



ГЕНЕТИКА/GENETICS

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.166.47> EDN: QXYLNJ

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ В ИССЛЕДОВАНИИ АВТОХТОННЫХ ПОРОД КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА (ОБЗОР)

Научная статья

Русанова С.^{1,*}, Кольцов Д.Н.²¹ ORCID : 0000-0002-4789-1619;² ORCID : 0000-0002-3977-8552;^{1,2} Федеральный исследовательский центр - ВИЖ им. Л.К. Эрнста, Дубровицы, Российская Федерация¹ Федеральный научный центр лубяных культур, Тверь, Российская Федерация² Смоленский филиал Федерального научного центра лубяных культур, Смоленск, Российская Федерация

* Корреспондирующий автор (s.andreeva.sml[at]fncl.ru)

Аннотация

В настоящее время наблюдается снижение численности, а в некоторых случаях и полное исчезновение, автохтонных пород. Это связано с активным распространением ограниченного числа высокоудойных коммерческих коров. Таковой является голштинская порода, чья доля составляет 72% от общего поголовья страны. Местные отечественные породы создавались путём долгой и планомерной селекции, хорошо приспособлены к разным климатическим условиям, имеют неплохие показатели продуктивности и устойчивы к заболеваниям. Проблема сохранения, поддержания и распространения автохтонных пород по-прежнему остаётся актуальной. Она может быть решена посредством современных методов геномной селекции. В данной статье рассмотрены основные типы маркеров. ПДРФ-маркеры широко применялись для анализа взаимосвязи с хозяйственно-полезными признаками и технологическими качествами молока, полиморфизма генов в зависимости от кровности и линейной принадлежности. Широкое распространение получили и микросателлиты, с их помощью также выявлено широкое генетическое разнообразие отечественных пород. Большой научный интерес в настоящее время представляют SNP за счёт генетического постоянства, распространения в геноме, дифференциации альтернативных вариантов и др. С их помощью исследованы гены разных пород сельскохозяйственных животных, их историческое происхождение и генетическая структура. Однако в исследовании местных отечественных пород остаётся много «пробелов». Изучение генетической структуры пород с помощью SNP базируется на применении ДНК-чипов. Существуют чипы средней и высокой плотности, также ведётся разработка специализированных чипов с низкой плотностью. Их создание представляется более эффективным, поскольку эти чипы не несут избыточной информации для интерпретации результатов. ДНК-чипы являются предпочтительным инструментом для изучения экспрессии генов, секвенирования фрагментов ДНК и выявления в них мутаций.

Ключевые слова: маркеры, микросателлиты, SNP, ДНК-чип, порода, молекулярные методы, крупный рогатый скот.

MOLECULAR GENETIC MARKERS IN THE STUDY OF INDIGENOUS CATTLE BREEDS (A REVIEW)

Research article

Rusanova S.^{1,*}, Koltsov D.N.²¹ ORCID : 0000-0002-4789-1619;² ORCID : 0000-0002-3977-8552;^{1,2} L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Dubrovitsy, Russian Federation¹ Federal Research Centre for Bast Fiber Crops, Tver, Russian Federation² Smolensk branch of the Federal Scientific Center for Bast Crops, Smolensk, Russian Federation

* Corresponding author (s.andreeva.sml[at]fncl.ru)

Abstract

At present, there has been a decline in the numbers of indigenous cattle breeds, and in some cases they have disappeared entirely. This is due to the widespread adoption of a limited number of high-yielding commercial breeds. One such breed is the Holstein, which accounts for 72% of the country's total cattle population. Local indigenous breeds were developed through long and systematic selection; they are well adapted to various climatic conditions, have good productivity indicators and are resistant to disease. The issue of preserving, maintaining and propagating indigenous breeds remains as relevant. It can be addressed through modern methods of genomic selection. This article reviews the main types of markers. RELF markers have been widely used to analyse correlations with economically important traits and milk processing qualities, as well as gene polymorphisms depending on kinship and lineage. Microsatellites have also become widely used, and they have helped to identify the wide genetic diversity of domestic breeds. SNPs are currently of great scientific interest due to their genetic stability, distribution within the genome, differentiation of alternative variants, and other factors. They have been used to study the genes of various breeds of farm animals, their historical origins and genetic structure. However, there remain many "gaps" in the study of local domestic breeds. The study of the genetic structure of breeds using SNPs is based on the use of DNA chips. There are medium- and high-density chips, and specialised low-density chips are also being developed. Their development appears to be more efficient, as these chips do not contain redundant information that is unnecessary for

interpreting the results. DNA chips are the preferred tool for studying gene expression, sequencing DNA fragments and identifying mutations within them.

Keywords: markers, microsatellites, SNPs, DNA chip, breed, molecular methods, cattle.

Введение

В соответствии с доктриной продовольственной безопасности страны ключевую роль в обеспечении потребностей в продуктах питания играет продукция сельского хозяйства, в частности сельскохозяйственные животные [17]. На протяжении многих лет в России создавались породы животных, приспособленных к разным условиям обитания, устойчивостью к заболеваниям и высокой продуктивностью [1, С. 786], [9, С. 789], [22], [26].

В конце прошлого века обозначилась тенденция на использование ограниченного числа пород с высокими удоями. Самой распространённой породой в России является голштинская (72% от общего поголовья). С 2010 года поголовье голштинской породы увеличилось почти на 67% [7]. Как итог, ряд локальных пород (бестужевская, красная горбатовская, сычёвская, холмогорская, ярославская) сокращается из-за неспособности с ней конкурировать. В Смоленской области в результате планомерной и целенаправленной селекции был создан тип «Смоленский» бурого швицког скота, а в 1950 году утверждена сычёвская порода [3], [23, С. 50]. Доля последней в общей структуре пород области составляет всего 11,5%, а поголовье бурой швицкой породы за последние 7 лет сократилась на 10% [7, С. 22–23].

Поддержание и распространение автохтонных пород возможно при сохранении их генетического разнообразия, которое устанавливается с помощью различных генетических маркеров. Впервые маркеры стали использовать в селекции в начале XX века [8, С. 633].

Основные результаты

Создание и совершенствование локальных пород в Смоленской области осуществлялось с помощью маркеров групп крови. По результатам этих исследований опубликовано множество работ [4], [5], [20].

Последние десятилетия происходят масштабные преобразования, сопряженные с применением молекулярно-генетических технологий. Очевидно, что развитие сельского хозяйства на современном этапе невозможно без внедрения геномной селекции [1, С. 787], [8, С. 632], [9, С. 790].

В конце 90-х гг. с появлением генетических тест-систем стало возможным использование результатов ДНК-исследований для генетического анализа сельскохозяйственных животных. Селекция на основе ДНК-маркеров стала именоваться маркер-ассоциированной селекцией. ДНК-маркеры — участки ДНК с определённой локализацией на хромосоме, но с малоизученными функциями. Их характерная особенность — полиморфизм [29, С. 1045].

В числе первых исследованных маркеров были ПДРФ-маркеры. На сегодняшний день значительная их часть исследована у крупного рогатого скота (CSN, LGB, ALA, PRL, LEP, GH и др.). С их помощью изучен полиморфизм и определена частота встречаемости аллельных вариантов и генотипов [2], [11], [12], [28]. Определено влияние голштинизации на изменение генетической структуры [19], [31]. Проведена комплексная оценка хозяйственно-полезных признаков с учётом наследуемых маркеров и исследована их взаимосвязь [2], [10], [12], [18].

Микросателлиты нашли также широкое применение в качестве генетического маркера, благодаря большой вариации тандемных копий. В 2008–2010 гг. был изучен аллелофонд бурой швицкой и сычёвской пород крупного рогатого скота по 13 локусам микросателлитов. Результаты анализа генетической характеристики показали, что животные сычёвской и бурой швицкой пород являются консолидированными и формировались автономно от исходных пород [3], [4], [13], [27].

В настоящее время аллелофонд крупного рогатого скота активно исследуется с помощью однонуклеотидных полиморфизмов (SNP-маркеров). SNP представляют собой отличия в последовательности ДНК на один нуклеотид в геноме или между гомологичными участками хромосом и являются следствием точечных мутаций [25], [29].

С помощью SNP было исследовано огромное число генов у различных пород крупного рогатого скота, углублены знания об историческом происхождении и генетической структуре популяций. Ранее с помощью SNP был исследован скот Европейских коммерческих пород. Позже учёные устремили внимание на автохтонные породы с целью поиска геномных изменений, ассоциированных с желательными признаками.

W.P.V. Putra с соавт. провели генетическую характеристику 4 индонезийских пород крупного рогатого скота. Результаты исследования показали, что местные породы имеют гибридное происхождение и содержат геномные последовательности как *B. indicus*, так и *B. Javanicus* [32].

В исследовании Ш. Чжан и др. изучена генетическая характеристика локальной китайской породы Пинан крупного рогатого скота. Анализ родословной показал, что в её составе преобладала Пьемонтская порода и в меньшей степени Наньянская. Несмотря на то, что Пинан ближе к Пьемонтской линии, количество генетических вариаций, унаследованных от Наньян намного выше. Разнообразие нуклеотидов у животных породы Пинан ниже, чем у локальных китайских пород, но больше, чем у европейского скота. Вероятно, это обусловлено влиянием материнской породы — Наньян — гибридом *Bos taurus* и *Bos indicus*, обладающий высоким геномным разнообразием [35].

Группой учёных в 2021 году проведён масштабный анализ генетического разнообразия крупного рогатого скота Юго-Восточной Азии. Результаты этих исследований дают представление об истории индийского крупного рогатого скота и его адаптации к условиям окружающей среды. Исследуемые родословные указывают на сложные процессы одомашнивания и эволюции в формировании глобального разнообразия *B. indicus* [30].

М. Weldenegodguad с коллегами провели оценку генетической структуры трёх локальных пород крупного рогатого скота (восточно-финская, западно-финская и якутская), происходящих из самых северных районов скотоводства. Установлены области генома, способствовавшие адаптации к северным и субарктическим условиям. Исследования



показали генетическое отличие аборигенных северных европейских пород (финские аборигенные и якутская) от современных коммерческих молочных пород (финская айрширская и голштинская) [34].

Отечественные породы крупного рогатого скота исследованы менее масштабно [14]. В 2016 г. проведено исследование генетического разнообразия и популяционной структуры пяти российских пород (бестужевской, холмогорской, костромской, красной горбатовской и ярославской) на основании полногеномного анализа SNPs. В качестве сравнительной группы использовалась голштинская порода. Вследствие сложного генетического происхождения отечественных пород, в их генотипах обнаружались геномные компоненты других российских пород, а в ряде случаев — компоненты голштинов [9].

А.А. Сермягин с соавт. провели исследование популяционной структуры девяти отечественных пород (бестужевской, черно-пестрой, калмыцкой, холмогорской, костромской, красной горбатовской, суксунской, якутской и ярославской) с 36 евразийскими породами *Bos taurus*. Турано-монгольское происхождение калмыцкой и якутской пород способствовало объединению их в отдельный кластер. У животных костромской, суксунской и черно-пестрой пород обнаружены предковые компоненты трансграничных европейских пород. В наименьшей степени интрогрессии подверглись бестужевская, красная горбатовская, холмогорская и ярославская породы, что делает их ценным генетическим ресурсом [33].

Доминированию SNP-маркеров способствовала разработка коммерческих ДНК-чипов, позволяющих проводить одновременный анализ до нескольких сотен тысяч однонуклеотидных полиморфизмов. Исследования геномов с помощью SNP основаны, главным образом, на применении ДНК-чипов средней плотности (50K). В настоящее время ведётся разработка ДНК-микрочипов с низкой плотностью SNP. Создание специализированных тест-систем (микрочипов низкой плотности) является более эффективным, поскольку они не несут избыточной информации для интерпретации результатов. К настоящему времени идентифицировано несколько миллионов SNP, на основе которых компания Illumina анонсировала чипы малой (Bovine 3K и 6K, 2900 и 6909 SNP) и высокой плотности Bovine HD (777962 SNP). Позже были разработаны кастомные версии чипов: GGP (GeneSeek Inc.) и IDB (ICBF), которые включают в себя мажорные гены, мутации и рецессивные аллели. ДНК-микрочипы стали предпочтительным инструментом для изучения экспрессии генов, секвенирования фрагментов ДНК и выявления в них мутаций [24].

Наиболее распространённым методом определения SNP является ПЦР-ПДРФ, который предполагает идентификацию участка гена, несущего сайт узнавания рестриктазы. Однако наиболее точным и современным способом определения последовательности нуклеотидов в геноме и поиска сведений о строении генов является секвенирование. Широко применяется также и частичное сканирование генома, которое подразумевает анализ определённых небольших участков ДНК, содержащих множество SNP.

В последнее десятилетие активно используется полногеномный анализ ассоциаций (GWAS), базирующийся на использовании генетических маркеров, которые локализованы по всей длине генома и сцеплены как минимум с одним из количественных признаков [1], [6], [15], [21].

Заключение

Интеграция геномной селекции в практику животноводства произошла вследствие развития инновационных методов геномной оценки сельскохозяйственных животных и совершенствования технологий обработки результатов больших объёмов информации. Геномный отбор — результат маркер-ассоциированной селекции, основанный на использовании полной информации о последовательности ДНК животных, их родословной и данных по продуктивности для выявления ассоциаций с хозяйственно-полезными признаками сельскохозяйственных животных. С появлением современных молекулярно-генетических технологий и геномной оценки появилась возможность определить генетический потенциал животных, а значит, и создавать новые породы. В связи с этим развитие технологий геномной оценки представляет большой научный интерес для учёных. Внедрение казуальных SNP-чипов вместо существующих, обусловит оптимизацию методов геномной оценки сельскохозяйственных животных.

Благодаря ДНК-маркерам, методам молекулярной генетики и полногеномному ассоциативному анализу расширяются возможности генетической диагностики локусов, ассоциированных с генетическими аномалиями, признаками продуктивности и идентификацией как отдельных животных, так и пород в целом.

За последние десятилетия накопилось много информации о генетической структуре европейских, азиатских пород крупного рогатого скота, а также стран Африки, Северной и Южной Америки. По результатам этих исследований опубликован обширный материал. Полногеномное сканирование геномов крупного рогатого скота продолжается и до настоящего времени. На сегодняшний день проблема сохранения биологического разнообразия автохтонных пород по-прежнему остаётся актуальной и недостаточно изученной. Дальнейшие исследования аллелофонда отечественных пород может быть достигнуто с использованием ДНК-чипов высокой и низкой плотности.

Конфликт интересов

Не указан.

Рецензия

Все статьи проходят рецензирование. Но рецензент или автор статьи предпочли не публиковать рецензию к этой статье в открытом доступе. Рецензия может быть предоставлена компетентным органам по запросу.

Conflict of Interest

None declared.

Review

All articles are peer-reviewed. But the reviewer or the author of the article chose not to publish a review of this article in the public domain. The review can be provided to the competent authorities upon request.



Список литературы / References

1. Абдельманова А.С. Полногеномные исследования структуры популяций российских локальных пород черно-пестрого корня / А.С. Абдельманова, А.А. Сермягин, А.В. Доцев и др. // Генетика. — 2022. — № 7. — С. 786–797.
2. Багаль И.Е. Молочная продуктивность коров холмогорской породы с разными генотипами молочных белков / И.Е. Багаль, Я.А. Хабибрахманова, Л.А. Калашникова и др. // Молочное и мясное скотоводство. — 2015. — № 7. — С. 6–9.
3. Горелов П.В. Генетическая характеристика новых типов скота бурой швицкой и сычевской пород Смоленской области по микросателлитам dis... ..Candidate of Biological Sciences: 03.032.07 и 06.02.07 : защищена 2026-02-19 : утв. 2026-02-19 / П.В. Горелов. — Дубровицы: 2026. — 153 с.
4. Горелов П.В. Сравнительный анализ групп крови и микросателлитов в характеристике новых типов скота бурой швицкой и сычевской пород / П.В. Горелов, Д.Н. Кольцов, Н.А. Зиновьева и др. // Сельскохозяйственная биология. — 2011. — № 6. — С. 37–40.
5. Дмитриева В.И. Генетические маркеры групп крови при оценке молочной продуктивности коров семейств сычевской породы / В.И. Дмитриева, Д.Н. Кольцов // Зоотехния. — 2023. — № 8. — С. 2–7.
6. Доцев А.В. Оценка современного состояния генофонда холмогорской и черно-пестрой пород крупного рогатого скота на основе полногеномного SNP-анализа / А.В. Доцев, А.А. Сермягин, А.В. Шахин и др. // Вавиловский журнал генетики и селекции. — 2018. — № 6. — С. 742–747.
7. Чернов В.В. Ежегодник по племенной работе в молочном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2024) / В.В. Чернов, И.М. Дунин, С.Е. Тяпугин и др. — Лесные Поляны: ФГБНУ ВНИИплем, 2025. — 274 с.
8. Зиновьева Н.А. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота — миниобзор / Н.А. Зиновьева, А.А. Сермягин, А.В. Доцев и др. // Сельскохозяйственная биология. — 2019. — № 4. — С. 631–641.
9. Зиновьева Н.А. Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород крупного рогатого скота с использованием полногеномного анализа SNP / Н.А. Зиновьева, А.В. Доцев, А.А. Сермягин и др. // Сельскохозяйственная биология. — 2016. — № 6. — С. 788–800.
10. Калашникова Л.А. Молочная продуктивность коров чёрно-пестрой породы с различными генами каппа-казеина / Л.А. Калашникова, Е.А. Денисенко, А.Ш. Тинаев // Молочная промышленность. — 2009. — № 4. — С. 52–53.
11. Калашникова Л.А. Молочная продуктивность коров красно пестрой породы с разными генотипами бета-казеина / Л.А. Калашникова, Я.А. Хабибрахманова, А.И. Голубков и др. // Молочное и мясное скотоводство. — 2022. — № 2. — С. 21–24.
12. Калашникова Л.А. Полиморфизм гена бета-казеина у холмогорских коров / Л.А. Калашникова, Я.А. Хабибрахманова, Н.В. Рыжова и др. // Зоотехния. — 2019. — № 5. — С. 8.
13. Кольцов Д.Н. Характеристика аллелофонда сычевской породы крупного рогатого скота по ДНК микросателлитам / Д.Н. Кольцов, В.В. Волкова, Е.А. Гладырь и др. // Достижения науки и техники АПК. — 2012. — № 8. — С. 56–57.
14. Мишина А.И. Исследование геномного инбридинга у коров ярославской породы / А.И. Мишина, А.С. Абдельманова // Достижения науки и техники АПК. — 2021. — № 8. — С. 30–34.
15. Мишина А.И. Характеристика быков-производителей Ярославской породы на основе полногеномного SNP-генотипирования / А.И. Мишина, А.В. Доцев, А.С. Абдельманова и др. // Сборник материалов научно-практической конференции с международным участием «Генетика, селекция и биотехнология животных: на пути к совершенству», г. Пушкин, 13–15 октября 2020 г. — Пушкин: Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных, 2020. — С. 202–203.
16. Недашковский И.С. Сравнительный популяционно-генетический анализ генофондной красной горбатовской породы на основе SNP-маркеров / И.С. Недашковский, А.А. Сермягин, Е.Н. Нарышкина и др. // Аграрная наука. — 2025. — № 399 (10). — С. 133–141.
17. Указ Президента РФ от 21 января 2020 года № 20 «Об утверждении Доктрины продовольственной безопасности Российской Федерации» // Гарант. ру Информационно-правовой портал. — 2020. — URL: <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/73338425>. (дата обращения: 14.10.25)
18. Погорельский И.А. Полиморфизм генов бета-лактоглобулина, гормона роста и пролактина и влияние их генотипов на молочную продуктивность коров / И.А. Погорельский, Г.Н. Сердюк, М.В. Позовникова // Молочное и мясное скотоводство. — 2014. — № 6. — С. 9–13.
19. Позовникова М.В. Генетическая структура коров молочных пород по ДНК-маркерам и влияние их генотипов на молочную продуктивность / М.В. Позовникова, О.В. Тулинова, Г.Н. Сердюк и др. // Молочное и мясное скотоводство. — 2016. — № 2. — С. 8–12.
20. Русанова С.А. Изменение генеалогической структуры бурой швицкой породы в процессе селекции / С.А. Русанова, М.Е. Гонтгов, Д.Н. Кольцов // Аграрный научный журнал. — 2020. — № 12. — С. 68–71.
21. Сермягин А.А. Полногеномный анализ ассоциаций с продуктивными и репродуктивными признаками у молочного скота в российской популяции голштинской породы / А.А. Сермягин, Е.А. Гладырь, С.Н. Харитонов и др. // Сельскохозяйственная биология. — 2016. — № 2. — С. 182–193.
22. Столповский Ю.А. Генофонды отечественных пород — национальное богатство России / Ю.А. Столповский, И.А. Захаров. — Москва, 2007. — 49 с.
23. Столповский Ю.А. Генетические и селекционные аспекты истории развития скотоводства на территории России / Ю.А. Столповский, Е.Р. Гостева, Е.В. Солоднева. — Москва: Акварель, 2022. — 87 с.
24. Столповский Ю.А. Новая система генотипирования крупного рогатого скота (*Bos Taurus*) / Ю.А. Столповский, С.Б. Кузнецов, Е.В. Солоднева и др. // Сборник научных трудов Краснодарского научного центра по зоотехнии и



ветеринарии Сборник научных трудов Краснодарского научного центра по зоотехнии и ветеринарии. — Краснодар: Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии, 2023. — Вып. 1. — С. 28–31.

25. Столповский Ю.А. Геномная селекция. I. Последние тенденции и возможные пути развития / Ю.А. Столповский, А.К. Пискунов, Г.Р. Свищева // Генетика. — 2020. — № 9. — С. 1006–1017.

26. Столповский Ю.А. Состояние «культурного» биоразнообразия (сельскохозяйственные животные) / Ю.А. Столповский, Г.Е. Сулимова // Ветеринарная патология. — 2007. — № 1. — С. 30–32.

27. Стрекозов Н.И. Генетическая характеристика созданных типов скота бурой швицкой и сычёмских пород с использованием полиморфизма микросателлитных локусов / Н.И. Стрекозов, Н.А. Зиновьева, П.В. Горелов и др. // Сельскохозяйственная биология. — 2009. — № 2. — С. 10–15.

28. Сулимова Г.Е. Уникальность костромской породы крупного рогатого скота с позиции молекулярной генетики / Г.Е. Сулимова, И.В. Лазебная // Достижения науки и техники АПК. — 2011. — № 9. — С. 52–54.

29. Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции / Е.К. Хлесткина // Вавиловский журнал генетики и селекции. — 2013. — № 4-2. — С. 1044–1054.

30. Chen N. Global genetic diversity, introgression, and evolutionary adaptation of indicine cattle revealed by whole genome sequencing / N. Chen, X. Xia, Q. Hanif et al. // Nature Communications. — 2023. — № 14. — P. 7803.

31. Khoroshilova T.S. Polymorphism of the *csn3* gene in simmental herds and its variability during holsteinization / T.S. Khoroshilova, G.M. Goncharenko, N.B. Grishina et al. // Ecology, environment and conservation. — 2020. — № 4. — P. 1702–1706.

32. Putra W.P.B. Genetic characterization in four Indonesian cattle breeds inferred from illumina parentage SNP markers / W.P.B. Putra, H. Hartati, M. Mariyono et al. // Iraqi Journal of Agricultural Sciences. — 2024. — № 55. — P. 284–292.

33. Sermyagin A.A. Whole-genome SNP analysis elucidates the genetic structure of Russian cattle and its relationship with Eurasian taurine breeds / A.A. Sermyagin, A.V. Docev, E.A. Gladyr et al. // Genetics, Selection, Evolution. — 2018. — № 50. — P. 37.

34. Weldenegodguad M. Whole-Genome Sequencing of Three Native Cattle Breeds Originating From the Northernmost Cattle Farming Regions / M. Weldenegodguad, R.G. Popov, K. Pokharel et al. // Frontiers in Genetics. — 2019. — № 9.

35. Zhang Sh. Assessing genomic diversity and signatures of selection in Pinan cattle using whole-genome sequencing data / Sh. Zhang, Zh. Yao, X. Li et al. // BMC Genomics. — 2022. — № 23. — P. 460.

Список литературы на английском языке / References in English

1. Abdel'manova A.S. Polnogenomnye issledovaniya struktury' populyacij rossijskix lokal'nyx porod cherno-pestrogo kornya [Whole-Genomic Studies of the Populations' Structure in the Russian Local Black-Pied Breeds] / A.S. Abdel'manova, A.A. Sermyagin, A.V. Docev et al. // Russian Journal of Genetics. — 2022. — № 7. — P. 786–797. [in Russian]

2. Bagal' I.E. Molochnaya produktivnost' korov xolmogorskoj porody' s razny'mi genotipami molochnyx belkov [The milk productivity of cows of kholmogory breed with different genotypes of milk protein] / I.E. Bagal', Ya.A. Xabibraxmanova, L.A. Kalashnikova et al. // Journal of Dairy and Beef Cattle Farming. — 2015. — № 7. — P. 6–9. [in Russian]

3. Gorelov P.V. Geneticheskaya xarakteristika novyx tipov skota buroj shviczkoj i sychevskoj porod Smolenskoj oblasti po mikrosatellitam [Genetic characteristics of new types of cattle of the brown swiss and sychevsky breeds of the smolensk region by microsatellites] dis....of PhD in : 03.032.07 и 06.02.07 : defense of the thesis 2026-02-19 : approved 2026-02-19 / П.В. Горелов. — Dubrovicy': 2026. — 153 p. [in Russian]

4. Gorelov P.V. Sravnitel'nyj analiz grupp krovi i mikrosatellitov v xarakteristike novyx tipov skota buroj shviczkoj i sychyovskoj porod [The comparative analysis of blood groups and microsatellites in characteristics of new cattle types of brown swiss and sychevskaja breeds] / P.V. Gorelov, D.N. Kol'czov, N.A. Zinov'eva et al. // Agricultural biology. — 2011. — № 6. — P. 37–40. [in Russian]

5. Dmitrieva V.I. Geneticheskie markery' grupp krovi pri ocenke molochnoj produktivnosti korov semejstv sychyovskoj porody' [Genetic markers of blood groups in the evaluation of dairy productivity of cows of the sychev breed] / V.I. Dmitrieva, D.N. Kol'czov // Zootechnia. — 2023. — № 8. — P. 2–7. [in Russian]

6. Docev A.V. Ocenka sovremennogo sostoyaniya genofonda xolmogorskoj i cherno-pestroj porod krupnogo rogatogo skota na osnove polnogenomnogo SNP-analiza [Evaluation of current gene pool of kholmogor and black-and-white cattle breeds based on whole genome snp analysis] / A.V. Docev, A.A. Sermyagin, A.V. Shaxin et al. // Vavilov journal of genetics and breeding. — 2018. — № 6. — P. 742–747. [in Russian]

7. Chernov V.V. Ezhegodnik po plemennoj rabote v molochnom skotovodstve v xozyajstvax Rossijskoj Federacii (2024) [Annual Report on Breeding Work in Dairy Farming in the Russian Federation (2024)] / V.V. Chernov, I.M. Dunin, S.E. Tyapugin et al. — Lesny'e Polyany': FGBNU VNIplem, 2025. — 274 p. [in Russian]

8. Zinov'eva N.A. Geneticheskie resursy' zhivotnyx: razvitie issledovanij allelofonda rossijskix porod krupnogo rogatogo skota — miniobzor [Animal genetic resources: developing the research of allele pool of Russian cattle breeds — minireview] / N.A. Zinov'eva, A.A. Sermyagin, A.V. Docev et al. // Agricultural Biology. — 2019. — № 4. — P. 631–641. [in Russian]

9. Zinov'eva N.A. Izuchenie geneticheskogo raznoobraziya i populyacionnoj struktury' rossijskix porod krupnogo rogatogo skota s ispol'zovaniem polnogenomnogo analiza SNP [Study of genetic diversity and population structure of five Russian cattle breeds using whole genome snp analysis] / N.A. Zinov'eva, A.V. Docev, A.A. Sermyagin et al. // Agricultural Biology. — 2016. — № 6. — P. 788–800. [in Russian]

10. Kalashnikova L.A. Molochnaya produktivnost' korov chyorno-pyostroj porody' s razlichny'mi genami kappa-kazeina [Milk production of Black-and-White cows with different kappa-casein genes] / L.A. Kalashnikova, E.A. Denisenko, A.Sh. Tinaev // Dairy industry. — 2009. — № 4. — P. 52–53. [in Russian]



11. Kalashnikova L.A. Molochnaya produktivnost' korov krasno pestroj porodny' s razny'mi genotipami beta-kazeina [Milk productivity of red-and-white cows with different beta-casein genotypes] / L.A. Kalashnikova, Ya.A. Xabibraxmanova, A.I. Golubkov et al. // Journal of dairy and beef cattle breeding. — 2022. — № 2. — P. 21–24. [in Russian]
12. Kalashnikova L.A. Polimorfizm gena beta-kazeina u xolmogorskix korov [Polymorphism of the beta-casein gene in Kholmogorskaya breed cows] / L.A. Kalashnikova, Ya.A. Xabibraxmanova, N.V. Ry'zhova et al. // Zootechnia. — 2019. — № 5. — P. 8. [in Russian]
13. Kol'czov D.N. Xarakteristika allelofonda sychevskoj porodny' krupnogo rogatogo skota po DNK mikrosatellitam [Characteristic of allele pool of sychevskaja cattle breed population using microsatellites] / D.N. Kol'czov, V.V. Volkova, E.A. Glady'r' et al. // Achievements of science and technology in agro-industrial complex. — 2012. — № 8. — P. 56–57. [in Russian]
14. Mishina A.I. Issledovanie genomnogo inbridinga u korov yaroslavskoj porodny' [Genomic inbreeding of cows of the Yaroslavskaya breed] / A.I. Mishina, A.S. Abdel'manova // Achievements of science and technology in agro-industrial complex. — 2021. — № 8. — P. 30–34. [in Russian]
15. Mishina A.I. Xarakteristika bikov-proizvoditelei Yaroslavskoi porodi na osnove polnogenomnogo SNP-genotipirovaniya [Characteristics of bulls of Yaroslavl breed based on genome-wide SNP genotyping] / A.I. Mishina, A.V. Dotsev, A.S. Abdelmanova et al. // Collection of materials from the Scientific and Practical Conference with international participation "Genetics, Animal Breeding, and Biotechnology: Towards Perfection", Pushkin, October 13–15, 2020. — Pushkin: All-Russian Scientific Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals, 2020. — P. 202–203. [in Russian]
16. Nedashkovskij I.S. Sravnitel'ny'j populyacionno-geneticheskij analiz genofondnoj krasnoj gorbatovskoj porodny' na osnove SNP-markerov [Comparative population-genetic analysis of the gene pool of the Red Gorbatov breed based on SNP markers] / I.S. Nedashkovskij, A.A. Sermyagin, E.N. Nary'shkina et al. // Agrarian science. — 2025. — № 399 (10). — P. 133–141. [in Russian]
17. Ukaz Prezidenta RF ot 21 yanvarya 2020 goda № 20 «Ob utverzhdenii Doktriny' prodovol'stvennoj bezopasnosti Rossijskoj Federacii» [Presidential Decree No. 20 dated January 21, 2020, "On Approval of the Food Security Doctrine of the Russian Federation"] // Garant. ru Information and Legal Portal. — 2020. — URL: <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/73338425>. (accessed: 14.10.25) [in Russian]
18. Pogorel'skij I.A. Polimorfizm genov beta-laktoglobulina, gormona rosta i prolaktina i vliyanie ix genotipov na molochnuyu produktivnost' korov [The polymorphism of β -lactoglobulin, growth hormone and prolactin genes and the effect on milk productivity of black and white cows] / I.A. Pogorel'skij, G.N. Serdyuk, M.V. Pozovnikova // Journal of dairy and beef cattle breeding. — 2014. — № 6. — P. 9–13. [in Russian]
19. Pozovnikova M.V. Geneticheskaya struktura korov molochny'x porod po DNK-markeram i vliyanie ix genotipov na molochnuyu produktivnost' [Genetic structure of milk cows in relation to dna-markers and influence of their genotypes on lactation performance] / M.V. Pozovnikova, O.V. Tulinova, G.N. Serdyuk et al. // Journal of dairy and beef cattle breeding. — 2016. — № 2. — P. 8–12. [in Russian]
20. Rusanova S.A. Izmenenie genealogicheskoy struktury' buroj shviczkoj porodny' v processe selekcii [Changes in the genealogical structure of the brown swiss cattle during breeding] / S.A. Rusanova, M.E. Gontov, D.N. Kol'czov // Agrarian scientific journal. — 2020. — № 12. — P. 68–71. [in Russian]
21. Sermyagin A.A. Polnogenomny'j analiz asociacij s produktivny'mi i reproduktivny'mi priznakami u molochnogo skota v rossijskoj populyacii golstinskoj porodny' [Genome-wide association study for milk production and reproduction traits in russian holstein cattle population] / A.A. Sermyagin, E.A. Glady'r', S.N. Xaritonov et al. // Agricultural Biology. — 2016. — № 2. — P. 182–193. [in Russian]
22. Stolpovskij Yu.A. Genofondi otechestvennix porod – natsionalnoe bogatstvo Rossii [The gene pools of domestic breeds are Russia's national wealth] / Yu.A. Stolpovskij, I.A. Zakharov. — Moscow, 2007. — 49 p. [in Russian]
23. Stolpovskij Yu.A. Geneticheskie i selekcionny'e aspekty' istorii razvitiya skotovodstva na territorii Rossii [Genetic and breeding aspects of the history of cattle breeding in Russia] / Yu.A. Stolpovskij, E.R. Gosteva, E.V. Solodneva. — Moscow: Akvarel', 2022. — 87 p. [in Russian]
24. Stolpovskij Yu.A. Novaya sistema genotipirovaniya krupnogo rogatogo skota (Bos Taurus) [New Cattle Genotyping System Based on DNA Microarray Technology] / Yu.A. Stolpovskij, S.B. Kuznetsov, Ye.V. Solodneva et al. // Collection of Scientific Papers of the Krasnodar Research Center for Animal Husbandry and Veterinary Medicine. — Krasnodar: Krasnodar Scientific Center for Animal Science and Veterinary Medicine, 2023. — Iss. 1. — P. 28–31. [in Russian]
25. Stolpovskij Yu.A. Genomnaya selekciya. I. Poslednie tendencii i vozmozhny'e puti razvitiya [Genomic Selection. I. Latest Trends and Future Trajectories] / Yu.A. Stolpovskij, A.K. Piskunov, G.R. Svishheva // Genetics. — 2020. — № 9. — P. 1006–1017. [in Russian]
26. Stolpovskij Yu.A. Sostoyanie «kul'turnogo» bioraznoobraziya (sel'skoxozyajstvenny'e zhivotny'e) [State of "cultural" biodiversity (farm animals)] / Yu.A. Stolpovskij, G.E. Sulimova // Russian journal of veterinary pathology. — 2007. — № 1. — P. 30–32. [in Russian]
27. Strekozov N.I. Geneticheskaya xarakteristika sozdanny'x tipov skota buroj shviczkoj i sy'chyovskix porod s ispol'zovaniem polimorfizma mikrosatellitny'x lokusov [Genetic characterization of new cattle types of brown swiss and sychevskaja breeds using polymorphism of microsatellites] / N.I. Strekozov, N.A. Zinov'eva, P.V. Gorelov et al. // Agricultural biology. — 2009. — № 2. — P. 10–15. [in Russian]
28. Sulimova G.E. Unikal'nost' kostromskoj porodny' krupnogo rogatogo skota s pozicii molekulyarnoj genetiki [Uniqueness of kostroma breed of cattle from a position of molecular genetics] / G.E. Sulimova, I.V. Lazebnaya // Achievements of science and technology in agro-industrial complex. — 2011. — № 9. — P. 52–54. [in Russian]



29. Xlestkina E.K. Molekulyarny'e markery' v geneticheskix issledovaniyax i v selekcii [Molecular markers in genetic studies and breeding] / E.K. Xlestkina // Vavilov journal of genetics and breeding. — 2013. — № 4-2. — P. 1044–1054. [in Russian]
30. Chen N. Global genetic diversity, introgression, and evolutionary adaptation of indicine cattle revealed by whole genome sequencing / N. Chen, X. Xia, Q. Hanif et al. // Nature Communications. — 2023. — № 14. — P. 7803.
31. Khoroshilova T.S. Polymorphism of the *csn3* gene in simmental herds and its variability during holsteinization / T.S. Khoroshilova, G.M. Goncharenko, N.B. Grishina et al. // Ecology, environment and conservation. — 2020. — № 4. — P. 1702–1706.
32. Putra W.P.B. Genetic characterization in four Indonesian cattle breeds inferred from illumina parentage SNP markers / W.P.B. Putra, H. Hartati, M. Mariyono et al. // Iraqi Journal of Agricultural Sciences. — 2024. — № 55. — P. 284–292.
33. Sermyagin A.A. Whole-genome SNP analysis elucidates the genetic structure of Russian cattle and its relationship with Eurasian taurine breeds / A.A. Sermyagin, A.V. Dotsev, E.A. Gladyr et al. // Genetics, Selection, Evolution. — 2018. — № 50. — P. 37.
34. Weldenegodguad M. Whole-Genome Sequencing of Three Native Cattle Breeds Originating From the Northernmost Cattle Farming Regions / M. Weldenegodguad, R.G. Popov, K. Pokharel et al. // Frontiers in Genetics. — 2019. — № 9.
35. Zhang Sh. Assessing genomic diversity and signatures of selection in Pinan cattle using whole-genome sequencing data / Sh. Zhang, Zh. Yao, X. Li et al. // BMC Genomics. — 2022. — № 23. — P. 460.