

Оценка динамики генетического разнообразия популяций оренбургской породы коз с использованием микросателлитных маркеров

А. С. АБДЕЛЬМАНОВА¹, Т. Е. ДЕНИСКОВА¹, С. Н. ПЕТРОВ¹, А. Н. ФРОЛОВ², С. А. ПЛАТОНОВ²,
Е. А. ГЛАДЫРЬ¹, И. В. ГУСЕВ¹, С. В. ЛЕБЕДЕВ², Н. А. ЗИНОВЬЕВА¹

¹Федеральный научный центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста, пос. Дубровицы, 60, Подольский р-н, Московская обл., 142132, Российская Федерация

²Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий РАН, ул. 9 Января, Оренбург, Оренбургская обл., 460000, Российская Федерация

Резюме. В результате длительной селекции на территории Оренбургской области была выведена оренбургская порода коз, приспособленная к суровым климатическим условиям и отличающаяся прекрасным качеством пуха. В конце XX в. поголовье пуховых коз в России было одним из самых больших в мире, однако переход на использование дешевого синтетического во-локна вызвал резкое снижение их численности. Цель исследований – сравнительное исследование аллелофонда современной популяции коз оренбургской породы с использованием микросателлитов для отбора животных, соответствующих ее генотипическим характеристикам и последующего использования в программах сохранения генофонда. Материалом служили образцы ткани оренбургских коз, отобранные в 2024 г. в двух фермерских хозяйствах Оренбургской области (OREN1_2024, n=232) и (OREN2_2024, n=29). Для сравнения (предковой популяции) использовали образцы тканей (ушные выщипы) коз оренбургской породы, отобранные в племенном репродукторе «Донской» в 2012 г. (OREN_2012, n=47). Проведено генотипирование по 14 микросателлитным локусам, рекомендованным ISAG. Статистическую обработку данных осуществляли в программной среде R с использованием дополнительных пакетов. В современных популяции оренбургских коз произошло снижение аллельного разнообразия до $Ar=6,929...7,025$ против $Ar=7,871$ в предковой популяции. В группе OREN2_2024 обнаружено достоверно меньшее среднее число частных аллелей, что может быть следствием ее происхождения от ограниченного числа животных-основателей. Частоты встречаемости частных аллелей в двух современных популяциях значимо ($p<0,05$) различаются. При этом в целом было утрачено 11 аллелей в 9 локусах, присутствующих в предковой популяции. Присутствие у современных животных предковых аллелей, несмотря на наличие некоторой адмиксии, открывают возможности для проведения работы по сохранению оренбургской породы коз как ценного национального ресурса на базе Национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных.

Ключевые слова: козы, оренбургская порода, микросателлиты, генетическое разнообразие

Сведения об авторах: А. С. Абдельманова, доктор биологических наук, старший научный сотрудник (e-mail: abdelmanova@vij.ru); Т. Е. Денискова, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник; С. Н. Петров, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник; А. Н. Фролов, доктор биологических наук, зав. отделом; С. А. Платонов, кандидат биологических наук, специалист; Е. А. Гладырь, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник; И. В. Гусев, кандидат биологических наук, зам. директора; С. В. Лебедев, доктор биологических наук, член-корреспондент РАН, директор; Н. А. Зиновьева, доктор биологических наук, академик РАН, директор.

Для цитирования: Оценка динамики генетического разнообразия популяций оренбургской породы коз с использованием микросателлитных маркеров / А. С. Абдельманова, Т. Е. Денискова, С. Н. Петров и др. // Достижения науки и техники АПК. 2024. Т. 38. № 9. С. 50–56. doi: 10.53859/02352451_2024_38_9_50

Assessment of the dynamics of genetic diversity of orenburg goat breed populations by microsatellite markers

A. S. Abdelmanova¹, T. E. Deniskova¹, S. N. Petrov¹, A. N. Frolov², S. A. Platonov², E. A. Gladyr¹, I. V. Gusev¹, S. V. Lebedev²,
N. A. Zinovieva¹

¹L.K. Ernst Federal Scientific Center for animal husbandry, pos. Dubrovitsy, 60, Podol'skii r-n, Moskovskaya obl., 142132, Russian Federation

²Federal Research Center for Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, ul. 9 Yanvarya, Orenburg, Orenburgskaya obl., 460000, Russian Federation

Abstract. The Orenburg goat breed created by long-term selection in the Orenburg region is adapted to harsh climatic conditions and distinguished by excellent quality of down. At the end of the 20th century, the population of down goats in Russia was one of the highest in the world. However, the use of cheap synthetic fibers led to a sharp decrease in the population of the Orenburg breed. The aim of the work was a comparative study of the allele pool of the modern population of Orenburg goats using microsatellites to select animals, which genetically belonged to the Orenburg breed, for use in gene pool conservation programs. Ear tissue samples of Orenburg goats collected in 2024 from two farms (OREN1_2024, n=232 and OREN2_2024, n=29) in the Orenburg region were used as material for this study. Samples of Orenburg goats collected from the «Donskoy» farm in 2012 (OREN_2012, n=47) were used as a comparison group (ancestral population). Genotyping of 14 microsatellite loci recommended by ISAG was carried out. Statistical processing of genotyping data was performed in the R software environment using additional packages. Genetic diversity analysis showed a decrease in allelic richness in the modern populations of Orenburg goats: $Ar = 6.929–7.025$ versus $Ar = 7.871$ in the ancestral population. A significantly lower average number of private alleles was found in the OREN2_2024 group, which may be due to the origin of this population from a limited number of founders. The frequencies of private alleles were significantly ($p < 0.05$) differed for the two modern populations. In the modern populations, 11 alleles in 9 loci were lost though they were present in the ancestral population. The studies showed that in spite of detection of nonsignificant admixture events the ancestral components are present in modern samples. These findings provide a scientific base for implementation of procedures to preserve the Orenburg goat breed as a valuable national resource within the framework of the activities of the National Center for Genetic Resources of Agricultural Animals.

Key words: goats, Orenburg breed, microsatellites, genetic diversity

Author Details: A. S. Abdelmanova, D. Sc. (Biol.), senior research fellow (e-mail: abdelmanova@vij.ru); T. E. Deniskova, Cand. Sc. (Biol.), leading research fellow; S. N. Petrov, Cand. Sc. (Biol.), senior research fellow; A. B. Frolov, D. Sc. (Biol.), head of division; S. A. Platonov, Cand. Sc. (Biol.), specialist; E. A. Gladyr, Cand. Sc. (Biol.), leading research fellow; I. V. Gusev, Cand. Sc. (Biol.), deputy director; S. V. Lebedev, D. Sc. (Biol.), corresponding member of the RAS, director; N. A. Zinovieva, D. Sc. (Biol.), member of the RAS, director

For citation: Abdelmanova AS, Deniskova TE, Petrov SN, et al. [Assessment of the dynamics of genetic diversity of orenburg goat breed populations by microsatellite markers]. Dostizheniya nauki i tekhniki APK. 2024;38(9):50–6. Russian. doi: 10.53859/02352451_2024_38_9_50

С древних времен коз разводят для получения широкого спектра продукции. При этом, по сравнению с крупным рогатым скотом, они требуют меньше затрат на кормление и содержание, в связи с чем в языках разных народов закрепилась поговорка, что «коза – это корова бедняка» [1]. Значительная часть территории России отличается суровыми климатическими условиями, поэтому производство сырья для изготовления теплой одежды всегда было важной задачей. На территории Оренбургской области путем длительной селекции по пуховой продуктивности была выведена оренбургская порода коз, прекрасно приспособленная к континентальному климату с холодными снежными зимами и жарким летом. Пух оренбургских коз тоньше, мягче и эластичнее, чем у других пород. Кроме того, он может пушиться, что придает изделиям особую красоту, мягкость и способность сохранять тепло [2]. Впервые о ценности пуха оренбургских коз писал в конце XVIII в. ученый, этнограф, исследователь Оренбургского края П.И. Рычков, заметив, что нигде больше в России козий пух не используют, а только овечью шерсть, в то время как «содержание коз в крестьянстве легче, нежели овец» [3]. Он же упоминает о производстве местным населением из козьего пуха «мягкой и добротной» одежды, дополнительно описывая экономическую выгоду этого предприятия [4]. Изделия из пуха оренбургских коз стали одной из визитных карточек Российской Империи и обрели мировую известность уже к середине XIX в. [5].

Первый козоводческий совхоз в Оренбургской области был организован в 1932 г. в пойме реки Губерли, на южных отрогах Уральских гор. Стадо совершенствовалось чистопородным разведением, а селекционная работа была направлена на отбор животных с тонким темно-серым покровом. В целях получения высоких начесов пуха с 1937 г. проводилось массовое скрещивание местных коз с животными придонской породы, однако полученные помеси потеряли ценнейшие качества оренбургского пуха – тонину, эластичность, мягкость, однотонную окраску и упругость [6].

В конце XX в. поголовье пуховых коз в России было одним из самых значительных в мире [7]. Однако увеличение производства и использование более дешевых синтетических волокон привело к драматическому снижению их численности. Так, если в 1991 г. в России регистрировали 111,7 тыс. голов коз оренбургской породы, то в 2000 г. – 16,9 тыс. голов, а по данным племенного учета 2023 г. их численность сократилась до 3,4 тыс. голов, в том числе 2,8 тыс. голов – в Оренбургской области, 0,6 тыс. гол. – в Республике Башкортостан [8]. В 2022 г. племенное поголовье разводили только в СПК (колхоз) «Донской», который был единственным племенным репродуктором в России и Оренбургской области. В 2023 г. в России не осталось ни одного племенного хозяйства по разведению оренбургской породы коз [8].

Аборигенные породы сельскохозяйственных животных наряду с ценными фенотипическими качествами служат носителями уникальных форм изменчивости, отсутствующих в трансграничных породах (зааненской, альпийской, бурской, мурсиана гранадина), что делает их ценными национальными генетическими ресурсами. При этом геномы локальных пород коз изучены значительно хуже. Известны генетические исследования российских по-

рода на основе микросателлитов [9, 10, 11], фрагментов митохондриальной ДНК и полных митохондриальных геномов [7, 12], а также ДНК-чипов [13, 14, 15]. В отношении коз оренбургской породы, в литературе имеются только ограниченные сведения об особенностях ее аллелофонда, полученные на малых выборках [12, 13, 16].

Для сохранения аллелофонда коз оренбургской породы на основе комбинированного использования генетических и репродуктивных технологий в рамках реализации программы развития Национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных, созданного на базе ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста в соответствии с Указом Президента РФ № 195 от 19 марта 2024 г., были проведены экспедиционные исследования в фермерских хозяйствах Оренбургской области, разводящих коз этой породы. В их рамках осуществляли оценку поголовья коз фермерских хозяйств на соответствие стандарту породы, а также отбор образцов от наиболее типичных животных для проведения молекулярно-генетических исследований.

Цель исследований – сравнение аллелофонда современной популяции коз оренбургской породы с образцами предковой популяции из ранее существовавшего племенного хозяйства с использованием микросателлитов для отбора животных, соответствующих по генотипическим характеристикам оренбургской породе, и последующего их использования в программах сохранения генофонда.

Условия, материалы и методы. Материалом для исследований служили образцы ткани (ушной выщип) коз оренбургской породы, отобранных в апреле 2024 г. в двух фермерских хозяйствах Оренбургской области (OREN1_2024, n=232, все козы) и (OREN2_2024, n=29, в том числе 28 коз и 1 козел). Обе популяции ведут свое происхождение от коз племенного репродуктора (ПР) «Донской». Для сравнения в исследованиях использованы образцы ткани (ушные выщипы) коз оренбургской породы (предковой популяции), отобранные в ПР «Донской» в 2012 г. (OREN_2012, n= 47, в том числе 40 коз и 7 козлов). Все используемые образцы депонированы в генетическом банке ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

Для выделения ДНК использовали набор S-COPB (ЗАО Синтол, Россия). Оценку качества ДНК проводили на флуориметре Qubit™ (Invitrogen, Life Technologies, USA). Концентрация ДНК в полученных препаратах составляла от 20,8 до 69,6 нг/мкл, соотношение OD260/OD280 – от 1,7 до 2,0. Все образцы ДНК были признаны пригодными для исследований. Для оценки изменчивости генома изучали 14 локусов микросателлитов, рекомендованных международным обществом генетики животных (ISAG) для оценки достоверности происхождения: SRCRSP024, INRA006, INR063, CSRD247, OARFCB20, MCM527, ILSTS011, INRA005, ILSTS008, ILSTS087, INRA023, SRCRSP008, ILSTS019, SRCRSP005, сформированных в две мультиплексные панели. Исследования проводили методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием флуоресцентно-меченных праймеров. Анализ продуктов амплификации

Таблица 1. Характеристика генетического разнообразия современных и предковой популяций оренбургских коз

Популяция	n*	Ho	uHe	Ar	uFis [ДИ 95%]
OREN_2012	47	0,693±0,043	0,761±0,032	7,871±0,791	0,090 [0,012;0,168]
OREN1_2024	232	0,655±0,053	0,721±0,039	7,025±0,670	0,100 [0,017;0,183]
OREN2_2024	29	0,692±0,045	0,712±0,032	6,929±0,642	0,027 [-0,056;0,110]

*n – количество образцов, Ho – наблюдаемая гетерозиготность, uHe – несмещенная ожидаемая гетерозиготность, Ar – аллельное разнообразие, uFis – несмещенный коэффициент инбридинга (доверительный интервал 95 %).

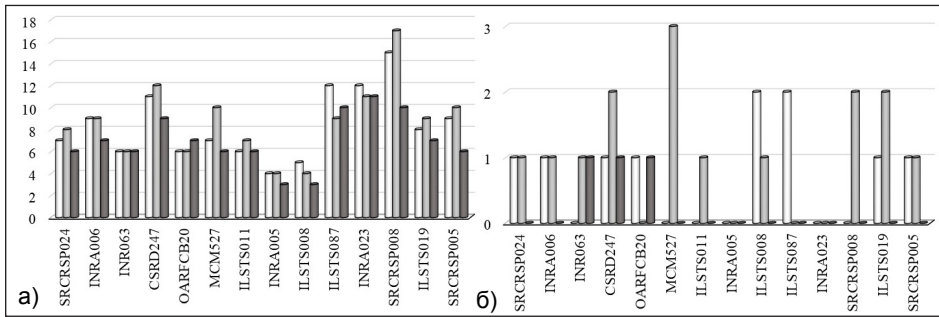


Рис. 1. Аллельное разнообразие локусов микросателлитов в исследуемых группах коз оренбургской породы: а – число идентифицированных аллелей микросателлитов (Na), б – число частных аллелей (Npa); ось X – локус микросателлитов, ось Y – число аллелей; □ – OREN_2012, ■ – OREN1_2024, ▒ – OREN2_2024.

осуществляли посредством капиллярного электрофореза с использованием ДНК-анализатора 3130xl Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США) с лазерной детекцией в среде полимера POP6. Длин амплифицированных фрагментов определяли в программе GeneMapper® с использованием в качестве фрагментного стандарта GeneScan™-350 ET ROX (Applied Biosystems, США).

Статистическую обработку и визуализацию данных проводили в программной среде R с использованием пакетов diveRcity, adegenet, ggplot2. Степень генетической дифференциации популяций оценивали в программе Structure.2.3.4 с визуализацией в R при помощи пакета BITE [17]. В качестве пороговых значений достоверности различий были приняты $p < 0,05$ и $p < 0,01$. Оптимальное число предполагаемых кластеров (K) определяли с использованием онлайн-ресурса CLUMPAK.

Результаты и обсуждение. Между исследованными группами не выявлено достоверных различий по показателям аллельного разнообразия, наблюдаемой (Ho) и ожидаемой (He) гетерозиготности (табл. 1). В одной из современных групп (OREN1_2024) и в предковой популяции (OREN_2012) выявлен значимый недостаток гетерозигот ($uFis [ДИ] = 0,100 [0,017; 0,183]$ и $0,090 [0,012; 0,168]$ соответственно), что с учетом относительно высокого аллельного разнообразия может свидетельствовать о разведении по линиям в малочисленной популяции.

Наибольшее число аллелей (от 10 до 17 в зависимости от группы) было идентифицировано в локусе SRCRSP008, наименьшее – в локусе INRA005 (от 3 до 4 аллелей). В целом существенных различий в числе аллелей микросателлитов между группами не наблюдали, за исключением локуса SRCRSP008, в котором в группе OREN2_2024 оно было значительно ниже, по сравнению с группами OREN_2012 и OREN1_2024 (10 против 15–17 аллелей). Приватные аллели были идентифицированы в 12 из 14 локусов микросателлитов, при этом в четырех локусах приватные аллели были выявлены в одной из изучаемых групп коз, в шести локусах – в двух группах и в одном локусе – в одной группе (рис. 1).

Таблица 3. Распределение частот встречаемости частных аллелей микросателлитов в исследуемых группах коз оренбургской породы

Группа	SRCRSP024	INRA006	INR063	CSRD247	OARFCB20	MCM527	ILSTS011	ILSTS008	ILSTS087	SRCRSP008	ILSTS019	SRCRSP005
OREN_2012*	0,032	0,021		0,011	0,011			0,043	0,032		0,011	0,011
OREN1_2024	0,019	0,006	0,086	0,006		0,043	0,004	0,024		0,043	0,004	0,039
OREN2_2024			0,017	0,017	0,017							

*число аллелей в среднем на локус OREN_2012 – $0,012 \pm 0,004$, OREN1_2024 – $0,020 \pm 0,007$ и OREN2_2024 – $0,004 \pm 0,002$, в локусах INRA005 и INRA023 частных аллелей во всех популяциях не обнаружено.

Наибольшее среднее число частных аллелей в расчете на локус было обнаружено в группе OREN1_2024 (табл. 2), что может указывать на использование в селекции генетического материала извне (например, чистопородных оренбургских животных из других хозяйств, вероятно, принадлежащие разным линиям или не относящиеся к прямым потомкам животных из ПР «Донской», либо могло иметь место улучшение этой

популяции придонской породой, которая не сохранилась в чистопородном состоянии и не может быть включена в исследуемую выборку), наименьшее – в группе OREN2_2024, что может быть следствием происхождения этой популяции от ограниченного числа животных-основателей. Среднее число частных аллелей в популяции OREN2_2024 значительно ниже (на 0,50 и 0,86 соответственно), чем в популяции OREN_2012 ($p < 0,05$) и OREN1_2024 ($p < 0,01$).

Таблица 2. Показатели аллельного разнообразия разных групп коз оренбургской породы по микросателлитам

Группа	Na ($M \pm m$)*	Npa ($M \pm m$)
OREN_2012	$8,36 \pm 0,84$	$0,71 \pm 0,19$
OREN1_2024	$8,71 \pm 0,91$	$1,07 \pm 0,25$
OREN2_2024	$6,93 \pm 0,64$	$0,21 \pm 0,11$

Na – число идентифицированных аллелей микросателлитов; Npa – число частных аллелей; M – среднее значение; m – ошибка среднего.

Наибольшая частота встречаемости частных аллелей в среднем на локус отмечена в группе OREN1_2024 ($0,020 \pm 0,007$). В этой популяции приватные аллели идентифицированы в наибольшем числе локусов (в 10 из 14) и встречались с частотой от 0,011 до 0,043 (табл. 3). Наименьшая частота встречаемости частных аллелей отмечена в группе OREN2_2024 ($0,004 \pm 0,002$), при этом приватные аллели выявлялись только в трех локусах с частотой встречаемости в каждом из локусов 0,017. Это может указывать на большее сходство популяции OREN2_2024 с предковой популяцией.

Частоты встречаемости частных аллелей у двух современных популяций значительно ($p < 0,05$) различаются, что может быть следствием как разнонаправленной селекционной работы, так и разных животных-основателей этих групп. Различия между современной популяцией OREN2_2024 и предковой группой OREN_2012 находились на уровне тенденции ($p = 0,08$).

Результаты анализа распределения наиболее часто встречающихся аллелей (рис. 2) свидетельствуют, что в 4 из 14 локусов наиболее часто встречающиеся ал-

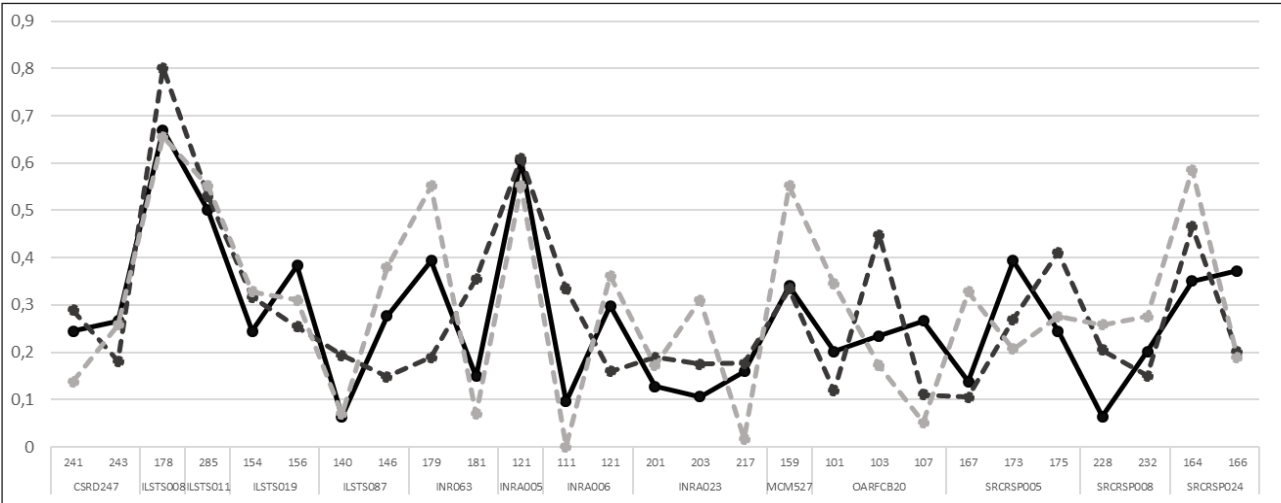


Рис. 2. Аллельный профиль исследованных популяций: —●— OREN_2012, - -■- OREN1_2024, ····· OREN2_2024.

лели совпадали во всех трех исследуемых группах коз, в 3 локусах – они различались между исследуемыми группами. В 6 локусах такие аллели совпадали в предковой популяции и OREN2_2024, в 1 локусе – в группах OREN1_2024 и OREN2_2024. Это может указывать на большее генетическое сходство OREN2_2024 с предковой популяцией оренбургских коз.

Результаты сравнения наличия и частот встречаемости аллелей, выявленных в предковой популяции и от-

сутствующих в обеих современных (утраченные аллели), а также аллелей, отсутствующих в предковой популяции, но обнаруживаемых хотя бы в одной из современных (новые аллели) свидетельствуют о том, что в современных популяциях утрачено 11 аллелей, распределенных между 9 локусами микросателлитов (табл. 4). Средняя частота их встречаемости в расчете на один локус составила 0,021. В группе OREN1_2024 выявлено 20 новых аллелей, распределенных между 12 локусами микросателлитов со сред-

Таблица 4. Частоты новых и утраченных аллелей в предковой и современных популяциях

Локус	Аллель	Утраченная аллель ¹	Новая аллель ²	
			OREN1_2024	OREN2_2024
CSRD247	223		0,004	
	227		0,002	
	229			0,017
ILSTS008	255	0,011		
	174	0,011		
	176	0,032		
ILSTS011	182		0,024	
	281		0,004	
ILSTS019	140		0,002	
	146	0,011		
	162		0,002	
ILSTS087	156	0,011		
	160	0,021		
INRA063	173		0,086	
	187			0,017
INRA006	107	0,021		
	125		0,017	0,034
	127		0,006	
MCM527	155		0,004	
	157		0,015	
	163		0,024	
OARFCB20	99	0,011		
	111			0,017
	113		0,022	0,121
SRCRSP005	165		0,043	0,121
	183		0,039	
	185	0,011		
SRCRSP008	216		0,015	
	246		0,028	
	250	0,021	0,015	
SRCRSP024	160		0,080	0,017
	162		0,019	
	170	0,032		
Число локусов		9	12	6
Число аллелей		11	20	7
Суммарная частота встречаемости		0,193	0,451	0,344
Частота встречаемости в среднем на локус		0,021	0,038	0,057

¹утраченные аллели – аллели, присутствующие в предковой популяции, но не встречающиеся в современных популяциях;
²новые аллели – аллели, отсутствующие в предковой популяции, но обнаруженные в современной популяции.

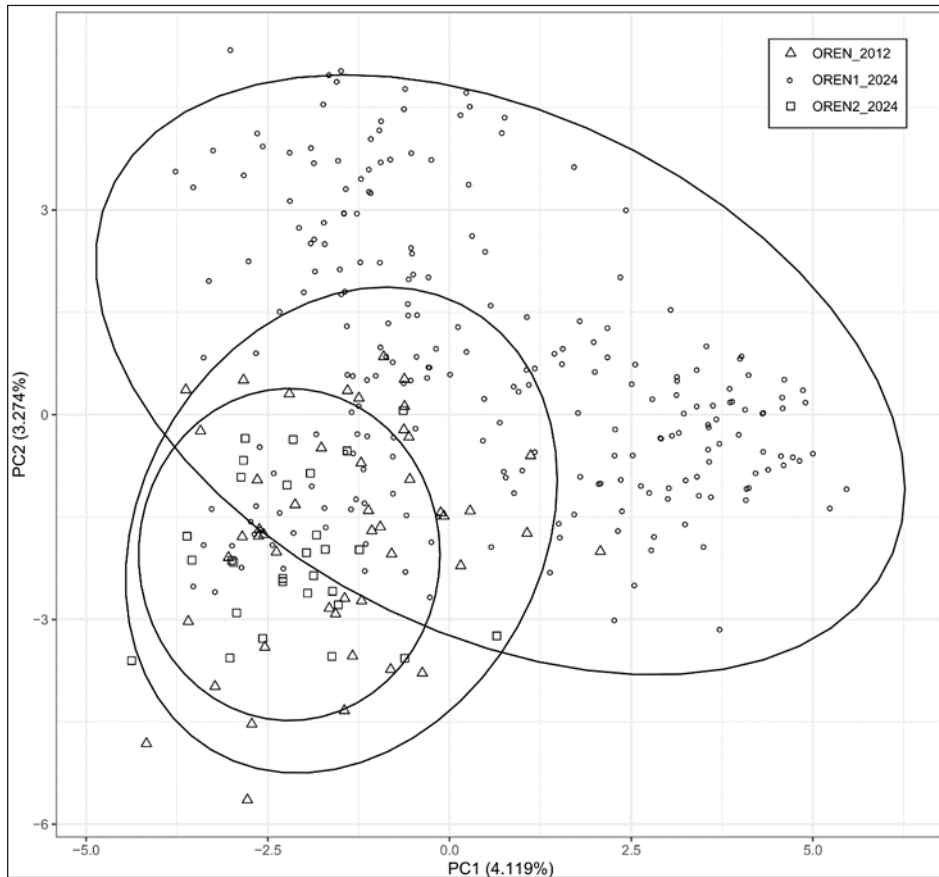


Рис. 3. Генетическая дифференциация трех популяций оренбургской породы коз на основании результатов анализа главных компонент (PCA): треугольник – OREN_2012, круг – OREN1_2024, квадрат – OREN2_2024.

ней частотой встречаемости 0,038. В группе OREN2_2024 обнаружено 7 новых аллелей, отсутствующих в предковой

ных групп, что может указывать на ее большую генетическую удаленность. Перекрывание кластеров OREN_2012 и

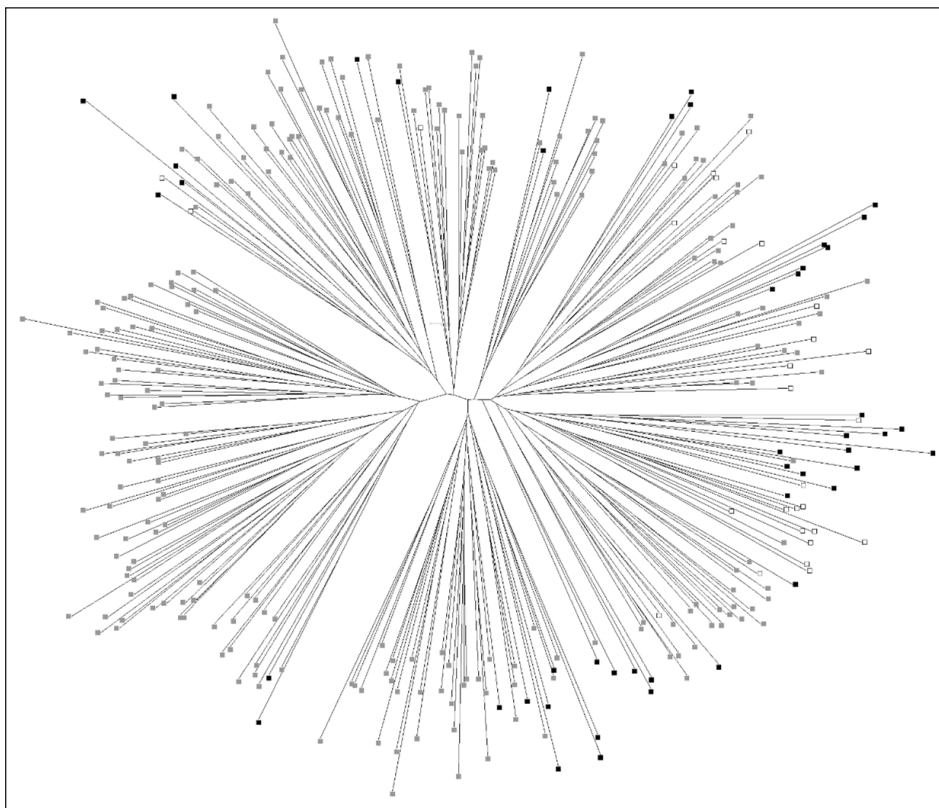


Рис. 4. Дендрограмма на основании индивидуальных генетических дистанций по Nei: квадраты черного цвета – OREN_2012, квадраты серого цвета – OREN1_2024, квадраты белого цвета – OREN2_2024.

популяции, распределенных между 6 локусами, в том числе 5 из них были общими для обеих современных популяций. Средняя частота встречаемости новых аллелей в расчете на один локус в группе OREN2_2024 была равна 0,057. Обращает на себя внимание относительно высокая частота встречаемости двух новых аллелей: аллель 113 в локусе OARFCB20 ($p_{113}=0,121$) и аллель 165 в локусе SRCRSP005 ($p_{165}=0,121$), что подтверждает высказанное ранее предположение об участии в создании популяции OREN2_2024 ограниченного числа основателей.

По результатам анализа главных компонент все три исследуемые группы образуют перекрывающиеся кластеры. При этом области попадания 95 % образцов, отмеченные эллипсами, из групп OREN_2012 и OREN2_2024 перекрывались практически полностью (рис. 3), в то время как значительная часть образцов из группы OREN1_2024 отделялась от области, общей для остальных групп, что может указывать на ее большую генетическую удаленность. Перекрывание кластеров OREN_2012 и OREN2_2024, вероятно, свидетельствует о сохранении в группе OREN2_2024 значительной доли предковых компонентов OREN_2012.

Оценка генетических дистанций между особями свидетельствует о том, что образцы 2012 г. не образуют обособленной ветви (рис. 4). Это подтверждает генетическую близость обеих современных популяций к предковой. Тем не менее, часть образцов из группы OREN1_2024 сформировала отдельную ветвь, что, вероятно, связано с родственностью этих животных между собой.

Согласно результатам анализа, проведенного с использованием онлайн-ресурса CLUMPAK, наиболее вероятное число предковых популяций, принимавших участие в формировании аллелофонда изучаемой выборки, равно 3, в связи с чем анализ генетической дифференциации популяций в программе Structure.2.3.4

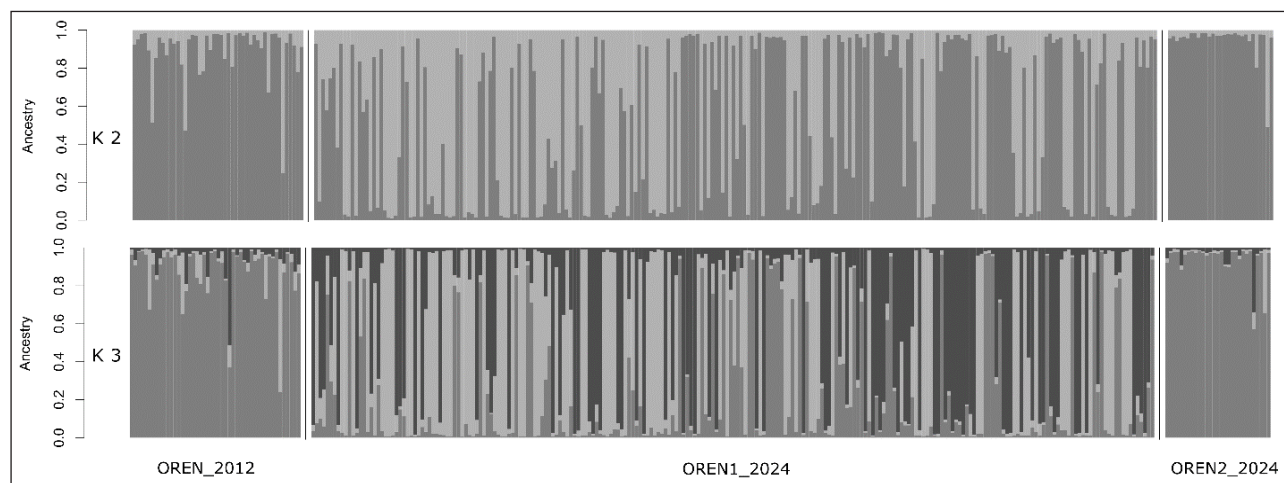


Рис. 5. Генетическая структура предковой и двух современных популяций коз оренбургской породы (ось X – индивидуумы изучаемых популяций, ось Y – доля предковых компонентов).

проводили для числа кластеров K=2 и 3 (рис. 5). При K=2 в группе OREN2_2024 установлено сохранение значительной доли предковых компонентов, в то время как генетическая структура популяции OREN1_2024 более гетерогенна: отмечены животные, как сходные с предковой популяцией, так и несущие предковые компоненты иного происхождения, присутствующие в предковой популяции в небольших количествах. При увеличении числа кластеров до оптимального (K=3), популяция OREN1_2024 начинает разделяться на подгруппы, по всей видимости, по линиям или семействам. Часть животных сохраняет генетические компоненты, свойственные предковой популяции, у остальных особей наблюдается адмиксия генетических компонентов иного происхождения. Генетическая структура популяции OREN2_2024 более консолидирована и сохраняет значительную долю предковых компонентов (см. рис. 5).

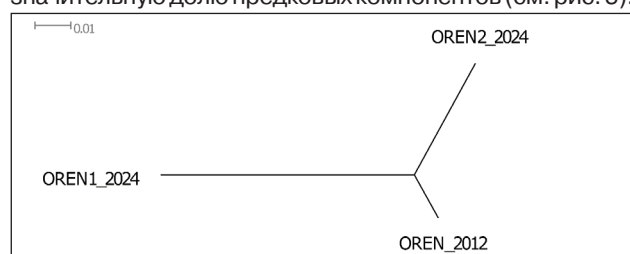


Рис. 6. Дендрограмма генетических дистанций между предковой и современными популяциями коз оренбургской породы

На дендрограмме, построенной на основании значений D Jost, видно, что группа OREN2_2024 генетически более близка к предковой популяции, в то время как

OREN1_2024 несколько отделилась от нее в результате селекционной работы (рис. 6).

Выводы. В изученных популяциях оренбургских коз, разводимых в разных хозяйствах в современных условиях, сохранились генетические компоненты, свойственные предковой популяции. В то же время проводимая селекционная работа, в частности, гибридизация с другими породами, значительно меняет аллельный профиль оренбургской породы, что может сказаться на ее хозяйственно-полезных качествах. Таким образом, важно сохранять аллельные сочетания, свойственные оренбургской породе коз как ценного национального генетического ресурса.

На основании результатов проведенных исследований в хозяйствах Оренбургской области были отобраны наиболее типичные для оренбургской породы особи для последующего получения от них генетического материала и сохранения породы в рамках реализации программы развития Национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных.

ФИНАНСИРОВАНИЕ РАБОТЫ

Исследования проведены в рамках развития Национального центра генетических ресурсов сельскохозяйственных животных, соглашение с Минобрнауки России № 075-02-2024-1394.

СОБЛЮДЕНИЕ ЭТИЧЕСКИХ СТАНДАРТОВ

Протоколы работ с использованием образцов животных одобрены Этическим комитетом ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, протокол № 5 от 17.07.2023.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы работы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

Литература.

1. Genetic differentiation and population structure of two Bulgarian local goat breeds using microsatellite markers / G. Yordanov, G. Kalaydzhiev, N. Palova, et al. // *Diversity*. 2024. Vol. 16. No. 7. Article 388. URL: <https://www.mdpi.com/1424-2818/16/7/388> (дата обращения: 15.07.2024). doi: 10.3390/d16070388.
2. Орехов А. А. Козы. Генетические ресурсы животных СССР. Рим: Продовольственная и сельскохозяйственная организация Объединенных Наций, 1989. С. 344–365.
3. Рычков П. И. Опыт о козьей шерсти // *Труды Вольного Экономического общества к поощрению в России земледелия и домостроительства*. СПб.: При Имп. Академии наук, 1766. Ч. 2. С. 63–68.
4. Рычков П. И. Дополнение о козьей шерсти // *Труды Вольного Экономического общества к поощрению в России земледелия и домостроительства*. СПб.: При Имп. Академии наук, 1766. Ч. 3. С. 106–116.
5. Official descriptive and illustrated Catalogue of the great Exhibition of the Works of Industry of all Nations. 1851. Vol. 5. P. 1383. URL: https://books.google.ru/books?id=K8s-AAACAAJ&pg=PA1359&hl=ru&source=gbs_toc_r&cad=2#v=onepage&q&f=false (дата обращения: 15.07.2024).
6. Landmark native breed of the Orenburg goats: progress in its breeding and genetics and future prospects / E. I. Tarasova, A. N. Frolov, S. V. Lebedev, et al. // *Animal Biotechnology*. 2022. Vol. 34. No. 9. P. 5139–5154. doi: 10.1080/10495398.2022.2154221.
7. Maternal origins and haplotype diversity of seven Russian goat populations based on the D-loop sequence variability / T. Deniskova, N. Bakoev, A. Dotsev, et al. // *Animals (Basel)*. 2020. Vol. 10. No. 9. Article 1603. URL: <https://www.mdpi.com/2076-2615/10/9/1603>

(дата обращения: 15.07.2024). doi: 10.3390/ani10091603.

8. Ежегодник по племенной работе в овцеводстве и козоводстве в хозяйствах Российской Федерации: 2023 год / Г. Ф. Сафина, О. Н. Лукоина, Г. И. Шичкин и др. Лесные Поляны: Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела, 2023. 334 с.

9. Разработка мультиплексной STR-панели для контроля достоверности происхождения и характеристики генетического разнообразия коз / С. Н. Петров, В. Р. Харзинова, Е. А. Гладырь и др. // Достижения науки и техники АПК. 2018. Т. 32. № 11. С. 60–63. doi: 10.24411/0235-2451-2018-11116.

10. Популяционно-генетическая характеристика некоторых пород коз на основе анализа микросателлитов / В. Р. Харзинова, С. Н. Петров, А. В. Доцев и др. // Овцы, козы, шерстяное дело. 2019. № 3. С. 7–11.

11. Characteristics of the allele pool and the genetic differentiation of goats of different breeds and their wild relatives by STR-markers / M. I. Selionova, A. M. M. Aibazov, T. V. Mamontova, et al. // Archives of Razi Institute. 2021. Vol. 76. No. 5. P. 1201–1212. doi: 10.22092/ari.2021.355684.1709.

12. Характеристика дагестанских локальных субпопуляций коз (*Capra hircus*) на основе анализа полиморфизма полных митогеномов / Т. Е. Денискова, А. В. Доцев, М. И. Селионова и др. // Генетика. 2022. Т. 58. № 8. С. 967–976. doi: 10.31857/S0016675822050046.

13. SNP-based genotyping provides insight into the West Asian origin of Russian local goats / T. E. Deniskova, A. V. Dotsev, M. I. Selionova, et al. // Front Genet. 2021. Vol. 12. Article 708740. URL: <https://www.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2021.708740/full> (дата обращения: 15.07.2024). doi: 10.3389/fgene.2021.708740.

14. Genome-wide association study of live body weight and body conformation traits in young Karachai goats / M. I. Selionova, M. Aibazov, T. Mamontova, et al. // Small Ruminant Research. 2022. Vol. 216. Article 106836. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0921448822002255?via%3Dihub> (дата обращения: 15.07.2024). doi: 10.1016/j.smallrumres.2022.106836.

15. Identification of genomic regions and candidate genes associated with body weight and body conformation traits in Karachai goats / A. A. Easa, M. Selionova, M. Aibazov, et al. // Genes. 2022. Vol. 13. Article 1773. URL: <https://www.mdpi.com/2073-4425/13/10/1773> (дата обращения: 15.07.2024). doi: 10.3390/genes13101773.

16. Генетическое разнообразие и филогения пуховых коз Центральной и Средней Азии / С. В. Бекетов, А. К. Пискунов, В. Н. Воронкова и др. // Генетика. 2021. Т. 57. № 7. С. 810–819. doi: 10.31857/S0016675821070031.

17. BITE: An R package for biodiversity analyses / M. Milanese, S. Capomaccio, E. Vajana, et al. // bioRxiv. 2017. Article 181610. URL: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/181610v1> (дата обращения: 15.07.2024). doi: 10.1101/181610.

References

1. Yordanov G, Kalaydzhev G, Palova N, et al. Genetic differentiation and population structure of two Bulgarian local goat breeds using microsatellite markers. Diversity [Internet]. 2024 [cited 2024 Jul 15];16(7): Article 388. Available from: <https://www.mdpi.com/1424-2818/16/7/388>. doi: 10.3390/d16070388.

2. Orekhov AA. Kozy. Geneticheskie resursy zhivotnykh SSSR [Goats. Animal genetic resources of the USSR]. Rome: Prodnovol'stvennaya i sel'skokhozyaistvennaya organizatsiya Ob'edinennykh Natsii; 1989. p. 344-65. Russian.

3. Ryckov PI. [Experiment on goat wool]. In: Trudy Vol'nogo Ekonomicheskogo obshchestva k pooshchreniyu v Rossii zemledeliya i domostroitel'stva [Works of the Free Economic society for the encouragement of agriculture and house building in Russia]. St. Petersburg: Pri Imp. Akademii nauk; 1766. Pt. 2; p. 63-8. Russian.

4. Ryckov PI. [Addition on goat wool]. In: Trudy Vol'nogo Ekonomicheskogo obshchestva k pooshchreniyu v Rossii zemledeliya i domostroitel'stva [Works of the Free Economic society for the encouragement of agriculture and house building in Russia]. St. Petersburg: Pri Imp. Akademii nauk; 1766. Pt. 3; p. 106-16. Russian.

5. Official descriptive and illustrated Catalogue of the great Exhibition of the Works of Industry of all Nations [Internet]. 1851 [cited 2024 Jul 15];5:1383. Available from: https://books.google.ru/books?id=K8s-AAAACAAJ&pg=PA1359&hl=ru&source=gbs_toc_r&cad=2#v=onepage&q&f=false.

6. Tarasova EI, Frolov AN, Lebedev SV, et al. Landmark native breed of the Orenburg goats: progress in its breeding and genetics and future prospects. Animal Biotechnology. 2022;34(9):5139-54. doi: 10.1080/10495398.2022.2154221.

7. Deniskova T, Bakoev N, Dotsev A, et al. Maternal origins and haplotype diversity of seven Russian goat populations based on the D-loop sequence variability. Animals (Basel) [Internet]. 2020 [cited 2024 Jul 15];10(9): Article 1603. Available from: <https://www.mdpi.com/2076-2615/10/9/1603>. doi: 10.3390/ani10091603.

8. Safina GF, Lukonina ON, Shichkin GI, et al. Ezhegodnik po plemennoi rabote v ovtsevodstve i kozovodstve v khozyaistvakh Rossiiskoi Federatsii: 2023 god [Yearbook on breeding work in sheep and goat breeding in farms of the Russian Federation: 2023]. Lesnye Polyany (Russia): Vserossiiskii nauchno-issledovatel'skii institut plemennogo dela; 2023. 334 p. Russian.

9. Petrov SN, Kharzinova VR, Gladys' EA, et al. [Development of a multiplex STR panel for verification of the authenticity of the origin and characterization of genetic diversity in goats]. Dostizheniya nauki i tekhniki APK. 2018;32(11):60-3. Russian. doi: 10.24411/0235-2451-2018-11116.

10. Kharzinova VR, Petrov SN, Dotsev AV, et al. [Population-genetic characteristics of some goat breeds based on microsatellite analysis]. Ovtzy, kozy, sherstyano delo. 2019;(3):7-11. Russian.

11. Selionova MI, Aibazov AMM, Mamontova TV, et al. Characteristics of the allele pool and the genetic differentiation of goats of different breeds and their wild relatives by STR-markers. Archives of Razi Institute. 2021;76(5):1201-12. doi: 10.22092/ari.2021.355684.1709.

12. Deniskova TE, Dotsev AV, Selionova MI, et al. [Characteristics of Dagestan local subpopulations of goats (*Capra hircus*) based on the analysis of polymorphism of complete mitogenomes]. Genetika. 2022;58(8):967-76. Russian. doi: 10.31857/S0016675822050046.

13. Deniskova TE, Dotsev AV, Selionova MI, et al. SNP-based genotyping provides insight into the West Asian origin of Russian local goats. Front Genet [Internet]. 2021 [cited 2024 Jul 15];12: Article 708740. Available from: <https://www.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2021.708740/full>. doi: 10.3389/fgene.2021.708740.

14. Selionova MI, Aibazov M, Mamontova T, et al. Genome-wide association study of live body weight and body conformation traits in young Karachai goats. Small Ruminant Research [Internet]. 2022 [cited 2024 Jul 15];216: Article 106836. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0921448822002255?via%3Dihub>. doi: 10.1016/j.smallrumres.2022.106836.

15. Easa AA, Selionova M, Aibazov M, et al. Identification of genomic regions and candidate genes associated with body weight and body conformation traits in Karachai goats. Genes [Internet]. 2022 [cited 2024 Jul 15];13: Article 1773. Available from: <https://www.mdpi.com/2073-4425/13/10/1773>. doi: 10.3390/genes13101773.

16. Beketov SV, Piskunov AK, Voronkova VN, et al. [Genetic diversity and phylogeny of down goats of Central and Middle Asia]. Genetika. 2021;57(7):810-9. Russian. doi: 10.31857/S0016675821070031.

17. Milanese M, Capomaccio S, Vajana E, et al. BITE: An R package for biodiversity analyses. bioRxiv [Internet]. 2017 [cited 2024 Jul 15]: Article 181610. Available from: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/181610v1>. doi: 10.1101/181610.

Поступила в редакцию 04.08.2024 После доработки 20.08.2024 Принята к публикации 11.09.2024