

doi 10.18699/vjgb-25-13

## Генетическая характеристика лошадей местных пород по локусам микросателлитов ДНК

Н.В. Блохина  , Л.А. Храброва 

Всероссийский научно-исследовательский институт коневодства, пос. Дивово, Рыбновский район, Рязанская область, Россия

 nbloh16@yandex.ru

**Аннотация.** Россия обладает значительным породным разнообразием конских пород с уникальными генофондами, которые хорошо адаптированы к самым разнообразным суровым природно-климатическим условиям, характеризуются универсальной работоспособностью, высокими продуктивными качествами и представляют существенный интерес для мирового коневодства. Генетические исследования популяционного разнообразия в коневодстве являются весьма актуальными, так как многие отечественные породы лошадей находятся под угрозой исчезновения. Для исследований были отобраны биоматериалы (волосы, кровь, сперма) от лошадей 15 местных пород, разводимых в России и сопредельных странах. Выборка включала 2193 лошади алтайской ( $n = 48$ ), башкирской ( $n = 130$ ), бурятской ( $n = 30$ ), вятской ( $n = 220$ ), забайкальской ( $n = 34$ ), кыргызской ( $n = 100$ ), мезенской ( $n = 148$ ), мугалжарской ( $n = 109$ ), новоалтайской ( $n = 514$ ), печорской ( $n = 31$ ), шетлендских пони ( $n = 47$ ), приобской ( $n = 85$ ), тувинской ( $n = 600$ ), хакасской ( $n = 47$ ) и якутской ( $n = 50$ ) пород. При проведении генетико-популяционного анализа использовали следующие показатели: общее количество вариантов аллелей ( $N_a$ ) в 17 микросателлитных локусах, уровень полиморфности ( $A_e$ ), среднее число аллелей на локус ( $N_v$ ), наблюдаемая ( $H_o$ ) и ожидаемая ( $H_e$ ) гетерозиготность, коэффициенты генетического сходства и генетических дистанций, коэффициент внутривидового инбридинга ( $F_{is}$ ). Современные местные породы лошадей даже при сравнительно небольшой численности имеют высокий уровень биоразнообразия и своеобразную генетическую структуру, часто с наличием частных аллелей, которая сохраняется несмотря на периодическое скрещивание с заводскими породами разной специализации. Установлено, что лошади местных пород обладают рядом уникальных аллелей, включая *ASB2T*, *HMS7S*, *HMS6J*, *HMS6H*, *HMS2T*, *HMS1O*, *HTG7L*, *HTG6L*, *HTG6H*, *VHL20S*, *ASB17Z*, *ASB17X*, *ASB17U*, *LEX3S*, *LEX3R* и *CA425E*, которые не выявлены у представителей заводских пород в изученных европейских популяциях. Для большинства изученных пород было характерно отрицательное значение  $F_{is}$  и отсутствие внутривидового инбридинга. Коэффициенты генетического сходства местных пород менялись в сравнительно широком диапазоне (0.828–0.973) и свидетельствовали об уникальности генофондов большинства местных конских пород в России, а также подтверждали общность происхождения кыргызской лошади с популяциями лошадей Южной Сибири.

**Ключевые слова:** *Equus caballus*; генетическое разнообразие; микросателлиты ДНК; местные породы; лошадь.

**Для цитирования:** Блохина Н.В., Храброва Л.А. Генетическая характеристика лошадей местных пород по локусам микросателлитов ДНК. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2025;29(1):113-121. doi 10.18699/vjgb-25-13

**Финансирование.** Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования Российской Федерации, грант № 075-15-2021-1037 (внутренний № 15.БПК.21.0001).

**Благодарности.** Авторы выражают глубокую благодарность и признательность сотрудникам лаборатории генетики и отдела селекции ВНИИ коневодства, а также регистраторам пород и специалистам по коневодству разных хозяйств.

## Genetic characteristics of local horse breeds by microsatellite DNA loci

N.V. Blohina  , L.A. Khrabrova 

All-Russian Research Institute of Horse Breeding, Divovo, Rybnovsky district, Rязан region, Russia

 nbloh16@yandex.ru

**Abstract.** Russia has a significant pedigree diversity of horse breeds with unique gene pools that are well adapted to a wide variety of harsh natural and climatic conditions, are characterized by universal performance and high productive qualities, and are of significant interest to the world horse breeding. Genetic studies of population diversity in horse breeding are very relevant, since many domestic horse breeds are under threat of extinction. Biomaterials (hair, blood, semen) from horses of 15 local breeds bred in the Russian Federation and neighboring countries (CIS) were selected for

the research. The sample included 2,193 horses, including: Altaiskaya ( $n = 48$ ), Bashkirskaya ( $n = 130$ ), Buryatskaya ( $n = 30$ ), Vyatskaya ( $n = 220$ ), Zabaikalskaya ( $n = 34$ ), Kyrgyzskaya ( $n = 100$ ), Mezenskaya ( $n = 148$ ), Mugalzharskaya ( $n = 109$ ), Novoaltaiskaya ( $n = 514$ ), Pechorskaya ( $n = 31$ ), Shetland pony ( $n = 47$ ), Priobskaya ( $n = 85$ ), Tuvinskaya ( $n = 600$ ), Khakas-kaya ( $n = 47$ ) and Yakutskaya ( $n = 50$ ) breeds. The following indicators were used in the genetic and population analysis: the total number of allele variants ( $N_a$ ) in 17 microsatellite loci, the level of polymorphism ( $A_e$ ), the average number of alleles per locus ( $N_v$ ), observed ( $H_o$ ) and expected ( $H_e$ ) heterozygosity, coefficients of genetic similarity and genetic distances, as well as the coefficient of intrapopulation inbreeding ( $F_{is}$ ). Modern local horse breeds, even relatively small in number, have a high level of biodiversity and a peculiar genetic structure, often with the presence of private alleles, which persists despite periodic crossing with stud breeds of different specializations. It was found that horses of local breeds possess a number of unique alleles, including *ASB2T*, *HMS7S*, *HMS6J*, *HMS6H*, *HMS2T*, *HMS1O*, *HTG7L*, *HTG6L*, *HTG6H*, *VHL20S*, *ASB17Z*, *ASB17X*, *ASB17U*, *LEX3S*, *LEX3R* and *CA425E*, which were not detected in representatives of stud breeds in the studied European populations. The majority of the studied breeds were characterized by a negative  $F_{is}$  value and the absence of inbreeding. The coefficients of genetic similarity of local breeds varied in a relatively wide range (0.828–0.973) and testified to the uniqueness of the gene pools of most local horse breeds of the Russian Federation, as well as confirmed the common origin of the Kyrgyzskaya horse with the horse populations of Southern Siberia.

**Key words:** *Equus caballus*; genetic diversity; DNA microsatellites; local breeds; horse.

**For citation:** Blohina N.V., Khrabrova L.A. Genetic characteristics of local horse breeds by microsatellite DNA loci. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov J Genet Breed.* 2025;29(1):113-121. doi 10.18699/vjgb-25-13

## Введение

До начала прошлого века коневодство занимало особое место в экономике и сельскохозяйственном производстве России и многих других государств. Лошадь не только была символом мощи и престижа страны, но и спасала народы в трудные времена истории. Однако в середине XX в. с развитием механизации в сельском хозяйстве, транспорте, армии и индустрии подход к использованию лошадей изменился и численность лошадей резко сократилась, но затем стабилизировалась и даже начала возрастать во многих странах. Сейчас лошади играют важную роль в туризме, спорте, ипподромном бизнесе, а также в производстве продуктов питания (молоко, кумыс, мясо). Наблюдаемая обобщенная тенденция увеличения производства конины (Askarov et al., 2020) объясняется высокими диетическими свойствами мяса лошадей. Конина легко усваивается, практически не содержит аллергических аминокислот и поэтому считается ценным диетическим продуктом (Stanislawczyk et al., 2020).

Мировая практика показывает, что при сокращении затрат на племенную работу продуктивность скота снижается, и в конечном счете разведение животных становится убыточным. Оценка генетического разнообразия внутри отдельных породных популяций и целых пород позволяет создавать и совершенствовать как селекционные планы, так и программы по сохранению генофонда этих пород (Марзанов и др., 2010; Калашникова и др., 2022). В нашей стране местные породы лошадей составляют более 50 % всего конского поголовья. Их разведение обеспечивает занятость населения, производство животноводческой продукции, сохранение культурных традиций и освоение новых территорий.

В настоящее время в реестр селекционных достижений России включены 47 пород лошадей, в том числе 20 местных и созданных на их основе продуктивных пород, которые распространены преимущественно в регионах с суровыми климатическими условиями (рис. 1).

Эволюция местных пород лошадей происходила в основном под воздействием естественного отбора с использованием методов народной селекции, что сформировало

высокую приспособленность животных к условиям окружающей среды. Значительную часть аборигенных пород систематически улучшали скрещиванием с различными заводскими породами с целью получения более крупных особей для сельского хозяйства и увеличения производства конины. В наши дни ценность местных пород возрастает, так как они являются основой отрасли продуктивного коневодства (Askarov et al., 2020). В результате скрещивания лошадей местных пород с заводскими, в основном тяжелоупряжными, удалось добиться увеличения крупности аборигенных лошадей при сохранении их типа и хозяйственно полезных качеств. Однако начиная с конца прошлого века и по настоящее время целенаправленная племенная работа со многими местными породами отсутствует, племенной учет налажен практически только для мезенской, вятской, башкирской и калмыцкой пород.

Бесконтрольное скрещивание ведет к изменению типа и чистых исходных аборигенных форм лошадей большинства местных пород, что в дальнейшем может привести к исчезновению самих пород. Из 40 аборигенных пород лошадей, описанных иппологами на рубеже XIX–XX вв., до наших дней сохранилось лишь 16. При этом сведения о современном состоянии печорской, чумышской, кузнецкой и верхнеенисейской пород, включенных в Госреестр селекционных достижений России, фактически отсутствуют (Белоусова, 2018).

Сведения о количестве протестированных лошадей и численности маток изученных местных пород приведены в табл. 1. Данные свидетельствуют о критически низкой численности поголовья в вятской, мезенской, печорской и приобской породах, которые остро нуждаются в мерах по сохранению. Это указывает на необходимость создания комплексной программы по сохранению малочисленных конских пород, являющихся национальным достижением России, которая будет включать генетические исследования по изучению и оценке уникального отечественного генофонда.

При контроле происхождения животных, изучении филогенетических связей и микроэволюции пород, для совершенствования генотипической оценки животных



Рис. 1. Распространение лошадей местных пород на территории Российской Федерации.

Таблица 1. Общая численность поголовья  
и число взятых образцов от лошадей местных пород

Порода	Число взятых образцов	Общая численность маток
Алтайская	48	500*
Башкирская	130	2400*
Бурятская	30	1000*
Вятская	220	230*
Забайкальская	34	1500*
Кыргызская	100	64500
Мезенская	148	171*
Мугалжарская	109	5200
Новоалтайская	514	3245
Печорская	31	100*
Шетлендские пони	47	396
Приобская	85	200*
Тувинская	600	1200*
Хакасская	47	5500*
Якутская	50	51800*

\* Данные Н.Ф. Белоусова (2018).

на индивидуальном и популяционном уровнях, а также в геномных исследованиях широко используются ДНК-технологии (Марзанов и др., 2010; Roh et al., 2020; Nwachukwu et al., 2022; Pozharskiy et al., 2023).

Микросателлиты – наиболее популярные маркеры в исследованиях генетических характеристик сельскохозяйственных

животных (Эрнст, Зиновьева, 2008; Глазко и др., 2023), они просты в применении и высокоинформативны. Микросателлиты интересны тем, что они подвержены более высокому уровню мутирования по сравнению с остальной частью генома (Глазко и др., 2023). Исследования генетической структуры лошадей разной специализации с использованием ДНК-маркеров (Калашников и др., 2011; Блохина и др., 2018; Гавриличева, 2019; Khaudov et al., 2019) показали высокий уровень аллельной вариабельности в изучаемых популяциях и подтвердили наличие генетической специфики аллелофонда большинства пород лошадей, часто имеющих ограниченный ареал разведения (Вдовина, Юрьева, 2021; Храброва и др., 2022). Микросателлиты являются эффективным средством для изучения особенностей генофонда, генетического полиморфизма, филогенеза, получения данных о пороодообразовании и эволюции животных (R2D2 Consortium et al., 2021).

Цель нашей работы – изучение аллелофонда и генетического разнообразия STR локусов в геномах лошадей 15 аборигенных пород, разводимых на территории России и сопредельных стран, и исследование филогенетических связей между ними.

### Материалы и методы

Материалы для проведения данных исследований были отобраны у представителей местных пород, обитающих на территории РФ. Выборка включала 2193 лошади 15 местных пород: хакасской ( $n = 47$ ), якутской ( $n = 50$ ), бурятской ( $n = 30$ ), башкирской ( $n = 130$ ), забайкальской ( $n = 34$ ), вятской ( $n = 220$ ), кыргызской ( $n = 100$ ), мезенской ( $n = 148$ ), приобской ( $n = 85$ ), печорской ( $n = 31$ ), новоалтайской ( $n = 514$ ), мугалжарской ( $n = 109$ ), тувинской ( $n = 600$ ), шетлендских пони ( $n = 47$ ) и алтайской ( $n = 48$ ).



Исследования проводились в сертифицированной лаборатории генетики ВНИИ коневодства по 17 STR локусам ДНК: *HMS2*, *HMS3*, *HMS1*, *AHT4*, *VHL20*, *AHT5*, *HTG7*, *HTG6*, *HTG4*, *HTG10*, *HMS7*, *HMS6*, *ASB23*, *ASB2*, *ASB17*, *LEX3* и *CA425*, с использованием стандартизированных методик и рекомендованных ISAG.

Выделение ДНК из биоматериалов (волос, крови, спермы и др.) проводили с использованием реагентов COrDIS SPRINT (Россия). Для амплификации полученной ДНК использовали 17-плексный набор праймеров COrDIS Horse (Россия) для генотипирования лошадей. Разделение и детекцию продуктов амплификации осуществляли методом капиллярного электрофореза на автоматическом 4-капиллярном генетическом анализаторе НАНАФОР 05 (Россия). После регистрации данных электрофореза размеры амплифицированных фрагментов ДНК рассчитывали с помощью программы GeneMapper™ V.4.0. Результаты трактовали на основе профиля контрольной ДНК от известного генотипа и данных международных сравнительных испытаний (Horse Comparison Tests), проведенных ISAG в 2008–2020 гг. Для обозначения аллелей использовали международный алфавитный код. Анализ генетико-популяционных параметров пород и графическую визуализацию проводили в программе R Studio 1.3.1093 с использованием пакетов *diveRsity* и *POPHELPER* (Francis, 2017). Значения гетерозиготности, ожидаемые (*Ho*) и наблюдаемые (*He*), рассчитывали при помощи программных пакетов *PLINK 1.9* (Chang et al., 2015). В рас-

четах использовали MS Excel 2010, Statistics 12 (<https://statsoft-statistica.ru/>) и GenAlEx (ver.6.5.1) (<https://biology-assets.anu.edu.au/GenAlEx/Download.html>). Построение филогенетического дерева по алгоритму «сети соседей» (Neighbor-Net) проводили в программе SplitsTree4 4.14.5 ([https://www.advanceduninstaller.com/SplitsTree4-4\\_14\\_5-72c0418345e4a971ba5b353bfae970d6-application.htm](https://www.advanceduninstaller.com/SplitsTree4-4_14_5-72c0418345e4a971ba5b353bfae970d6-application.htm)).

При характеристике пород рассчитывали следующие показатели: общее число аллелей в 17 STR локусах (*Na*), среднее число аллелей на локус (*Nv*), уровень полиморфности (*Ae*), наблюдаемую (*Ho*) и ожидаемую (*He*) гетерозиготность, коэффициент внутрипопуляционного инбридинга (*Fis*), генетическое родство и генетические дистанции.

## Результаты

При генотипировании 2193 лошадей 15 местных пород по 17 STR локусам был обнаружен 521 аллель с большими колебаниями по числу аллелей в локусах. Наименьшее число аллелей найдено для локуса *HTG6* печорской породы (3). Наибольшее число аллелей – для локуса *ASB17* тувинской породы (21).

Сравнительный анализ обобщающих показателей демонстрирует наиболее богатый спектр аллелей у лошадей тувинской (170), новоалтайской (158) и мугалжарской (154) пород. У лошадей бурятской породы было минимальное число аллелей – 117 (табл. 2).

Лидерство по уровню полиморфности продемонстрировала тувинская порода (*Ae* = 5.186). Близкие показате-

**Таблица 2.** Характеристика лошадей аборигенных пород (*n* = 2193) по 17 STR маркерам ДНК

Порода	<i>n</i>	<i>Na</i>	<i>Nv</i>	<i>Ae</i>	<i>Ho</i>	<i>He</i>	<i>Fis</i>	<i>HWE</i>
Алтайская	48	134	7.880	4.761	0.784±0.025	0.759±0.024	-0.038	***
Башкирская	130	153	9.001	4.837	0.778±0.023	0.774±0.018	-0.005	ns
Бурятская	30	117	6.883	4.420	0.740±0.025	0.750±0.017	0.012	***
Вятская	220	129	7.588	4.101	0.738±0.028	0.723±0.027	-0.022	ns
Забайкальская	34	129	7.588	4.579	0.747±0.024	0.763±0.020	0.015	**
Кыргызская	100	153	9.000	5.080	0.766±0.020	0.781±0.019	0.016	**
Мезенская	148	132	7.764	4.197	0.736±0.033	0.723±0.032	-0.021	ns
Мугалжарская	109	154	9.060	5.051	0.801±0.022	0.781±0.019	-0.025	ns
Новоалтайская	514	158	9.294	4.923	0.752±0.031	0.757±0.029	0.006	ns
Печорская	31	121	7.117	4.580	0.755±0.035	0.755±0.023	-0.006	**
Шетлендские пони	47	131	7.705	4.337	0.714±0.024	0.748±0.020	0.046	***
Приобская	85	147	8.647	4.661	0.702±0.026	0.752±0.027	0.058	**
Тувинская	600	170	10.000	5.186	0.754±0.025	0.782±0.021	0.028	ns
Хакасская	47	123	7.235	4.299	0.729±0.031	0.745±0.020	0.025	ns
Якутская	50	128	7.529	4.307	0.693±0.032	0.740±0.025	0.055	**
Русская тяжеловозная*	615	138	8.117	3.667	0.674±0.030	0.689±0.030	0.015	ns
Советская тяжеловозная*	286	129	7.587	3.871	0.694±0.043	0.697±0.042	0.004	ns

Примечание. *n* – количество лошадей; *Na* – общее число аллелей в 17 микросателлитных локусах; *Nv* – среднее число аллелей на локус; *Ae* – уровень полиморфности; *Ho* – наблюдаемая гетерозиготность; *He* – ожидаемая гетерозиготность; *Fis* – коэффициент внутрипопуляционного инбридинга. *HWE* – отклонение от равновесия Харди-Вайнберга (ns – не значимо, \*\* – значимо при *p* < 0.001, \*\*\* – значимо при *p* < 0.0001), \* – породы, участвующие в качестве улучшателей местных лошадей.

тели были у киргизской ( $A_e = 5.080$ ) и мугалжарской ( $A_e = 5.051$ ) пород. Наименьший уровень полиморфности зафиксирован у хакасской ( $A_e = 4.299$ ) и якутской ( $A_e = 4.307$ ) пород. Наибольшие показатели фактической гетерозиготности определены у мугалжарской ( $H_o = 0.801$ ), алтайской ( $H_o = 0.784$ ), башкирской ( $H_o = 0.778$ ) и киргизской ( $H_o = 0.766$ ) пород, наименьший – у якутской ( $H_o = 0.693$ ).

Преобладание гетерозиготных генотипов и отсутствие внутрипопуляционного инбридинга наблюдали у алтайской, башкирской, вятской, мезенской и мугалжарской пород. Незначительное смещение генетического баланса в сторону избытка гомозигот по коэффициенту  $F_{is}$  было отмечено у забайкальской, киргизской, новоалтайской, приобской, тувинской, хакасской и якутской пород. В большинстве субпопуляций и пород лошадей мы наблюдали отклонения от равновесия Харди–Вайнберга, значимые при  $p < 0.001$  или  $p < 0.0001$  по всем изученным локусам. У башкирской, вятской, мезенской, мугалжарской, новоалтайской, тувинской, хакасской пород наблюдалось сохранение равновесия Харди–Вайнберга ( $p > 0.05$ ).

Результаты анализа генофонда лошадей аборигенных пород свидетельствуют о том, что каждая из проанализированных групп отличается спектром, частотой встречаемости и набором аллелей. Необходимо отметить, что при проведении сравнительного анализа 17 STR локусов у лошадей местных пород было обнаружено 16 новых аллелей, которые отсутствовали в стандартизированной номенклатуре ISAG (Van de Goor et al., 2010): *HMS7S*, *HMS6J*, *HMS6H*, *HMS2T*, *HMS1O*, *ASB2T*, *HTG7L*, *HTG6L*, *HTG6H*, *ASB17Z*, *ASB17X*, *ASB17U*, *VHL20S*, *LEX3S*, *LEX3R* и *CA425E*.

У лошадей мезенской породы, разводимых в Архангельской области, было обнаружено сразу пять уникальных аллелей: *HMS6J* (0.003), *ASB17Y* (0.019), *ASB17X* (0.010), *LEX3S* (0.039) и *LEX3R* (0.016). Наибольшую частоту в этой северной лесной породе имели аллели *HMS7L* (0.685), *HMS3M* (0.432), *AHT4O* (0.417), *HTG7O* (0.437), *HTG7K* (0.425), *HTG6O* (0.799), *HTG4M* (0.419) и *LEX3M* (0.535).

В генетической структуре башкирских лошадей наблюдается высокая частота встречаемости аллелей *HTG10O* (0.447), *HTG6O* (0.508), *HTG4M* (0.589) и *HMS7L* (0.487) и наличие редко встречающегося аллеля *ASB17U* (0.041), обнаруженного и у лошадей тувинской породы.

Два аллеля оказались уникальными для лошадей вятской породы: *HTG6L* (0.004) и *AHT5P* (0.009), а типичными оказались *HMS7L* (0.470), *HMS2H* (0.457), *HMS1M* (0.468), *AHT5J* (0.427), *HTG7* (0.576), *HTG6O* (0.712) и *HTG4M* (0.689).

Местные породы лошадей Сибири заметно отличались от европейских популяций по всем генетическим параметрам. Высокие значения всех базовых популяционных параметров наблюдались у киргизской и тувинской пород, ранее имевших соприкасающиеся ареалы. У этих пород также были определены высокие частоты встречаемости аллелей *HTG6O* (0.548; 0.530), *HTG4M* (0.632; 0.597), *HMS7L* (0.420; 0.400). У тувинских лошадей редко встречались аллели *HMS6H* (0.001), *HMS3L* (0.004), *VHL20K* (0.002), *ASB23N* (0.001), *ASB17Z* (0.002), *LEX3J* (0.054)

и *LEX3I* (0.024). В киргизской породе были выявлены два уникальных аллеля: *HTG4J* (0.005) и *HTG7Q* (0.009), отсутствующие у других изучаемых пород в рамках исследованных групп.

Аллель *HTG6R* обнаружен только у четырех пород: киргизской (0.005), мугалжарской (0.007), приобской (0.023) и тувинской (0.006). В локусе *VHL20* аллель *S* встречался у мугалжарской (0.046), новоалтайской (0.005) и тувинской (0.002) пород.

В локусе *LEX3*, локализованном в X-хромосоме, у местных лошадей было выявлено 12 аллелей, три из которых (*F*, *L*, *M*) встречались во всех исследуемых породах (рис. 2).

Для представителей тувинской и алтайской пород характерно наличие редкого аллеля *LEX3J* (0.019; 0.056), отсутствующего у других исследуемых в данной работе групп. Только у лошадей местных пород, разводимых в Южной и Западной Сибири, таких как киргизская, новоалтайская, мугалжарская и тувинская, был обнаружен аллель *LEX3G*, который встречался с низкой частотой.

В генотипах лошадей мезенской породы были найдены редкие аллели *LEX3S* (0.045) и *LEX3R* (0.017), отсутствующие у других популяций (см. рис. 2).

Для лошадей местных пород характерно наличие аллелей *I*, *J*, *L*, *M* и *N* в локусе *CA425*. Максимальная частота встречаемости аллеля *CA425M* характерна для тувинской и хакасской популяций. Аллель *CA425N* присутствовал у бурятской (0.511), алтайской (0.463), мугалжарской (0.408) и новоалтайской (0.435) пород. Новый аллель *CA425E* (0.009) обнаружен только у лошадей мугалжарской породы, разводимых в Казахстане. У шетлендских пони, башкирских и хакасских лошадей был определен уникальный аллель *CA425P*, который отсутствовал у других исследованных нами пород.

Показатели уровня полиморфности и степени гетерозиготности у местных пород были высокими при низких значениях  $F_{is}$ , что свидетельствует о генетическом балансе в исследуемых популяциях. Основываясь на полученных результатах, можно отметить, что самые высокие показатели генетического разнообразия были выявлены у лошадей тувинской породы при сравнении с другими анализируемыми в рамках представленного исследования породами. Самый низкий уровень генетического разнообразия наблюдается у лошадей вятской породы.

Коэффициенты генетического родства между местными породами лошадей варьировали в интервале 0.828–0.973 (табл. 3). Самые высокие коэффициенты генетического родства были определены у киргизской породы с тувинской (0.973), башкирской (0.939), алтайской (0.938), забайкальской (0.934) и хакасской (0.926). Самый низкий уровень – с шетлендскими пони. Генетические различия между изученными породами по микросателлитным маркерам подтверждают значения генетических расстояний, которые варьировали в диапазоне 0.027–0.331. Самое близкое генетическое расстояние имеют лошади тувинской и киргизской пород (0.027).

На филогенетическом дереве исследованные породы лошадей формируют три независимых кластера (рис. 3). В первый кластер вошли киргизская и тувинская породы, характеризующиеся общностью происхождения.

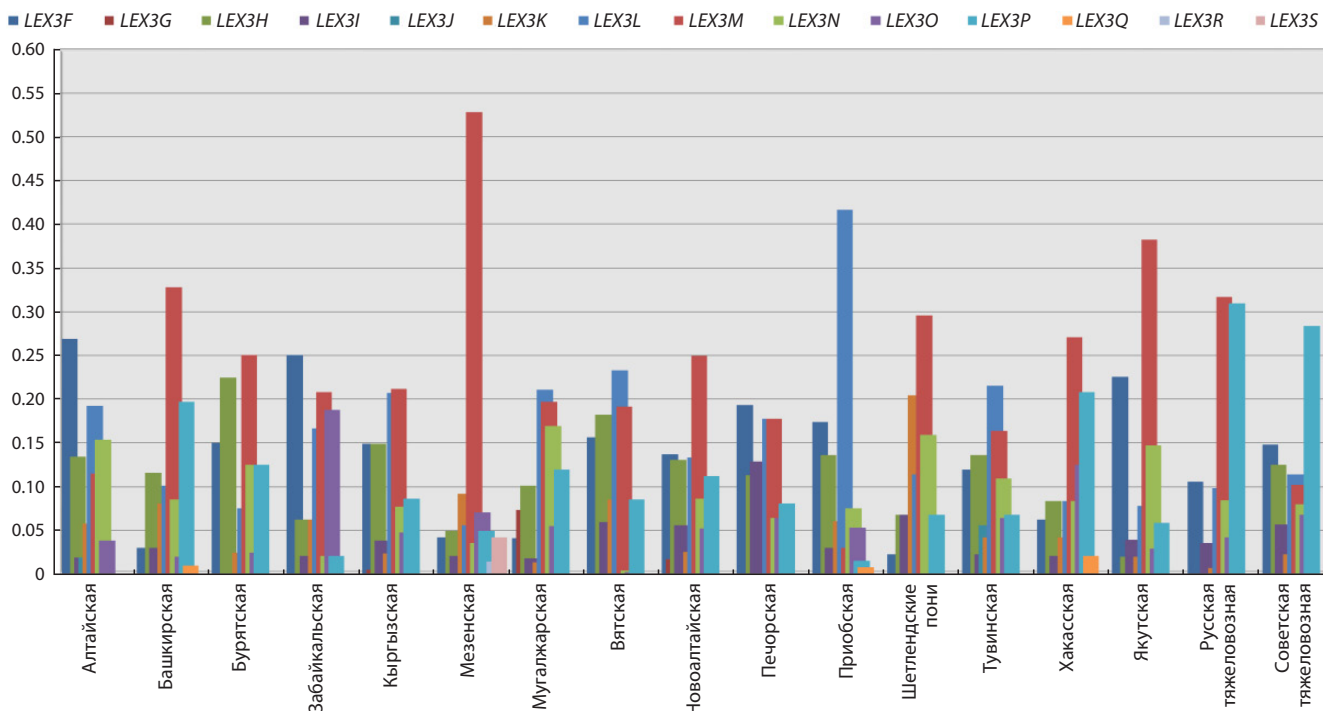
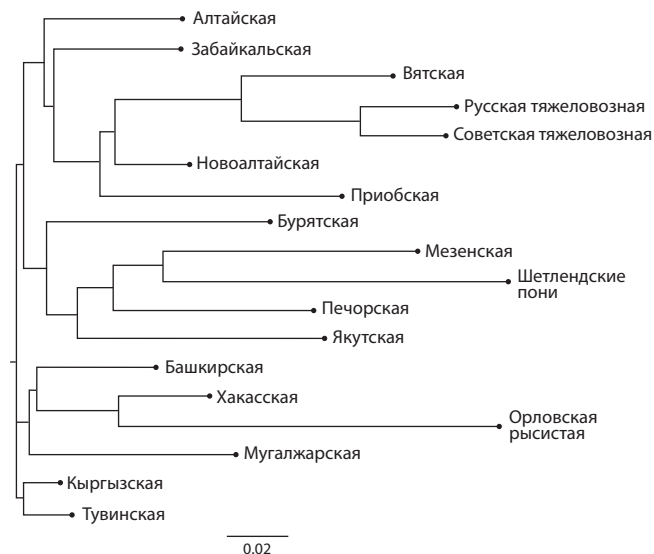


Рис. 2. Гистограмма частот встречаемости аллелей в локусе *LEX3* у лошадей местных пород.

Таблица 3. Коэффициенты генетического родства и генетических расстояний у лошадей местных пород

Генетическое расстояние	Генетическое родство															
	Алтайская	Башкирская	Бурятская	Забайкальская	Кыргызская	Мезенская	Мугалжарская	Вятская	Новоалтайская	Печорская	Приобская	Шетлендские пони	Тувинская	Хакасская	Якутская	Орловская рысистая
Алтайская	x	0.886	0.862	0.911	0.938	0.805	0.878	0.872	0.901	0.866	0.852	0.777	0.924	0.870	0.844	0.829
Башкирская	0.114	x	0.869	0.903	0.939	0.840	0.890	0.817	0.886	0.856	0.841	0.814	0.945	0.915	0.864	0.800
Бурятская	0.138	0.131	x	0.872	0.914	0.836	0.851	0.821	0.883	0.831	0.810	0.779	0.887	0.865	0.833	0.744
Забайкальская	0.089	0.097	0.128	x	0.934	0.816	0.876	0.842	0.899	0.858	0.874	0.789	0.929	0.874	0.865	0.779
Кыргызская	0.062	0.061	0.086	0.066	x	0.850	0.909	0.864	0.916	0.888	0.871	0.828	0.973	0.926	0.871	0.833
Мезенская	0.195	0.160	0.164	0.184	0.150	x	0.760	0.781	0.838	0.831	0.777	0.805	0.856	0.823	0.799	0.701
Мугалжарская	0.122	0.110	0.149	0.124	0.091	0.240	x	0.782	0.885	0.787	0.819	0.768	0.913	0.867	0.855	0.788
Вятская	0.128	0.183	0.179	0.158	0.136	0.219	0.218	x	0.873	0.816	0.829	0.711	0.844	0.822	0.775	0.732
Новоалтайская	0.099	0.114	0.117	0.101	0.084	0.162	0.115	0.127	x	0.879	0.888	0.775	0.911	0.914	0.846	0.820
Печорская	0.134	0.144	0.169	0.142	0.112	0.169	0.213	0.184	0.121	x	0.820	0.811	0.889	0.844	0.833	0.748
Приобская	0.148	0.159	0.190	0.126	0.129	0.223	0.181	0.171	0.112	0.180	x	0.752	0.881	0.829	0.789	0.768
Шетлендские пони	0.223	0.186	0.221	0.211	0.172	0.195	0.232	0.289	0.225	0.189	0.248	x	0.851	0.767	0.806	0.669
Тувинская	0.076	0.055	0.113	0.071	0.027	0.144	0.087	0.156	0.089	0.111	0.119	0.149	x	0.915	0.894	0.818
Хакасская	0.130	0.085	0.135	0.126	0.074	0.177	0.133	0.178	0.086	0.156	0.171	0.233	0.085	x	0.820	0.847
Якутская	0.156	0.136	0.167	0.135	0.129	0.201	0.145	0.225	0.154	0.167	0.211	0.194	0.106	0.180	x	0.701
Орловская рысистая	0.171	0.200	0.256	0.221	0.167	0.299	0.212	0.268	0.180	0.252	0.232	0.331	0.182	0.153	0.299	x



**Рис. 3.** Дендрограмма генетических расстояний между аборигенными породами лошадей, построенная по методу Neighbor-Net.

Этносы активно кочевали на лошадях по всей Восточной, Западной и Центральной Сибири, что явилось причиной генетического родства популяций.

Второй кластер образуют лошади башкирской, хакасской, мугалжарской и орловской рысистой пород. На первый взгляд, включение орловского рысака в группу местных степных пород несколько неожиданно, но, скорее всего, оно обусловлено периодическим использованием этой рысистой породы для улучшения хозяйственно полезных качеств лошадей местных популяций. В этом субкластере несколько выделяется ветвь географически обособленной мугалжарской породы, обладающей рядом уникальных аллелей.

Самый обширный третий кластер включает большинство исследуемых аборигенных пород лошадей лесной и лесостепной зоны, а также породы отечественных тяжелоупряжных лошадей, которые использовались ранее для улучшения местного поголовья. Дендрограмма генетических дистанций наглядно отражает заметное влияние жеребцов русской тяжелоупряжной породы на формирование вятской лошади на протяжении последних десятилетий ее развития.

На основании полученных результатов можно сделать вывод, что на формирование генетических профилей аборигенных пород, их уровней полиморфности, различий в структуре локусов, генетико-популяционных характеристик и общности оказывают влияние две группы значимых разновекторных факторов: природно-географическая изоляция животных и происхождение от общих предков. Проведенный нами молекулярно-генетический анализ 15 аборигенных пород показал, что все группы животных характеризуются высоким генетическим разнообразием.

## Обсуждение

Россия обладает уникальными генетическими ресурсами коневодства, изучение биологических особенностей ко-

торых является основой для программ по их сохранению и совершенствованию.

Практически у всех изученных аборигенных пород были определены высокие значения показателей уровня полиморфности STR маркеров ( $A_e = 4.101-5.186$ ). Полученные данные указывают на сложную и разнообразную систему скрещивания и пороодообразования в изучаемых группах, а также на наличие генетического разнообразия, связанного с адаптационными качествами лошадей и их способностью приспосабливаться к экстремальным условиям окружающей среды в эволюционном контексте.

В дополнение к стандартизированной номенклатуре (Van de Goor et al., 2010) у лошадей местных пород были обнаружены 16 новых аллелей, которые могли остаться в очагах одомашнивания древних лошадей на территории, а также появиться в результате геномных мутаций или интродукции генов от лошадей кочевников из разных регионов Азии. Ученые из Китая (Ling et al., 2011) подтвердили этот факт собственными исследованиями местных китайских лошадей, у которых был определен широкий спектр аллелей микросателлитных маркеров восточного происхождения.

Проведенный анализ позволил установить значительные различия по основным генетическим параметрам ( $A_e$ ,  $N_v$ ,  $H_o$ ,  $H_e$ ,  $F_{is}$ ). Помимо высокой степени генетической вариативности, характерной особенностью местных пород оказалось наличие ряда уникальных для отечественных пород аллелей: *ASB2T*, *HMS7S*, *HMS6J*, *HMS6H*, *HMS2T*, *HMS1O*, *HTG7L*, *HTG6L*, *HTG6H*, *VHL20S*, *ASB17Z*, *ASB17X*, *ASB17U*, *LEX3S*, *LEX3R* и *CA425E*, которые не встречались у лошадей заводских пород и в изученных европейских популяциях (Seo et al., 2016; Vaena et al., 2020).

Лошади аборигенных пород обладают уникальными аллелями: тувинская – *HTG6L*, *VHL20S*, *HMS6H*, *ASB17X*, *ASB17U*, *ASB17Z*; башкирская – *ASB17U*; алтайская – *HMS2T*; бурятская – *HTG6L*, *HTG6H*; вятская – *AHT5P*, *HTG6L*; мезенская – *ASB17Y*, *ASB17X*, *HMS6J*, *LEX3R*, *LEX3S*. Современные аборигенные породы лошадей, даже при общности происхождения от монгольских корней (Yun et al., 2022), имеют свою характерную генетическую структуру с наличием приватных аллелей, несмотря на периодическое скрещивание с заводскими породами верхового, рысистого и тяжелоупряжного направлений.

Полученные нами результаты подтверждают данные зарубежных ученых (Lippold et al., 2011; Librado et al., 2021) о том, что ареал одомашнивания лошади занимал значительную часть территории современной России, которая благодаря своему географическому положению была историческим перекрестком маршрутов многих кочевых народов Евразии, что способствовало интенсивному процессу формирования лошадей новых пород.

## Заключение

Проведенные исследования показали, что отечественные породы лошадей обладают самобытной генетической структурой, уникальным аллелофондом и характеризуются высоким уровнем генетического разнообразия. У лошадей аборигенных пород выявлены приватные ал-



лели, которые необходимо учитывать при контроле происхождения и оценке популяционного разнообразия, а также при проведении генетического мониторинга и планировании программ по сохранению и разведению лошадей местных пород.

Согласно результатам построенного филогенетического дерева, местные породы лошадей, разводимые на территориях соседствующих регионов, имеют наибольшую степень генетического сходства. Кластерный анализ объединил породы лошадей в три группы в соответствии с генетической структурой, определенной по локусам микросателлитов ДНК, которые подтвердили свою пригодность использования в качестве маркеров филогенетического родства популяций. Полученные коэффициенты генетического сходства достаточно адекватно отражают родственные связи между местными породами лошадей в соответствии с историей их формирования.

Изучение особенностей генетической структуры и филогенетических связей отечественных аборигенных пород лошадей по 17 STR маркерам представляет несомненный интерес с теоретической и практической точек зрения. Генетические методы селекции позволяют не только оценивать степень генетического разнообразия пород, но и контролировать уровень внутривидового инбридинга и на основании этого формировать стратегию селекционных программ.

## Список литературы / References

- Белоусова Н.Ф. Местные (аборигенные) породы лошадей России. Дивово: ВНИИ коневодства, 2018  
[Belousova N.F. Local (aboriginal) Horse Breeds in Russia. Divovo: Publishing House of the All-Russia Research Institute of Horse Breeding, 2018 (in Russian)]
- Блохина Н.В., Храброва Л.А., Зайцев А.М., Гавриличева И.С. Оценка генетического разнообразия микросателлитных локусов у лошадей тяжелоупряжных пород. *Генетика и разведение животных*. 2018;2:39-44. doi 10.31043/2410-2733-2018-2-39-44  
[Blohina N.V., Khrabrova L.A., Zaitsev A.M., Gavrilicheva I.S. Assessment of the genetic diversity of microsatellite loci in horses of heavydraft breeds. *Genetika i Razvedenie Zhivotnykh = Animal Genetics and Breeding*. 2018;2:39-44. doi 10.31043/2410-2733-2018-2-39-44 (in Russian)]
- Вдовина Н.В., Юрьева И.Б. Мониторинг генетической структуры мезенской породы лошадей по микросателлитам ДНК. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2021;25(2):202-207. doi 10.18699/VJ21.024  
[Vdovina N.V., Yuryeva I.B. Monitoring for the genetic structure of Mezen breed of horses in terms of DNA microsatellites. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov J Genet Breed*. 2021;25(2): 202-207. doi 10.18699/VJ21.024]
- Гавриличева И.С. Генетико-популяционная характеристика русской рысистой породы лошадей по локусам микросателлитов ДНК. *АгроЗооТехника*. 2019;2(3):2. doi 10.15838/alt.2019.2.3.2  
[Gavrilicheva I.S. Genetic and population characteristics of Russian trotting horse breed by DNA microsatellite loci. *AgroZooTekhnik = Agricultural and Livestock Technology*. 2019;2(3):2. doi 10.15838/alt.2019.2.3.2 (in Russian)]
- Глазко В.И., Косовский Г.Ю., Глазко Т.Т., Федорова Л.М. ДНК маркеры и «микросателлитный код» (обзор). *Сельскохозяйственная биология*. 2023;58(2):223-248. doi 10.15389/agrobio.2023.2.223rus  
[Glazko V.I., Kosovsky G.Yu., Glazko T.T., Fedorova L.M. DNA markers and "microsatellite code" (review). *Sel'skokhozyaystvennaya Biologiya = Agric Biol*. 2023;58(2):223-248. doi 10.15389/agrobio.2023.2.223eng]
- Калашников В.В., Храброва Л.А., Зайцев А.М., Зайцева М.А., Калинин Л.В. Полиморфизм микросателлитной ДНК у лошадей заводских и локальных пород. *Сельскохозяйственная биология*. 2011;46(2):41-45  
[Kalashnikov V.V., Khrabrova L.A., Zaitsev A.M., Zaitseva M.A., Kalinkova L.V. Polymorphism of microsatellite DNA in horses of stud and local breeds. *Sel'skokhozyaystvennaya Biologiya = Agric Biol*. 2011;46(2):41-45 (in Russian)]
- Калашникова Л.А., Новиков А.А., Семак М.С. Развитие генетической экспертизы племенной продукции в животноводстве. *Зоотехния*. 2022;11:25-28. doi 10.25708/ZT.2022.19.42.008  
[Kalashnikova L.A., Novikov A.A., Semak M.S. Development of the genetic testing of breeding products in animal husbandry. *Zootekhnika = Zootechniya*. 2022;11:25-28. doi 10.25708/ZT.2022.19.42.008 (in Russian)]
- Марзанов Н.С., Насибов М.Г., Марзанова Л.К., Озеров М.Ю., Кантанен Ю., Лобков В.Ю. Генетические маркеры в теории и практике разведения овец. М.: Пионер, 2010  
[Marzanov N.S., Nasibov M.G., Marzanova L.K., Ozerov M.Yu., Kantanen Yu., Lobkov V.Yu. Genetic Markers in the Theory and Practice of Sheep Breeding. Moscow: Pioneer Publ., 2010 (in Russian)]
- Храброва Л.А., Блохина Н.В., Белоусова Н.Ф., Котран Е.Г. Оценка генеалогической структуры вятской породы лошадей (*Equus ferus caballus*) с использованием анализа ДНК. *Генетика*. 2022;58(4):457-462. doi 10.31857/S0016675822040063  
[Khrabrova L.A., Blohina N.V., Belousova N.F., Kotran E.G. Estimation of the genealogical structure of Vyatka horse breed (*Equus ferus caballus*) using DNA analysis. *Russ J Genet*. 2022;58(4):462-466. doi 10.1134/S1022795422040068]
- Эрнст Л.К., Зиновьева Н.А. Биологические проблемы животноводства в XXI веке. М.: ПАСХН, 2008  
[Ernst L.K., Zinovieva N.A. Biological Issues of Animal Husbandry in the XXI Century. Moscow, 2008 (in Russian)]
- Askarov A., Kuznetsova A., Gusmanov R., Askarova A., Kovshov V. Cost-effective horse breeding in the Republic of Bashkortostan, Russia. *Vet World*. 2020;13(10):2039-2045. doi 10.14202/vetworld.2020.2039-2045
- Baena M.M., Diaz S., Moura R.S., Meirelles S.L.C. Genetic characterization of Mangalarga Marchador breed horses based on microsatellite molecular markers. *J Equine Vet Sci*. 2020;95:103231. doi 10.1016/j.jevs.2020.103231
- Chang C.C., Chow C.C., Tellier L.C.A.M., Vattikuti S., Purcell S.M., Lee J.J. Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *GigaScience*. 2015;4:7. doi 10.1186/s13742-015-0047-8
- Francis R.M. POPHELPER: an R package and web app to analyse and visualize population structure. *Mol Ecol Resour*. 2017;17(1):27-32. doi 10.1111/1755-0998
- Khaudov A.D., Duduev A.S., Kokov Z.A. Diversity of Kabardian horses and their genetic relationships with selected breeds in the Russian Federation based on 17 microsatellite loci. *IOP Conf Ser: Earth Environ Sci*. 2019;341:012072. doi 10.1088/1755-1315/341/1/012072
- Librado P., Khan N., Fages A. The origins and spread of domestic horses from the Western Eurasian steppes. *Nature*. 2021;598:634-640. doi 10.1038/s41586-021-04018-9
- Ling Y.H., Ma Y.H., Guan W.J., Cheng Y.J., Wang Y.P., Han J.L., Mang L., Zhao Q.J., He X.H., Pu Y.B., Fu B.L. Evaluation of the genetic diversity and population structure of Chinese indigenous horse breeds using 27 microsatellite markers. *Anim Genet*. 2011;42(1): 56-65. doi 10.1111/j.1365-2052.2010.02067.x
- Lippold S., Matzke N.J., Reissmann M., Hofreiter M. Whole mitochondrial genome sequencing of domestic horses reveals incorporation of extensive wild horse diversity during domestication. *BMC Evol Biol*. 2011;11:328. doi 10.1186/1471-2148-11-328



- Nwachukwu E.N., Kalla D.J.U., Ukwu H.O., Ogbu C.C., Ezea J., Udoh U.H., Ekumankama O.O. Genetic diversity and population structure of four Nigerian indigenous cattle breeds. *Trop Anim Health Prod.* 2022;54(2):132. doi 10.1007/s11250-022-03132-8
- Pozharskiy A., Abdrakhmanova A., Beishova I., Shamshidin A., Namevtov A., Ulyanova T., Bekova G., Kikebayev N., Kovalchuk A., Ulyanov V., Turabayev A., Khusnitdinova M., Zhambakin K., Sapakhova Z., Shamekova M., Gritsenko D. Genetic structure and genome-wide association study of the traditional Kazakh horses. *Animal.* 2023;17(9):100926. doi 10.1016/j.animal.2023.100926
- R2D2 Consortium; Fugeray-Scarbel A., Bastien C., Dupont-Nivet M., Lemarié S. Why and how to switch to genomic selection: lessons from plant and animal breeding experience. *Front Genet.* 2021;12:629737. doi 10.3389/fgene.2021.629737
- Roh H.J., Kim S.C., Cho C.Y., Lee J., Jeon D., Kim D.K., Kim K.W., Afrin F., Ko Y.G., Lee J.H., Batsaikhan S., Susanti T., Hegay S., Kongvongxay S., Gorkhali N.A., Thi L.A.N., Thao T.T.T., Manikku L. Estimating genetic diversity and population structure of 22 chicken breeds in Asia using microsatellite markers. *Asian-Australas J Anim Sci.* 2020;33(12):1896-1904. doi 10.5713/ajas.19.0958
- Seo J.H., Park K.D., Lee H.K., Kong H.S. Genetic diversity of Halla horses using microsatellite markers. *J Anim Sci Technol.* 2016; 58:40. doi 10.1186/s40781-016-0120-6
- Stanislawczyk R., Rudy M., Gil M. Quality characteristics of horse meat as influence by the age of horse. *Int J Food Prop.* 2020;23(1): 864-877. doi 10.1080/10942912.2020.1764579
- Van de Goor L.H., Panneman H., Van Haeringen W.A. A proposal for standardization in forensic equine DNA typing: allele nomenclature for 17 equine-specific STR loci. *Anim Genet.* 2010;41(2):122-127. doi 10.1111/j.1365-2052.2009.01975.x
- Yun J., Oyungerel B., Kong H.S. Genetic diversity and population structure of Mongolian regional horses with 14 microsatellite markers. *Anim Biosci.* 2022;35(8):1121-1128. doi 10.5713/ab.21.0497

---

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила в редакцию 14.03.2024. После доработки 22.08.2024. Принята к публикации 27.09.2024.