

## Молекулярная генетика

Рубрика

doi: 10.31043/2410-2733-2018-1-3-10

УДК 636.2.034

В. В. Волкова<sup>1</sup>, Т. Е. Денискова<sup>1</sup>, О. В. Костюнина<sup>1</sup>, Х. А. Амерханов<sup>2</sup>, Т. И. Добрынина<sup>3</sup>, Н. А. Зиновьева<sup>1</sup>

## Характеристика аллелофонда локальных пород крупного рогатого скота России по микросателлитным маркерам

**Аннотация.** Локальные породы крупного рогатого скота являются источником ценных генов и важной частью культурного наследия регионов их выведения, поэтому необходимо принимать меры по устойчивому управлению этими генетическими ресурсами. В связи с этим, цель нашей работы — это характеристика современного аллелофонда, оценка уровня генетического разнообразия и изучение генетических взаимосвязей популяций девяти отечественных аборигенных и локально-созданных пород крупного рогатого скота ( $n = 835$ ), в том числе: бестужевская (BEST), калмыцкая (KALM), костромская (KOST), красная горбатовская (RGBT), суксунская (SUKS), холмогорская (HOLM), ярославская (YARS), якутская (YAKT) и тагильская (TAGL). Полиморфизм 10 микросателлитных локусов изучался на генетическом анализаторе ABI3130xl. Эффективное число аллелей варьировало от 4,56 в TAGL до 2,78 аллелей у YAKT, в то время как число информативных аллелей было ранжировано от 3,50 в YAKT до 5,30 аллелей в KALM. У 8 из 9 пород уровень наблюдаемой гетерозиготности превышал 0,66. Попарные значения  $F_{st}$  между локальными породами скота характеризовали незначительную (от 0,023 до 0,045) или умеренную (от 0,050 до 0,106) генетическую дифференциацию. YAKT была наиболее обособленной ( $DN$ : от 0,315 до 0,518;  $F_{st}$  от 0,70 до 0,106). Пары RGBT и SUKS ( $F_{st} = 0,026$ ), KALM и BEST ( $F_{st} = 0,023$ ), а также TAGL и BEST ( $F_{st} = 0,022$ ) занимали соседствующие позиции на PCoA плоте. Анализ AMOVA показал, что 89% генетической изменчивости приходилось на внутригрупповую изменчивость, в то время как 11% изменчивости составляли межгрупповые различия. Таким образом, проведенные исследования дают наиболее полные сведения о состоянии аллелофонда, генетическом разнообразии и дифференциации девяти локальных отечественных пород крупного рогатого скота.

**Ключевые слова:** крупный рогатый скот, локальные породы, микросателлитные локусы, гетерозиготность, генетическое разнообразие, аллелофонд, генетическое разнообразие.

**Авторы:**

Волкова В. В. — кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, e-mail: moonlit\_elf@mail.ru;

Денискова Т. Е. — кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, e-mail: horarka@yandex.ru;

Костюнина О. В. — доктор биологических наук, руководитель лаборатории, e-mail: kostolan@yandex.ru;

Амерханов Х. А. — доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик РАН; e-mail: m.b.cattle@rgau-msha.ru;

Добрынина Т. И. — директор СПК имени Шорохова, 617855, e-mail: spk921@yandex.ru;

Зиновьева Н. А. — доктор биологических наук, профессор, академик РАН, e-mail: n\_zinovieva@mail.ru.

<sup>1</sup> Федеральный научный центр животноводства — ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста, 142132, Московская область, Городской округ Подольск, поселок Дубровицы, д. 60;

<sup>2</sup> Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Российский государственный аграрный университет — МСХА имени К.А. Тимирязева», 127550, г. Москва, Тимирязевская ул., 49;

<sup>3</sup> СПК имени Шорохова, 617855, Пермский край, Октябрьский район, село Тюинск, Молодежная ул., дом 5.

**Введение.** Основной задачей агропромышленного комплекса является интенсификация его отраслей, в том числе животноводства, которая достигается прежде всего за счет увеличения продуктивности сельскохозяйственных животных и преимущественного разведения индустриаль-

ных пород скота (голштинская, симментальская и т.д.). Внедрение новых достижений генетики в селекционный процесс позволяет проводить эффективный отбор и закрепление желательных фенотипов в более ранние сроки. Вместе с тем, усиленная интенсификация животноводства имеет

и определенные негативные последствия, а именно приводит к драматическому снижению генетического разнообразия популяций. Это происходит в первую очередь из-за однотипности отбираемых животных и использования ограниченного числа производителей, что часто приводит к неизбежному повышению инбридинга. Кроме того, усиление селекционного давления вынуждает фермеров отдавать предпочтение популярным индустриальным породам перед локальными традиционными группами скота [1]. В условиях стабильного развития мирового животноводства, в том числе наличия прочной кормовой базы и стабильного технологического процесса, перечисленные негативные последствия могут быть частично преодолены за счет перспективных селекционных подходов. Однако в условиях резко меняющегося климата и нестабильного геополитического мирового положения современные системы производства продукции животноводства становятся уязвимыми, а высокопродуктивные животные не всегда отвечают требованиям новых условий кормления и содержания [1,2]. В этой связи возрастает значимость локальных пород, приспособленных к разведению в определенных районах и в большинстве случаев характеризующихся высокой жизнеспособностью и устойчивостью к некоторым инфекционным и инвазионным заболеваниям.

За многолетнюю историю культурного скотоводства в России были утверждены уникальные породы крупного рогатого скота, полученные различными методами [3]. Наиболее известной породой является холмогорская, выведенная на заливных лугах Старой Двины и в последующем широко используемая для улучшения местного беспородного скота во многих регионах страны. В XIX веке на основе длительного отбора и разведения лучших представителей местного отродья великорусского скота «в себе» была получена ярославская порода [4]. Скрещивание местного скота с холмогорской и голландской породами в XIX веке на Среднем Урале привело к формированию тагильской породы. Бестужевская порода была создана путем сложного воспроизводительного скрещивания с прилитием крови шортгорнов, голландского, тирольского и вильстермаршского скота, а также симменталов и холмогоров. При формировании красных и бурых пород России использовались: для красной горбатовской — тирольский скот, для суксунской — красная датская и для костромской — бурая швицкая породы. Современные якутская и калмыцкая породы, первоначально созданные на Северо-Востоке Китая (Джунгария), в Западной Монголии и на Южном Алтае, выведены путем народной селекции по отбору наиболее приспособленных к суровому

климату животных [4]. Помимо наличия ценных аллелей и высоких адаптационных качеств, каждая порода представляет собой важный элемент культурных традиций и истории регионов [3].

**Цель и методика исследований.** Локальные породы могут служить ценными источниками генов и имеют безусловную ценность для удовлетворения нынешних и будущих целей разведения [2], поэтому важно принимать меры, способствующие устойчивому управлению этими генетическими ресурсами.

В связи с этим, целью нашей работы стали характеристика современного аллелофонда, оценка уровня генетического разнообразия, а также изучение генетических взаимосвязей популяций бестужевской, калмыцкой, костромской, красной горбатовской, суксунской, холмогорской, ярославской, якутской и тагильской пород крупного рогатого скота с использованием микросателлитных маркеров.

Работа была выполнена на базе лаборатории молекулярных основ селекции отдела биотехнологии и молекулярной диагностики животных ФГБНУ ФНЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста в 2016–2017 гг. Выборка включала 835 голов крупного рогатого скота девяти пород, в том числе: бестужевская (BEST,  $n=43$ ), калмыцкая (KALM,  $n=61$ ), костромская (KOST,  $n=25$ ), красная горбатовская (RGBT,  $n=109$ ), суксунская (SUKS,  $n=92$ ), холмогорская (HOLM,  $n=69$ ), ярославская (YARS,  $n=77$ ), якутская (YAKT,  $n=278$ ) и тагильская (TAGL,  $n=81$ ).

Образцы тканей (фрагмент уха, кровь) получены из ДНК-банка проб ФГБНУ ФНЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста. Геномная ДНК была выделена с помощью наборов «ДНК-Экстрен 2» и «S-Corb» (ЗАО «Синтол», Россия) согласно протоколу производителя. В качестве ДНК-маркеров была использована мультиплексная панель из 11 микросателлитных локусов, а именно: TGLA227, BM2113, ETH10, SPS115, TGLA122, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH225, BM1824. Данная панель рекомендована Международным обществом по генетике животных (ISAG) для проведения популяционно-генетических исследований крупного рогатого скота. ПЦР-амплификация осуществлялась на термоциклере Eppendorf Mastercycler AG 22331 («Eppendorf», Германия). Вариативность микросателлитов изучали с помощью генетического анализатора ABI3130xl Genetic Analyzer («Applied Biosystems», Life technologies, США). Исходные данные о длине аллелей были получены в программном обеспечении Gene Mapper v. 4 («Applied Biosystems», «Life technologies», США). Статистическую обработку полученных результатов проводили в программе GenAIEx 6.503 [4],

с помощью которой были рассчитаны такие показатели, как среднее число аллелей на локус ( $N_a$ ), эффективное число аллелей ( $N_e$ ), число информативных аллелей или аллелей с частотой встречаемости более 5% ( $N_{a \geq 5\%}$ ), ожидаемая ( $H_e$ ) и наблюдаемая ( $H_o$ ) гетерозиготность, коэффициент инбридинга ( $F_{IS}$ ). С целью установления источника изменчивости между группами крупного рогатого скота проводили анализ молекулярной дисперсии (AMOVA).

Степень генетической дифференциации между породами крупного рогатого скота оценивали по показателю  $F_{ST}$  и значениям генетических дистанций по М. Нею ( $D_N$ ) [6] при парном сравнении. Значения  $F_{ST}$  визуализировали посредством анализа главных координат (Principal Coordinates Analysis, PCoA) в программе GenAIEx 6.503. Генетические связи между изучаемыми популяциями были визуализированы с помощью сетей Neighbour Net на основе матрицы генетических дистанций  $D_N$  в программе SplitsTree 4.14.5 [7].

Кластерный анализ был проведен в программе Structure 2.3.4 [8] с наиболее вероятным числом популяций  $k$  от 2 до 9 и без введения предварительной информации о принадлежности к породе.

**Результаты исследований.** В таблице 1 представлены основные статистические показатели, которые позволяют оценить состояние аллелофонда и уровень генетического разнообразия изучаемых популяций крупного рогатого скота.

Группа KOST характеризовалась наименьшим числом аллелей в расчете на 1 локус, в то время как наибольшее число аллелей на локус было вычислено в группе TAGL. Примечательно, что группы YAKT и RGBT, представленные самыми

многочисленными выборками в нашем исследовании, не были лидерами по числу аллелей на локус. Эффективное число аллелей варьировало от 4,56 в тагильской до 2,78 аллелей у якутской пород крупного рогатого скота. В свою очередь, максимальное и минимальное число информативных аллелей было идентифицировано в группах KALM и YAKT (5,30 и 3,50 аллелей на локус, соответственно).

При анализе параметров генетического разнообразия было показано, что у всех пород, за исключением якутской, уровень наблюдаемой гетерозиготности превышал 0,66. Для группы YAKT был детектирован минимум по данному показателю ( $H_o=0,53$ ), в то время как максимальные значения были определены для групп KOST и TAGL ( $H_o=0,71$ ).

Рассматривая значения индекса фиксации, не было отмечено критических отклонений от генетического равновесия Харди-Вайнберга в изучаемых популяциях крупного рогатого скота. Так в восьми из девяти групп животных наблюдался незначительный недостаток гетерозигот — от 1% у RGBT до 5% у YAKT, что подтверждалось положительными величинами индекса фиксации — от  $F_{IS}=0,003$  до  $F_{IS}=0,069$  для RGBT и YAKT, соответственно. Только в группе KOST было выявлено небольшое превышение числа гетерозигот над гомозиготами (1%;  $F_{IS}=-0,018$ ).

Анализ молекулярной дисперсии показал, что 89% генетической изменчивости приходилось на внутригрупповую изменчивость, в то время как 11% изменчивости составляли межгрупповые различия ( $p<0.001$ ).

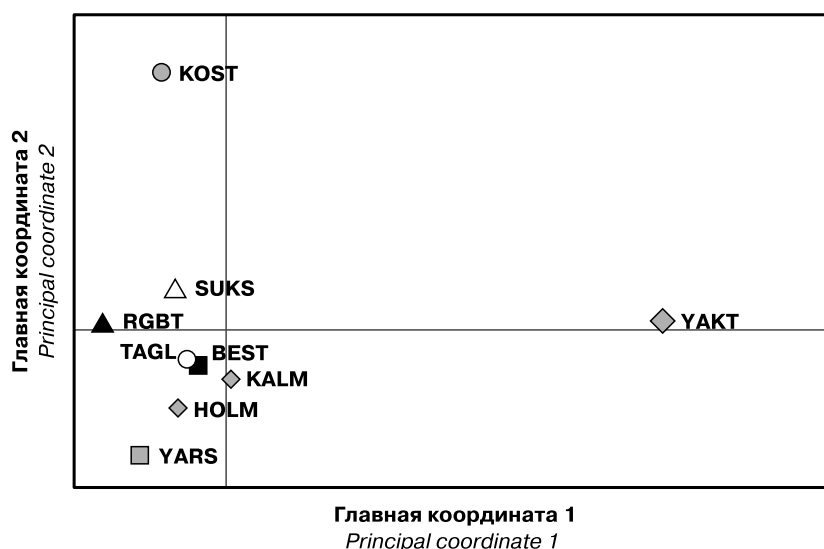
**Таблица 1. Характеристика аллелофонда и генетического разнообразия девяти локальных отечественных пород крупного рогатого скота**

| Порода <i>Breed</i> | n   | $N_a$     | $N_e$     | $N_{a \geq 5\%}$ | $H_o$     | $H_e$     | $F_{IS}$ |
|---------------------|-----|-----------|-----------|------------------|-----------|-----------|----------|
| BEST                | 43  | 6,50±0,58 | 3,39±0,34 | 3,90±0,41        | 0,66±0,05 | 0,68±0,03 | 0,039    |
| KALM                | 61  | 7,90±0,90 | 4,40±0,59 | 5,30±0,45        | 0,70±0,05 | 0,74±0,03 | 0,051    |
| KOST                | 25  | 6,10±0,53 | 3,69±0,41 | 4,40±0,50        | 0,71±0,03 | 0,70±0,04 | -0,018   |
| RGBT                | 109 | 6,60±0,64 | 3,58±0,35 | 4,20±0,44        | 0,69±0,04 | 0,70±0,03 | 0,003    |
| SUKS                | 92  | 6,50±0,40 | 4,03±0,36 | 4,40±0,43        | 0,69±0,05 | 0,73±0,02 | 0,063    |
| HOLM                | 69  | 7,80±1,27 | 4,03±0,58 | 4,80±0,47        | 0,70±0,04 | 0,72±0,03 | 0,020    |
| YARS                | 77  | 7,00±0,56 | 3,66±0,31 | 4,20±0,42        | 0,66±0,04 | 0,70±0,03 | 0,050    |
| YAKT                | 278 | 7,40±1,08 | 2,78±0,39 | 3,50±0,37        | 0,53±0,04 | 0,58±0,05 | 0,069    |
| TAGL                | 81  | 8,20±0,87 | 4,56±0,68 | 5,10±0,50        | 0,71±0,04 | 0,74±0,04 | 0,031    |

\* n — количество голов в выборке;  $N_a$  — среднее число аллелей на локус;  $N_e$  — эффективное число аллелей на локус;  $N_{a \geq 5\%}$  — число информативных аллелей, т.е. встречающиеся с частотой от 5% и выше;  $H_o$  — наблюдаемая гетерозиготность;  $H_e$  — ожидаемая гетерозиготность;  $F_{IS}$  — индекс фиксации. Аббревиатура пород крупного рогатого скота приведена в разделе «Цель и методика исследований».

В таблице 2 представлены параметры, характеризующие степень дифференциации между изучаемыми популяциями крупного рогатого скота и рассчитанные для каждой пары групп, а именно: генетические дистанции  $D_N$  и значения  $F_{st}$ .

Согласно классификации, предложенной D. L. Hartl и A. G. Clark [9], значения  $F_{st}$  менее 0,05 свидетельствуют о незначительной, от 0,05–0,15 — об умеренной, 0,15–0,25 — о значительной генетической дифференциации. Большинство значений  $F_{st}$  между изучаемыми выборками российских локальных пород характеризовали незначительную (от 0,023 до 0,045) или умеренную (от 0,050 до 0,106) генетическую дифференциацию.



**Рис. 1.** Генетическая дифференциация девяти отечественных локальных пород крупного рогатого скота в пространстве первых двух главных координат, рассчитанных по показателю  $F_{st}$ , на основании PCoA-анализа при парном сравнении для 10 локусов микросателлитов. Аббревиатура пород крупного рогатого скота приведена в разделе «Цель и методика исследований»

Визуализация значений  $F_{st}$  (рис. 1) дает более наглядное представление о генетической дифференциации изучаемых групп пород крупного рогатого скота в пространстве двух главных координат. Так, было установлено, что группа YAKT характеризовалась наибольшей степенью генетической удаленности от остальных пород крупного рогатого скота. Так, минимальная дифференциация группы YAKT наблюдалась с группой KALM ( $F_{st}=0,70$ ), а максимальная — с группами KOST и RGBT ( $F_{st}=0,106$ ). На рисунке 1 заметно, что группы KALM и YAKT отделены от семи локальных пород по первой главной координате. При этом группа KOST демонстрирует умеренную дифференциацию с остальными породами, что находит отражение в пространстве

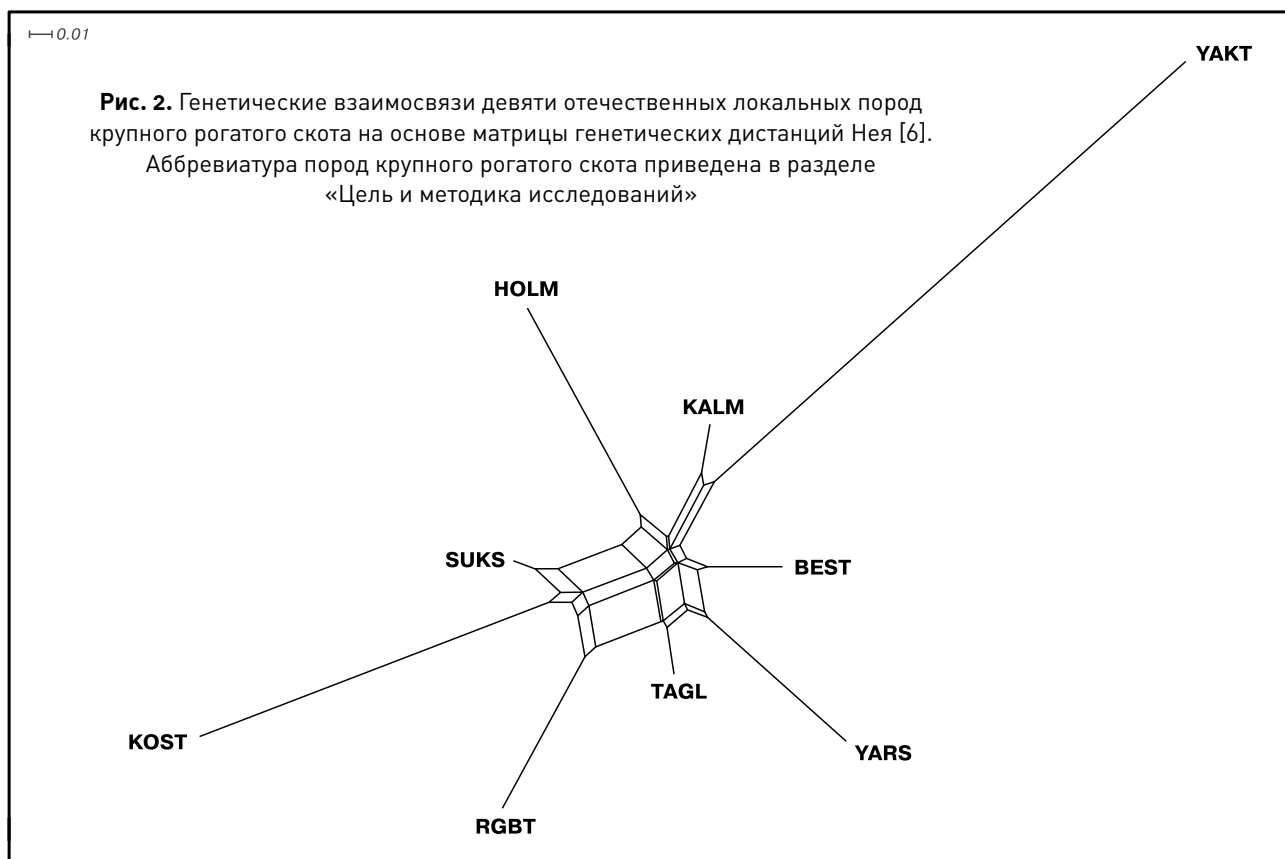
двух координат. Пары групп RGBT и SUKS ( $F_{st}=0,026$ ), KALM и BEST ( $F_{st}=0,023$ ), а также TAGL и BEST ( $F_{st}=0,022$ ) занимали соседствующие позиции на PCoA-плоте. При этом последняя пара показывает определенное родство к группе HOLM ( $F_{st}=0,036$  между BEST и HOLM;  $F_{st}=0,031$  между TAGL и HOLM).

На графике Neighbour Net (рис. 2) продемонстрированы генетические взаимосвязи изучаемых пород крупного рогатого скота. В первую очередь следует отметить, что якутская и калмыцкая породы четко выделяются в отдельный кластер. При этом YAKT формирует длинную ветвь, что говорит о ее генетической обособленности от других пород:  $D_N$  от 0,353 до

**Таблица 2.** Генетическая дифференциация между девятью локальными породами крупного рогатого скота

| Порода <i>Breed</i> | BEST  | KALM  | KOST  | RGBT  | SUKS  | HOLM  | YARS  | YAKT  | TAGL  |
|---------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| BEST                | 0,000 | 0,120 | 0,265 | 0,180 | 0,145 | 0,189 | 0,143 | 0,367 | 0,118 |
| KALM                | 0,023 | 0,000 | 0,299 | 0,200 | 0,152 | 0,171 | 0,151 | 0,315 | 0,128 |
| KOST                | 0,050 | 0,050 | 0,000 | 0,281 | 0,204 | 0,375 | 0,392 | 0,517 | 0,260 |
| RGBT                | 0,035 | 0,034 | 0,051 | 0,000 | 0,143 | 0,253 | 0,210 | 0,518 | 0,152 |
| SUKS                | 0,027 | 0,025 | 0,036 | 0,026 | 0,000 | 0,172 | 0,203 | 0,383 | 0,112 |
| HOLM                | 0,036 | 0,029 | 0,062 | 0,043 | 0,029 | 0,000 | 0,220 | 0,456 | 0,188 |
| YARS                | 0,029 | 0,026 | 0,066 | 0,037 | 0,035 | 0,038 | 0,000 | 0,466 | 0,125 |
| YAKT                | 0,081 | 0,070 | 0,106 | 0,106 | 0,082 | 0,093 | 0,099 | 0,000 | 0,353 |
| TAGL                | 0,022 | 0,021 | 0,045 | 0,026 | 0,018 | 0,031 | 0,022 | 0,078 | 0,000 |

\* над диагональю указаны генетические дистанции  $D_N$ , под диагональю — значения индекса  $F_{st}$  при парном сравнении; аббревиатура пород крупного рогатого скота приведена в разделе «Цель и методика исследований».

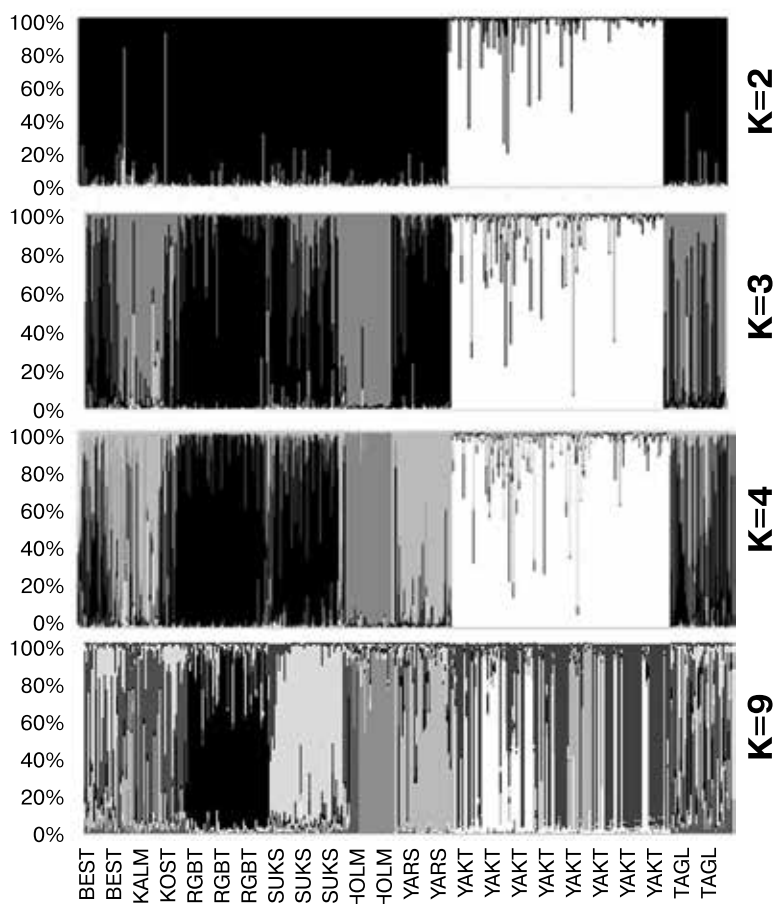


0,518 (табл. 2). Даже с наиболее близкорасположенной ветвью, представленной калмыцкой породой, YAKT имеет довольно значительное значение  $D_N$  (0,315). Среди пород, формирующих второй кластер, KOST, HOLM, YARS и RGBT образуют значительно более длинные ветви, чем SUKS, TAGL и BEST.

На рисунке 3 продемонстрированы результаты анализа структуры популяций девяти локальных пород крупного рогатого скота для наиболее вероятного числа групп  $k=2-4$  и 9. При  $k=2$  группа YAKT четко формирует высоко консолидированный кластер, который начинает расщепляться при  $k=9$ . В отношении остальных пород можно отметить, что YARS, HOLM, SUKS и RGBT показывают более высокую принадлежность к своей популяции, чем TAGL, BEST, KOST и KALM.

Уникальный генофонд аборигенных и локально-полученных пород России привлекал внимание отечественных [10,

11] и зарубежных исследователей [12, 13, 14]. Тем не менее в нашей работе представлен наиболее полный породный состав локально-полученного



**Рис. 3.** Структура популяций девяти локальных пород крупного рогатого скота. Аббревиатура пород крупного рогатого скота приведена в разделе «Цель и методика исследований»

и аборигенного крупного рогатого скота России, что позволило нам более подробно провести анализ взаимоотношений изучаемых групп скота по микросателлитным локусам.

Выявленная нами генетическая отдаленность якутского скота в сочетании с низкой гетерозитностью согласовалась с данными генотипирования как по микросателлитным [12], так и по множественным SNP-маркерам на основе чипов Illumina BovineSNP50 [13,14], что объясняется географической изоляцией региона разведения и принадлежностью к Турано-Монгольским породам [15]. Обособленная, вероятно, вследствие своего азиатского происхождения [3] (рис.2), порода KALM была генетически близка к BEST (табл.2, рис.1), что, скорее всего, можно объяснить наличием «мясной» составляющей продуктивности обеих групп по сравнению с остальными молочными породами, что также было отмечено по результатам генотипирования с помощью ДНК-чипа [14]. Тагильская порода в настоящее время представлена небольшой численностью (1 племенное хозяйство) и меньшим распространением по сравнению с другими породами, поэтому ее генетические исследования незначительно представлены в научной литературе. Соседствующее положение TAGL с породами красного генетического корня, а именно: SUKS, RGBT и BEST

(рис. 1 и 2), вероятно, ассоциировано с наличием у тагильской породы красной масти. Сходная тенденция расположения TAGL между породами черно-пестрой и красной мастей была обнаружена и по SNP-маркерам [14]. Кроме того, на рис. 2 продемонстрирован генетический вклад холмогорской породы в формирование TAGL и BEST [4]. Относительная обособленность костромской породы, вероятно, обусловлена отсутствием других бурых родственных пород в изучаемой выборке. Группы YARS и HOLM формировали длинные «ветви» на филогенетической сети пород (рис. 2), что, возможно, отражает историю их создания на основе улучшения местного скота [3].

**Выводы. Рекомендации.** Таким образом, проведенные нами исследования представляют собой наиболее полные сведения о состоянии аллелофонда, генетическом разнообразии и дифференциации девяти локальных отечественных пород крупного рогатого скота. Выявленный характер генетических связей между локальными породами скота с использованием десяти микросателлитных маркеров в целом соответствует данным генотипирования на основе ДНК-чипов средней плотности, что позволяет сделать вывод о все еще высокой актуальности применения микросателлитных маркеров для популяционно-генетических исследований домашнего скота.

*Благодарим Департамент животноводства и племенного дела Министерства сельского хозяйства Российской Федерации за помощь в получении образцов локальных пород скота.*

*Настоящая работа была проведена в рамках выполнения задания Федерального агентства научных организаций (ФАНО) № ГЗ АААА-А18-118021590138-1 в 2018 году.*

## Литература

1. Taberlet P. Are cattle, sheep, and goats endangered species? / P. Taberlet, A. Valentini, H. R. Rezaei, Naderi S., F. Pompanon, R. Negrini, P. Ajmone-Marsan // Molecular Ecology. — 2008. — №.17 (1). — P. 275–84.
2. Medugorac I. Genetic diversity of European cattle breeds highlights the conservation value of traditional unselected breeds with high effective population size / I. Medugorac, A. Medugorac, I. Russ, C. E. Veit-Kensch, P. Taberlet, B. Luntz, H. M. Mix, M. Fürster // Molecular Ecology. — 2009. — № 18. — P. 3394–3410.
3. Эрнст Л. К., Дмитриев Н. Г., Паронян И. А. (Ред.) Генетические ресурсы сельскохозяйственных животных в России и сопредельных странах. СПб.: Изд-во ВНИИГРЖ, 1994.
4. Дунин И. М., Данкверт А. Г. (Ред.). Справочник пород и типов сельскохозяйственных животных, разводимых в Российской Федерации. М.: ВНИИплем, 2013.
5. Peakall R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update / R. Peakall, P. E. Smouse // Bioinformatics. — 2012. — № 28. — P. 2537–2539.
6. Nei M. Genetic distance between populations / M. Nei // American Naturalist. — 1972. — № 106. — P. 283–392.
7. Huson D. H. Application of Phylogenetic Networks in Evolutionary Studies / D. H. Huson, D. Bryant // Molecular Biology and Evolution. — 2006. — № 23 (2). — P. 254–267.
8. Prichard J. K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J. K. Prichard, M. Stephens, P. Donnelly // Genetics. — 2000. — № 155. — P. 945–959.

9. Hartl D. L., Clark A. G. Principles of population genetics, United Kingdom: Sunderland, 1997.
10. Калашникова Л. А. Генетическая характеристика крупного рогатого скота с использованием микросателлитов / Л. А. Калашникова, Я. А. Хабибрахманова, Т. Б. Ганченкова, И. Ю. Павлова, В. Л. Ялуга // Зоотехния. — 2016. — № 2. — С. 9–11.
11. Волкова В. В. Генетическая характеристика красной горбатовской и суксунской пород крупного рогатого скота по микросателлитным маркерам / В. В. Волкова, Т. Е. Денискова, О. С. Романенкова, О. В. Костюнина, Н. П. Сутина, Н. А. Зиновьева // Молочное и мясное скотоводство. — 2017. — № 6. — С. 6–8.
12. Li M.-H. Genetic structure of Eurasian cattle (*Bos taurus*) based on microsatellites: clarification for their breed classification / M.-H. Li, J. Kantanen // Animal Genetics. — 2009. — № 41. — P. 150–158.
13. Iso-Touru T. Genetic diversity and genomic signatures of selection among cattle breeds from Siberia, eastern and northern Europe / T. Iso-Touru, M. Tapio, J. Vilkkilä, T. Kiseleva, I. Ammosov, Z. Ivanova, R. Popov, M. Ozerov, J. Kantanen // Animal Genetics. — 2016. — № 47. — P. 647–657.
14. Yurchenko A. Genome-wide genotyping uncovers genetic profiles and history of the Russian cattle breeds / A. Yurchenko, N. Yudin, R. Aitnazarov, A. Plyusnina, V. Brukhin, V. Soloshenko, B. Lhasaranov, R. Popov, I. A. Paronyan, K. V. Pemyashov, D. M. Larkin // Heredity. — 2018. — № 120. — P. 125–137.
15. Buchanan D. S., Lenstra J. A. Breeds of Cattle. In: D. J. Garrick, A. Ruvinsky (Eds.), Genetics of Cattle. Iowa: Iowa State University, 2015.

Volkova V. V.<sup>1</sup>, Deniskova T. E.<sup>1</sup>, Kostyunina O. V.<sup>1</sup>, Amerkhanov H. A.<sup>2</sup>, Dobrynina T. I.<sup>3</sup>, Zinovieva N. A.<sup>1</sup>

## Characteristic of allele pool of local cattle breeds of Russia based on microsatellite markers

**Abstract.** Local cattle breeds are source of valuable genes and an important part of cultural heritage of the breeding regions, it is therefore important to take measures that promote a sustainable management of these genetic resources. In this regard, aim of our work is characterization of the present allele pool, an assessment of level of genetic diversity and a study of genetic relationships of populations of nine native and locally developed Russian cattle breeds ( $n=835$ ), including Bestuzhev (BEST), Kalmyk (KALM), Kostromsky (KOST), Red Gorbato (RGBT), Suksun (SUKS), Kholmogor (HOLM), Yaroslavl (YARS), Yakut (YAKT) and Tagil (TAGL). Polymorphism of 10 microsatellite loci was studied on genetic analyzer ABI3130xl. Effective number of alleles varied from 2.78 in YAKT to 4.56 alleles in TAGL, while number of informative alleles ranged from 3.50 in YAKT to 5.30 alleles in KALM. In 8 of 9 breeds level of observed heterozygosity exceeded 0.66. Pairwise  $F_{st}$  values showed an insignificant (from 0.023 to 0.045) or moderate (from 0.050 to 0.106) genetic differentiation between local cattle breeds. YAKT was the most separated (DN from 0.315 to 0.518,  $F_{st}$  from 0.70 to 0.106). The pairs RGBT and SUKS ( $F_{st}=0.026$ ), KALM and BEST ( $F_{st}=0.023$ ), as well as TAGL and BEST ( $F_{st}=0.022$ ) occupied the neighboring positions on the PCoA plot. The AMOVA showed that 89% of the genetic variability was due to variability within the groups, while 11% of variability was intergroup differences. Thus, our research represents the most complete information on the state of the allele pool, genetic diversity and differentiation of nine local Russian cattle breeds.

**Key words:** cattle, local breeds, microsatellite loci, heterozygosity, genetic diversity, allele pool, genetic diversity.

*Authors:*

Volkova V. V. — PhD (Biol. Sci), senior researcher, e-mail: moonlit\_elf@mail.ru;

Deniskova T. E. — PhD (Biol. Sci), senior researcher, e-mail: horarka@yandex.ru;

Kostyunina O. V. — Dr. Habil (Biol. Sci), head of laboratory, e-mail: kostolan@yandex.ru;

Amerkhanov H. A. — Dr. (A. Sci.), Professor, Academician of RAS, Russian State Agrarian University — Timiryazev Moscow Agricultural Academy; e-mail: h.amerhanov@rgau-msha.ru;

**Dobrynina T. I.** — director of the SPK named after Shorokhov, e-mail: spk921@yandex.ru;

**Zinovieva N. A.** — PhD (Biol. Sci), Professor, Academician of RAS, Director, e-mail: n\_zinovieva@mail.ru.

<sup>1</sup> Federal Science Center for Animal Husbandry named after Academy Member L. K. Ernst, 142132, Moscow region, Podolsk city district, Dubrovitsy settlement, 60;

<sup>2</sup> Russian State Agrarian University — Timiryazev Moscow Agricultural Academy, 127550, Moscow, Timiryazev st, 49;

<sup>3</sup> SPK named after Shorokhov, 617855, Permsky Krai, Oktyabrsky district, Tuinsk village, Molodezhnaya st, 5.

## References

1. Taberlet P. Are cattle, sheep, and goats endangered species? / P. Taberlet, A. Valentini, H. R. Rezaei, Naderi S., F. Pompanon, R. Negrini, P. Ajmone-Marsan // *Molecular Ecology*. — 2008. — №.17 (1). — P. 275–84.
2. Medugorac I. Genetic diversity of European cattle breeds highlights the conservation value of traditional unselected breeds with high effective population size / I. Medugorac, A. Medugorac, I. Russ, C. E. Veit-Kensch, P. Taberlet, B. Luntz, H. M. Mix, M. Färster // *Molecular Ecology*. — 2009. — № 18. — P. 3394–3410.
3. Ernst L. K., Dmitriev N. G., Paronyan I. A. (Red.) Genetic Resources of Agricultural Animals in Russia and Neighboring Countries. SPb.: Publishing house VNIIGRZH, 1994.
4. Dunin I. M., Dankvert A. G. (Red.). Directory of breeds and types of farm animals bred in the Russian Federation. Moscow: VNIIPLEM, 2013.
5. Peakall R. GenALEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update / R. Peakall, P. E. Smouse // *Bioinformatics*. — 2012. — № 28. — P. 2537–2539.
6. Nei M. Genetic distance between populations / M. Nei // *American Naturalist*. — 1972. — № 106. — P. 283–392.
7. Huson D. H. Application of Phylogenetic Networks in Evolutionary Studies / D. H. Huson, D. Bryant // *Molecular Biology and Evolution*. — 2006. — № 23(2). — P. 254–267.
8. Prichard J. K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J. K. Prichard, M. Stephens, P. Donnelly // *Genetics*. — 2000. — № 155. — P. 945–959.
9. Hartl D. L., Clark A. G. Principles of population genetics, United Kingdom: Sunderland, 1997.
10. Kalashnikova L. A. Genetic characteristics of cattle using microsatellites / L. A. Kalashnikova, Ja. A. Habibrahmanova, T. B. Ganchenkova, I. Ju. Pavlova, V. L. Jaluga // *Zootechny*. — 2016. — № 2. — P. 9–11.
11. Volkova V. V. Genetic characteristics of red Gorbat and Suksun breeds of cattle on microsatellite markers / V. V. Volkova, T. E. Deniskova, O. S. Romanenkova, O. V. Kostjunina, N. P. Suetina, N. A. Zinov'eva // *Dairy and meat cattle breeding*. — 2017. — № 6. — P. 6–8.
12. Li M.-H. Genetic structure of Eurasian cattle (*Bos taurus*) based on microsatellites: clarification for their breed classification / M.-H. Li, J. Kantanen // *Animal Genetics*. — 2009. — № 41. — P. 150–158.
13. Iso-Touru T. Genetic diversity and genomic signatures of selection among cattle breeds from Siberia, eastern and northern Europe / T. Iso-Touru, M. Tapio, J. Vilkki, T. Kiseleva, I. Ammosov, Z. Ivanova, R. Popov, M. Ozerov, J. Kantanen // *Animal Genetics*. — 2016. — № 47. — P. 647–657.
14. Yurchenko A. Genome-wide genotyping uncovers genetic profiles and history of the Russian cattle breeds / A. Yurchenko, N. Yudin, R. Aitnazarov, A. Plyusnina, V. Brukhin, V. Soloshenko, B. Lhasaranov, R. Popov, I. A. Paronyan, K. V. Plemyashov, D. M. Larkin // *Heredity*. — 2018. — № 120. — P. 125–137.
15. Buchanan D. S., Lenstra J. A. Breeds of Cattle. In: D. J. Garrick, A. Ruvinsky (Eds.), *Genetics of Cattle*. Iowa: Iowa State University, 2015.