

**ПОЛИМОРФИЗМ ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ЛОКУСАМ  
У КАРАЧАЕВСКОЙ ОВЦЫ *Ovis aries* L.\***Т.А. ЭРКЕНОВ<sup>1</sup> ✉, Х.М. ДЖАТДОЕВ<sup>1</sup>, Е.А. КУЛИКОВА<sup>2</sup>

Сокращение биоразнообразия требует особого внимания к изучению и сохранению локально адаптированных аборигенных пород. Карачаевская овца обладает повышенной способностью адаптироваться к условиям высокогорья (более 3000 м над уровнем моря). В настоящей работе с использованием стандартной панели, рекомендованной Международным обществом генетики животных (ISAG), в ООО Племенной завод «Махар» (юго-восточная зона Карачаево-Черкесской Республики, высота от 1000 до 3000 м над уровнем моря) выполнен анализ полиморфизма по микросателлитным локусам. Получены данные о существенных различиях полиморфизма между локусами, а также между типичными для карачаевской породы по сравнению с результатами генотипирования тех же локусов у других пород овец, представленными в литературе. Наибольшее число аллельных вариантов обнаружено у карачаевской породы по локусу OarFCB20 (17 аллелей), наименьшее — по локусам ETH152 и MAF214 (по 7 аллелей каждого). Относительно пониженный полиморфизм по локусу MAF214 отмечался у разных пород овец, но, в отличие от результатов других исследований, у карачаевской породы выделились два типичных для нее аллельных варианта — вариант 189 п.н. и вариант 191 п.н., выявляемых суммарно в 83 % случаев. У 5 из 6 самцов в выборке обнаружены четыре гомозиготы по аллелю 189 п.н. и одна по аллелю 191 п.н.. Наибольший процент гетерозигот наблюдался у овцематок по локусам McM42, McM527, OarFCB20, INRA172, MAF65, INRA5, почти в 2 раза меньшие значения отмечались по локусам INRA6 и CSR247. В большинстве микросателлитных локусов можно было выделить один или два аллеля, обозначенные как типичные, которые встречались в 20 % случаев или чаще. Исключение составляли локусы OarFCB20 (17 аллелей) и INRA5 (15 аллелей), у которых таких типичных аллелей не обнаружено. Все микросателлиты представлены динуклеотидными тандемными повторами, типичные аллели по трем из них различались на один коровый мотив (локус McM527 — аллели 164 и 166 п.н.; MAF65 — 125 и 127 п.н.; MAF214 — 189 и 191 п.н.). Наблюдается тенденция к совпадению присутствия аллелей разных микросателлитов в случае локусов INRA6 (9 аллелей) и CSR247 (9 аллелей) между аллелями соответственно 110 и 213 п.н. Оба эти аллеля встречаются среди выявленных с частотой 61 % каждый, из них 20 % совпадают в гетерозиготах, 18 % — в гомозиготах. Полученные данные свидетельствуют о широкой изменчивости числа аллельных вариантов между микросателлитными локусами как у карачаевской породы, так и в одном и том же микросателлите у разных пород овец. Обсуждается важность анализа полиморфизма микросателлитных локусов в связи с большим объемом данных о животных сельскохозяйственных видов. На основании накопленных данных могут быть выявлены геномные участки, на которые факторы внешней среды влияют с разной интенсивностью, приводя к изменчивости числа аллелей в разных локусах.

**Ключевые слова:** карачаевская порода, микросателлитные локусы, аллели, гомо- гетерозиготы, высокогорные условия.

Благодаря размеру территорий и разнообразию эколого-географических условий Российская Федерация относится к числу стран с богатым генетическим разнообразием животных сельскохозяйственных видов. Такое разнообразие служит источником для создания новых форм, сочетающих высокий генетический потенциал продуктивности заводских пород с приспособленностью местных. Тем не менее в целом повсеместно происходит сокращение биоразнообразия, что требует особого внимания к изучению и сохранению локально адаптированных аборигенных пород (1).

К таким породам принадлежат карачаевские овцы. Они выделяются скороспелостью, высокой энергией роста и ранним наступлением периода случки. Эта овца неприхотлива, легко адаптируется к различным климатическим изменениям (2). В сельскохозяйственных организациях по

\* Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (тема № 1023083000004-7-4.1.1 «Генетические ресурсы карачаевской породы лошадей и карачаевской породы овец в разных эколого-географических зонах»).

состоянию на 31.12.2023 года насчитывалось 251,3 тыс. овец карачаевской породы; в племенных хозяйствах — 65,8 тыс. овец, в том числе 40,0 тыс. овцематок (<https://vniiplem.ru/1/gisc/breeds/sheep/karach>).

Направление продуктивности карачаевской овцы — универсальное мясошерстно-молочное, порода относится к группе длинножирнохвостых. Распространена в Северной Осетии, Кабардино-Балкарии и Карачаево-Черкессии (3). Характеризуется невысоким ростом; крепким костяком, крепкими ногами и копытным рогом; хорошей приспособленностью к высокогорным условиям (3000-3500 м над уровнем моря); особой формой хвоста с S-образно изогнутым концом, как у каракульских овец. Живая масса маток 45 кг, баранов 60 кг, настриг шерсти от овцематок 1,1-1,3 кг, мясо и жир хвоста отличаются высокими вкусовыми качествами. Масть животных в основном черная, реже серая, рыжая, пегая; шерсть грубая, но с большим содержанием пуха и переходного волоса; длина пуха 6 см, ости — 10 см. Молочность овцематок достаточно высокая (4). Карачаевская овца считается породой с так называемым закрытым генофондом, которая не смешивалась ни с какой другой породой, поскольку пасется в труднодоступных для человека высокогорных районах.

К настоящему времени накоплены сведения о геномных районах, с использованием методов генотипирования по мононуклеотидным полиморфизмам (Single Nucleotide Polymorphisms, SNP), в которых локализованы гены, связанные с адаптацией млекопитающих, в том числе человека, к условиям высокогорной гипоксии (5). Предполагается, что более 130 генов могут быть ассоциированы с устойчивостью к высокогорной гипоксии у млекопитающих (6). Также имеется большой объем данных, подтверждающих существенный вклад мобильных генетических элементов в регуляцию геной экспрессии (7, 8).

В предыдущих исследованиях при сравнении результатов генотипирования степных пород овец эдильбаевской и калмыцкой и горной карачаевской породы по длинным терминальным повторам ряда эндогенных ретровирусов (9) мы выявили существенные различия между породами, адаптированными к разным экологическим условиям воспроизводства. Выявленные отличия карачаевской овцы от ряда других пород описаны по мононуклеотидным полиморфизмам (Single Nucleotide Polymorphisms, SNP) (10).

Для увеличения числа используемых ДНК маркеров различных геномных участков у карачаевской породы в настоящей работе выполнен анализ полиморфизма STR (Simple Tandem Repeats) по каждому из локусов стандартной панели, рекомендованной для генотипирования овец ISAG (International Society for Animal Genetics). Сравнение с результатами, полученными у других пород с помощью той же панели, выявило выраженные различия между карачаевской и другими породами овец по ряду STR.

Целью исследования был сравнительный анализ полиморфизма 12 STR у овец карачаевской породы.

*Методика.* Использовали образцы шерсти половозрелых овец карачаевской породы (44 овцематки и 6 баранов 2018-2022 годов рождения, ООО Племенной завод «Махар», 2025 год; юго-восточная зона Карачаево-Черкесской Республики, высота от 1000 до 3000 м над уровнем моря).

ДНК выделяли из волосяных фолликулов (станция для автоматического выделения и очистки нуклеиновых кислот NEXOR, «Lepu Medical Technology», Китай) с помощью набора реагентов МагноПрайм® ВЕТ (ООО «НекстБио», Россия) в соответствии с инструкцией производителя.

Полимеразную цепную реакцию проводили в ДНК-амплификаторе

MiniAmp Plus («Thermo Fisher Scientific», США), используя набор реагентов COrDIS Sheep (ООО «Гордиз», Россия) для мультиплексного анализа 12 микросателлитных маркеров овец согласно рекомендации производителя. Генотипировали 12 микросателлитных локусов, рекомендованных ISAG для генотипирования овец: McM042, INRA006, McM527, ETH152, CSRD247, OarFCB20, INRA172, INRA063, MAF065, MAF214, INRA005, INRA023. Размер амплифицированных участков ДНК каждого микросателлитного локуса определяли методом капиллярного электрофореза в генетическом анализаторе Нанофор-05 (ООО НПК «Синтол», Россия). Размеры выявленных фрагментов ДНК в исследуемых локусах определяли при помощи программы GeneMarker («SoftGenetics, LLC», США).

Оценивали число гомозигот по каждому локусу и отдельно у каждого животного, частоту встречаемости разных аллельных вариантов и генотипов, статистическая обработка полученных данных выполнялась с помощью программы Statistica 12 (<https://statsoft-statistica.ru/>).

*Результаты.* В таблицах 1 и 2 представлены данные, полученные при генотипировании овец по микросателлитным локусам.

**1. Генотипы по микросателлитным локусам (STR) у 44 карачаевских овцематок (*Ovis aries* L.) 2018-2022 годов рождения (ООО Племенной завод «Махар», Карачаево-Черкесская Республика, 2025 год)**

Индивидуальный №	Микросателлитный локус, п.н.												А
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
00010	87	110	166	188	213+	95	126+	175	125	189	129	198	2
	95	116	172	192	213+	111	126+	183	129	191	133	216	
00011	87	110+	164	188	213+	91	140	169	119	203	129	204	2
	95	110+	168	190	213+	103	154	185	125	223	143	216	
00012	87+	110+	164	186	213+	93	140	175+	125	187	129	198+	5
	87+	110+	172	198	213+	99	154	175+	129	189	141	198+	
00013	87	118+	166	186+	213	95	140	175	119	189+	129+	200	4
	89	118+	172	186+	225	99	154	183	129	189+	129+	216	
00014	89	118	168	186	213	89	140	183+	125	189	127	200+	2
	95	130	172	192	225	97	154	183+	129	191	135	200+	
00015	87	110+	164	188	213	89+	126+	175+	125	189	121	200	4
	95	110+	172	190	223	89+	126+	175+	127	191	131	210	
00016	81	110	164	186+	213	87	140	175	117	189+	121	200	2
	87	112	166	186+	225	99	154	189	127	189+	133	216	
00017	87	110+	172	192	213+	91+	138	175+	119	191+	125	220+	6
	91	110+	178	196	213+	91+	154	175+	127	191+	129	220+	
00018	95	110	166	186	213	91	144	175+	119	189	127	198	1
	103	120	168	192	215	101	160	175+	125	191	137	210	
00019	87	106+	164+	186	213	99	154	175+	121+	191+	117	194+	6
	95	106+	164+	192	223	107	164	175+	121+	191+	127	194+	
00001	85	110+	166	190+	213	89	144	167+	125	189	125	210	3
	95	110+	170	190+	217	97	160	167+	127	223	143	218	
00020	87	110+	168	186+	205+	87	140	169	125	189	125	206	3
	95	110+	172	186+	205+	95	154	175	135	191	139	218	
00021	87	106	166+	186	213+	87	146	177	117	189	125	210	2
	95	116	166+	188	213+	101	160	187	127	191	139	218	
00022	81	110+	166	186+	213+	95	140	175+	127	189	127	212	4
	95	110+	170	186+	213+	101	154	175+	129	225	139	216	
00023	91	110	170+	186	215	97	126	171+	119	189	135	204	2
	95	116	170+	188	223	111	168	171+	129	191	141	210	
00024	87	110	166	186+	213+	103	152	175+	119	189+	127	198+	5
	95	116	172	186+	213+	113	172	175+	125	189+	133	198+	
00026	87	110+	164	186	213	83	140	175	115	191	129	204	1
	95	110+	166	190	217	93	154	185	125	223	141	218	
00027	87	110	164	186	213	99	146	175	121	187	129	200	0
	95	120	166	190	225	103	160	177	127	223	141	216	
00028	87	110+	164	190	213	89	140	171	117	189	125	198+	2
	95	110+	180	192	227	101	154	179	127	191	135	198+	
00029	87+	110	166	192	211	85	136+	179	123	189	121	200+	3
	87+	116	172	200	227	99	136+	187	135	223	131	200+	
00002	87	110+	164	190	213+	91	146	175	119	189	127	214+	3
	105	110+	172	198	213+	101	160	183	127	191	133	214+	

00030	87	110+	166	186	213	89	140	175+	121	189+	129	198	3
	103	110+	176	188	215	97	154	175+	129	189+	145	210	
00031	87	110	162	190+	213+	95	140	177	125	191+	115	198+	4
	95	116	172	190+	213+	101	154	183	127	191+	125	198+	
00033	85	110+	164	186	213	75+	144	183	127	189	129	198	2
	95	110+	168	190	215	75+	160	185	129	191	141	200	
00034	87	110+	164+	186	213+	87	138	175	115	189	127	198+	4
	89	110+	164+	190	213+	89	154	179	121	191	129	198+	
00035	87	110	164	186+	213+	91	146	175	127	191+	127	202	2
	95	116	170	186+	213+	101	160	179	135	191+	135	216	
00036	87	110	164	190+	213+	75	140	171	119	191+	127	198+	4
	95	112	166	190+	213+	101	154	175	127	191+	139	198+	
00037	87	116+	164	186	223+	91+	140	177	119	191+	125	200	4
	89	116+	172	192	223+	91+	154	183	129	191+	127	208	
00039	87+	110+	164+	186	213	91	140	175	115	189	125	198+	4
	87+	110+	164+	188	223	99	154	185	125	197	133	198+	
00003	87+	110	166	186+	213	91	154	175	119	189	131	198	2
	87+	120	178	186+	227	99	160	187	131	191	137	216	
00041	81	106	164+	186	213+	109+	126	167	115	189	123	190	3
	95	118	164+	188	213+	109+	162	183	127	191	131	208	
00042	87	110+	164	190+	213+	91	154+	179	119	203	127	202	4
	95	110+	170	190+	213+	99	154+	185	125	223	139	204	
00043	87+	110+	164	192	213	89	154	175	115	189+	125	210+	4
	87+	110+	168	200	225	101	160	185	125	189+	133	210+	
00044	89	110	164+	186	227+	87	140	171	125	191+	131	204	3
	95	120	164+	190	227+	101	154	179	129	191+	135	216	
00045	87+	110+	166	190	213+	87+	154	169	115	189	125+	200	5
	87+	110+	172	200	213+	87+	160	179	125	191	125+	216	
00047	87	110	170	186+	213+	87+	164+	175+	119	191+	127	198	6
	95	116	176	186+	213+	87+	164+	175+	125	191+	129	218	
00048	95+	124+	170+	186	213+	87	154	175+	125+	191+	129	200	7
	95+	124+	170+	190	213+	103	168	175+	125+	191+	133	218	
00049	81	110	166	186	213+	99+	138	169	125	189	131	198+	3
	87	120	170	190	213+	99+	154	175	135	191	137	198+	
00004	87	110+	164	186	213+	87	168+	171+	125	191+	125	204	5
	95	110+	172	198	213+	103	168+	171+	135	191+	143	218	
00005	87	110	164	186	209	93	140	169	119	189	125	194	0
	95	118	166	192	227	99	154	175	129	223	143	210	
00006	87	110	164	186	213	87	126	175	119	189	127	198	0
	95	130	168	192	223	101	154	179	127	223	137	206	
00007	87	110+	164	188	223	87	126+	175	125	189	127	198	2
	99	110+	166	190	227	97	126+	187	127	223	141	200	
00008	87	110+	170	186	213	95	160	169	125	187	131	216	1
	95	110+	172	190	227	103	166	183	135	191	143	218	
00009	87	120+	164	200+	227+	93	138	169	125	189	129	216	3
	95	120+	168	200+	227+	103	154	183	127	191	135	218	
	Число гомозигот												
	7	25	8	13	23	8	7	14	2	15	2	14	
	Доля гетерозигот, %												
	84	43	82	70	48	82	86	68	95	66	95	68	

Примечание. Микросателлитные локусы: 1 — McM42, 2 — INRA6, 3 — McM527, 4 — ETH152, 5 — CSRD247, 6 — OarFCB20, 7 — INRA172, 8 — INRA63, 9 — MAF65, 10 — MAF214, 11 — INRA5, 12 — INRA23. Знаком «+» обозначены гомозиготы; А — число гомозигот суммарно по всем STR локусам у каждой овцематки.

## 2. Генотипы по микросателлитным локусам (STR) у 6 караево-Черкесская Республика, 2025 год)

Индивидуальный №	Микросателлитный локус, п.н.											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
00025	87	110	164+	186+	213	99	144	175+	115	191	127	198
	95	116	164+	186+	223	109	160	175+	125	223	133	214
00032	87	110	164	186+	213	81	140	175	129	189+	127	192
	95	116	166	186+	227	87	154	177	137	189+	143	208
00038	87	110	164+	186+	213	97+	154	183+	125	189+	129	200
	95	116	164+	186+	223	97+	158	183+	129	189+	139	216
00040	87	120	164	190	223+	99	158+	175	117	189+	123	202
	95	132	172	200	223+	103	158+	179	127	189+	135	216
00046	87+	106+	164	186	213+	87	140	175+	127	191+	129	198
	87+	106+	170	192	213+	103	154	175+	129	191+	135	200

Продолжение таблицы 2												
00050	87	110+	164	186	213	101+	154+	177	125	189+	129	216+
	95	110+	168	190	227	101+	154+	183	127	189+	133	216+
	Доля гетерозигот, %											
	83	67	67	50	67	67	67	50	100	17	100	83

Примечание. Микросателлитные локусы: 1 — McM42, 2 — INRA6, 3 — McM527, 4 — ETH152, 5 — CSRD247, 6 — OarFCB20, 7 — INRA172, 8 — INRA63, 9 — MAF65, 10 — MAF214, 11 — INRA5, 12 — INRA23. Знаком «+» обозначены гомозиготы.

Полученные результаты показали, что у самок число гомозигот и гетерозигот по изученным локусам имеют существенные индивидуальные различия. У овцематок наибольший процент гетерозигот отмечали по локусам McM42, McM527, OarFCB20, INRA172, MAF65, INRA5 (см. табл. 1), почти в 2 раза меньшие значения — по локусам INRA6 и CSRD247. Небольшая выборка баранов ( $n = 6$ ) отличалась от самок только увеличенным числом гомозигот по локусу MAF214 (см. табл. 2), несмотря на сходство значений по большинству других локусов.

Суммарно по 12 микросателлитным локусам выявлено 133 аллельных варианта, распределение которых по локусам существенно варьировало (табл. 3).

### 3. Частота встречаемости аллельных вариантов по микросателлитным локусам (STR) у 50 представителей карачаевской породы овец (*Ovis aries* L., 44 овцематки и 6 баранов) (ООО Племенной завод «Махар», Карачаево-Черкесская Республика, 2025 год)

STR	Число аллелей	Длина аллеля, п.н./частота встречаемости, %
McM42	9	81/4, 85/2, 87/48+, 89/5, 91/2, 95/35+, 99/1, 103/2, 105/1
INRA6	9	106/6, 110/61+, 112/2, 116/13, 118/3, 120/7, 124/2, 130/2, 132/2
McM527	9	162/1, 164/25+, 166/20+, 168/9, 170/11, 172/16, 176/2, 178/2, 180/1
ETH152	7	186/45+, 188/9, 190/24+, 192/12, 196/1, 198/3, 200/6
CSRD247	9	205/2, 209/1, 211/1, 213/61+, 215/4, 217/2, 223/12, 225/5, 227/12
OarFCB20	17	75/3, 81/1, 83/1, 85/1, 87/15, 89/8, 91/11, 93/5, 95/5, 97/7, 99/14, 101/13, 103/9, 107/1, 109/3, 111/2, 113/1
INRA172	15	126/9, 136/2, 138/4, 140/18, 144/4, 146/4, 152/1, 154/33+, 158/3, 160/12, 162/1, 164/3, 166/1, 168/4, 172/1
INRA63	10	167/3, 169/7, 171/7, 175/43+, 177/6, 179/9, 183/14, 185/6, 187/4, 189/1
MAF65	11	115/7, 117/4, 119/14, 121/5, 123/1, 125/27+, 127/20+, 129/14, 131/1, 135/6, 137/1
MAF214	7	187/3, 189/42+, 191/41+, 197/1, 203/2, 223/10, 225/1
INRA5	15	115/1, 117/1, 121/3, 123/2, 125/13, 127/16, 129/17, 131/7, 133/9, 135/8, 137/4, 139/6, 141/6, 143/6, 145/1
INRA23	15	190/1, 192/1, 194/3, 198/26+, 200/15, 202/3, 204/6, 206/2, 208/3, 210/9, 212/1, 214/3, 216/16, 218/9, 220/2

Примечание. Знаком «+» обозначены аллели, которые в данном локусе STR встречались чаще, чем в 20 % случаев и рассматривались как типичные для карачаевской породы овец.

В большинстве микросателлитных локусов можно было выделить один или два аллеля, которые встречались с частотой 20 % или выше, за исключением OarFCB20 (17 аллелей) и INRA5 (15 аллелей). Аллели, которые встречались в конкретном STR локусе с частотой, равной или превышающей 20 %, рассматривались далее как типичные для анализируемой группы овец. Наименьшую гетерозиготность среди исследованных овцематок выявили по локусам INRA6 и CSRD247, что соответствовало высокой частоте встречаемости (61 %) одного аллеля по каждому из этих локусов (110 и 213 п.н.) (см. табл. 1, 3). Более того, оказалось, что типичные для этих локусов аллельные варианты встречались вместе у одних и тех же животных в 38 случаях — в 20 случаях в гетерозиготном сочетании, в 18 — в составе гомозигот при общем числе вариантов комбинаций, равном 61.

Следующим по относительно пониженной изменчивости, особенно у баранов, оказался локус MAF214, 83 % среди всех аллельных вариантов этого локуса было представлено двумя аллелями длиной 189 и 191 п.н.

Следует отметить, что этот локус, по-видимому, характеризуется несколько пониженным полиморфизмом у отдельных пород овец, судя по числу его аллельных вариантов у эдильбаевской и калмыцкой пород, описанных в работе Е.А. Гладырь с соавт. (11).

Стандартную панель микросателлитов, рекомендованную ISAG, использовали многие исследователи разных пород овец (12, 13), включая карачаевскую (12). Анализ генофондов 25 пород овец, разводимых в России, по микросателлитным локусам позволил Т.Е. Денисковой с соавт. (12) прийти к выводу о том, что дифференциация между породами обусловлена главным образом типом шерстного покрова, направлением продуктивности и регионом разведения. В результате этого карачаевская порода вошла в общий кластер с андийской и лезгинской породами, созданными в разных горных зонах Северного Кавказа посредством длительной народной селекции местных грубошерстных овец.

Накопленные данные позволяют сравнивать полиморфизм одних и тех же микросателлитных локусов у разных пород овец. Например, можно сопоставить аллельное разнообразие карачаевской овцы с таковым у маньчжского меринуса, советского меринуса, северокавказской мясошерстной и кавказской пород (13). А.Ю. Криворучко с соавт. (13) пришли к выводу, что наибольшей частотой встречаемости характеризовались аллели 189 п.н. локуса MAF214 (68 %) у маньчжского меринуса и 154 п.н. локуса INRA172 (65 %) у советского меринуса. Выявлены аллели 209 п.н. в локусе CSRD247, 166 п.н. в локусе INRA172 и 129 п.н. в локусе MAF65, которые, как полагали авторы (13), встречаются только у овец маньчжского меринуса, с частотой соответственно 26, 28 и 40 %. Аллель 97 п.н. в локусе OarFCB20 с частотой встречаемости 20 % обнаружен только у овец породы советский меринос.

У карачаевской породы в наших исследованиях аллель 189 п.н. локуса MAF214 встречался ненамного чаще, чем аллель 191 п.н. (42 % против 41 %), но оба аллеля были типичными для исследованной группы животных. Аллель 154 п.н. локуса INRA172 доминировал относительно 14 других аллелей (32 %), аллель 209 п.н. в локусе CSRD247 был редким, но тоже обнаруживался, как и аллель 166 п.н., в локусе INRA172, а аллель 129 п.н. локуса MAF65 встречался с частотой 14 % среди других 11 аллелей. Аллель 97 п.н. в локусе OarFCB20 встречался с частотой 7 %, но его трудно отнести к редким вариантам, учитывая большое число аллелей (17 аллелей) по этому локусу у карачаевской породы. По-видимому, генетические потоки в овцеводстве достаточно широко пересекались, и при этом в большинстве случаев STR различались не присутствием/отсутствием аллельных вариантов, а частотой их встречаемости.

#### 4. Число аллелей микросателлитных локусов (STR) у карачаевской овцы и родопского цигая (*Ovis aries* L.)

STR, коровый мотив	Родопский цигай (14)	Карачаевская овца (см. табл. 3)
McM42, (AC)n	9	9
INRA23, (AC)n	3	15
INRA63, (AC)n	14	10
ETH152, (AC)n	5	7
McM527, (TG)n	5	9
INRA172, (TG)n	22	15
OarFSB20, (TG)n	2	17
INRA6, (CA)n	1	9
CSRD247, (CA)n	14	9
MAF65, (CA)n	15	11
INRA5, (GT)n	12	15
MAF214, (GT)n	16	7

По числу аллелей в некоторых микросателлитных локусах, в частности INRA23, INRA172, OarFSB20, INRA6, MAF214, проявились существенные различия между карачаевской овцой (см. табл. 3) и двумя болгарскими группами родопского цыгя (14). При этом отмеченные различия не зависели от корового мотива STR (табл. 4), несмотря на то, что в геноме овцы среди динуклеотидных микросателлитов доминирует (AC)<sub>n</sub> (<https://data.ccmdb.res.in/msdb/>).

STR также неодинаковы по непрерывности присутствия динуклеотидных аллельных вариантов в выявляемом спектре. Так, по локусу INRA5 10 аллелей из 15 представляют собой непрерывную последовательность их длин с разницей на один динуклеотид при отсутствии типичных аллелей, тогда как по локусу INRA172 только 2-4 (включая один типичный аллель 154 п.н. с частотой 33 %) из 15 аллелей непрерывны (см. табл.3). То есть STR при одинаковом числе аллелей различаются непрерывностью спектра по динуклеотидным повторам.

Изначально, когда появилась заинтересованность в генотипировании микросателлитных локусов, предполагалось, что с функциональной точки зрения они нейтральны по отношению к действию факторов окружающей среды. На этом была основана идея генотипирования животных для исключения ошибок происхождения, контроля эффектов основателей, близости популяций в связи с их происхождением. В дальнейшем оказалось, что разнообразие микросателлитов очень большое, созданные базы данных по микросателлитам позволяют увидеть, как существенно отличаются распространенность и полиморфизм разных типов микросателлитов (15, 16).

Функциональное разнообразие микросателлитов до сих пор остается недостаточно исследованным. Закономерности их полиморфизма, тесная связь с мобильными генетическими элементами, вовлеченность в регуляцию генной экспрессии начинают более внимательно рассматриваться только в последние годы (16). В то же время развитие методов секвенирования приводит к переключению внимания от микросателлитных локусов к генотипированию по мононуклеотидным полиморфизмам (16). В эти исследования тоже была включена карачаевская порода овец, что позволило получить качественно такой же результат, как и при генотипировании микросателлитных локусов: карачаевская порода оказалась в общем кластере с андийской и лезгинской породами (17).

Сходство результатов оценки генетической дифференциации между животными сельскохозяйственных видов, полученной с использованием микросателлитных локусов и SNP, описаны в литературе (18). Появляются все новые данные, свидетельствующие о том, что некодирующие нуклеотидные геномные элементы, регулирующие экспрессию генов, служат источником фенотипической изменчивости в большей степени, чем нуклеотидные последовательности белок-кодирующих генов (19-22). Можно ожидать, что сходство результатов оценок межпородной популяционно-генетической дифференциации, полученных с использованием микросателлитных локусов и SNP, обусловлено тем, что в обоих случаях выполняется сопоставление геномных элементов, тесно связанных с изменчивостью регуляции генной экспрессии.

Интересным примером вовлечения в межпородные отличия карачаевской овцы SNP, локализованных не только в белок-кодирующих последовательностях, но и в длинной некодирующей РНК (lncRNA), служат результаты, полученные А.Ю. Криворучко с соавт. (10). Данные о функциональном значении lncRNA — производных эндогенных ретровирусов (23) в регуляции генной экспрессии в последние годы постоянно увеличиваются

(24, 25). Показана вовлеченность lncRNA в адаптацию разных видов (яки, овцы, свиньи, куры) к высокогорной гипоксии (26). Полученные данные свидетельствовали о широко распространенной регуляторной роли lncRNA в адаптации к высокогорью, а также о видоспецифичности ответа на такой отбор.

Видоспецифичные различия ответов на факторы естественного отбора обнаружены даже у таких близких видов, как овцы и козы (27), причем овцы оказались более чувствительны (по изменчивости SNP) к высоте над уровнем моря, козы — к летней температуре и весенним осадкам. Надо отметить, что адаптация к высокогорью у овец обусловлена не только высокогорной гипоксией, а целым рядом других экологических факторов, включая устойчивость к засухе, холоду, к кормовым ресурсам (28), особенно для карачаевской овцы, которая круглогодично содержится на выпасе. Изучение генетических механизмов адаптации овец к факторам окружающей среды кажется особенно важным еще и потому, что число метаболических путей, участвующих в ответе на действие экологических факторов, почти в 2 раза больше, чем в ответе на отбор по признакам продуктивности (29).

Известно, что при доместикации за достаточно короткое время у ряда видов утрачиваются некоторые гены, по-видимому, из-за их «неиспользования» в меняющихся условиях. Так, у овец и коз утрачиваются некоторые гены, связанные с иммунной системой по сравнению с близкородственными дикими видами (30, 31), у свиней — гены, входящие, в частности, в суперсемейства генов обонятельных рецепторов (32). Можно предположить, что изменение числа аллельных вариантов в разных микросателлитных локусах у одной породы относительно другой обусловлено совокупностью факторов действующего отбора: чем менее нейтрален к их действию локус, тем меньше аллельных вариантов, чем более нейтрален — тем больше аллелей и меньше типичных для породы.

Таким образом, имеющиеся данные показывают, что результаты генотипирования микросателлитных локусов следует рассматривать не совокупно как общую характеристику STR породы, а индивидуально, с учетом особенностей изменчивости каждого локуса отдельно. По нашему мнению, это позволило бы использовать каждый микросателлит в качестве показателя изменчивости определенного геномного района (как и в случае SNP). Как результат, могут быть выделены геномные районы, в которых локализованы регуляторные последовательности, белок-кодирующие гены, потенциально ассоциированные с ответом на влияния факторов искусственного и естественного отборов, такими как направление продуктивности, воспроизводство, адаптация к экстремальным экологическим условиям (5, 22).

В пользу этого утверждения свидетельствуют полученные нами данные об индивидуальных особенностях полиморфизма разных микросателлитных локусов, отличающихся друг от друга по числу аллельных вариантов, а также доминированию некоторых аллелей (см. табл. 1-3). Специальных исследований требует выявленная нами тенденция к совпадению присутствия аллельных вариантов разных STR в индивидуальных генотипах животных, например между аллелями 110 п.н. и 213 п.н. соответственно локусов INRA6 и CSRD247 (см. табл. 1, 3). Можно ожидать, что межпородные различия по числу аллельных вариантов неслучайны и отражают изменения интенсивности влияния разных факторов отбора на одни и те же микросателлитные локусы. При этом в случае большого числа аллелей и непрерывной последовательности числа повторов корового мотива (динуклеотида) их изменчивость ближе к нейтральной. Накопленные данные по одним и тем

же микросателлитным локусам для большого числа пород (в частности, у овец) могут стать источником информации о мишенях разных факторов отбора.

Итак, при генотипировании представителей карачаевской породы овец по стандартной панели из 12 микросателлитных локусов, рекомендованной ISAG, получены следующие данные. Число гомозигот по 12 локусам у индивидуальных животных для 44 овцематок менялось от 2 (по локусам MAF65 и INRA5,) до 25 (по локусу INRA6), доля гетерозигот — от 43 до 95 %. Число аллелей по отдельным локусам у разных пород овец (родопский цыгай и карачаевская овца) могло варьировать от 2 до 17 по локусу OarFSB20, по локусу INRA172 — от 22 аллелей до 15. Наблюдаемое разнообразие полиморфизма микросателлитов как между локусами, так и между породами может быть полезным при создании «микросателлитных портретов», отражающих особенности направления продуктивности пород, а также их адаптированности к экологическим условиям воспроизводства.

<sup>1</sup>ФГБОУ ВО Северо-Кавказская государственная академия,  
369001 Россия, Карачаево-Черкесская Республика, г. Черкесск,  
ул. Ставропольская, 36,  
e-mail: ehr.timur@yandex.ru ✉, 253797@mail.ru;  
<sup>2</sup>АО «ВБД»,  
127591 Россия, г. Москва, Дмитровское ш., 108,  
e-mail: Ekaterina.Kulikova@pepsico.com

Поступила в редакцию  
2 сентября 2025 года  
Принята к публикации  
22 октября 2025 год

*Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]*, 2025, V. 60, № 6, pp. 1033-1043

## MICROSATELLITE POLYMORPHISM IN KARACHAY SHEEP *Ovis aries* L.

T.A. Erkenov<sup>1</sup> ✉, Kh. M. Dzhatdov<sup>1</sup>, E.A. Kulikova<sup>2</sup>

<sup>1</sup>North Caucasian State Academy, 36, ul. Stavropol'skaya, Cherkessk, KCHR, 369001 Russia, e-mail ehr.timur@yandex.ru (✉ corresponding author), 253797@mail.ru;

<sup>2</sup>JSC WBD, 108, Dmitrovskoye sh., Moscow, 127591 Russia, e-mail Ekaterina.Kulikova@pepsico.com

ORCID:

Erkenov T.A. orcid.org/0009-0006-8366-3759

Kulikova E.A. orcid.org/0009-0001-8464-0923

Dzhatdov Kh.M. orcid.org/0009-0000-5863-2965

The authors declare no conflict of interests

Acknowledgements:

Carried out within the state assignment of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation (theme No. 1023083000004-7-4.1.1)

Final revision received September 02, 2025

doi: 10.15389/agrobiology.2025.6.1033eng

Accepted October 22, 2025

### Abstract

Biodiversity decline requires special attention to the study and conservation of locally adapted aboriginal breeds. Karachay sheep have an increased ability to adapt to high-altitude conditions (over 3,000 m above sea level). In this study, using a standard panel recommended by the International Society of Animal Genetics (ISAG), a microsatellite polymorphism analysis was performed at the Makhar Breeding Farm (southeastern part of the Karachay-Cherkess Republic, at altitudes from 1,000 to 3,000 m above sea level). Data were obtained on significant differences in polymorphism between different loci, as well as between the typical polymorphism for the Karachay breed, compared to genotyping results for the same loci in other sheep breeds presented in the literature. Specifically, the highest number of allelic variants was found in the Karachay breed at the OarFCB20 locus (17 alleles), while the lowest number was found at the ETH152 and MAF214 loci (each with 7 alleles). Relatively low polymorphism at the MAF214 locus was observed in various sheep breeds, but unlike the results of other studies, two typical allelic variants, 189 and 191, were distinguished in the Karachay breed, accounting for a total of 83 % of cases among others. In five of the six males studied, four homozygotes for the 189 bp allele and one for the 191 bp allele were detected. The highest heterozygous values (in %) were observed in ewes at the McM42, McM527, OarFCB20, INRA172, MAF65, and INRA5 loci, and almost two times lower values were observed at the INRA6 and CSRD247 loci. At most microsatellite loci, one or two alleles could be identified, occurring at 20 % or more of all alleles, designated as typical. The exceptions were the OarFCB20 (17 alleles) and INRA5 (15 alleles) loci, for which such

typical alleles were not detected. All microsatellites are represented by dinucleotide tandem repeats, typical alleles for three of them differed by one repeat (locus McM527 — alleles 164 bp, 166 bp; MAF65 — 125 bp, 127 bp; MAF214 — 189 bp, 191 bp). A certain tendency towards coincidences in the presence of allelic variants of different microsatellites was observed for INRA6 (9 alleles) and CSR247 (9 alleles) loci between alleles 110 bp and 213 bp, respectively. Both of these alleles were found at a frequency of 61 % each of all identified alleles, of which 20 % coincided in heterozygotes and 18 % in homozygotes. The obtained data demonstrate wide variability in the number of allelic variants between microsatellite loci both in the Karachay breed and within the same microsatellite in different sheep breeds. The importance of analyzing microsatellite loci polymorphisms is discussed in connection with the large database accumulated in agricultural animal species, which makes it possible to identify genomic regions that differ, in particular, in the intensity of the influence of environmental factors, potentially leading to variability in the number of alleles.

Keywords: Karachay sheep, microsatellite loci, alleles, homo-heterozygotes, high-mountain conditions.

## REFERENCES

- Zinovieva N.A., Deniskova T.E., Kharzinova V.R., Bagirov V.A., Romanov M.N., Volkova V.V., Grishina D.S., Abdelmanova A.S., Gusev I.V., Shchukin I.M., Trukhachev V.I., Boronetskaya O.I. Conservation of native livestock breeds in Russia: current state and promising prospects. *Animals (Basel)*, 2025, 15(21): 3103 (doi: 10.3390/ani15213103).
- Ulimbashev M.B., Ulimbasheva R.A. *Rossiyskaya sel'skokhozyaystvennaya nauka*, 2020, 5: 50-53. (doi: 10.31857/S2500262720050129) (in Russ.).
- Krivoruchko A.Yu., Katkov K.A., Kanibolotskaya A.A., Skokova A.V., Yatsik O.A. *Ovtsi, koz'i, sherstyanoe delo*, 2022, 2: 17-22 (doi: 10.26897/2074-0840-2022-2-17-22) (in Russ.).
- Glazko V.I., Yuldashbaev Yu.A., Kushnir A.V., Salaev B.K. *Traditsionnaya i metabolomicheskaya selektsiya ovets* [Traditional and metabolomic selection of sheep]. Moscow, 2019 (in Russ.).
- Yurchenko A.A., Deniskova T.E., Yudin N.S., Dotsev A.V., Khamiruev T.N., Selionova M.I., Egorov S.V., Reyher H., Wimmers K., Brem G., Zinovieva N.A., Larkin D.M. High-density genotyping reveals signatures of selection related to acclimation and economically important traits in 15 local sheep breeds from Russia. *BMC Genomics*, 2019, 20(Suppl 3): 294 (doi: 10.1186/s12864-019-5537-0).
- Liu X, Zhang Y., Li Y., Pan J., Wang D., Chen W., Zheng Z., He X., Zhao Q., Pu Y., Guan W., Han J., Orlando L., Ma Y., Jiang L. EPAS1 gain-of-function mutation contributes to high-altitude adaptation in Tibetan horses. *Mol. Biol. Evol.*, 2019, 36(11): 2591-2603 (doi: 10.1093/molbev/msz158).
- Gebrie A. Transposable elements as essential elements in the control of gene expression. *Mob DNA*, 2023, 14(1): 9 (doi: 10.1186/s13100-023-00297-3).
- Hossain M.J., Nyame P., Monde K. Species-specific transcription factors associated with long terminal repeat promoters of endogenous retroviruses: a comprehensive review. *Biomolecules*, 2024, 14(3): 280 (doi: 10.3390/biom14030280).
- Dzhatdov Kh.M., Erkenov T.A. *Agrarnaya nauka*, 2024, 12: 109-112 (doi: 10.32634/0869-8155-2024-389-12-109-112) (in Russ.).
- Krivoruchko A.Yu., Yatsik O.A., Skokova A.V., Kanibolotskaya A.A. *Genetika*, 2022, 58(2): 169-176 (doi: 10.31857/s0016675822020096) (in Russ.).
- Gladir' E.A., Zinov'eva N.A., Chimidova N.V., Moiseykina L. G., Kudina E. P., Ernst L.K., Brem G. *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*, 2013, 3: 68-70 (in Russ.).
- Deniskova T.E., Selionova M.I., Gladir' E.A., Dotsev A.V., Bobryshova G.T., Kostyunina O.V., Brem G., Zinovieva N.A. Variability of microsatellites in sheep breeds raced in Russia. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya [Agricultural Biology]*, 2016, 51(6): 801-810 (doi: 10.15389/agrobiol.2016.6.801rus).
- Krivoruchko A.Yu., Skokova A.V., Skorikh L.N., Kanibolotskaya A.A., Krivoruchko O.N. *Zhivotnovodstvo i kormoproduktivnost*, 2024, 107(2): 71-84 (doi: 10.33284/2658-3135-107-2-71) (in Russ.).
- Odjakova T., Todorov P., Radoslavov G., Hristov P. Microsatellite genotyping of two Bulgarian sheep breeds. *Diversity*, 2022, 14: 210 (doi: 10.3390/d14030210).
- Mokhtar MM, Atia MAM. SSRome: an integrated database and pipelines for exploring microsatellites in all organisms. *Nucleic Acids Res.*, 2019, 47(D1): D244-D252 (doi: 10.1093/nar/gky998).
- Glazko V.I., Kosovsky G.Yu., Glazko T.T., Fedorova L.M. DNA markers and microsatellite code (review). *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya [Agricultural Biology]*, 2023, 58(2): 223-248 (doi: 10.15389/agrobiol.2023.2.223rus).
- Deniskova T.E., Dotsev A.V., Selionova M.I., Kunz E., Medugorac I., Reyher H., Wimmers K., Barbato M., Traspov A.A., Brem G., Zinovieva N.A. Population structure and genetic diversity of 25 Russian sheep breeds based on whole-genome genotyping. *Genet. Sel. Evol.*, 2018, 50(1): 29 (doi: 10.1186/s12711-018-0399-5).

18. Hall S.J.G. Genetic differentiation among livestock breeds-values for Fst. *Animals*, 2022, 12(9): Article number 1115 (doi: 10.3390/ani12091115).
19. Davenport K.M., Massa A.T., Bhattarai S., McKay S.D., Mousel M.R., Herndon M.K., White S.N., Cockett N.E., Smith T.P.L., Murdoch B.M. Characterizing genetic regulatory elements in ovine tissues. *Front. Genet.*, 2021, 12: 628849 (doi: 10.3389/fgene.2021.628849).
20. Xiang R., Berg I.V.D., MacLeod I.M., Hayes B.J., Prowse-Wilkins C.P., Wang M., Bolormaa S., Liu Z., Rochfort S.J., Reich C.M., Mason B.A., Vander Jagt C.J., Daetwyler H.D., Lund M.S., Chamberlain A.J., Goddard M.E. Quantifying the contribution of sequence variants with regulatory and evolutionary significance to 34 bovine complex traits. *PNAS USA*, 2019, 116(39): 19398-19408 (doi: 10.1073/pnas.1904159116).
21. Naval-Sanchez M., Nguyen Q., McWilliam S., Porto-Neto L.R., Tellam R., Vuocolo T., Reverter A., Perez-Enciso M., Brauning R., Clarke S., McCulloch A., Zamani W., Naderi S., Rezaei H.R., Pompanon F., Taberlet P., Worley K.C., Gibbs R.A., Muzny D.M., Jhangani S.N., Cockett N., Daetwyler H., Kijas J. Sheep genome functional annotation reveals proximal regulatory elements contributed to the evolution of modern breeds. *Nat. Commun.*, 2018, 9(1): 859 (doi: 10.1038/s41467-017-02809-1).
22. Albert F.W., Kruglyak L. The role of regulatory variation in complex traits and disease. *Nat. Rev. Genet.*, 2015, 16(4):197-212 (doi: 10.1038/nrg3891).
23. Moawad A.S., Wang F., Zheng Y., Chen C., Saleh A.A., Hou J., Song C. Evolution of endogenous retroviruses in the subfamily of *Caprinae*. *Viruses*, 2024, 16(3): 398 (doi: 10.3390/v16030398).
24. Ferrer J., Dimitrova N. Transcription regulation by long non-coding RNAs: mechanisms and disease relevance. *Nat. Rev. Mol. Cell. Biol.*, 2024, 25(5): 396-415 (doi: 10.1038/s41580-023-00694-9).
25. Merici G., Amidani D., Dieci G., Rivetti C. A new strategy to investigate rna:dna triplex using atomic force microscopy. *Int. J. Mol. Sci.*, 2024, 25(5): 3035 (doi: 10.3390/ijms25053035).
26. Lan D., Fu W., Ji W., Mipam T.D., Xiong X., Ying S., Xiong Y., Sheng P., Ni J., Bai L., Shan T., Kong X., Li J. Pangenome and multi-tissue gene atlas provide new insights into the domestication and highland adaptation of yaks. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 2024, 15(1): 64 (doi: 10.1186/s40104-024-01027-2).
27. Boyer F., Stucki S., Streeter I., Orozco-terWengel P., Alberto F.J., Servin B., Biscarini F., Alberti A., Engelen S., Stella A., Colli L., Coissac E., Bruford M.W., Ajmone-Marsan P., Negrini R., Clarke L., Flicek P., Chikhi A., Joost S., Taberlet P., Pompanon F. Multiple genomic solutions for local adaptation in two closely related species (sheep and goats) facing the same climatic constraints. *Mol. Ecol.*, 2023, 27: e17257 (doi: 10.1111/mec.17257).
28. Zhu L., Tang L., Zhang K., Nie H., Gou X., Kong X., Deng W. Genetic and epigenetic adaptation mechanisms of sheep under multi-environmental stress environment. *Int. J. Mol. Sci.*, 2025, 26(7): 3261 (doi: 10.3390/ijms26073261).
29. Fonseca P.A.S., Suárez-Vega A., Arranz J.J., Gutiérrez-Gil B. Integration of selective sweeps across the sheep genome: understanding the relationship between production and adaptation traits. *Genet. Sel. Evol.*, 2024, 56(1): 40 (doi: 10.1186/s12711-024-00910-w).
30. Liu J., Mo D., Luo L., Shi Y., Xu S. Sheep pan-genome retrieves the lost sequences and genes during domestication and selection. *Genomics*, 2025, 117(3): 111047 (doi: 10.1016/j.ygeno.2025.111047).
31. Liu J., Shi Y., Mo D., Luo L., Xu S., Lv F. The goat pan-genome reveals patterns of gene loss during domestication. *J. Anim. Sci. Biotechnol.*, 2024, 15(1): 132 (doi: 10.1186/s40104-024-01092-7).
32. Buglione M., Riviaccio E., Aceto S., Paturzo V., Biondi C., Fulgione D. The domestication of wild boar could result in a relaxed selection for maintaining olfactory capacity. *Life (Basel)*, 2024, 14(8): 1045 (doi: 10.3390/life14081045).