

УДК 636.2.034:636.2.082.12

Научная статья



Открытый доступ

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-399-10-133-141

И.С. Недашковский¹А.А. Сермягин² ✉Е.Н. Нарышкина¹А.С. Абдельманова¹Н.А. Зиновьева¹

¹Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Подольск, Московская обл., Россия

²Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал ФГБНУ Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Пушкин, Санкт-Петербург, Россия

✉ alex_sermyagin85@mail.ru

Поступила в редакцию: 06.07.2025

Одобрена после рецензирования: 11.09.2025

Принята к публикации: 26.09.2025

© Недашковский И.С., Сермягин А.А., Нарышкина Е.Н., Абдельманова А.С., Зиновьева Н.А.

Research article



Open access

DOI: 10.32634/0869-8155-2025-399-10-133-141

Igor S. Nedashkovsky¹Alexander A. Sermyagin² ✉Elena N. Naryshkina¹Alexandra S. Abdelmanova¹Natalia A. Zinovieva¹

¹L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Podolsk, Moscow region, Russia

²Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, Pushkin, St. Petersburg, Russia

✉ alex_sermyagin85@mail.ru

Received by the editorial office: 06.07.2025

Accepted in revised: 11.09.2025

Accepted for publication: 26.09.2025

© Nedashkovsky I.S., Sermyagin A.A., Naryshkina E.N., Abdelmanova A.S., Zinovieva N.A.

Сравнительный популяционно-генетический анализ генофондной красной горбатовской породы на основе SNP-маркеров

РЕЗЮМЕ

Проведены сравнительные исследования происхождения красной горбатовской породы ($n=129$) с мировыми породами скота красного корня. При коэффициенте подобия $K=2$, животные искомой породы в наибольшей степени отличались от красного белорусского скота, голштинской черно- и красно-пестрой масти, красной датской (в том числе генофондной группы), однако были более схожими по геномным компонентам с красной степной и суксунской породами. При $K=4$ наблюдали наибольшую однородность групп красного горбатовского скота, а при $K=6-10$ отмечали сильную фрагментацию в виде комплексных генотипов с другими сравниваемыми породами. Установлено, что наибольшая частота кластеров гаплотипов в геноме животных была локализована на хромосоме 6 крупного рогатого скота для 6 сравниваемых пород красного корня (37196103–37698422 bp, детектируемый регион), а также на хромосоме 7 крупного рогатого скота для 6 сравниваемых пород (530447:1915174 bp, детектируемый регион). Анализ регионов генома по QTL показал, что выявленные разными методами гены ROH/Fst, hapflk/Fst и hapflk/ROH были связаны с жирнокислотным составом молока (включая конъюгированную ЖК), весом и размерами тела животных, среднесуточным привесом и уровнем потребления корма, площадью мышечного глазка, выходом жира и белка молока, показателями фертильности (трудности отела). При более детальном рассмотрении значений LD по породам и хромосомам на дистанциях 0–30 kb, 30–70 kb, 70–100 kb и 100–200 kb при $r^2 > 0,30$ были обнаружены пары SNP в долевым выражении, наиболее часто встречающиеся на хромосомах крупного рогатого скота (КРС) BTA6, BTA9, BTA14.

Ключевые слова: красный горбатовский скот, SNP-маркеры, гены, адмиксия, ROH, QTL, LD

Для цитирования: Недашковский И.С., Сермягин А.А., Нарышкина Е.Н., Абдельманова А.С., Зиновьева Н.А. Сравнительный популяционно-генетический анализ генофондной красной горбатовской породы на основе SNP-маркеров. *Аграрная наука*. 2025; 399(10): 133–141.

<https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-133-141>

Comparative population-genetic analysis of the gene pool of the Red Gorbatov breed based on SNP markers

ABSTRACT

Comparative studies of the origin of the pool red Gorbatov breed ($n = 129$) with world breeds of red root cattle were conducted. With the similarity coefficient $K = 2$, animals of the desired breed differed to the greatest extent from the red Belarusian cattle, Holstein black and red-motley color, red Danish (including the gene pool group), but were more similar in genomic components to the red steppe and Suksun breeds. With $K = 4$, the greatest homogeneity of the red Gorbatov cattle groups was observed, and with $K = 6-10$, strong fragmentation in the form of complex genotypes with other compared breeds was noted. It was found that the highest frequency of haplotype clusters was localized on chromosome 6 of cattle for 6 compared red root breeds (37196103–37698422 bp, detectable region), as well as on chromosome 7 of cattle for 6 compared breeds (530447:1915174 bp, detectable region). Analysis of genome regions by QTL showed that the ROH/Fst, hapflk/Fst and hapflk/ROH genes identified by different methods were associated with the fatty acid composition of milk (including conjugated FA), body weight and size of animals, average daily weight gain and feed intake, eye muscle area, milk fat and protein yield, fertility indicators (calving difficulty). A more detailed examination of the LD values by breed and chromosomes at distances of 0–30 kb, 30–70 kb, 70–100 kb and 100–200 kb at $r^2 > 0.30$ revealed pairs of SNPs in fractional terms, most often found on the chromosomes of cattle BTA6, BTA9, BTA14.

Key words: red gorbatov breed, SNP-markers, genes, admixture, ROH, QTL, LD

For citation: Nedashkovsky I.S., Sermyagin A.A., Naryshkina E.N., Abdelmanova A.S., Zinovieva N.A Comparative population-genetic analysis of the gene pool of the Red Gorbatov breed based on SNP markers. *Agrarian science*. 2025; 399(10): 133–141 (in Russian). <https://doi.org/10.32634/0869-8155-2025-399-10-133-141>

Введение/Introduction

Красные молочные породы КРС, распространенные на территории РФ, такие как красная степная, красно-пестрая и молочно-мясная красная горбатовская, являются ценным культурным и историческим достоянием и часто источником уникального генетического разнообразия. К примеру, в генотип красного горбатовского скота заложены исключительная жирность и белково-молочность, повышенный выход сухих веществ молока, хорошие удои при соблюдении условий кормления и содержания, приспособленность к разведению в зоне умеренного климата Центральной России. Отличительной особенностью этих животных считается необыкновенная устойчивость к возбудителям лейкоза, туберкулеза и бруцеллеза. Среди многих отечественных пород они отличаются от групп скота красного, черного и бурого корня повышенным числом уникальных аллелей в своем генотипе по разным системам генотипирования (группы крови, белки молока, STR-и SNP-маркирование) [1].

Красно-пестрая порода превосходит симментальскую по удою на 1500 кг молока, по морфо-функциональным свойствам вымени и при этом не уступает ей по качеству и технологическим свойствам молока, живой массе, мясным свойствам и качеству кожевенного сырья [2].

Животные красно-степной породы отлично переносят жару и периодические летние засухи, обладают крепким иммунным статусом, устойчивостью к неблагоприятным воздействиям внешней среды, отличаются долголетием, хорошей воспроизводительной способностью и отсутствием в генотипе летальных мутаций [3].

Однако им трудно конкурировать по удою с другими, более продуктивными молочными породами, такими как голштинская и черно-пестрая. Повышение конкурентоспособности красных молочных пород путем ускорения их генетического улучшения, а также сохранения ценного аллелофонда с помощью геномных методов может быть многообещающей стратегией для обеспечения их долгосрочного будущего. Для многих красных пород создание достаточно большой референтной популяции для получения геномного прогноза племенной ценности часто невозможно, но может быть преодолено путем добавления особей из других пород красного корня [4, 5].

Родство между ними во многом определяет выгоду объединения ряда пород в единую референтную популяцию для разработки общей селекционной программы. В связи с этим изучение генетической структуры популяции красных пород скота России, в частности красной горбатовской, отнесенной к группе генофондных пород скота, для целей ее дальнейшего сохранения и проведения оценки генотипа животных представляется актуальным [6].

Так, на примере исследования европейских ученых было изучено родство между 6 голландскими

породами крупного рогатого скота красного корня — groningenской белоголовой (Groningen White Headed), голландской фризской (Dutch Friesian), маас-рейн-эйссельской (Meuse-Rhine Yssel), голландской опоясанной (Dutch Belted), темно-красной (Deep Red) и голландским скотом, улучшенным красно-пестрым голштинским (Improved Red), с акцентированием основного внимания эффективному числу сегментов на хромосомах для уточнения, какие из данных пород могут выиграть от включения животных других пород в референтную базу.

Стоит заметить, что все изученные породы, за исключением маас-рейн-эйссельской, находятся под высоким риском исчезновения. Результаты показали высокую изменчивость эффективного числа сегментов на хромосомах, особенно в диапазоне от ~3500 до ~17 400 пар нуклеотидов (п. н.), что указывает на разные уровни родства между породами. В частности, важными оказались два кластера в геноме, один из которых отмечен для маас-рейн-эйссельской, голландской фризской и улучшенной красно-пестрой, а другой — для голландской фризской и голландского опоясанного скота [7, 8].

В совместных исследованиях отечественных и зарубежных ученых по изучению генофонда бестужевской, суксунской и красной горбатовской пород на основе применения полногеномных данных и поиска регионов в геноме, подверженных повышенному селекционному давлению, отмечено, что при расстоянии 0–30 kb достоверные различия ($p < 0,001$) по средним значениям LD (linkage disequilibrium, неравновесное сцепление генов) наблюдались для группы пород: голштинской красно-пестрой масти и красной горбатовской (0,303–0,317), бестужевской (0,275), суксунской (0,251). Для красной горбатовской породы имело место улучшение голштинским скотом ввиду наличия общих сегментов в геноме. Бестужевский скот наравне с суксунским при анализе величины LD между SNP (Single nucleotide polymorphism, однонуклеотидный полиморфизм) на хромосомах образовывал обособленные генетические группы. Вариабельность показателя LD была невысокой в геноме животных суксунской породы. Эффективный размер численности популяций для изученных пород был наибольшим для бестужевской ($n = 113$) и суксунской ($n = 84$) пород и наименьшим — для красной горбатовской ($n = 79$) [9].

В исследованиях, проведенных авторами ранее при рассмотрении молочной продуктивности коров красной горбатовской породы разных генотипов, отмечено, что прилитие крови англеской породы положительно отразилось на увеличении МДЖ (массовой доля жира) в молоке коров до 4,47%. Скрещивание с красной датской породой способствовало увеличению молочной продуктивности до уровня 5000–5200 кг молока (до 5774 кг по максимальной лактации). Результаты

дисперсионного анализа указывали на высокое достоверное влияние улучшающей породы ($\eta = 12,98\%$, $p \geq 0,999$) и быка-отца ($\eta = 5,09\%$, $p \geq 0,999$) для признаков молочной продуктивности. На признак МДЖ и МДБ высокое достоверное влияние оказали кровность по улучшающей породе ($\eta = 6,85\text{--}6,12\%$, $p \geq 0,999$) и бык-отец ($\eta = 4,43\text{--}4,93\%$, $p \geq 0,999$) [10].

Таким образом, можно заключить, что животные красной горбатовской породы наравне с англеской и красной датской могут быть использованы в формировании референтной группы красного скота [11].

В прошлых исследованиях авторов были идентифицированы кластеры в геноме на BTA9 (*bos taurus* autosome, аутосома крупного рогатого скота) и BTA22, влияющие на изменчивость содержания пальмитиновой и миристиновой жирных кислот в молоке коров красной горбатовской породы, на BTA20 — для пальмитиновой, миристиновой и олеиновой жирных кислот, на BTA25 — для пальмитиновой, миристиновой, стеариновой и олеиновой жирных кислот. Были обнаружены общие ассоциации, не зависящие от длины цепи жирных кислот и локализованные на хромосоме BTA25. Группа насыщенных, ненасыщенных жирных кислот и трансизомеров была ассоциирована с локусами количественных признаков (QTL, quantitative trait loci) на BTA8 (кроме ненасыщенных и полиненасыщенных жирных кислот), BTA18 (кроме мононенасыщенных жирных кислот), BTA20 (кроме полиненасыщенных жирных кислот) и BTA25. Для показателей миристиновой жирной кислоты установлены гены, образующие локусы количественных признаков на хромосомах BTA1, 3, 17, 22, 25, 29: *ERG*, *LRR8D*, *RAPGEF2*, *TEX264*, *AUTS2*, *LIMK1*, *STT3A*, *ACRV1*, для короткоцепочечных жирных кислот — на хромосомах BTA1, 13: *PCOLCE2*, *ATRN*, для среднецепочечных жирных кислот — на BTA25: *HS3ST2*, для трансизомеров — на хромосомах BTA11, 20, 24: *POLE4*, *C1QTNF3*, *CTNND2*, *DSG2*. Следует обратить внимание на то, что для всех типов жирных кислот и трансизомеров определен участок QTL на хромосоме BTA25 — *LIMK1* и *AUTS2*. Аннотация генов показала сопряженность их с признаками выхода молочного белка (*LRR8D*), удоя и скорости доея (*LRR8D*, *CTNND2*), с пигментацией в области глаз (*ATRN*), количеством соматических клеток в молоке (*C1QTNF3*), восприимчивостью к туберкулезу, содержанием пентадециловой кислоты в молоке и уровнем тироксина (*CTNND2*), а также с количеством кальция в молоке (*HS3ST2*) [12].

Цель данного исследования — сравнительный популяционно-генетический анализ структуры генофондной красной горбатовской породы в сравнении со скотом красного корня российского и зарубежного происхождения на основе скрининга

полиморфизмов SNP-маркеров, полученных в результате генотипирования по технологии биочипов.

Материалы и методы исследования / Materials and methods

С использованием биочипа Illumina 50K v3 средней плотности (Illumina, США) были прогенотипированы 129 голов коров красной горбатовской породы стада генофондного хозяйства ООО «Абабковское» (Нижегородская обл., Россия, 2023–2024 гг.).

Сравнительный анализ проведен с породами КРС красный белорусский скот ($n = 20$), голштинской черно-пестрой ($n = 17$) и красно-пестрой масти ($n = 4$), красной датской ($n = 6$) (в том числе генофондной группы), красной степной ($n = 29$) и суксунской ($n = 7$).

Образцы были депонированы на базе уникальной научной установки (УНУ) «Банк генетического материала животных и птиц» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

Выделение ДНК из исследуемых образцов проводили по стандартным протоколам производителя оборудования. Генотипирование проводили на сканере биочипов iScan System (Illumina, США), функционирующем в ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Среднее качество генотипирования составило 99,3% при вариации от 95,2 до 99,8%, что показало хороший уровень созданной исследовательской базы данных генотипов коров.

Контроль качества SNPs (редактирование генетической базы) проводили с помощью программного обеспечения Plink 1.9 (США) в среде программирования RStudio [13].

Поиск генов-кандидатов, локализованных в области идентифицированных SNP, осуществляли по базе данных NCBI¹ со сборкой генома *Bos_taurus_UMD_3.1.1*. Для поиска QTL и регионов под давлением отбора на хромосомах скота, имеющих сопряженность с функциональными характеристиками животных, использовали базу данных CattleQTLdb [14]. Геномная кластеризация была изучена с использованием программного обеспечения Admixture v1.3 (США) [15] и визуализирована с помощью пакета R pophelper².

Для поиска следов селекции в исследованных породах использовали следующие методы: расчет значений F_{st} при попарном сравнении пород, оценку островков (паттернов) гомозиготности (ROH), перекрывающихся у разных пород, и анализ гаплотипов с помощью программы hapFLK [16]. В программе Plink 1.9 были рассчитаны попарные значения генетических дистанций между всеми SNP на основании F_{st} для каждой пары пород, а также проведена оценка ROH .

¹ National Center for Biotechnological Information.
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

² <https://www.cog-genomics.org/plink/>

В качестве локусов, наиболее вероятно подвергшихся селекции (давлению искусственного отбора), были приняты 0,1% SNP с максимальными значениями *F_{st}*, как было предложено Kijas и соавт. (2012) [17]. В результате теста hapFLK были получены значения отклонений частот SNP от нейтральной модели и визуализированы с помощью R-пакета qqman [18].

Для выявления генов-кандидатов в областях генома, подвергающихся предполагаемому давлению селекции, была использована информация о хромосомной локализации регионов, обнаруженных с помощью трех различных статистических методов: *F_{st}*, ROH (в программе Plink 1.9)³, hapFLK⁴. Приоритет был отдан тем областям, которые перекрывались и были обнаружены как минимум двумя разными методами.

Для оценки гаплотипического разнообразия в выборку к исследуемым породам были включены генотипы особей, полученные на аналогичных биочипах, бестужевской (*n* = 27) и бурой швицкой (*n* = 20) пород.

Оценку неравновесия по сцеплению осуществляли в программе Plink 1.9 по каждой хромосоме согласно алгоритму --chr «1...29» --r2--ld-window 10000--ld-window-kb 10000--ld-window-r20. В качестве сравнения при анализе LD в выборку были включены данные по генотипам белоголовой украинской породы (*n* = 11) (Illumina 50K v2, Illumina) из генофондного банка ВНИИГРЖ (ЦКП «Генетическая коллекция спермы крупного рогатого скота отечественных и зарубежных пород»⁵).

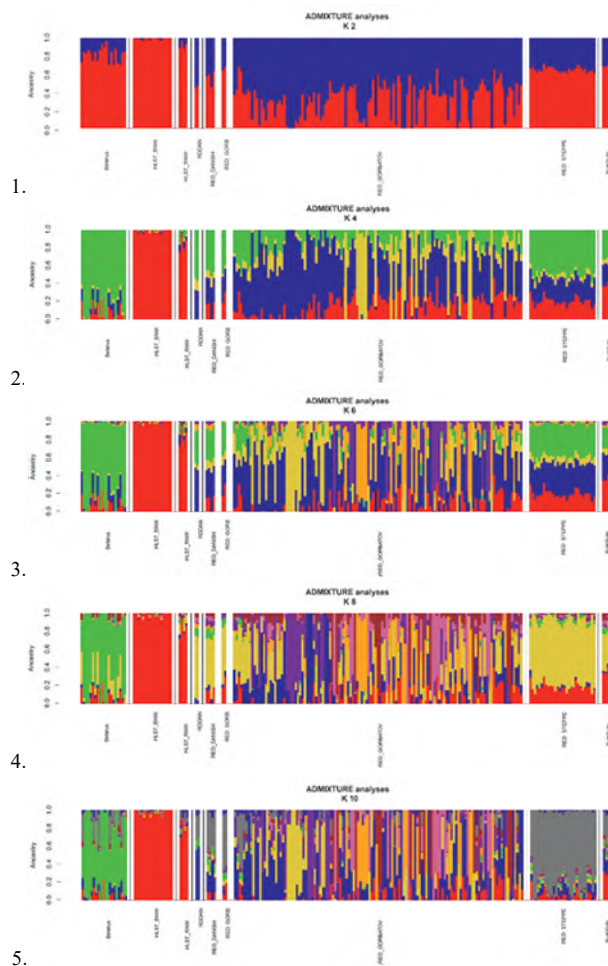
Результаты и обсуждение / Results and discussion

Проведено тестовое сравнительное изучение происхождения выборки особей из группы животных красной горбатовской породы в сравнении с известными породами скота красного корня (рис. 1). Животные голштинской породы черно-пестрой масти добавлены к группе коров красного корня при проведении адмиксии для научного задела и оценивая доли участия их компонент в рассматриваемых геномах. Визуализация адмиксии показывает долю генетических компонент каждой группы, входящей в анализ относительно всех групп, то есть тонкой полосой на рисунке 1 показано каждое животное изучаемой выборки с цветами, характерными для каждой породы при различных коэффициентах подобия (вариантах разложения на группы). В данном случае это при коэффициентах подобия *K* = 2, *K* = 4, *K* = 6, *K* = 8, *K* = 10.

В настоящем анализе адмиксии 9 пород, и, соответственно, при максимальном рассматриваемом коэффициенте подобия *K* = 10 наблюдаем возможное включение компонент исследуемых пород в каждом конкретном образце (животном)

Рис. 1. Результаты анализа адмиксии по выборке скота красной горбатовской породы в сравнении с рядом мировых и российских пород красного корня (красного белорусского скота, голштинской черно- и красно-пестрой масти, красной датской (в том числе генофондной группы), красной степной и суксунской): 1 — при коэффициенте подобия *K* = 2; 2 — при *K* = 4; 3 — при *K* = 6; 4 — при *K* = 8; 5 — при *K* = 10. Соответствие цветов геномным компонентам пород при *K* = 10: зеленый — красный белорусский скот; красный — голштинская порода; серый — красная степная; темно-синий — красная горбатовская; фиолетовый, желтый, оранжевый, бордовый, синий, розовый — геномные компоненты, характерные для различных семейств внутри красной горбатовской породы

Fig. 1. Results of admixture analysis for a sample of red Gorbатов cattle in comparison with a number of world and Russian red root breeds (red Belarusian cattle, Holstein black and red-mottled, red Danish (including the gene pool group), red steppe and Suksun): 1 — with a similarity coefficient of *K* = 2; 2 — at *K* = 4; 3 — at *K* = 6; 4 — at *K* = 8; 5 — at *K* = 10. Color correspondence to the genomic components of breeds at *K* = 10: green — red Belarusian cattle; red — Holstein breed; gray — red steppe; dark blue — red Gorbатов; purple, yellow, orange, burgundy, blue, pink are the genomic components characteristic of various families within the Red Gorbатов breed



с возможным присутствием еще какой-либо другой компоненты (*K* = 10), не участвующей в исследовании.

Анализ адмиксии показал, что при коэффициенте подобия *K* = 2 животные искомой породы в наибольшей степени отличались от красного белорусского скота, голштинской черно- и

³ <https://forge-dga.jouy.inra.fr/projects/hapflk>

⁴ <https://vniigen.ru/ckpkrs/>

⁵ <https://forge-dga.jouy.inra.fr/projects/hapflk>

красно-пестрой масти, красной датской (в том числе генофондной группы), однако были более схожими по геномным компонентам с красной степной и суксунской породами. При $K = 4$ наблюдали наибольшую однородность групп красного горбатого скота, а при $K = 6-10$ отмечали сильную фрагментацию в виде комплексных генотипов с другими сравниваемыми породами (что действительно может указывать на использование красной датской, голштинской и отчасти англерской пород для улучшения скота красной степной и суксунской породы) с выделением отдельных групп особей, формирующих уникальное происхождение.

Во всяком случае по данному анализу можно судить о том, что искомая популяция отличается от групп красных пород скота Западной Европы и Северной Европы, а также от отечественных локальных популяций. Это свидетельствует, что полученные данные в первичном изучении могут говорить о целесообразности их использования в дальнейшей селекционно-племенной работе.

Проведено тестовое определение регионов в геноме, находящихся под давлением искусственного отбора на основе различных методов поиска (F_{st} , hapFLK, ROH) для группы красных пород скота, на расширенной выборке животных с использованием бурой швицкой породы (BRSW, $n = 22$) в качестве группы сравнения. Получены результаты сканирования поиска локусов, находящихся под давлением отбора, на основе различий в частотах гаплотипов (hapflk) между российскими популяциями — породами скота красного корня с учетом их иерархической структуры в общей выборке.

Установлено, что наибольшая частота кластеров гаплотипов в геноме была локализована на хромосоме 6 КРС для 6 сравниваемых пород красного корня (37196103–37698422 bp, детектируемый регион), а также на хромосоме 7 КРС для 6 сравниваемых пород (530447:1915174 bp, детектируемый регион) (рис. 2, 3). Частота кластера гаплотипов обозначает распространенность определенной группы схожих гаплотипов (гаплогруппы) в популяции. Она показывает, какая доля животных в определенной выборке имеет этот набор гаплотипов, что позволяет делать выводы о

Рис. 2. Результаты сканирования генома на наличие локусов, находящихся под давлением отбора, на основе различий в частотах гаплотипов между популяциями красных пород скота

Примечание: цветовое кодирование локусов использовано для контрастной визуализации и не несет дополнительной смысловой нагрузки.

Fig. 2. Results of genome scanning for loci under selection pressure based on differences in haplotype frequencies between populations of red cattle breeds

Note: color coding of loci is used for visual contrast and does not carry any additional semantic meaning.

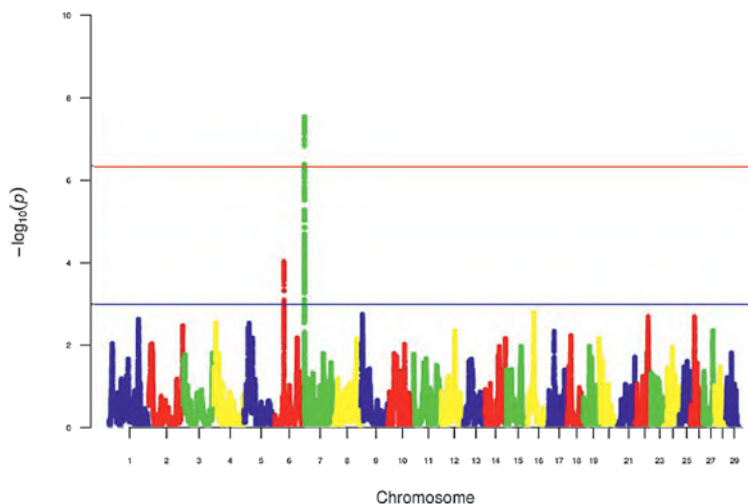
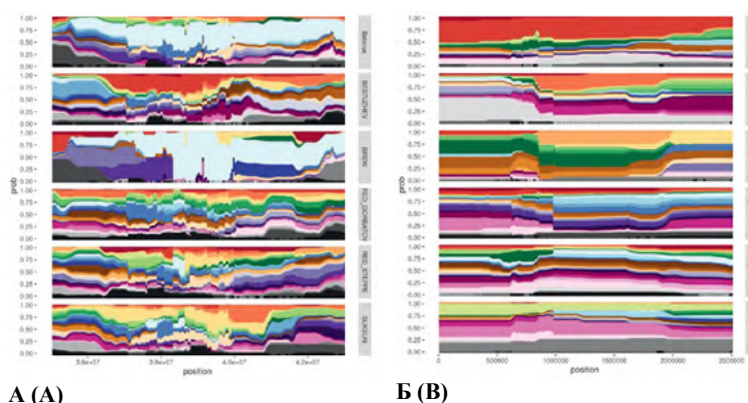


Рис. 3. Частоты кластеров гаплотипов на хромосоме 6 КРС для 6 сравниваемых пород (красного белорусского скота, бестужевской, бурой швицкой — группа сравнения, красной горбатой, красной степной, суксунской): А — на BTA6, Б — на BTA7. Ось X — позиции на хромосоме, ось Y — доля животных с одинаковым гаплотипом

Примечание: для обеспечения наглядности каждый уникальный гаплотип в конкретном локусе маркирован контрастным цветом. Цветовое кодирование локусов использовано для контрастной визуализации и не несет дополнительной смысловой нагрузки.

Fig. 3. Frequencies of haplotype clusters on cattle chromosome 6 for 6 compared breeds (red Belarusian cattle, Bestuzhevskaya, brown Shvitskaya — comparison group, red Gorbatoyskaya, red steppe, Suksunskaya): A — for BTA6, B — for BTA7. The X axis is the position on the chromosome, the Y axis is the proportion of animals with the same haplotype.

Note: for clarity, each unique haplotype at a particular locus is marked with a contrasting color. The color coding of loci is used for contrast visualization and does not carry additional semantic load.



родстве и особенно истории популяций. Одним цветом обозначены доли одинаковых для животных гаплотипов в каждой группе, соответственно, если гаплотипы разные, то и цвета разные в каждом конкретном месте на хромосоме, то есть на примере хромосомы 6 (BTA6) видно, что у бурой швицкой породы на участке от $3.8e + 07$ до $4.0e + 07$ почти 100% особей имеют одинаковый гаплотип (светло-голубой цвет).

При сравнении российских красных пород (красной горбатовской, красной степной, суксунской) с красным белорусским скотом были выявлены гены U6 и RNF130, локализованные на 16 и 7 хромосомах, соответственно, связанные с регуляцией процессов сплайсинга транскриптов и апоптоза клеток. При сравнении красной белорусской породы с бурой швицкой дополнительно выявлены гены BROX, DISP1, CAPN2, NCAPG, локализованные на 16 и 6 хромосомах и связанные с нормальным развитием эмбриональных структур, размерами тела, регуляцией клеточного цикла и митоза.

Сравнение российских красных пород с бурой швицкой, кроме вышеперечисленных генов, дополнительно выявило гены SYT10, DBX2, NELL2, LAP3 и LYN, локализованные на 5, 6 и 14 хромосомах, связанные с регуляцией секреции дофамина и восприятием запахов, процессами регуляции транскрипции, фертильностью, протеолизом в клетках, размерами тела (табл. 1).

Анализ регионов генома по QTL показал, что выявленные разными методами гены ROH/Fst, hapflk/Fst и hapflk/ROH были связаны с жирнокислотным составом молока (включая конъюгированную ЖК), весом и размерами тела животных, среднесуточным привесом и уровнем потребления корма, площадью мышечного глазка, выходом жира и белка молока, показателями фертильности (трудности отела).

На основе паттернов гомозиготности (ROH, runs of homozygosity) была проведена оценка суммарной их длины и количества для ряда красных пород скота России (включая красную горбатовскую) и Беларуси (красный белорусский скот) (рис. 4).

Наибольшая величина ROH при разной длине паттернов (от 0–2 до > 16 Mb) была показана для бестужевской, далее — красной горбатовской и суксунской пород. При этом наименьшие значения получены для животных красной степной породы (в сравнительном аспекте с бурой швицкой). Для красного белорусского скота отмечены наименьшие значения величины гомозиготности, что можно связать с

Таблица 1. Результаты, полученные на основе базы данных Ensembl BioMart, для каждой геномной области с детектированными следами селекции (отбора) разными методами при сопоставлении в разных парах пород красного корня и контрольной группы (бурая швицкая, красный белорусский скот)

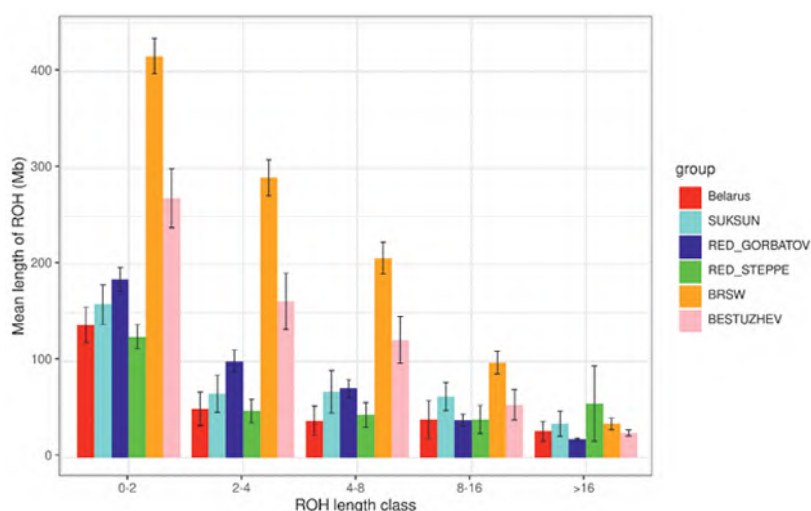
Table 1. Results obtained from the Ensembl BioMart database for each genomic region with detected traces of selection by different methods when compared in different pairs of red root breeds and the control group (Brown Swiss, Red Belarusian)

Породы	ROH/Fst		hapflk/Fst		hapflk/ROH	
	локализация в геноме ^a	gene name ^b	локализация в геноме ^a	gene name ^b	локализация в геноме ^a	gene name ^b
BRSW_RG	6:37,14–37,16	LAP3		–	6:37,27–37,37	NCAPG
	16:26,29–26,52	DISP1		–	16:43,32–43,32	U6
	16:27,07–27,13	CAPN2				
BEL_BRSW	16:26,20–26,22	BROX		–	6:37,27–37,37	NCAPG
	16:26,29–26,52	DISP1		–	16:43,32–43,32	U6
	16:27,07–27,13	CAPN2		–		–
BEL_RG		–		–	16:43,32–43,32	U6
BEL_RS		–	7:11,84–13,62	RNF130	16:43,32–43,32	U6
BEL_SK		–	7:11,84–13,62	RNF130	16:43,32–43,32	U6
BEL_BST		–	7:11,84–13,62	RNF130		–

Примечание: ^a — локализация в геноме представлена в следующем формате: номер хромосомы: начало гена — конец гена, в Мб (chr:start gene — end gene); ^b — официальное обозначение гена, обычно представляющее собой краткую форму названия гена, утвержденное согласно Vertebrate Gene Nomenclature Committee; BRSW — бурая швицкая, RG — красная горбатовская, RS — красная степная, SK — суксунская, BST — бестужевская породы, BEL — красный белорусский скот.

Рис. 4. Распределение паттернов гомозиготности (ROH) по их суммарной длине в геноме в среднем на одно животное для КРС красных пород России и Беларуси: Belarus — красный белорусский скот, SUKSUN — суксунская, RED_GORBATOV — красная горбатовская, RED_STEPPE — красная степная, BRSW — бурая швицкая, BESTUZHEV — бестужевская; ROH length class — размерность класса паттернов гомозиготности; Mean length of ROH (Mb) — длина паттерна гомозиготности в Мб

Fig. 4. Distribution of homozygosity patterns (ROH) by their total length in the genome on average per animal for cattle of red breeds of Russia and Belarus: Belarus — red Belarusian cattle, SUKSUN — Suksunskaya, RED_GORBATOV — red Gorbatskovskaya, RED_STEPPE — red steppe, BRSW — brown Shvitskaya, BESTUZHEV — Bestuzhevskaya; ROH length class — the dimension of the homozygosity pattern class; Mean length of ROH (Mb) — the length of the homozygosity pattern in megabases

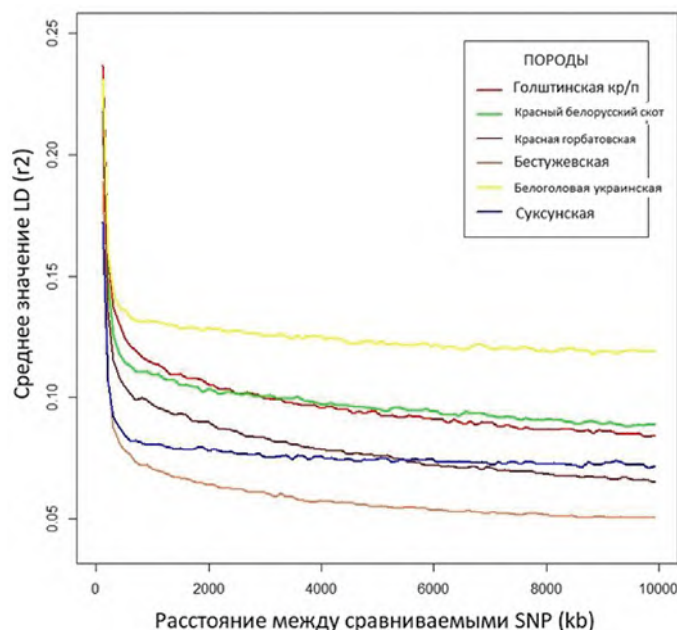


возможным активным использованием на маточном поголовье англеских и красных датских быков.

При увеличении расстояния между маркерами от 30–70 kb 100–200 kb происходит дифференциация каждой из породных групп, за исключением голштинов красно-пестрой масти, что указывает на идентичный характер сцепления для SNP пар (рис. 5).

Рис. 5. Разложение неравновесия по сцеплению между SNP для пород красного скота: голштинская кр/п — голштинская порода красно-пестрой масти

Fig. 5. Decomposition of the linkage disequilibrium between SNPs for red cattle breeds: Holstein red-mottled — Holstein breed of red-mottled color



Начиная с дистанции 200 kb по LD, отмечен независимый характер распределения значений по породам. При более детальном рассмотрении значений LD по породам и хромосомам на дистанциях 0–30 kb, 30–70 kb, 70–100 kb и 100–200 kb при $r^2 > 0,30$ были обнаружены пары SNP в доле-вом выражении, наиболее часто встречающиеся на ВТА6, ВТА9, ВТА14.

Графическое представление разложения неравновесия по сцеплению между однонуклеотидными полиморфизмами позволяет оценить, с одной стороны, величину накопления инбридинга в популяции, с другой — дать характеристику эффективному размеру численности данной популяции [19]. Так, включенная как группа сравнения белоголовая украинская порода показала наибольшие средние значения LD, что свидетельствует о тесном сцеплении между SNP и вероятном, более высоком значении инбридинга в изученной выборке животных. В свою очередь, для красной горбатовской породы были получены

схожие значения LD с суксунской, что может говорить о среднем уровне инбридинга и улучшении их трансграничными породами скота красного корня (кроссбридинге, предположительно путем скрещивания с англеской и красной датской породами).

Наименьшая величина LD была получена для выборки бестужевской породы, что указывает на сравнительно низкую инбридированность популяции и более высокий эффективный размер ее численности для поддержания генетического разнообразия. При этом для красной горбатовской породы размер популяции, как и для суксунской, находился в пределах нормального воспроизводства для контроля оптимального уровня инбридинга при разведении.

Выводы/Conclusions

Проведенный сравнительный популяционно-генетический анализ генофондной красной горбатовской породы на основе SNP-маркеров показал, что в целом породе свойственна аллельная специфичность, и она отличается от групп красных пород скота Западной Европы и Северной Европы, а также от отечественных локальных популяций. Отмечено, что на хромосоме 6 и 7 КРС пород красного корня локализуется наибольшая частота кластеров гаплотипов. Анализ по локусам количественных признаков показал, что выявленные гены были связаны с жирнокислотным составом молока и показателями молочной продуктивности, показателями фертильности и экстерьера.

Дальнейшее исследование генофондной красной горбатовской породы с использованием современных методов анализа привнесет существенный вклад в сохранение и дальнейшее развитие в селекционном плане уникальной по своей генетической структуре отечественной породы, что является на сегодняшний момент основной задачей исходя из актуальной повестки продовольственной безопасности.

Полученные результаты лягут в основу создания единой референтной популяции скота красного корня России и Беларуси.

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 проведены при поддержке Российского научного фонда за счет средств гранта № 23-46-10002.

FUNDING

The research was carried out with the support of the Russian Science Foundation using grant funds No. 23-46-10002.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

- Сермягин, А.А., Турбина И.С., Фролова Е.М., Блинова И.Н., Тодуа Д.В., Зиновьева Н.А. Породы мира: красная горбатовская. *Молочное и мясное скотоводство*. 2021; (8): 11.
- Дунин И.М. Породы мира: красно-пестрая. *Молочное и мясное скотоводство*. 2021; (2): 28
- Горлов И.Ф. Породы мира: красная степная. *Молочное и мясное скотоводство*. 2024; (3): 39.
- van Breukelen A.E., Doekes H.P., Windig J.J., Oldenbroek K. Characterization of Genetic Diversity Conserved in the Gene Bank for Dutch Cattle Breeds. *Diversity*. 2019; 11(12): 229. <https://doi.org/10.3390/d11120229>
- Gurgul A. *et al.* Diversifying selection signatures among divergently selected subpopulations of Polish Red cattle. *Journal of Applied Genetics*. 2019; 60(1): 87–95. <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00484-0>
- Нарышкина Е.Н., Сермягин А.А., Лашнева И.А., Недашковский И.С. Селекционно-генетические параметры признаков молочной продуктивности коров красной горбатовской породы разных генотипов. *Животноводство и кормопроизводство*. 2025; 108(2): 60–73. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-2-60>
- Marjanovic J., Hulsegge B., Calus M.P.L. Relatedness between numerically small Dutch Red dairy cattle populations and possibilities for multibreed genomic prediction. *Journal of Dairy Science*. 2021; 104(4): 4498–4506. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19573>
- Schmidtman C. *et al.* Assessing the genetic background and genomic relatedness of red cattle populations originating from Northern Europe. *Genetics Selection Evolution*. 2021; 53: 23. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00613-6>
- Сермягин А.А., Доцев А.В., Абдельманова А.С., Турбина И.С., Селкнер И., Зиновьева Н.А. Поиск отпечатков селекции в геноме генофондных пород крупного рогатого скота красного корня России. *Молочное и мясное скотоводство*. 2022; (3): 10–15. <https://doi.org/10.33943/MMS.2022.31.66.002>
- Нарышкина Е.Н., Сермягин А.А., Недашковский И.С., Лашнева И.А., Зиновьева Н.А. Молочная продуктивность коров красной горбатовской породы разных генотипов. *Труды Кубанского государственного аграрного университета*. 2024; 116: 298–306. <https://elibrary.ru/zdorsx>
- Neumann G.B. *et al.* Genomic diversity and relationship analyses of endangered German Black Pied cattle (DSN) to 68 other taurine breeds based on whole-genome sequencing. *Frontiers in Genetics*. 2023; 13: 993959. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.993959>
- Нарышкина Е.Н. и др. Полногеномный анализ ассоциаций с жирнокислотным составом молока коров красной горбатовской породы. *Молочное и мясное скотоводство*. 2023; (6): 3–9. <https://doi.org/10.33943/MMS.2023.44.94.001>
- 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(1): s13742-015-0047-8. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
- Hu Z.-L., Park C.A., Reecy J.M. Bringing the Animal QTLdb and CorrDB into the future: meeting new challenges and providing updated services. *Nucleic Acids Research*. 2022; 50(D1): D956–D961. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab1116>
- Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*. 2009; 19(9): 1655–1664. <https://doi.org/10.1101/gr.094052.109>
- Fariello M.I., Boitard S., Naya H., SanCristobal M., Servin B. Detecting Signatures of Selection Through Haplotype Differentiation Among Hierarchically Structured Populations. *Genetics*. 2013; 193(3): 929–941. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.147231>
- Kijas J.W. *et al.* Genome-Wide Analysis of the World's Sheep Breeds Reveals High Levels of Historic Mixture and Strong Recent Selection. *PLoS Biology*. 2012; 10(2): e1001258. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258>
- Turner S.D. qqman: an R package for visualizing GWAS results using Q-Q and manhattan plots. *Journal of Open Source Software*. 2018; 3(25): 731. <https://doi.org/10.21105/joss.00731>
- Jin H., Zhao S., Jia Y., Xu L. Estimation of Linkage Disequilibrium, Effective Population Size, and Genetic Parameters of Phenotypic Traits in Dabieshan Cattle. *Genes*. 2023; 14(1): 107. <https://doi.org/10.3390/genes14010107>

REFERENCES

- Sermyagin A.A., Turbina I.S., Frolova E.M., Blinova I.N., Todua D.V., Zinovieva N.A. Breeds of the world: Krasnaya Gorbatskovskaya. *Dairy and beef cattle farming*. 2021; (8): 11 (in Russian).
- Dunin I.M. Breeds of the world: red steppe. *Dairy and beef cattle farming*. 2021; (2): 28 (in Russian).
- Gorlov I.F. Breeds of the world Red steppe. *Dairy and beef cattle farming*. 2024; (3):39 (in Russian).
- van Breukelen A.E., Doekes H.P., Windig J.J., Oldenbroek K. Characterization of Genetic Diversity Conserved in the Gene Bank for Dutch Cattle Breeds. *Diversity*. 2019; 11(12): 229. <https://doi.org/10.3390/d11120229>
- Gurgul A. *et al.* Diversifying selection signatures among divergently selected subpopulations of Polish Red cattle. *Journal of Applied Genetics*. 2019; 60(1): 87–95. <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00484-0>
- Naryshkina E.N., Sermyagin A.A., Lashneva I.A., Nedashkovsky I.S. Selection and genetic parameters of milk production traits in Red Gorbato cows of different genotypes. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2025; 108(2): 60–73 (in Russian). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-108-2-60>
- Marjanovic J., Hulsegge B., Calus M.P.L. Relatedness between numerically small Dutch Red dairy cattle populations and possibilities for multibreed genomic prediction. *Journal of Dairy Science*. 2021; 104(4): 4498–4506. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19573>
- Schmidtman C. *et al.* Assessing the genetic background and genomic relatedness of red cattle populations originating from Northern Europe. *Genetics Selection Evolution*. 2021; 53: 23. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00613-6>
- Sermyagin A.A., Dotsev A.V., Abdelmanova A.S., Turbina I.S., Sölkner J., Zinovieva N.A. Selection signature scanning in the genome of Russian local Red cattle breeds. *Dairy and beef cattle farming*. 2022; (3): 10–15 (in Russian). <https://doi.org/10.33943/MMS.2022.31.66.002>
- Naryshkina E.N., Sermyagin A.A., Nedashkovsky I.S., Lashneva I.A., Zinovieva N.A. Milk productivity of different genotypes Red Gorbato cows. *Proceedings of the Kuban State Agrarian University*. 2024; 116: 298–306 (in Russian). <https://elibrary.ru/zdorsx>
- Neumann G.B. *et al.* Genomic diversity and relationship analyses of endangered German Black Pied cattle (DSN) to 68 other taurine breeds based on whole-genome sequencing. *Frontiers in Genetics*. 2023; 13: 993959. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.993959>
- Naryshkina E.N. *et al.* Genome-wide analysis associations for fatty acids composition in cow's milk of Red Gorbato breed. *Dairy and beef cattle farming*. 2023; (6): 3–9 (in Russian). <https://doi.org/10.33943/MMS.2023.44.94.001>
- 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(1): s13742-015-0047-8. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
- Hu Z.-L., Park C.A., Reecy J.M. Bringing the Animal QTLdb and CorrDB into the future: meeting new challenges and providing updated services. *Nucleic Acids Research*. 2022; 50(D1): D956–D961. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab1116>
- Alexander D.H., Novembre J., Lange K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome Research*. 2009; 19(9): 1655–1664. <https://doi.org/10.1101/gr.094052.109>
- Fariello M.I., Boitard S., Naya H., SanCristobal M., Servin B. Detecting Signatures of Selection Through Haplotype Differentiation Among Hierarchically Structured Populations. *Genetics*. 2013; 193(3): 929–941. <https://doi.org/10.1534/genetics.112.147231>
- Kijas J.W. *et al.* Genome-Wide Analysis of the World's Sheep Breeds Reveals High Levels of Historic Mixture and Strong Recent Selection. *PLoS Biology*. 2012; 10(2): e1001258. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258>
- Turner S.D. qqman: an R package for visualizing GWAS results using Q-Q and manhattan plots. *Journal of Open Source Software*. 2018; 3(25): 731. <https://doi.org/10.21105/joss.00731>
- Jin H., Zhao S., Jia Y., Xu L. Estimation of Linkage Disequilibrium, Effective Population Size, and Genetic Parameters of Phenotypic Traits in Dabieshan Cattle. *Genes*. 2023; 14(1): 107. <https://doi.org/10.3390/genes14010107>

ОБ АВТОРАХ

Игорь Сергеевич Недашковский¹

кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, заведующий отделом национального каталога
nedashkovsky_is@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0487-4576>

Александр Александрович Сермягин²

кандидат сельскохозяйственных наук, директор
alex_sermyagin85@mail.ru
<https://orcid.org/0009-0005-2386-12>

Елена Николаевна Нарышкина¹

кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник, заведующая отделом популяционной генетики и генетических основ разведения животных
selection.76@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-3421-1653>

Александра Сергеевна Абдельманова¹

доктор биологических наук, старший научный сотрудник, заведующая лабораторией генетического мониторинга ресурсов сельскохозяйственных животных
preevetic@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

Наталья Анатольевна Зиновьева¹

доктор биологических наук, профессор, академик Российской академии наук, директор
n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

¹Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, пос. Дубровицы, 60, г. о. Подольск, Московская обл., 142132, Россия

²Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных — филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения Федеральный исследовательский центр животноводства — ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Московское шоссе, 55А, Пушкин, Санкт-Петербург, 196601, Россия

ABOUT THE AUTHORS

Igor Sergeevich Nedashkovsky¹

Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, Head of the National Catalog Department
nedashkovsky_is@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-0487-4576>

Alexander Alexandrovich Sermyagin²

Candidate of Agricultural Sciences, Director
alex_sermyagin85@mail.ru
<https://orcid.org/0009-0005-2386-1289>

Elena Nikolaevna Naryshkina¹

Candidate of Agricultural Sciences, Senior Researcher, Head of the Department of Population Genetics and Genetic Foundations of Animal Breeding
selection.76@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0002-3421-1653>

Alexandra Sergeevna Abdelmanova¹

Doctor of Biological Sciences, Senior Researcher, Head of the Laboratory of Genetic Monitoring of Farm Animal Resources
preevetic@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4752-0727>

Natalia Anatolyevna Zinovieva¹

Doctor of Biological Sciences, Professor, Academician of the Russian Academy of Sciences, Director
n_zinovieva@mail.ru
<https://orcid.org/0000-0003-4017-6863>

¹L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry, 60 Dubrovitsy, Podolsk Municipal District, Moscow Region, 142132, Russia

²Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding — Branch of L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry,

55A Moskovskoe shosse, Pushkin, St. Petersburg, 196601, Russia

Подпишитесь на печатные выпуски «АГРАРНОЙ НАУКИ» с любого месяца и на любой срок

» В РЕДАКЦИИ по тел. +7 (495) 777-67-67, доб. 1453, по agrovetpress@inbox.ru

» В АГЕНТСТВЕ ПОДПИСКИ
ООО «Урал-Пресс Округ»
<https://www.ural-press.ru/catalog/>

» БЕСПЛАТНАЯ ПОДПИСКА
НА ЭЛЕКТРОННУЮ ВЕРСИЮ
на отраслевом портале
<https://agrarnayanauka.ru/rassylka-zhurnala/>

» ПОДПИСКА НА АРХИВНЫЕ НОМЕРА
И ОТДЕЛЬНЫЕ СТАТЬИ
на сайте Научной электронной библиотеки
www.elibrary.ru

