

Зоотехния и ветеринария

УДК 636.03:575

DOI 10.31857/S2500262724020108 EDN GSPFUU

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО СХОДСТВА НОВОАЛТАЙСКОЙ ПОРОДЫ ЛОШАДЕЙ С ИСХОДНЫМИ ПОРОДАМИ ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ЛОКУСАМ ДНК

А. В. Дубровин, Н. В. Блохина, доктор сельскохозяйственных наук,
А. В. Борисова, кандидат сельскохозяйственных наук

Всероссийский научно-исследовательский институт коневодства,
391105, Рязанская обл., Рыбновский р-н, пос. Дивово, п/о Институт коневодства
E-mail: alexander.dubrovin45@yandex.ru

Исследования проводили с целью сравнительной оценки аллелофонда новоалтайской породы лошадей и пород, участвовавших в её создании. В экспериментальную выборку было включено 5736 лошадей, в том числе 363 новоалтайской породы, 39 алтайской, 159 литовской тяжелоупряжной, 617 русской тяжеловозной, 288 советской тяжеловозной, 4177 орловской рысистой, 93 будённовской. Выполняли генетико-популяционный анализ с определением следующих показателей: общее число аллелей в 17 локусах, среднее число аллелей на локус, уровень полиморфности, наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность, коэффициенты внутрипопуляционного инбридинга, генетического сходства и генетических дистанций. Наибольшим уровнем генетического разнообразия (154 аллеля) и полиморфности ($A_e=4,909$) характеризовались лошади новоалтайской породы. Анализ генетической дифференциации показал отсутствие внутрипопуляционного инбридинга в группах алтайской, литовской тяжелоупряжной и будённовской пород. Когорты животных новоалтайской, орловской рысистой, русской и советской тяжеловозных пород отличались незначительным дефицитом гетерозигот. Для лошадей новоалтайской и тяжеловозных пород характерна высокая частота встречаемости аллеля HTG6 O, алтайской породы – HTG4 M. У новоалтайской лошади выявлен ряд локусов, идентичных по спектру аллелей с алтайской, русской и советской тяжеловозными породами. Кластерный анализ продемонстрировал высокий уровень генетического сходства лошадей новоалтайской породы с русской тяжеловозной (0,903) и алтайской (0,899) породами. с использованием новых сведений о лошадях изученных семи пород, позволяющих контролировать биоразнообразие и генетическое сходство популяций, сохранение оригинальности и гетерогенности аллелофонда лошадей разных пород, можно усовершенствовать селекционные программы в коневодстве.

ASSESSMENT OF THE GENETIC SIMILARITY BETWEEN THE NOVOALTAISKAYA HORSE BREED AND THE ORIGINAL BREEDS BY MICROSATELLITE DNA LOCI

A. V. Dubrovin, N. V. Blohina, A. V. Borisova

The All-Russian Research Institute for Horsebreeding
391105, Ryazanskaya obl., Rybnovskij r-n, pos. Divovo, p/o Institut konevodstva
E-mail: alexander.dubrovin45@yandex.ru

The research was carried out for the purpose of a comparative assessment of the allele pool of the Novoaltayskaya horse breed and the breeds that participated in its creation. The experimental sample included 5736 horses, including: Novoaltayskaya breed – 363, Altai – 39, Lithuanian Heavy Draft – 159, Russian Heavy Draft – 617, Soviet d Heavy Draft – 288, Orlov trotter – 4,177, Budenny – 93. Population genetic analysis was performed using generally accepted methods. The following indicators were determined: the total number of alleles at 17 loci, the average number of alleles per locus, the level of polymorphism, observed and expected heterozygosity, coefficients of intrapopulation inbreeding, genetic similarity and genetic distances. It was established that horses of the Novo-Altai breed had the highest level of genetic diversity (154 alleles) and polymorphism ($A_e = 4,909$). Analysis of genetic differentiation showed the absence of intrapopulation inbreeding in the groups of Altai, Lithuanian Heavy Draft and Budenny breeds. Groups of horses of the Novoaltayskaya, Orlov trotter, Russian Heavy Draft and Soviet Heavy Draft breeds were distinguished by a slight deficiency of heterozygotes. It has been established that horses of the Novoaltayskaya and Heavy Draft breeds are characterized by a high frequency of occurrence of the HTG6 O allele, and the Altai breed is characterized by a high frequency of occurrence of the HTG4 M allele. A number of loci of alleles identical in spectrum to those of the Altai, Russian Heavy Draft and Soviet Heavy Draft breeds were identified in the Novoaltayskaya horse. Cluster analysis demonstrated a high level of genetic similarity of horses of the Novoaltayskaya breed with the Russian Heavy Draft (0,903) and Altai (0,899) breeds. As part of the study, using molecular genetic markers, new data was obtained on horses of seven breeds, with the help of which it is possible to improve breeding programs in horse breeding, allowing to control the biodiversity and genetic similarity of populations, preserving the originality and heterogeneity of the allele pool of horses of different breeds.

Ключевые слова: лошади, новоалтайская порода, тяжелоупряжные породы, алтайская порода, аллелофонд, генетическое сходство, микросателлиты ДНК.

Key words: horses, Novoaltayskaya breed, heavy draft breeds, Altai breed, allele pool, genetic similarity, DNA microsatellites.

В последние годы наблюдается общемировая тенденция увеличения производства конины, обусловленная потребностью населения в экологически безопасных в медико-биологическом отношении продуктах [1]. Конина выгодно отличается от мяса других сельскохозяйственных животных, как легкоусвояемый продукт она обладает диетическими свойствами и практически не содержит аллергенные аминокислоты [2, 3].

В России одной из перспективных специализированных мясных пород лошадей считают новоалтайскую, выведенную коллективом сотрудников ВНИИ коневодства и специалистов хозяйств Алтайского края и Республики Алтай. В результате целенаправленной селекционной работы была сформирована генетическая структура породы, в значительной мере определяющая высокую продуктивность животных при их хорошей адаптации

к круглогодичному пастбищному содержанию [4, 5].

Генетическая структура породы первоначально обусловлена генофондом исходного материала и различными факторами породообразовательного процесса [6]. Оценку генного разнообразия и мониторинг генетической изменчивости популяций на современном этапе преимущественно осуществляют посредством молекулярно-генетических методов. Среди наиболее информативных методик анализа аллелофонда лошадей мировых пород современные публикации рассматривают следующие: полногеномное и таргетное секвенирование генома на платформе Illumina, использование SNP-чипов, анализ микросателлитов, секвенирование D-петли митохондриальной ДНК, анализ Y-хромосомы [7, 8].

Микросателлиты относят к первому поколению ДНК-маркеров [9]. Высокополиморфный характер и менделеевский тип наследования делает их идеальными ДНК-маркерами генома сельскохозяйственных животных [10].

На сегодняшний день микросателлиты – наиболее популярные маркеры в исследованиях генетических характеристик лошадей, что можно объяснить простотой применения и высокой информативностью [11, 12, 13]. Они служат эффективным средством изучения особенностей генофонда, генетического полиморфизма, филогенеза, получения данных о породообразовании и эволюции пород лошадей [14, 15]. Оценка генетического разнообразия внутри отдельных породных групп и целых пород позволяет создавать и совершенствовать как селекционные программы, так и программы по сохранению генофонда этих пород [8].

Полиморфизм лошадей различных заводских и аборигенных пород описан в многочисленных работах отечественных и зарубежных исследователей. Первоначально внимание учёные обращали на местные малочисленные породы лошадей. Так, российскими исследователями посредством анализа микросателлитов ДНК был изучен генофонд, состав популяций и филогенетические связи таких уникальных отечественных аборигенных пород лошадей, как тувинская [17], якутская [18], мезенская [19], кабардинская [20], вятская [21] и др.

Учитывая, что новоалтайская порода лошадей выведена методом сложного воспроизводительного скрещивания улучшенных местных алтайских кобыл с жеребцами ряда тяжеловозных пород, цель нашего исследования – определить индекс генетического сходства между исходными и новой породами на основе сравнительного анализа их аллелофонда по микросателлитным локусам ДНК, что позволит в дальнейшем усовершенствовать метод линейного разведения в породе, включая генетическую оценку степени дифференциации генеалогической структуры породы, и определить генетическое сходство с родоначальником.

Методика. Исследования проводили на базе лаборатории генетики ФГБНУ «ВНИИ коневодства». Объект исследования – лошади новоалтайской, алтайской, орловской рысистой, будённовской, литовской тяжёлоупряжной, русской и советской тяжеловозных пород. Материалом для исследования послужили пробы волосных лукович 5736 лошадей, в том числе 363 новоалтайской породы, 39 алтайской, 159 литовской тяжёлоупряжной, 617 русской тяжеловозной, 288 советской тяжеловозной, 4177 орловской рысистой, 93 будённовской.

Выделение ДНК из волосных лукович проводили с использованием реагентов «ExtraGene™ DNA Prep 200» (ООО «Лаборатория Изоген», Россия). Образцы ДНК генотипировали по 17 микросателлитным локусам: *VHL20*, *HTG4*, *ANT4*, *HMS7*, *HTG6*, *ANT5*, *HMS6*, *ASB23*, *ASB2*,

HTG10, *HTG7*, *HMS3*, *HMS2*, *ASB17*, *LEX3*, *HMS1*, *CA425*. Амплификацию ДНК осуществляли методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием 17-плексного набора праймеров для генотипирования лошадей StockMarks® в амплификаторе 2720 Thermal Cycler в соответствии с рекомендациями производителя. Разделение и детекцию продуктов амплификации выполняли методом капиллярного электрофореза на секвенаторах «ABI 3130» (Applied Biosystems) и «НАНОФОР 05» (ООО «Синтол», г. Москва). Идентификацию результатов проводили с использованием профиля контрольной ДНК и данных международных сравнительных испытаний (Horse Comparison Test). Генетико-популяционный анализ выполняли с использованием общепринятых методик и программного обеспечения Microsoft Excel 2010. Определяли следующие показатели: общее число аллелей в 17 локусах (Na), среднее число аллелей на локус (Nv), уровень полиморфности (Ae), наблюдаемая (Ho) и ожидаемая (He) гетерозиготность, коэффициенты внутривидового инбридинга (Fis), генетического сходства и генетических дистанций. Кластерный анализ проводили с использованием программы Statistica 12.

Результаты и обсуждение. Сравнительный анализ аллелофонда новоалтайской породы с породами, участвовавшими в её создании, по основным генетико-популяционным характеристикам показал (табл. 1), что лошади этой породы обладают наибольшим уровнем генетического разнообразия (154 аллеля), наименьшим оно было у будённовской породы (119 аллелей). Остальные породы характеризуются относительно близкими величинами этого показателя, которые варьировали от 127 до 138 аллелей.

Сравнение обобщающих показателей продемонстрировало лидерство новоалтайской породы и по эффективному числу аллелей ($A_e=4,909$). На близком уровне она была у лошадей алтайской породы ($A_e=4,750$). Наименьший уровень полиморфности отмечен у русской тяжеловозной породы ($A_e=3,667$).

Табл. 1. Характеристика новоалтайской породы лошадей и пород, участвовавших в её создании, по 17 локусам микросателлитов ДНК

Порода	n ¹	Na	Nv	Ae	He	Ho	Fis
Новоалтайская	363	154	9,059	4,909	0,756	0,754	0,005
Алтайская	39	134	7,882	4,750	0,759	0,772	-0,020
Литовская	159	134	7,882	3,960	0,724	0,728	-0,004
тяжёлоупряжная							
Русская	617	138	8,118	3,667	0,689	0,674	0,015
тяжеловозная							
Советская	288	129	7,588	3,871	0,697	0,694	0,004
тяжеловозная							
Орловская	4177	127	7,471	3,748	0,702	0,700	0,003
рысистая*							
Будённовская*	93	119	7,000	3,793	0,713	0,722	-0,013

¹n – количество голов; Na – общее число аллелей в 17 локусах; Nv – среднее число аллелей на локус; Ae – уровень полиморфности; Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; Fis – коэффициент внутривидового инбридинга; *породы лошадей, использованные в соответствии с планом породного районирования в качестве улучшителей местных лошадей Алтая.

Наибольшая степень ожидаемой гетерозиготности установлена у алтайской ($H_e=0,759$) и новоалтайской пород ($H_e=0,756$), наименьшая – у русской тяжеловозной ($H_e=0,689$). В алтайской, литовской тяжёлоупряжной и будённовской породах наблюдаемая гетерозиготность превышала ожидаемую, что свидетельствует о преобладании гетерозиготных генотипов и отсутствии внутривидового инбридинга. Коэффициент Fis у лошадей новоалтайской, орловской рысистой, русской

Табл. 2. Спектр аллелей 17 локусов микросателлитов ДНК лошадей новоалтайской породы и пород, участвовавших в её создании

Локус	Новоалтайская порода		Алтайская порода		Тяжеловозные породы					
	p>0,05	p<0,05	p>0,05	p<0,05	советская		русская		литовская	
VHL20	I, M, N, O, P, Q, R	J, L	I, L, M, N, P, Q, R	O	I, M, N, O, P, Q, R	J, L	I, J, M, O, P, Q, R	L, N	I, L, M, N, O, P	H*, J, Q, R
HTG4	K, L, M, O, P	N, Q	K, L, M, O	N, P, Q	L, M, P	K, N, O	L, M, O, P	K, R*	K, L, M, O, P	
ANT4	H, I, J, K, O	L, M, N, P, R	H, J, K, N, O	I, L	H, J, K, O	I, L, M, N, P	H, J, K, O	I, L, M, N, P, R	H, J, O	I, K, R
HMS7	J, L, M, O	I*, K, Q	J, K, L, N, O	M, Q	K, L, M, N	J, O, Q	J, L, M, N, O, Q	G*, K, P*	J, L, M, N	K, O, Q
HTG6	G, J, O	I, M, N, P	G, J, O	I, M, P	O	G, I, J, N	I, O	G, J, N	G, J, O, P	I, L*, M, N
ANT5	J, K, L, M, N, O	I, P	J, K, L, M, N, O	P	J, K, M, O	I, L, N	J, K, L, M, N, O	I	J, K, N, O	I, L, M
HMS6	K, L, M, O, P	N	K, L, M, O, P	N	L, M, P	K, N, O	L, O, P	K, M, Q	L, M, O, P, Q	I*, K, N
ASB23	I, J, K, L, S, U	G, H*, M, Q*, R, T, V*	I, J, K, L, S, U	M, R, T	J, K, L, S, U	I, T	K, S, U	G, I, J, L, R	I, K, L, S, T, U	G, J
ASB2	I, K, M, N, Q	B, J*, O, P, R, T*	B, C, K, M, N, O, Q	I, L*, P, R	I, K, M, N, O, Q	C, P, R	I, K, M, N	O, P, Q	I, K, M, N, Q	
HTG10	K, L, M, N, O, R	I, J, P, Q, S, T	I, K, L, M, O, R, S	N, Q	L, M, N, O	I, K, Q, R, S	K, M, N, O	I, J, L, P, Q, R, S, T	K, L, M, O, R	I, P, Q, S
HTG7	K, M, N, O		K, M, N, O		K, M, N, O	P	K, M, N, O		K, M, N, O	L*, P, R*
HMS3	I, M, N, O, P, Q, R		I, M, N, O, P, Q	R	P, Q	I, M, N, O, R	N, P, Q, R	H*, I, M, O	M, P, Q, R	L*, N, O
HMS2	H, I, K, L, P, R, S*	J, M, N, O, P, R, S*	H, I, K, L, R	M, O, T*	H, I, K, L, R	J, M	H, I, K, M	J, L, N, O, P, R	H, K, R	F*, I, J, L, M, N, Q*
ASB17	F, I, M, N, P, Q, R, S	D*, G, H, J, K, L, O, T	G, H, I, N, Q, R, W*	F, K, L, M, O, P, S, V*	I, M, N, P, Q, R	F, G, H, J, K, L, O, S	F, L, M, N, Q, R	G, H, I, J, K, P, S, T	F, M, N, P, R, T	I, J, K, L, O, Q, S
LEX3	F, H, I, L, M, N, O, P	G*, K	F, H, K, L, M, N	I, J, O	F, H, L, M, O, P	I, K, N	L, M, N, O, P	F, H, I, K	F, I, L, M, N, P	H, J, K, O
HMS1	I, J, M	K, L, N, O, Q*	J, L, M, N	I, O	J, K, M	I, L, N	J, K, M	I, L, N	I, J, L, M	K, N
CA425	J, L, M, N, O	F, G, I, K	F, G, M, N, O	I, L	J, L, M, N, O	G, I	J, M, N	G, I, K, L, O	J, L, M, N, O	F, G, K

* аллели, отсутствующие у исследованного поголовья других анализируемых пород.

и советской тяжеловозных пород имел положительное значение близкое к равновесию по Харди-Вайнбергу (HWE), что указывает на незначительное смещение генетического баланса в сторону избытка гомозигот. в целом полученные данные свидетельствуют об эффективности селекционных мероприятий по поддержанию генетического разнообразия в исследованных породах.

Результаты анализа генетической структуры новоалтайской породы и пород, непосредственно участвовавших в её создании, свидетельствуют о том, что каждая из них отличается спектром, частотой встречаемости аллелей и набором аллелей, отсутствующих у лошадей других анализируемых пород (табл. 2). При этом следует отметить, что в некоторых локусах животных новоалтайской породы обнаружен одинаковый набор аллелей с алтайскими лошадьми (*HTG4*, *HMS6*, *HTG7*, *HMS3*), русскими (*VHL20*, *ANT4*, *HTG10*, *HTG7*) и советскими (*VHL20*, *HMS6*, *HMS3*) тяжеловозами.

Генетическая структура новоалтайской и изученных тяжеловозных пород включает аллели, которые не встречаются у лошадей алтайской породы: *VHL20 J*, *HTG6 N*, *ANT5 I*, *HMS2 J*, *LEX3 P*, *HMS1 K*, *CA425 J*. Кроме того, эти породы характеризуются высокой частотой встречаемости аллеля *HTG6 O*: у новоалтайской – 0,793, у литовской тяжёлоупряжной – 0,626, у советской тяжеловозной – 0,956, у русской тяжеловозной – 0,782. У представителей алтайской породы наиболее часто встречается аллель *HTG4 M* (0,667). Генетическая структура алтайской и новоалтайской пород включает такие аллели, отсутствующие у всего исследованного поголовья тяжеловозных пород, как *ANT5 P*, *ASB23 M*, *ASB2 B*, *HMS1 O*.

В локусе *LEX3* у лошадей новоалтайской породы было выявлено 10 аллелей, при этом 9 из них обнару-

жены у всех анализируемых пород, что указывает на их общую материнскую основу. При этом новоалтайская порода выделялась наличием аллеля *LEX3 G* (0,020).

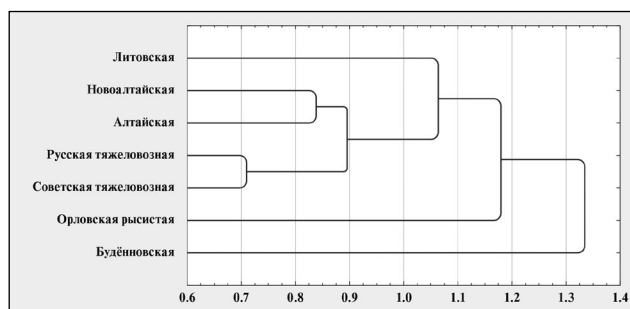
Коэффициенты генетического сходства между новоалтайской породой и породами, участвовавшими в её создании, варьировали в интервале 0,709...0,903 (табл. 3). Самые высокие коэффициенты генетического сходства отмечены с русской тяжеловозной (0,903) и алтайской (0,899) породами, наименьший – с будённовской породой (0,709).

Табл. 3. Коэффициенты генетического сходства и генетических дистанций у новоалтайской породы лошадей с породами, участвовавшими в её создании

Порода	Коэффициент	
	генетического сходства	генетических дистанций
Русская тяжеловозная	0,903	0,097
Алтайская	0,899	0,101
Советская тяжеловозная	0,871	0,129
Литовская тяжёлоупряжная	0,852	0,148
Орловская рысистая	0,815	0,185
Будённовская	0,709	0,291

Генетические различия между изученными породами лошадей по 17 STR-локусам подтверждают генетические расстояния, которые варьировали в диапазоне 0,097...0,291. Дендрограмма демонстрирует отчётливое разделение кластеров (см. рисунок). Самые близкие генетические дистанции отмечены для лошадей русской и советской тяжеловозных пород, что объясняется участием советского тяжеловоза в качестве улучшающей породы при совершенствовании русского тяжеловоза. Во второй кластер входят новоалтайская и алтайская породы. Оба кластера связаны генетическим родством.

Наиболее удалена от новоалтайской породы литовская тяжёлоупряжная, что вызвано менее широким использованием жеребцов этой породы (19 голов), по сравнению с жеребцами русской тяжеловозной (57 голов) при создании новоалтайской породы [22], а также отказом от прилития их крови при дальнейшем совершенствовании новой породы в виду низких приспособительных качеств к суровым условиям экстенсивного содержания на территории Западной Сибири. Наибольшей генетической дивергенцией, по отношению к новоалтайской породе, отличаются группы лошадей орловской рысистой и будённовской пород. Объяснением этому факту служит то, что жеребцов этих пород использовали в соответствии с планом породного районирования в качестве улучшателей местных лошадей Алтая, но непосредственно в создании новоалтайской породы не задействовали.



Дендрограмма генетических дистанций между лошадьми новоалтайской породы и породами, участвовавшими в её создании.

Близкие к нашим результатам были получены другими исследователями [23], выявившими по полиморфным системам крови, что новоалтайская порода имеет наиболее высокую степень генетического сходства с русской тяжеловозной породой (0,970).

Л. А. Храброва и Н. В. Блохина [24] в результате сравнительной оценки аллелофонда новоалтайской лошади с породами, участвовавшими в её создании, по 17 локусам микросателлитов ДНК, как и мы, установили, что новоалтайская порода обладает более широким спектром аллелей и уровнем полиморфности, а также характеризуется наиболее высокими показателями генетического сходства с алтайской лошадью (0,879) и русским тяжеловозом (0,876). При этом между результатами исследований имеются расхождения по всем основным генетико-популяционным характеристикам, рассчитанным для анализируемых пород (табл. 4).

Результаты сравнения данных различных авторов наглядно демонстрируют минимальное расхождение по уровню наблюдаемой гетерозиготности для лошадей русской тяжеловозной породы (0,30 %). Близкое к этому значение получено по уровню ожидаемой гетерозиготности у новоалтайской породы (0,40 %). Наиболее высокой расхождение зафиксировано по общему числу аллелей, идентифицированных в 17 локусах, у лошадей литовской тяжёлоупряжной породы (30,10 %). Кроме того, в этой породе отмечены наибольшие различия по всем остальным параметрам, за исключением среднего числа аллелей на один локус. Во многом это объясняется тем, что сопоставляемые исследования проводили на животных территориально разобщённых популяций и в разные временные периоды с промежутком около 20 лет. Кроме этого, R. Juras, E. G. Cothran изучали генетическую характеристику литовской тяжёлоупряжной породы на малом количестве лошадей и по 15, а не по 17 микросателлитным локусам ДНК.

Табл. 4. Генетико-популяционные параметры пород лошадей по микросателлитам ДНК, полученные разными авторами

Параметр	Коллектив авторов	Новоалтайская порода	Алтайская порода	Тяжеловозные породы		
				русская	советская	литовская
n	I*	-	-	-	-	24
	II	98	29	71	51	-
	III	363	39	617	288	159
Na	I	-	-	-	-	103
	II	146	126	121	121	-
	III	154	134	138	129	134
Расхождение, %		5,48	6,35	14,05	6,61	30,10
Nv	I	-	-	-	-	7,250
	II	8,590	7,410	7,120	7,120	-
	III	9,294	7,882	8,118	7,588	7,882
Расхождение, %		8,20	6,37	14,02	6,57	8,72
Ac	I	-	-	-	-	4,725
	II	4,780	4,447	3,753	4,001	-
	III	4,909	4,750	3,667	3,871	3,960
Расхождение, %		2,70	6,81	2,29	3,36	19,32
He	I	-	-	-	-	0,795
	II	0,753	0,745	0,705	0,720	-
	III	0,756	0,759	0,689	0,697	0,724
Расхождение, %		0,40	1,88	2,32	3,30	9,81
Ho	I	-	-	-	-	0,792
	II	0,773	0,749	0,676	0,723	-
	III	0,754	0,772	0,674	0,694	0,728
Расхождение, %		2,52	3,07	0,30	4,18	8,79
Fis	II	-0,026	-0,004	0,036	-0,003	-
	III	0,005	-0,020	0,015	0,004	-0,004

*I – R. Juras, E. G. Cothran (2004) [25]; II – Л. А. Храброва, Н. В. Блохина (2019) [24]; III – А. В. Дубровин, Н. В. Блохина, А. В. Борисова (2024).

Выводы. Новоалтайская порода лошадей обладает самобытной генетической структурой, присущим ей аллелофондом и характеризуется высоким уровнем генетического разнообразия ($A_e=4,909$). Результаты филогенетического анализа продемонстрировали высокий уровень генетического сходства лошадей новоалтайской породы с русской тяжеловозной (0,903) и алтайской (0,899) породами и наибольшую отдалённость от будённовской (0,709) породы. Полученные данные обладают высокой значимостью для планирования селекционной работы с новоалтайской породой лошадей, направленной на дальнейшее её совершенствование, с вариантами реализации как методом чистопородного, так и межпородного разведения с прилитием крови родственных пород.

ФИНАНСИРОВАНИЕ РАБОТЫ.

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

СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ.

Протокол исследований на животных одобрен Комиссией по контролю за содержанием и использованием экспериментальных животных (Комиссией по биоэтике) Всероссийского научно-исследовательского института коневодства (номер протокола: 2023/12/15).

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ.

Авторы данной работы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

Литература.

- Хатамов А. У., Женихова Н. И. Ветеринарно-санитарная экспертиза конины // Молодёжь и на-

- ука. 2021. № 3. URL: <https://www.elibrary.ru/item.asp?id=46358321> (дата обращения: 15.01.2024)
2. Зеленченкова А. А. Мясная продуктивность лошадей бакирской породы, выращенных в условиях наст-бищного содержания тверской области // Коневодство и конный спорт. 2016. № 2. С. 30–32.
3. Stanislawczyk R., Rudy M., Gil M. Quality characteristics of horse meat as influence by the age of horse // International Journal of Food Properties. 2020. Vol. 23. No. 1. P. 864–877. doi: 10.1080/10942912.2020.1764579.
4. Никонова А. И. Генеалогическая структура и методы разведения новоалтайской породы // Коневодство и конный спорт. 2012. № 4. С. 4–7.
5. Дубровин А. В., Гавриличева И. С. Генетическая характеристика линий новоалтайской породы лошадей // Коневодство и конный спорт. 2023. № 5. С. 23–25. doi: 10.25727/HS.2023.5.60152.
6. Genetic structure and genome-wide association study of the traditional Kazakh horses / A. Pozharskiy, A. Abdrakhmanova, I. Beishova, et al. // Animal. 2023. Vol. 17. No. 9. P. 100926. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1751731123002239?via%3Dihub> (дата обращения: 15.01.2024). doi: 10.1016/j.animal.2023.100926.
7. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics / A. Vignal, D. Milan, M. SanCristobal, et al. // Genetics Selection Evolution. 2002. No. 34. P. 275–305. doi: 10.1051/gse:2002009.
8. The Genetic Diversity of Horse Native Breeds in Russia. / M. Atroshchenko, N. Dementieva, Y. Shcherbakov, et al. // Genes. 2023. Vol. 14. No. 12. P. 2148. URL: <https://www.mdpi.com/2073-4425/14/12/2148> (дата обращения: 15.01.2024). doi:10.3390/genes14122148.
9. ДНК маркеры и «микросателлитный код» / В. И. Глазко, Г.Ю Косовский, Т. Т. Глазко и др. // Сельскохозяйственная биология. 2023. Т. 58. № 2. С. 223–248. doi: 10.15389/agrobiolgy.2023.2.223rus.
10. Генетическая характеристика лошадей тракененской породы с использованием данных полиморфизма микросателлитных локусов ДНК / А. Н. Рудак, А. И. Герман, Ю. И. Герман и др. // Актуальные проблемы интенсивного развития животноводства. 2022. № 25–1. С. 23–30.
11. Вдовина Н. В., Юрьева И. Б. Мониторинг генетической структуры мезенской породы лошадей по микросателлитам ДНК // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2021. Т. 25. № 2. С. 202–207.
12. Калашикова Л. А., Новиков А. А., Семак М. С. Развитие генетической экспертизы племенной продукции в животноводстве // Зоотехния. 2022. № 11. С. 25–28.
13. Додохов В. В., Павлова Н. И., Калашикова Л. А. Полиморфизм микросателлитных локусов ДНК у оленей чукотской породы // Аграрный научный журнал. 2020. № 9. С. 49–53. doi: 10.28983/asj.y2020i9pp49-53.
14. Галинская Т. В., Щепетов Д. М., Лысенков С. Н. Предубеждения о микросателлитных исследованиях и как им противостоять // Генетика. 2019. Т. 55. № 6. С. 617–632. doi: 10.1134/S0016675819060043.
15. Зайцева М. А. Особенности полиморфизма сателлитной ДНК у лошадей заводских и местных пород // Вестник Рязанского государственного агро-технологического университета им. П. А. Костычева. 2011. № 2 (10). С. 9–12.
16. Why and how to switch to genomic selection: lessons from plant and animal breeding experience / A. Fugerey-Scarbel, C. Bastien, M. Dupont-Nivet, et al. // Frontiers in Genetics. 2021. Vol. 12. doi:10.3389/fgene.2021.629737. URL: <https://www.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2021.629737/full> (дата обращения: 25.01.2024).
17. Оценка генетического разнообразия в популяциях тувинских лошадей по локусам систем крови и микросателлитным ДНК / Р. Б. Чысыма, Л. А. Храброва, А. М. Зайцев и др. // Сельскохозяйственная биология. 2017. Т. 52. № 4. С. 679–685. doi: 10.15389/agrobiolgy.2017.4.679rus.
18. Калинкова Л. В., Зайцев А. М., Иванов Р. В. Генетическая структура локальной популяции лошадей якутской породы по генам MC1R, ASIP, DMRT3 и MSTN // Сельскохозяйственная биология. 2022. Т. 57. № 2. С. 272–282. doi: 10.15389/agrobiolgy.2022.2.272rus.
19. Генетическое разнообразие мезенской породы лошадей (Equus Ferus Caballus) по микросателлитной ДНК / И. Б. Юрьева, Г. Р. Свищёва, Н. В. Вдовина и др. // Генетика. 2018. Т. 54. № 13. с 64–69. doi: 10.1134/S0016675818130210.
20. Genetic Characterization of Mangalarga Marchador Breed Horses Based on Microsatellite Molecular Markers / M. M. Baena, S. Diaz, R. S. Moura, et al. // J. Equine Vet Sci. 2020. Vol. 95. P. 103231. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0737080620303221?via%3Dihub>. (дата обращения: 25.01.2024). doi: 10.1016/j.jevs.2020.103231.
21. Анализ ассоциаций полиморфных вариантов генов MSTN, CAST, PRLR с хозяйственно-полезными качествами лошадей вятской породы / Н. Ф. Белоусова, С. П. Басс, С. А. Зиновьева и др. // Международный вестник ветеринарии. 2023. № 1. С. 234–247. doi: 10.52419/issn2072-2419.2023.1.234.
22. Никонова А. И. Новая порода лошадей // Коневодство и конный спорт. 2000. № 6. С. 6–8.
23. Блохина Н. В., Царёва М. А. Анализ генетической структуры новоалтайской породы лошадей с учётом аллелофонда базовых пород // АгроЗооТехника. 2019. Т. 2. № 2. С. 4–12. doi: 10.15838/alt.2019.2.2.4.
24. Храброва Л. А., Блохина Н. В. Сравнительная оценка аллелофонда новоалтайской лошади с породами, участвовавшими в её создании // Коневодство и конный спорт. 2019. № 4. С. 20–22. doi: 10.25727/HS.2019.4.34285.
25. Juras R., Cothran E. G. Microsatellites in Lithuanian native horse breeds: Usefulness for parentage testing // Biologija. 2004. No. 4. P. 6–9.

Поступила в редакцию 01.03.2024
После доработки 24.03.2024
Принята к публикации 09.04.2024