University. 2019; 10: 52–56 (In Russian). <https://www.elibrary.ru/kasjel>
10. Kuznetsov V.M. Comparison of methods for evaluating genetic differentiation of populations by microsatellite markers. *Agricultural Science Euro-North-East*. 2020; 21(2): 169–182 (In Russian). <https://doi.org/10.30766/2072-9081.2020.21.2.169-182>
11. Radko A., Rychlik T. Use of blood group tests and microsatellite DNA markers for parentage verification in a population of Polish Red-and-White cattle. *Annals of Animal Science*. 2009; 9(2): 119–125.
12. Dotsev A.V. et al. Microsatellite-based heterozygosity fitness correlations in reindeer. *Journal of Animal Science*. 2019; 97(S3): 266. <https://doi.org/10.1093/jas/skz258.541>
13. Van de Goor L.H.P., Panneman H., Van Haeringen W.A. A proposal for standardization in forensic bovine DNA typing: allele nomenclature of 16 cattle-specific short tandem repeat loci. *Animal Genetics*. 2009; 40(5): 630–636. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01891.x>

ОБ АВТОРАХ:

Семен Викторович Николаев, кандидат ветеринарных наук, научный сотрудник, Институт агробιοтехнологий им. А.В. Журавского ФИЦ «Ками научный центр Уральского отделения Российской академии наук», ул. Ручейная, 29, Сыктывкар, 167023, Россия semen.nikolaev.90@mail.ru <https://orcid.org/0000-0001-5485-4616>

Владимир Леонтьевич Ялуга, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр комплексного изучения Арктики им. академика Н.П. Лаврова Уральского отделения Российской академии наук, пр-т Никольский, 20, Архангельск, 163020, Россия yaluga29@yandex.ru <https://orcid.org/0000-0002-0215-9715>

ABOUT THE AUTHORS:

Semen Viktorovich Nikolaev, Candidate of Veterinary Sciences, Researcher, A.V. Zhuravsky Institute of Agrobiotechnologies of the Komi Scientific Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 29 Rucheynaya Str., Syktyvkar, 167023, Russia semen.nikolaev.90@mail.ru <https://orcid.org/0000-0001-5485-4616>

Vladimir Leontievich Yaluga, candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, The Federal Research Center for the Integrated Study of the Arctic named after Academician N.P. Laverov of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, 20 Nikolsky Ave., Arkhangelsk, 163020, Russia yaluga29@yandex.ru <https://orcid.org/0000-0002-0215-9715>