

С.В. Николаев¹ ✉В.Л. Ялуга²

¹Институт агrobiотехнологий
им. А.В. Журавского, Коми Научный
центр Уральского отделения Российской
академии наук, Сыктывкар, Россия

²Федеральный исследовательский центр
комплексного изучения Арктики
им. академика Н.П. Лаверова Уральского
отделения Российской академии наук,
Архангельск, Россия

✉ semen.nikolaev.90@mail.ru

Поступила в редакцию:
05.03.2024

Одобрена после рецензирования:
15.05.2024

Принята к публикации:
30.05.2024

Research article

DOI: 10.32634/0869-8155-2024-383-6-77-81

Semyon V. Nikolaev¹ ✉Vladimir L. Yaluga²

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

²The 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:
05.03.2024

Accepted in revised:
15.05.2024

Accepted for publication:
30.05.2024

Генетическая характеристика быков-производителей холмогорской породы в зависимости от их линейной принадлежности и уровня голштинизации

РЕЗЮМЕ

Актуальность. Генетический анализ с применением STR-маркеров позволяет эффективно использовать различные подходы для управления селекционным процессом в популяции.

Методы. Материалом для ДНК-исследований служила глубокозамороженная сперма 103 быков-производителей холмогорской породы с различным уровнем кровности по голштинскому скоту, принадлежащих к 5 основным генеалогическим линиям. Молекулярно-генетические исследования проведены в лаборатории ДНК-технологий ВНИИПлем.

Результаты. Максимальным генетическим разнообразием обладали животные линий VBA ($I = 1,557$) и NI ($I = 1,556$), а наименьшим — линии ChI (показатель ниже на 0,229 ($p \leq 0,05$) по отношению к VBA). Выявленное несоответствие наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности в сторону дефицита гетерозигот установлено среди животных линии VBA ($F = 0,173$), что выше на 0,220–0,262 по отношению к RS и ChI ($p \leq 0,01$ –0,001). У быков линий ChI и RS установлено смещение равновесия в сторону избытка гетерозиготности ($F = -0,111$ и $F = -0,054$ соответственно). Наиболее родственными можно считать линии NI и VBA ($D_N = 0,097$), а также NI и Lm ($D_N = 0,101$), а наименее — VBA и ChI ($D_N = 0,247$), а также VBA и RS ($D_N = 0,218$). При дифференцировке выборок по уровню голштинизации установлено, что наибольшим генетическим разнообразием характеризовались быки с кровностью 25–49% (1,633), а минимальным — животные со степенью голштинизации выше 74% (что ниже на 0,299–0,334 по отношению к другим выборкам, $p \leq 0,05$ –0,01). С ростом степени голштинизации наблюдалось увеличение уровня генетической инбредности (у помесей с кровностью выше 74% по показателю на 0,142–0,229 больше ($p \leq 0,05$ –0,001) по сравнению с другими выборками).

Ключевые слова: холмогорская порода, голштинская порода, STR-маркеры, частоты аллелей, генетическое равновесие, гомозиготность

Для цитирования: Николаев С.В., Ялуга В.Л. Генетическая характеристика быков-производителей холмогорской породы в зависимости от их линейной принадлежности и уровня голштинизации. *Аграрная наука*. 2024; 383(6): 77–81.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-383-6-77-81>

© Николаев С.В., Ялуга В.Л.

Genetic characteristics of producing bulls of the Kholmogorsky breed, depending on their linear affiliation and the level of Holstein

ABSTRACT

Relevance. Genetic analysis using STR markers makes it possible to effectively use various techniques to control the breeding process in a population.

Methods. The material for DNA research was the deep-frozen sperm of 103 bulls-producers of the Kholmogorsky breed, with different blood levels of Holstein cattle belonging to five main genealogical lines. Molecular genetic studies were conducted in the laboratory of DNA technologies at VNIIPlem.

Results. The animals of the VBA ($I = 1,557$) and NI ($I = 1,556$) lines had the maximum genetic diversity, and the ChI lines had the lowest (the indicator is lower by 0.229 ($p \leq 0.05$) relative to VBA). A pronounced discrepancy between the observed and expected heterozygosity towards heterozygote deficiency was found among animals of the VBA line ($F = 0.173$), which is higher by 0.220–0.262 relative to RS and ChI ($p \leq 0.01$ –0.001). The bulls of the ChI and RS lines have an equilibrium shift towards an excess of heterozygosity ($F = -0.111$ and $F = -0.054$ respectively). The most related lines are NI and VBA ($D_N = 0.097$), as well as NI and Lm ($D_N = 0.101$), and the least VBA and ChI ($D_N = 0.247$), as well as VBA and RS ($D_N = 0.218$). When differentiating the samples by the level of Holstein, it was found that the greatest genetic diversity was characterized by bulls with a blood density of 25–49% (1,633), and the minimum was animals with a degree of Holstein above 74% (which is lower by 0.299–0.334 relative to other samples, $p \leq 0.05$ –0.01). With an increase in the degree of Holstein, an increase in the level of genetic inbred was observed (in crossbreeds with a bloodline above 74%, the indicator was 0.142–0.229 more ($p \leq 0.05$ –0.001) compared with other samples).

Key words: Kholmogorskaya breed, Holstein breed, STR markers, allele frequencies, genetic equilibrium, homozygosity

For citation: Nikolaev S.V., Yaluga V.L. Genetic characteristics of producing bulls of the Kholmogorsky breed, depending on their linear affiliation and the level of Holstein. *Agrarian science*. 2024; 383(6): 77–81 (in Russian).

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2024-383-6-77-81>

© Nikolaev S.V., Yaluga V.L.

Введение/Introduction

На территории Российской Федерации насчитывается более десятка локальных пород крупного рогатого скота. Основным методом улучшения их молочной продуктивности было выбрано поглотительное скрещивание с голштинским скотом [1, 2]. Негативным фактором данного процесса является не только опасность исчезновения отечественного генофонда, но и пониженная адаптированность голштинской породы к многообразию природно-климатических условий и хозяйственных особенностей ведения скотоводства в различных регионах страны. Поэтому голштинизация ассоциирована с ростом заболеваемости незаразной патологией и сокращением сроков продуктивного использования животных [3–5].

Примером негативного влияния поглотительной голштинизации являются результаты, полученные в хозяйствах Республики Коми на холмогорской породе. Суровые климатические условия региона и отсутствие приемлемой кормовой базы, наряду с искусственным сдерживанием повышения кровности по голштинской породе, создали условия для сохранения генофонда холмогорского скота [6–8]. Однако невысокий по современным меркам уровень продуктивности породы способствует дальнейшему вытеснению чистопородных животных помесным скотом [9]. Для поддержания оптимальной продуктивности и жизнеспособности животных возникает потребность в создании стад с определенным уровнем прилития крови улучшающей породы, что требует наличия как высококровных по голштинской породе, так и чистопородных холмогорских быков.

Разведение помесей «в себе» может привести к накоплению уровня инбридинга, что требует контроля генетических параметров, происходящих в популяции. С этой позиции наиболее удобными и доступными маркерами можно считать ДНК-микросателлиты (STR-маркеры), которые обладают высоким уровнем полиморфизма [11–13]. С помощью STR-маркеров можно установить родство особей и линий, что позволит эффективно использовать различные приемы разведения для минимизации близкородственного спаривания и накопления гомозигот в популяции.

Цель исследований — провести оценку генетического разнообразия и родства быков-производителей холмогорской породы в зависимости от их линейной принадлежности и уровня голштинизации.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

Исследования выполнены в 2022–2024 гг. в Институте агробиотехнологий ФИЦ Коми НЦ УрО РАН (г. Сыктывкар, Россия). Образцами для ДНК-исследований являлась глубокозамороженная сперма быков-производителей холмогорской породы с различным уровнем кровности по голштинскому скоту. Производители принадлежали двум региональным племпредприятиям — РГУСП «Коми» по племенной работе (г. Сыктывкар, Россия) и ОАО «Архангельское племпредприятие» (Архангельская обл., Россия). Всего для генетических исследований был отобран биоматериал от 103 быков-производителей, отнесенных к 5 генеалогическим линиям: Хлопчатник CX-1098 (Chl, $n = 9$), Наилучший CX-856 (NI, $n = 30$), Лимон CX-721 (Lm, $n = 28$), Рефлекшн Соверинг 198998 (RS, $n = 9$), Вис Бэк Айдиал 1013415 (VBA, $n = 27$). Кровность животных по улучшающей породе варьировала от 3 до 91%. Молекулярно-генетические исследования проведены в лаборатории ДНК-технологий Всероссийского научно-исследовательского института племенного дела (г. Пушкин, Россия). Выделение ДНК проводили с использованием колонок Nexttec (Nexttec™ Biotechnologie GmbH, Германия) в соответствии с рекомендациями производителя. Микросателлитный профиль быков-производителей изучали с помощью ДНК-анализатора с лазерным детектором ABI3130xl (Applied Biosystems, США).

ПЦР-анализ осуществлен по 15 микросателлитным локусам: SPS115, TGLA53, TGLA122, BM1818, ETH10, BM1824, INRA23, BM2113, TGLA227, CSRM60, TGLA126, ETH225, CSSM66, ETH3, ILSTS6. При генетической оценке определяли среднее число аллелей на локус (N_a), число эффективных аллелей (N_e), количество часто встречаемых аллелей ($N_a, q \geq 10\%$), индекс Шеннона (I), степень наблюдаемой (H_o) и ожидаемой (H_e) гетерозиготности, уровень несмещенной ожидаемой гетерозиготности (uH_e), индекс фиксации (F), коэффициенты генетического сходства (I_N) и генетическое расстояние (D_N) между выборками.

Статистический и популяционно-генетический анализ проведен с использованием программ GenAlEx 6.503¹, MS Excel 2010 (США), Structure 2.3.4².

Таблица 1. Генетическая характеристика отдельных генеалогических линий голштинизированных холмогорских быков по 15 STR-маркерам

Table 1. Genetic characteristics of individual genealogical lines of Holstinized Kholmogorsky bulls by 15 STR-markers

Генеалогическая линия		N_a	N_e	$N_a, q \geq 10\%$	I	H_o	H_e	uH_e	F
Chl	X	5,133 ^{b, c**}	3,348	3,27	1,328	0,748	0,674	0,713	-0,111 ^{b, c**}
	S_x	0,291	0,267	0,25	0,072	0,040	0,025	0,027	0,043
Lm	X	7,267 ^{d*}	4,043	3,20 ^{d**}	1,530	0,681	0,714	0,728	0,047 ^{e*}
	S_x	0,530	0,412	0,24	0,090	0,042	0,033	0,033	0,039
NI	X	7,467	4,041	3,13 ^{d**}	1,556	0,685 ^{e*}	0,725	0,737	0,057 ^{e*}
	S_x	0,624	0,390	0,22	0,087	0,033	0,023	0,024	0,032
RS	X	5,400 ^{e***}	3,797	3,93	1,447	0,756 ^{e***}	0,716	0,758	-0,054 ^{e***}
	S_x	0,335	0,274	0,25	0,068	0,041	0,022	0,023	0,045
VBA	X	7,400 ^{a***}	3,830	2,87 ^{d**}	1,557 ^{a*}	0,591 ^{a*}	0,715	0,729	0,173 ^{a***}
	S_x	0,434	0,316	0,26	0,069	0,027	0,022	0,022	0,030

Примечание: * $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$, *** $p \leq 0,001$ достоверно по отношению к генеалогическим линиям: ^aChl, ^bLm, ^cNI, ^dRS, ^eVBA.

¹ Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. Bioinformatics 28. 2012; 2537–2539.

² The Pritchard Lab. Departments of Genetics and Biology, Stanford University.

Результаты и обсуждение / Results and discussion

Анализ аллельного полиморфизма показал (табл. 1), что наименьшим количеством наблюдаемых ДНК-микросателлитов по 15 исследуемым локусам обладают производители генеалогических линий Chl и RS.

Так, среди быков, отнесенных к линии Chl, в среднем выявлено 5,133 аллели, что на 2,134–2,330 меньше по сравнению с производителями линий NI, Lm и VBA ($p \leq 0,01–0,001$). Различия аллельного разнообразия между животными линии RS по отношению к быкам линий NI, Lm, VBA составили от 1,867 до 2,067 ($p \leq 0,05–0,001$). Наибольшим наблюдаемым полиморфизмом по анализируемым STR-маркерам обладали производители, относящиеся к линии NI ($N_a = 7,467$). Количество микросателлитов с частотой 10% и более было максимальным (3,93) среди животных линии RS ($p \leq 0,01$ по отношению к NI, Lm и VBA), а минимальным (2,87) — среди быков с генеалогической принадлежностью к VBA. Наибольшее число эффективных аллелей выявлено у производителей линий Lm и NI (4,043 и 4,041 соответственно), а наименьшее — среди быков линии Chl (3,348). Максимальным генетическим разнообразием обладали животные линий VBA и NI, индекс Шеннона у которых в среднем составлял 1,56, а минимальным — линии Chl, где показатель был ниже на 0,229 по отношению к быкам с генеалогической принадлежностью к VBA ($p \leq 0,05$).

Анализ уровня гетерозиготности свидетельствует, что минимальный наблюдаемый показатель присутствует у быков линии VBA ($H_o = 0,591$), тогда как среди животных линий NI, Chl и RS он был выше на 0,094 ($p \leq 0,05$), 0,157 ($p \leq 0,05$) и 0,165 ($p \leq 0,01$) соответственно. Ожидаемая гетерозиготность, наоборот, была наименьшей среди производителей Chl ($H_e = 0,674$), а наибольшая — среди быков линии NI ($H_e = 0,725$). Выраженное несоответствие наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности в сторону дефицита гетерозигот установлено среди животных линии VBA ($F = 0,173$), где показатель был выше на 0,220–0,262 по отношению к линиям RS и Chl ($p \leq 0,01–0,001$). Умеренный дефицит гетерозигот отмечен среди производителей Lm ($F = 0,047$) и NI ($F = 0,057$). У быков линий Chl и RS установлено смещение равновесия в сторону избытка гетерозиготности ($F = -0,111$ и $F = -0,054$ соответственно).

Анализ генетического сходства и генетической дистанции в зависимости от линейной принадлежности свидетельствует (табл. 2, рис. 1), что наиболее родственными можно считать линии NI и VBA ($D_N = 0,097$), а также NI и Lm ($D_N = 0,101$). Максимальная генетическая дивергенция по частотам ДНК-микросателлитов наблюдалась между линиями VBA и Chl ($D_N = 0,247$), и VBA и RS ($D_N = 0,218$).

На следующем этапе была проведена оценка генетического разнообразия производителей исходя из

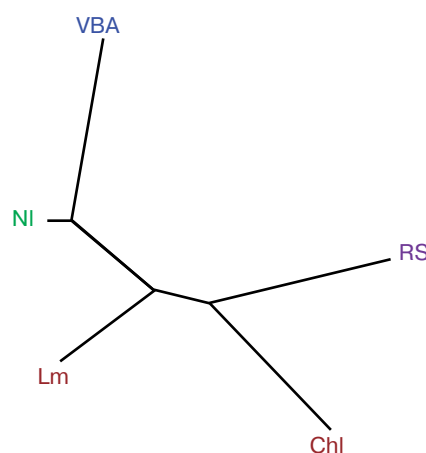
Таблица 2. Коэффициент генетического сходства (I_N) и генетическая дистанция (D_N) между различными генеалогическими линиями голштинизированных холмогорских быков

Table 2. Coefficient of genetic similarity (I_N) and genetic distance (D_N) between different genealogical lines of Holstein-bred Kholmogorsky bulls

D_N	I_N	Chl	Lm	NI	RS	VBA
Chl	x		0,863	0,867	0,863	0,781
Lm	0,147	x		0,904	0,867	0,828
NI	0,143	0,101	x		0,862	0,908
RS	0,147	0,143	0,149	x		0,804
VBA	0,247	0,188	0,097	0,218	x	

Рис. 1. Визуализация генетического расстояния (D_N) между 5 линиями голштинизированных холмогорских быков по 15 анализируемым микросателлитным локусам

Fig. 1. Visualization of the genetic distance (D_N) between five Holstein lines of Kholmogorsky bulls according to 15 analyzed microsatellite loci



уровня кровности по улучшающей породе. Для этого в зависимости от степени голштинизации животные были дифференцированы на 4 группы. В 1-ю группу вошли быки с уровнем прилития голштинской крови 3–24% ($n = 24$), во 2-ю — 25–49% ($n = 41$), в 3-ю — 50–74% ($n = 27$), в 4-ю — 75–91% ($n = 11$). Характеристика генетических параметров в зависимости от кровности представлена в таблице 3.

Установлено, что наименьшее количество наблюдаемых аллелей встречалось среди высококровных по голштинской породе быков-производителей (табл. 3). Так, показатель 4-й группы был ниже на 1,734–3,200 ($p \leq 0,001$) по сравнению с производителями, чья кровность составляла 3–74%. Число эффективных аллелей у животных с уровнем голштинизации 75–91% было меньше других групп на 0,853–1,247 ($p \leq 0,05$), при этом максимальные значения показателя установлены среди производителей 2-й группы (4,332). Наибольшим генетическим разнообразием характеризовались быки с

Таблица 3. Зависимость генетических параметров быков-производителей холмогорской породы от степени голштинизации

Table 3. The dependence of the genetic parameters of the producing bulls of the Kholmogorsky breed on the degree of Holstein

Table 6. The dependence of the genetic parameters of the breeding value of the fishmongery brood on the degree of inbreeding.									
Группа		Na	Ne	Na, q ≥ 10%	I	Ho	He	uHe	F
1	X	6,867***	3,938*	3,40	1,523*	0,727***	0,722*	0,737	-0,005***
	S _x	0,350	0,348	0,28	0,068	0,028	0,021	0,021	0,017
2	X	8,333***	4,332*	3,33	1,633**	0,676**	0,739*	0,748	0,082*
	S _x	0,674	0,425	0,26	0,089	0,031	0,024	0,024	0,035
3	X	7,400***	4,011*	3,27	1,582**	0,679**	0,726*	0,740	0,066**
	S _x	0,412	0,330	0,24	0,070	0,035	0,023	0,024	0,033
4	X	5,133	3,085	3,33	1,299	0,510	0,657	0,689	0,224
	S _x	0,307	0,198	0,52	0,059	0,036	0,021	0,022	0,045

Примечание: * $p \leq 0,05$, ** $p \leq 0,01$, *** $p \leq 0,001$ достоверно по отношению к животным 4-й группы.

уровнем кровности 25–49% (1,633), а минимальным — животные с уровнем голштинизации выше 74%, где показатель был меньше на 0,299–0,334 ($p \leq 0,05$ –0,01) по отношению к другим выборкам.

Анализ гетерозиготности особей свидетельствует, что наибольшим уровнем наблюдаемого показателя обладали животные с кровностью 3–24% (0,727), а наименьшим — высококровные помеси (0,510), среднее значение у которых было ниже на 0,166–0,217 по сравнению с другими группами ($p \leq 0,01$ –0,001). Максимальная ожидаемая гетерозиготность была характерна для производителей с уровнем кровности 25–49% (0,739), а минимальная — у быков с высокой степенью голштинизации (меньше на 0,065–0,079 по сравнению с другими группами, $p \leq 0,05$). При этом несмещенный уровень ожидаемой гетерозиготности не имел существенных отличий между животными различного генетического происхождения. F-статистика Райта свидетельствует, что соответствие наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности в большей мере характерно для низкокровных по голштинской породе холмогорских быков (–0,005). Исследованиями установлено, что с ростом степени голштинизации наблюдается рост уровня генетической инбредности. Этот показатель у высококровных по улучшающей породе помесей составил 0,224, что на 0,142–0,229 больше по сравнению с другими выборками ($p \leq 0,05$ –0,001).

Анализ генетической дивергенции свидетельствует (табл. 4, рис. 2), что родство между производителями снижается по мере расхождения в уровне кровности. Так, максимальное генетическое сходство было установлено между животными с кровностью 3–24% и 25–49% (0,935), а минимальное — между первой и четвертой выборками (0,782).

Выводы/Conclusions

Дифференциация холмогорских быков-производителей двух региональных племпредприятий по линейной принадлежности свидетельствует, что наиболее генетически разнообразными можно считать генеалогические линии VBA, NI и Lm, а менее — ChI и RS. Стоит отметить, что меньшее генетическое богатство линий ChI и RS объясняется небольшим размером данных выборок (по 9 животных). Однако анализ F-статистики Райта показал, что несмотря на меньшее генетическое разнообразие среди быков линий ChI и RS, в данных субпопуляциях наблюдается наиболее выраженное смещение в сторону наблюдаемой гетерозиготности, а у животных линии VBA, наоборот, в сторону дефицита. Наблюдаемые отклонения от панмиксии, по видимости, являются результатом направленного селекционного процесса в анализируемых выборках. Генетическая дивергенция по частотам STR-маркеров свидетельствует, что наиболее генетически сходными по микросателлитам можно считать линии NI и VBA, а также Lm и NI.

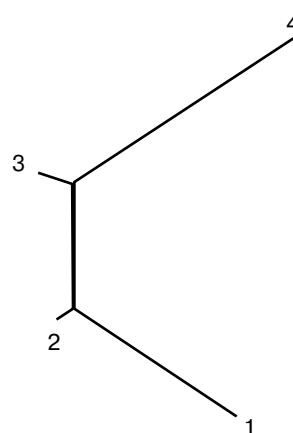
Таблица 4. Коэффициент генетического сходства (I_N) и генетическая дистанция (D_N) между быками-производителями холмогорской породы с различным уровнем голштинизации

Table 4. The coefficient of genetic similarity (I_N) and the genetic distance (D_N) between the producing bulls of the Kholmogorsky breed with different levels of Holstein

D_N	I_N	1	2	3	4
1		x	0,935	0,871	0,782
2		0,067	x	0,930	0,868
3		0,138	0,073	x	0,895
4		0,246	0,142	0,111	x

Рис. 2. Визуализация генетического расстояния (D_N) между производителями холмогорской породы с различным уровнем голштинизации: 1 — животные с кровностью 3–24%, 2 — с кровностью 25–49, 3 — с кровностью 50–74%, 4 — с кровностью 75–91%

Fig. 2. Visualization of the genetic distance (D_N) between producers of the Kholmogorsky breed with different levels of Holstein: 1 — animals with a degree of 3–24%, 2 — with a degree of 25–49, 3 — with a degree of 50–74%, 4 — with a degree of 75–91%



Наименьшее сходство наблюдается между быками линий VBA и ChI, а также RS и VBA, что позволяет использовать целенаправленный подбор родительских пар данных генеалогических групп породы для минимизации уровня генетического инбридинга. Дифференциация холмогорских быков по уровню кровности показала снижение генетического разнообразия в группе высококровных по голштинской породе производителей с выраженным несоответствием наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности, а именно с изменениями в сторону дефицита гетерозигот.

Таким образом, анализ генетического разнообразия производителей двух региональных племпредприятий свидетельствует, что для поддержания генетической структуры и конкурентоспособности холмогорской породы в стадах Республики Коми и Архангельской области требуется наличие достаточного количества быков соответствующего происхождения.

Все авторы несут ответственность за работу и представленные данные. Все авторы внесли равный вклад в работу. Авторы в равной степени принимали участие в написании рукописи и несут равную ответственность за плагиат. Авторы объявили об отсутствии конфликта интересов.

All authors bear responsibility for the work and presented data. All authors made an equal contribution to the 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 № FUUU-2023-0002, FUUW-2022-0059 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. FUUU-2023-0002, FUUW-2022-0059 and the project of the interregional world-class scientific and educational center "Russian Arctic: new materials, technologies and research methods".

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Прожерин В.П., Ялуга В.Л., Калашникова Л.А. Проблемы сохранения отечественных пород молочного скота. *Зоотехния*. 2016; 9: 2–4. <https://www.elibrary.ru/wmwmyr>
2. Паронян И.А. Возможности сохранения и совершенствования генофонда пород крупного рогатого скота отечественной селекции. *Достижения науки и техники АПК*. 2018; 32(5): 63–66. <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2018-10516>
3. 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://www.elibrary.ru/pzaxlp>
4. 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>
5. Николаев С.В. Ветеринарные аспекты хозяйственно полезных качеств холмогорского скота. *Известия Коми научного центра УрО РАН*. 2021; 1: 37–44. <https://doi.org/10.19110/1994-5655-2021-1-37-44>
6. Матюков В.С. Еще раз о генофонде и селекции холмогорского скота. Сыктывкар: ГНУ НИПТИ АПК РАСХН. 2007; 139. ISBN 978-5-7934-0208-8 <https://www.elibrary.ru/qkzbrz>
7. 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>
8. Матюков В.С., Жариков Я.А., Зиновьева Н.А. Генетическая история и ценность генофонда исчезающей холмогорской породы. *Молочное и мясное скотоводство*. 2018; 2: 2–8. <https://www.elibrary.ru/xmgryeh>
9. Прожерин В.П., Калашникова Л.А., Ялуга В.Л., Кувакина И.В. Породная инвентаризация племенных ресурсов холмогорского скота. *Зоотехния*. 2023; 2: 9–14. <https://www.elibrary.ru/rwkrip>
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. 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>
12. Abdelmanova A.S. et al. Genetic Diversity of Historical and Modern Populations of Russian Cattle Breeds Revealed by Microsatellite Analysis. *Genes*. 2020; 11(8): 940. <https://doi.org/10.3390/genes11080940>
13. Solodneva E. et al. Genetic Structure Analysis of 155 Transboundary and Local Populations of Cattle (*Bos taurus*, *Bos indicus* and *Bos grunniens*) Based on STR Markers. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023; 24(5): 5061. <https://doi.org/10.3390/ijms24055061>

ОБ АВТОРАХ

Семен Викторович Николаев¹

кандидат ветеринарных наук, научный сотрудник
semen.nikolaev.90@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0001-5485-4616>

Владимир Леонтьевич Ялуга²

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник
yaluga29@yandex.ru

<https://orcid.org/0000-0002-0215-9715>

¹ Институт агробиотехнологий им. А.В. Журавского
Коми научного центра Уральского отделения Российской
академии наук,
ул. Ручейная, 29, Сыктывкар, 167023, Россия

² Федеральный исследовательский центр комплексного изучения
Арктики им. Академика Н.П. Лаврова Уральского отделения
Российской академии наук,
пр-т Никольский, 20, Архангельск, 163020, Россия

REFERENCES

1. 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/wmwmyr>
2. Paronyan I.A. Possibilities of preservation and improvement of the gene pool of cattle of domestic breeding. *Achievements of science and technology in agribusiness*. 2018; 32(5): 63–66 (in Russian). <https://doi.org/10.24411/0235-2451-2018-10516>
3. 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://www.elibrary.ru/pzaxlp>
4. Matyukov V.S., Zharikov Ya.A., Lobov D.V. Kholmogory breed keeping as a base 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>
5. Nikolaev S.V. Veterinary aspects of the economic and useful qualities of the Kholmogorsky cattle. *Proceedings of the Komi Science Centre Ural Branch Russian Academy of Sciences*. 2021; 1: 37–44 (in Russian). <https://doi.org/10.19110/1994-5655-2021-1-37-44>
6. Matyukov V.S. Once again about the gene pool and breeding of Kholmogorsky cattle. Syktivkar: *Scientific Research and Design-Technological Institute of the Agro-Industrial Complex of the Komi Republic of the Russian Academy of Agricultural Sciences*. 2007; 139 (in Russian). ISBN 978-5-7934-0208-8 <https://www.elibrary.ru/qkzbrz>
7. Nikolaev S.V., Shemuranova N.A. Productivity of cows of the Kholmogorskaia 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>
8. Matyukov V.S., Zharikov Ya.A., Zinovieva N.A. Genetic history and value of the gene pool appearing Holmogorsky breed. *Dairy and beef cattle farming*. 2018; 2: 2–8 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/xmgryeh>
9. Prozherin V.P., Kalashnikova L.A., Yaluga V.L., Kuvakina I.V. Breed inventory of breeding resources of Kholmogorsky cattle. *Zootekhnika*. 2023; 2: 9–14 (in Russian). <https://www.elibrary.ru/rwkrip>
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. 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>
12. Abdelmanova A.S. et al. Genetic Diversity of Historical and Modern Populations of Russian Cattle Breeds Revealed by Microsatellite Analysis. *Genes*. 2020; 11(8): 940. <https://doi.org/10.3390/genes11080940>
13. Solodneva E. et al. Genetic Structure Analysis of 155 Transboundary and Local Populations of Cattle (*Bos taurus*, *Bos indicus* and *Bos grunniens*) Based on STR Markers. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023; 24(5): 5061. <https://doi.org/10.3390/ijms24055061>

ABOUT THE AUTHORS

Semen Viktorovich Nikolaev¹

Candidate of Veterinary Sciences, Researcher
semen.nikolaev.90@mail.ru

<https://orcid.org/0000-0001-5485-4616>

Vladimir Leontievich Yaluga²

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher
yaluga29@yandex.ru

<https://orcid.org/0000-0002-0215-9715>

¹ A.V. Zhuravsky Institute of Agrobiotechnologies,
Komi Scientific Research Center of the Ural Branch of the Russian
Academy of Sciences,
29 Rucheynaya Str., Syktivkar, 167023, 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,
20 Nikolsky Ave., Arkhangelsk, 163020, Russia