Аграрный научный журнал. 2026. № 9. С. 99–109
Agrarian Scientific Journal. 2026;(9):99–109

ЗООТЕХНИЯ И ВЕТЕРИНАРИЯ
4.2.5. Разведение, селекция, генетика и биотехнология животных

Научная статья
УДК 539.1.047:575.224
https://doi.org/10.28983/asj.y2026i9pp99-109

Генетическая структура карачаевской лошади по микросателлитным локусам

Тимур Алипович Эркенов[1], Хызыр Магомедович Джатдоев[1], Екатерина Андреевна Куликова[2]
[1]Северо-Кавказская государственная академия, Карачаево-Черкесская Республика, г. Черкесск, Россия
[2]АО «ВБД», г. Москва, Россия

Аннотация. С использованием панели 17 микросателлитных локусов, рекомендованных ISAG для генотипирования лошадей, выполнен анализ генетической структуры групп лошадей карачаевской породы. Полученные данные сравнивали с результатами генотипирования с применением той же панели по другим породам лошадей. Карачаевская порода характеризуется относительно высоким аллельным разнообразием суммарно по 17 микросателлитным локусам по сравнению с другими верховыми породами (122 аллельных варианта), близким к выявленному у древней ахалтекинской породы (126), но заметно меньшему, чем у кабардинской породы (147). Не обнаружено уникальных аллельных вариантов, не встречавшихся у других пород. Количество аллельных вариантов, гомо- и гетерозигот широко варьирует от одного локуса к другому. Наблюдается отсутствие ряда аллельных вариантов, типичных для других верховых пород, а также уникальных для кабардинской породы, таких как аллели AHT4R, LEX3Q и CA425P. У карачаевской лошади существенно уменьшено количество аллельных вариантов локуса LEX3, локализованного в хромосоме X, по сравнению с кабардинской породой, от 11 аллелей у кабардинской породы до 6 у карачаевской. Возможно относительно уменьшенное аллельное разнообразие в отдельных локусах, может быть обусловлено повышенной интенсивностью естественного «очищающего» отбора, связанного с потенциальной адаптированностью карачаевской лошади к условиям высокогорья.

Ключевые слова: карачаевская лошадь, микросателлиты, полиморфизм, аллельные частоты, гомо- и гетерозиготы

Для цитирования: Эркенов Т. А., Джатдоев Х. М., Куликова Е. А. Генетическая структура карачаевской лошади по микросателлитным локусам // Аграрный научный журнал. 2026. № 9. С. 99–109. https://doi.org/10.28983/asj.y2026i9pp99-109.

ZOOTECHNICS AND VETERINARY MEDICINE

Original article

Genetic structure of the karachay horse by microsatellite loci

Timur A. Erkenov[1], Khyzyr M. Dzhatdoev[1], Ekaterina A. Kulikova[2]
[1]North Caucasian State Academy, Cherkessk, Russia
[2]JSC "WBD", Moscow, Russia

Abstract. Using a panel of 17 microsatellite loci recommended by ISAG for equine genotyping, an analysis of the genetic structure of groups of Karachay horses was performed. The obtained data were compared with the results of genotyping using the same panel in other horse breeds (N.V. Blokhina, L.A. Khrabrova, 2024). The Karachay breed is characterized by a relatively high allelic diversity on 17 microsatellite loci (in summary) compared to other riding breeds (122 allelic variants), similar to that found in the ancient Akhal-Teke breed (126), but significantly lower than that found in the Kabardian breed (147). No unique allelic variants not found in comparison of other breeds were detected. The number of allelic variants, both homozygous and heterozygous, varied widely across loci. A number of allelic variants typical of other riding breeds, as well as those unique to the Kabardian breed, were absent, including the AHT4R, LEX3Q, and CA425P alleles. The Karachay horse has a significantly reduced number of allelic variants of the LEX3 locus, located on chromosome X, compared to the Kabardian breed: from 11 alleles in the Kabardian breed to 6 in the Karachay horse. It can be expected that the relatively reduced allelic diversity at individual loci may be due to the increased intensity of natural "purifying" selection associated with the Karachay horse's potential adaptability to high-altitude conditions.

Keywords: Karachay horse, microsatellites, polymorphism, allelic frequencies, homo- and heterozygotes

© Эркенов Т. А., Джатдоев Х. М., Куликова Е. А., 2026

For citation: Erkenov T. A., Dzhatdoev Kh. M., Kulikova E. A. Genetic structure of the karachay horse by microsatellite loci. *Agrarnyy nauchnyy zhurnal = Agrarian Scientific Journal*. 2026;(9):99–109. (In Russ.). https://doi.org/10.28983/asj.y2026i9pp99-109.

Введение. В последние годы необходимость глубокого изучения генофондов аборигенных пород животных сельскохозяйственных видов становится все более очевидной. Это обусловлено не только известным сокращением их биоразнообразия [7], но и тем, что, как правило, именно аборигенные породы являются незаменимым ресурсом генетических основ адаптаций к изменчивости экологических условий. Особый интерес представляют породы, воспроизводящиеся на краях ареала соответствующих видов, к которым относится, в частности, карачаевская порода лошадей, адаптированная к высокогорной гипоксии.

Принято считать, что карачаевская лошадь в определенной степени связана со степными породами, предполагается, что с ногайскими, и сформировалась к XV–XVI вв. [3]. Ее характеризует низкорослость, выносливость, работоспособность, неприхотливость в содержании и пониженная чувствительность к высокогорной гипоксии, что является одной из важных ее особенностей. Она отличается высокой плодовитостью, зажеребляемость кобыл происходит в 86–92 % случаев, а в 83–89 % рождаются здоровые жеребята [4].

В международной энциклопедии пород лошадей представлено описание карачаевской породы [12]. Она относится к породам лошадей Северного Кавказа. Обследование, проведенное специалистами, показало, что на территории Северного Кавказа сохранились только кабардинская и карачаевская породы. После войны началась работа по восстановлению кабардинской и карачаевской пород в качестве верховых и верхово-упряжных лошадей для использования в сельском хозяйстве и армии. Вскоре результаты тщательной селекционной работы стали очевидны. В ограниченных количествах допускалось приливание крови чистокровной верховой породы, между кабардинской и карачаевской породами проводился обмен жеребцами. В 1935 г. был создан первый том Государственной племенной книги горских лошадей, в котором были зарегистрированы 1026 кабардинских и 204 карачаевских кобылы.

Карачаевская порода в среднем меньше ростом по сравнению с кабардинской. Отличается более растянутым и массивным корпусом с меньшей выраженностью верхового типа. У карачаевской породы изящная голова с загнутыми ушами, волнистые грива и хвост; преобладающие масти – вороная и гнедая. В 1943 г. в официальной литературе название «карачаевская» было упразднено, и все лошади породы регистрировались как кабардинские. В этот период произошел значительный обмен жеребцами. Однако в последнее время карачаевская порода вновь рассматривается как отдельная. Издана племенная книга этой породы в 2010 г. [4]. Эти лошади широко распространены в Карачаево-Черкесской Республике, где сохранились их лучшие качества и гены. Разведением их занимаются в основном на Карачаевском конном заводе и в ряде частных хозяйств. Исследования, проведенные учеными иппологами, позволили определить стандарт породы и создать современное ее описание.

Ранее нами были проведены исследования по сравнению генетической структуры карачаевской породы лошадей, воспроизводимых в разных хозяйствах, с использованием методов генотипирования геномных участков, фланкированных микросателлитными локусами (Inter-Simple Sequence Repeats – ISSR-маркеры) [10] и участками ретротранспозонов (IRAP маркеры – Inter Retrotransposon Amplyfied Polymorphism) [6].

Для увеличения возможности сравнения генетической структуры карачаевской лошади с другими породами лошадей в настоящей работе выполнен анализ представителей этой породы по генотипам традиционных для лошадей 17 полиморфных микросателлитных локусов, рекомендованных для генетической паспортизации лошадей ISAG (International Society of Animal Genetics) [8]. Подробное описание этих микросателлитных локусов у разных пород лошадей представлено в монографии Л.А. Храбровой [13].

Материалы и методы. В исследование были включены половозрелые кобылы старше 2 лет; образцы волосяных фолликул брали от лошадей АО «Племенной конный завод «Карачаевский»

Малокарачаевского района Карачаево-Черкесской Республики. Территория племенного конного завода располагается на высотах от 850 до 2600 м над уровнем моря.

ДНК выделяли из волосянных фолликул с использованием реагентов ExtraGene DNA Prep 200 (ООО «Лаборатория Изоген», Россия). Амплификацию выполняли с применением 17 наборов праймеров для генотипирования лошадей StockMarks® for Horses производства США и COrDIS S550 (ООО «ГОРДИЗ», Россия) на ДНК-амплификаторе Termocycler 2730 (Германия). Праймеры и хромосомная локализация микросателлитных локусов описаны в монографии Л.А. Храбровой [13].

Продукты амплификации разделяли с использованием капиллярного электрофореза на автоматическом 4-капиллярном генетическом анализаторе AB 3130 (США). Размеры амплифицированных фрагментов ДНК определяли с помощью программы GeneMapper™ V4.0. Оценивали количество гомозигот по каждому локусу и отдельно у каждого животного, частоту встречаемости различных аллельных вариантов и генотипов. Статистическую обработку полученных данных выполняли с помощью программы Statistics 12 (https://statsoft-statistica.ru/).

Результаты исследований. Организация при ООН по продовольствию и сельскому хозяйству (FAO) опубликовала рекомендации по ряду микросателлитных локусов для их использования в целях изучения изменчивости главных сельскохозяйственных видов, которые были разработаны ISAG-FAO Консультативной группой по генетическому разнообразию животных (DAD-IS библиотека http://www.fao.org/dad-is/).

В соответствии с рекомендациями Международного общества генетики животных (ISAG) и требованиями Международного комитета по племенным книгам (ISBC) большинство лабораторий, занимающихся определением генетических паспортов для индивидуальных лошадей, полностью перешло на генотипирование по рекомендованным микросателлитным локусам. Создана коммерческая система, позволяющая генотипировать лошадь одновременно по 17 микросателлитным локусам с известной хромосомной локализацией (таблица 1).

Таблица 1 – Рекомендованные для генотипирования лошадей ISAG-FAO 17 микросателлитных локусов (StockMarks Equine Kit)

Table 1 – 17 microsatellite loci recommended for ISAG-FAO horse genotyping (StockMarks Equine Kit)

Локус	Вариабельность размера (пар нуклеотидов п.н.)	Количество аллелей	Хромосомная локализация
VHL20	83–104	12	30
HTG4	116–141	12	9
AHT4	140–166	9	24
HMS7	167–187	11	1
HTG6	74–103	13	15
AHT5	126–147	7	8
HMS6	154–170	8	8
ASB23	176–212	9	3
ASB2	222–268	14–16	15
HTG10	83–110	14	21
HTG7	114–128	8	4
HMS3	146–170	13	9
HMS2	215–236	11	10
ASB17	97–121	12	2
LEX3	137–161	11	32
HMS1	166–178	5	15
CA425	224–247	9	28

Для обозначения аллельных вариантов микросателлитов использовали буквенное обозначение [1] (таблица 2).

Таблица 2 – Аллельные варианты по микросателлитным локусам, описанные у ряда пород лошадей при использовании микросателлитной панели из 17 микросателлитов [13]

Table 2 – Allelic variants at microsatellite loci described in a number of horse breeds using a microsatellite panel of 17 microsatellites [13]

Локус	Количество аллелей	Выявленные аллели
VHL20	9	I, J, L, M, N, O, **P***, Q, R
HTG4	6	K, L, M, N, O, **P***
AHT4	9	H, I, J, K, L, M, N, O, **P***
HMS7	5	**J***, L, M, N, O
HTG6	5	G, I*, J, M*,O
AHT5	6	J, K, L, M, N, O
HMS6	5	K, L, M, O, P
ASB23	8	**G***, **H***, I, J, K, L, S, T, U
ASB2	9	**B***, **C***, I*, K, M, N, O, P, Q
HTG10	7	**I***, K, M, O, Q, R, **S***
HTG7	4	K, M, N, O
HMS3	6	I, M, **N***, O, P,Q, R
HMS2	5	H, I, J, K, L
ASB17	10	G, I, J, K, L, N, P, **Q***, R
LEX3	7	F, H, I, L, M, N, P
HMS1	6	**I***, J, K, M, N*, **R***
CA425	6	I, K, L, M, N, O

* редкие аллельные варианты, выявленные у разных пород лошадей [13].

Генотипирование представителей карачаевской лошади по 17 микросателлитным локусам позволило получить данные, представленные в таблице 3. Полученные данные свидетельствуют о выраженных отличиях по результатам генотипирования в зависимости от анализируемого микросателлитного локуса, в частности, по количеству гомозигот. Выделяются такие микросателлитные локусы, по которым обнаруживаются высокие значения количества гомозигот, как HTG4, AHT4, HTG6, AHT5, ASB23, HTG10, HTG7, HMS3, LEX3, CA425 (количество гомозигот у 50 кобыл суммарно по каждому из них варьирует от 23 до 36). Относительно низкие значения отмечаются по следующим микросателлитам: VHL20, HMS7, HMS6, ASB2, HMS2, ASB17, HMS1 (количество гомозигот варьирует от 4 до 18). Наблюдаются и заметные отличия по количеству гомозигот между лошадьми, причем и в этом случае выделяются две группы лошадей – в одной – количество гомозигот суммарно по всем микросателлитным локусам варьирует от 3 до 7 (26 особей), в другой – от 8 до 12 (24 кобылы).

Ряд ученых, исследуя генетическую структуру по тем же самым микросателлитным локусам 29 пород лошадей, отмечают, что среди верховых пород наиболее контрастно выделяются кабардинские животные наличием аллелей AHT4R, AHT4Q, LEX3Q и CA425P, которые обнаружены только у лошадей местных пород [1]. По нашим данным (см. таблицу 3), эти аллельные варианты по микросателлитам AHT4R, LEX3Q и CA425P отсутствуют у карачаевской лошади. По локусу AHT4Q выявлено 4 кобылы (№№ 39, 47–48 и 50), у которых по этому локусу обнаружены гомозиготы QQ. Этот аллельный вариант у других лошадей не встречался. Частоты выявленных аллельных вариантов по 17 микросателлитным локусам представлены в таблице 4.

Таблица 3 – Генотипы по микросателлитным локусам (верхняя строка) у исследованных лошадей карачаевской породы

Table 3 – Genotypes at microsatellite loci (top row) in the studied Karachay horses

№ п/п	Инд. №	Дата рождения	VHL20	HTG4	AHT4	HMS7	HTG6	AHT5	HMS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HMS3	HMS2	ASB17	LEX3	HMS1	CA425	Кол-во гомозигот
1	Азиза 75	2018	J	M	L	J	J	N	L	M	K	L	O	M	K	F	M	M	N	8
			L	M	P	K	O	N	O	M	P	O	O	R	K	K	M	M	N	
2	Виктория 76	2018	M	M	L	J	O	K	M	I	B	M	O	M	K	R	M	M	N	10
			N	M	P	K	O	M	P	I	K	M	O	R	K	R	M	M	N	
3	Кушка 14	2018	I	M	L	J	J	K	L	M	K	L	M	O	M	K	K	J	I	6
			M	M	P	K	M	O	O	M	P	O	O	O	R	K	P	J	I	
4	Лиходейка 52	2018	S	L	N	J	O	K	K	N	K	L	K	O	K	H	M	J	J	12
			S	L	N	K	O	K	L	N	P	L	K	O	K	N	M	J	N	
5	Чупка 9	2019	I	M	L	J	O	K	L	M	B	L	K	M	K	H	K	J	J	5
			O	M	P	K	O	O	O	M	K	O	K	R	K	N	P	K	N	
6	Луизиана 56	2019	S	L	N	J	O	J	K	O	B	I	L	M	K	H	K	J	J	7
			S	L	N	K	O	J	L	S	K	L	L	M	L	N	P	K	N	
7	Зумара 48	2019	I	K	H	L	G	K	K	N	K	I	O	M	K	K	M	J	J	9
			I	N	K	N	G	K	L	N	P	I	O	M	L	L	M	J	N	
8	Зинхара 48	2019	S	L	N	L	L	K	K	M	B	I	M	M	K	J	K	J	I	10
			S	L	N	N	L	K	L	M	K	L	M	R	K	J	L	K	I	
9	Тайга 26	2019	O	L	H	L	L	K	M	N	K	R	O	M	K	F	K	J	J	7
			R	L	K	N	L	M	M	N	P	R	O	M	L	K	L	K	N	
10	Гайтана 24	2019	O	L	H	L	G	M	K	M	B	Q	O	M	K	F	K	J	J	5
			R	L	K	N	O	M	L	M	K	S	O	M	L	K	L	K	N	
11	Замра 75	2018	I	L	N	L	L	K	K	N	K	R	O	M	K	G	K	J	J	8
			I	L	N	N	L	N	L	O	P	R	O	M	L	G	L	K	N	
12	Валентина 31	2019	N	K	H	L	J	K	M	M	B	I	K	M	K	F	K	J	I	8
			N	N	K	N	O	M	M	M	K	L	K	M	L	F	P	J	I	
13	Глафира 20	2019	J	K	N	L	G	J	M	M	B	L	O	M	K	F	L	J	I	11
			J	O	N	N	M	M	M	M	K	L	O	M	L	F	L	J	I	
14	Сакура 19	2019	Q	K	N	J	O	N	K	N	M	Q	O	M	K	H	K	J	I	8
			R	N	N	L	O	O	L	O	M	S	O	M	L	H	P	J	I	
15	Муравушка 35	2019	I	K	H	J	J	N	K	K	M	K	O	M	K	N	L	J	I	9
			L	O	K	L	J	O	L	K	M	N	O	M	L	N	L	J	I	
16	Дикарка 57	2019	I	P	N	L	J	K	M	M	B	S	K	I	K	D	H	J	J	9
			I	P	N	N	J	K	M	M	K	S	N	M	K	J	M	K	N	
17	Гитара 6	2019	L	M	H	J	O	M	K	L	B	L	K	I	K	F	L	J	I	7
			M	M	K	L	O	O	L	L	K	L	N	M	K	K	L	J	I	

Продолжение таблицы 2

№ п/п	Инд.№	Дата рожд.	VHL20	HTG4	AHT4	HMS7	HTG6	AHT5	HMS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HMS3	HMS2	ASB17	LEX3	HMS1	CA425	Кол-во гомозигот
18	Пурга 16	2019	J	M	H	J	J	K	M	M	K	I	K	M	I	F	M	I	N	5
			N	M	K	L	O	K	P	M	P	L	O	P	K	K	M	M	N	
19	Лизавета 31	2019	M	M	J	L	O	N	M	J	B	O	K	I	K	R	H	J	J	4
			R	M	L	N	O	O	P	K	K	S	O	M	K	R	M	K	N	
20	Гулена 13	2019	M	L	H	J	I	K	K	M	K	M	K	I	I	H	M	J	N	6
			M	M	K	L	J	N	L	M	P	M	N	M	K	I	M	J	N	
21	Деметра 10	2020	I	M	I	L	O	K	K	I	K	R	K	M	I	N	M	I	N	5
			M	M	J	L	O	M	P	K	P	S	O	P	K	R	M	M	N	
22	Далара 24	2018	N	M	I	J	G	K	K	L	B	R	K	M	I	F	H	J	J	3
			O	M	J	L	J	K	P	L	K	S	O	P	K	K	M	K	N	
23	Ливадия 53	2020	J	L	J	L	O	N	K	M	B	N	K	I	K	K	H	J	J	9
			R	L	J	L	O	N	M	M	K	R	O	I	K	K	M	K	N	
24	Милашка 11	2020	L	K	H	J	J	K	L	L	B	R	K	I	I	M	F	L	N	8
			M	M	K	L	O	K	P	L	K	S	K	I	K	M	F	L	N	
25	Застава	2020	J	L	O	M	L	K	L	L	K	O	K	I	K	D	H	I	N	10
			L	L	O	O	L	K	P	L	P	O	K	I	K	J	M	M	N	
26	Пампушка 18	2020	I	M	H	J	O	K	Q	M	B	I	N	O	K	F	P	I	N	10
			M	M	K	L	O	N	Q	M	K	I	N	O	K	K	P	M	N	
27	Пальмира 49	2020	J	M	H	J	L	K	L	L	B	O	K	I	K	D	H	J	J	7
			L	M	K	L	L	N	P	L	K	O	K	I	K	J	M	K	N	
28	Залихат 44	2020	J	M	O	M	I	K	N	M	B	I	N	P	J	I	H	J	J	8
			L	M	O	O	J	K	O	M	K	I	N	P	K	I	M	K	N	
29	Громкая 118	2020	M	K	O	M	G	N	N	M	K	K	K	P	J	I	M	J	J	6
			N	M	O	O	O	N	O	M	K	K	N	P	K	N	M	K	N	
30	Афелия	2020	I	M	O	M	G	K	L	M	K	I	K	I	K	K	H	I	N	11
			I	M	O	O	G	N	P	M	K	I	K	I	K	M	M	M	N	
31	Голубка 80	2015	N	K	K	M	G	K	P	M	J	I	K	P	J	K	M	J	J	9
			N	M	K	O	O	M	P	M	J	I	K	P	K	N	M	K	N	
32	Сирень	2012	I	M	K	L	J	J	M	M	K	O	N	I	J	H	P	K	J	5
			J	O	K	N	O	O	P	M	K	P	O	I	K	R	P	M	N	
33	Залина 84	2018	L	O	K	L	J	K	O	L	J	I	K	I	K	K	H	J	N	11
			L	O	K	N	O	N	O	L	J	I	K	I	K	M	M	K	N	
34	Домбра	2016	S	Q	P	N	L	K	L	I	M	Q	O	P	J	D	P	K	N	8
			S	Q	P	N	O	K	M	J	R	S	O	Q	K	I	P	M	N	
35	Луна	2012	M	K	J	L	J	J	M	L	M	I	K	M	K	F	K	M	N	10
			M	K	J	N	O	J	P	L	N	I	O	M	M	K	K	M	N	

Окончание таблицы 2

№ п/п	Инд.№	Дата рожд.	VHL20	HTG4	AHT4	HMS7	HTG6	AHT5	HMS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HMS3	HMS2	ASB17	LEX3	HMS1	CA425	Кол-во гомозигот
36	Ласточка	2019	I	M	I	N	G	N	M	I	M	O	K	M	J	R	L	K	N	6
			O	M	J	N	J	N	P	J	R	R	O	M	K	U	L	M	N	
37	Басня	2018	I	M	H	L	G	K	L	J	M	M	O	P	K	I	K	M	J	5
			M	P	H	N	O	K	M	K	N	Q	O	Q	M	P	K	M	N	
38	Крошка	2019	N	K	J	L	O	K	M	M	M	Q	K	M	J	D	K	M	J	7
			N	M	J	N	O	N	O	M	R	R	N	M	K	K	K	M	N	
39	**Катя 37**	2020	I	K	**Q**	O	J	J	L	M	M	I	K	M	K	F	L	K	N	7
			M	L	**Q**	P	O	J	M	M	N	K	N	M	M	F	L	M	N	
40	Даня	2019	N	O	J	L	O	K	M	M	M	L	K	M	J	K	L	K	J	9
			N	O	J	N	O	N	O	M	R	L	O	M	K	K	L	M	N	
41	Гичка	2021	N	M	J	O	J	K	L	J	M	I	K	M	K	G	K	M	J	6
			R	M	J	P	O	K	M	K	N	I	N	M	M	K	K	M	N	
42	Каракуш	2020	N	K	J	L	O	J	L	M	M	I	K	M	J	D	L	K	J	6
			O	M	J	N	O	J	M	M	N	L	N	M	K	K	L	M	N	
43	Понтиак	1998	S	M	N	L	L	K	M	J	M	O	O	M	K	D	K	K	N	8
			S	M	N	N	N	N	O	K	N	O	O	M	M	I	K	M	N	
44	Азайна 70	2018	M	K	J	L	G	N	L	M	M	I	O	P	K	K	K	K	J	6
			P	M	J	N	G	N	M	M	N	L	O	Q	M	M	K	M	N	
45	Памир	1999	S	M	J	L	L	K	M	J	M	I	O	P	K	D	K	J	N	7
			S	M	J	N	N	K	O	K	N	L	O	Q	M	I	K	K	N	
46	Дарназ 3	2018	I	M	J	O	O	N	L	J	M	L	K	P	K	F	L	K	J	6
			R	M	J	P	O	N	M	K	R	L	O	Q	M	K	L	M	N	
47	**Леля 54**	2018	M	L	Q	O	G	J	M	L	M	L	K	M	K	I	K	M	J	5
			R	N	Q	P	J	K	N	L	N	O	O	M	M	K	K	M	N	
48	**Ливра 37**	2018	I	L	Q	L	O	K	L	L	M	L	O	P	J	K	L	J	I	7
			O	N	Q	N	O	K	M	L	R	O	O	Q	K	M	L	K	I	
49	Ловкая 55	2018	S	M	J	L	P	K	M	J	M	R	K	M	K	F	K	J	I	8
			S	M	J	N	P	N	N	K	N	R	O	M	M	K	K	K	I	
50	**Застежка 58**	2018	L	L	Q	O	J	K	L	J	M	L	O	P	K	K	L	M	J	4
			M	N	Q	P	O	N	M	K	N	Q	O	Q	M	M	L	M	N	
	Гомозиготы		18	31	31	4	26	24	7	36	6	23	29	33	13	13	32	18	24	
	Гетерозитоты		0,64	0,38	0,38	0,92	0,48	0,52	0,86	0,28	0,88	0,54	0,62	0,32	0,74	0,74	0,36	0,64	0,52	

Примечание. Буквенное обозначение аллельных вариантов каждого локуса соответствует таблицам 1 и 2. Красным цветом выделены гомозиготы. В последней строке таблицы указана доля гетерозигот суммарно у всех генотипированных лошадей по каждому микросателлитному локусу. Последняя графа содержит данные о количестве гомозигот суммарно по всем микросателлитным локусам у каждого животного.

Таблица 4 – Частоты встречаемости аллельных вариантов по 17 микросателлитным локусам у лошадей карачаевской породы

Table 4 – Frequencies of allelic variants at 17 microsatellite loci in Karachay horses

Локусы/ аллели	VHL20	HTG4	AHT4	HMS7	HTG6	AHT5	HMS6	ASB23	ASB2	HTG10	HTG7	HMS3	HMS2	ASB17	LEX3	HMS1	CA425
D														0,08			
F														0,16	0,02		
B									0,16								
G					0,14									0,03			
H			0,13											0,07	0,09		
I	0,19		0,03		0,02			0,05		0,24		0,18	0,05	0,09		0.05	0,18
J	0,09		0,24	0,15	0,20	0,11		0,10	0,04				0,10	0,05		0,36	0,25
K		0,14	0,16	0,06		0,47	0,13	0,11	0,32	0,04	0,37		0,63	0,27	0,27	0,27	
L	0,10	0,21	0,05	0,34	0,13		0,26	0,18		0,23	0,02		0,09	0,01	0,24	0,02	
M	0,17	0,47		0,05	0,02	0,09	0,30	0,44	0,21	0,05	0,03	0,49	0,12	0,07	0,27	0,30	
N	0,14	0,06	0,16	0,25	0,02	0,26	0,04	0,08	0,11	0,02	0,13			0,08			0,57
O	0,07	0,07	0,08	0,10	0,45	0,07	0,11	0,03		0,14	0,45	0,06					
P	0,01	0,03	0,06	0,05	0,02		0,14		0,10	0,01		0,16		0,01	0,11		
Q	0,01	0,02	0,08				0,02			0,06		0,07					
R	0,08								0,06	0,12		0,04	0,01	0,07			
S	0,14							0,01		0,09							
U														0,01			
Кол-во аллелей	10	7	9	7	8	5	7	8	7	10	5	6	6	13	6	5	3

Примечание. Обозначения аллелей представлены в первом столбце, названия локусов – в верхней строке. В последней строке таблицы указано количество аллельных вариантов, выявленное в каждом локусе. Красным цветом выделены частоты аллельных вариантов, описанные как редко встречающиеся у ряда исследованных пород (см. таблицу 2).

В общей сложности у исследованных лошадей карачаевской породы встречается 122 аллельных варианта по 17 микросателлитным локусам. Частота встречаемости редких аллельных вариантов частично совпадает с результатами исследований полиморфизма этих же микросателлитов у других пород (см. таблицу 2). В то же время следует отметить, что количество выявленных аллельных вариантов заметно меньше, чем у кабардинской породы (147) и близко к выявленному у древнейшей ахалтекинской породы (126) [1]. С низкой частотой встречаются у карачаевской лошади и аллельные варианты ASB2J и HTG4Q (см. таблицу 4). В отличие от других верховых пород, в том числе кабардинской и ахалтекинской, у карачаевской лошади более ограничен полиморфизм по локусу LEX3, локализованному в хромосоме X. По этому локусу выявлено только 6 аллельных вариантов (см. таблицу 4), в отличие от 11 у верховых пород, причем 3 из них встречались примерно с одинаковой частотой (LEX3K – 0,27, LEX3L – 0,24, LEX3M – 0,27), и у карачаевской лошади отсутствовали редкие аллельные варианты по этому локусу, описанные у кабардинской породы.

У исследованных кобыл карачаевской породы по стандартным 17 микросателлитным локусам не обнаружено аллельных вариантов, не встречавшихся у других верховых пород. Суммарное количество аллельных вариантов по этим локусам отражает достаточно высокий полиморфизм

по сравнению с другими верховыми породами. Результаты генотипирования варьируют от локуса к локусу, наиболее полиморфными по количеству аллельных вариантов оказались локусы VHL20, AHT4, HTG10 и ASB17.

К настоящему времени накопилось большое количество данных по генетической структуре разных пород лошадей по микросателлитным локусам, что представляет особый интерес для изучения генофондов пород, воспроизводящихся на краю ареала вида, к которым относится карачаевская порода лошадей.

Исследования устойчивости к высокогорной гипоксии и ее генетических основ у сельскохозяйственных видов животных ведутся достаточно давно, выявлен ряд генов у разных видов, тесно связанных с адаптацией к высокогорью, обнаружены видовые особенности такой адаптации [15]. Сложность таких исследований обусловлена еще и тем, что у каждого вида имеются свои особенности, к которым необходима адаптация, например, повышенная плотность копытного рога для уменьшения травм при передвижении по горной поверхности.

Принято считать, что высокогорья представляют собой одни из самых экстремальных условий окружающей среды в мире. Жизнь на большой высоте приводит к физиологическим и метаболическим проблемам, которые оказывают сильное эволюционное давление на воспроизводство из-за окислительного стресса, УФ-излучения и других факторов, зависящих от естественной истории вида. Например, обнаружен 131 ген, полиморфизм которых ассоциирован с адаптацией одичавшей популяции андских лошадей, завезенных испанцами в 1500-х годах в высокогорные Анды, и отличающих их от исходной иберийской породы. Среди этих генов был и ген эндотелиального PAS-домена белка 1 (EPAS1, фактор регуляции транскрипции), полиморфизм которого связывают с устойчивостью к гипоксии у разных видов млекопитающих, в том числе и у человека [9].

Высокая интенсивность естественного отбора при адаптации к высокогорной гипоксии наглядно продемонстрирована при сравнении геномов популяций яка, воспроизводящихся в разных экологических условиях. Популяции высокогорья, вне зависимости от происхождения, оказались ближе друг к другу, чем к популяциям из предгорья, причем 19,8 % генов в дифференцирующихся между популяциями геномных районах пересекались с генами, скринированными с помощью scRNA-seq кожи, включая гены, связанные с окраской шерсти, такие как RORA (Nuclear Receptor Subfamily 1 Group F Member 1 – регулятор транскрипции), BNC2 (Basonuclin Zinc Finger Protein 2 – несет домен «цинковые пальцы») и KIT (кодирует тирозинкиназу). Примечательно, что BNC2 является геном, связанным с отложением меланина, что, по-видимому, обусловлено повышением устойчивости к ультрафиолетовому облучению [11].

Поиски геномных элементов, ассоциированных с устойчивостью к гипоксии, усложняются еще и тем, что существенный вклад в процессы адаптации к ней вносят звенья регуляторной сети, контролирующие экспрессию генов. Так, интегрированный транскриптомный и пангеномный анализ выявил значительные различия в экспрессии основных генов и мутационной нагрузке дифференциально экспрессируемых генов у яков, обитающих на больших и малых высотах, в которые вовлекаются различия длинных некодирующих РНК (lncRNA – производные эндогенных ретровирусов) [14].

Ранее выполненный нами анализ генетических структур карачаевской лошади, воспроизводившихся в 6 разных хозяйствах с использованием для генотипирования фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированными повторами микросателлитов, показал, что на относительно небольших высотах над уровнем моря (до 1000 м) сходство между генетической структурой групп лошадей определялось, по-видимому, в первую очередь географической близостью хозяйств [2]. Сравнительный анализ использования для генотипирования различных геномных участков показал разную их эффективность не только от локуса к локусу, но и от одного типа к другому, например, от генотипирования по микросателлитам к генотипированию по мобильным генетическим элементам (транспозонам) [5].

Выявленные ранее выраженные породные особенности генетических структур, в том числе и карачаевской лошади, при их оценке с помощью генотипирования по транспозонам [6], позволяют считать, что их использование может оказаться более эффективным по сравнению с микро-

сателлитными локусами для исследований генетических основ адаптации к высокогорью, как и на примере яков [14].

Заключение. Исследования по генотипированию карачаевской лошади по 17 микросателлитным локусам свидетельствуют о выраженной гетерогенности оценок разнообразия в зависимости от локуса у разных лошадей. Сравнение полученных данных с результатами исследований генетических структур пород верховых лошадей [1] позволяет судить о высоком аллельном разнообразии ряда микросателлитных локусов по сравнению с исследованными верховыми породами, близком к выявленному у ахалтекинской породы, но существенно меньшем, чем у кабардинской породы.

Отмечается сравнительно пониженная частота встречаемости ряда аллельных вариантов, в частности, по микросателлиту LEX3, локализованному в хромосоме X. Можно ожидать, что такой «очищающий» отбор обусловлен повышенной интенсивностью естественного отбора, связанного с потенциальной адаптацией карачаевской лошади к высокогорью.

Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (тема N° 1023083000004-7-4.1.1 «Генетические ресурсы карачаевской породы лошадей и карачаевской породы овец в разных эколого-географических зонах»).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Блохина Н. В., Храброва Л. А. Анализ генетической структуры 29 пород лошадей российской селекции по STR-маркерам // Генетика. 2024. № 60(8). С. 54–65. DOI: 10.31857/S0016675824080057.

2. Голик Т. В., Эркенов Т. А., Глазко Т. Т. Спектры ISSR-PCR маркеров в оценках популяционно-генетической дифференциации карачаевской лошади в хозяйствах Карачаево-Черкесской республики // Известия ТСХА. 2018. № 3. С. 61–77. DOI: 10.26897/0021-342X-2018-3-61-77.

3. Парфенов В. А., Политова М. А. Легенда Карачая // Конный мир. 2005. № 1. С. 5–12.

4. Парфенов В. А., Хотов В. Х. Государственная племенная книга лошадей карачаевской породы; М-во сельского хоз-ва Российской Федерации, Российский гос. аграрный ун-т – МСХА им. К. А. Тимирязева. М., 2010. Т. 6. 288 с.

5. Полиморфизм мобильных генетических элементов в геномах домашней лошади / Т. А. Эркенов [и др.] // Известия ТСХА. 2015. № 3. С. 75–86.

6. Эркенов Т. А., Косовский Г. Ю. Подбор полиморфных ДНК-маркеров на основе ретротранспозонов для контроля генетических структур карачаевской лошади // Аграрная наука. 2024. № 12. С. 113–116.

7. Conservation of Native Livestock Breeds in Russia: Current State and Promising Prospects 2025 / 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. // Animals. 2025. No. 15(21). P. 3103. DOI: 10.3390/ani15213103.

8. Dimsoski P. Development of a 17-plex microsatellite polymerase chain reaction kit for genotyping horses // Croat. Med. J. 2003. No. 44(3). P. 332–335.

9. EPAS1 Gain-of-Function Mutation Contributes to High-Altitude Adaptation in Tibetan Horses / X. Liu, Y. Zhang, Y. Li , J. Pan, D. Wang, W. Chen, Z. Zheng, X. He, Q. Zhao, Y. Pu, W. Guan, J. Han, L. Orlando, Y. Ma, L. Jiang // Mol Biol Evol. 2019. No. 36(11). P. 2591–2603. DOI: 10.1093/molbev/msz158.

10. Glazko V. I., Erkenov T. A., Glazko T. T. Genetic structure of Karachai horses on ISSR-PCR markers // Biogeosys. Tech. 2016. No. 9(3). P. 195–204. DOI: 10.13187/bgt.2016.9.195.

11. Genetic structure analysis of yak breeds and their response to adaptive evolution / Q. Zheng, X. Wu, X. Ma, X. Zhou, T. Wang, C. Ma, M. Zhang, M. Chu, X. Guo, C. Liang, P. Bao, P. Yan // Genomics. 2024. Vol. 116(5). P. 110933. doi: 10.1016/j.ygeno.2024.110933.

12. Hendricks D. B. L. International encyclopedia of horse breeds (Pbk.ed.). Norman: University of Oklahoma Press, 2007. 512 p. ISBN 9780806138848.

13. Khrabrova L. A. Characterization of genetic horse breeding resources in Russia // Lambert Acad. Publishing, OmniScriptum GmbH&Co KG. 2015. 59 p.

14. Pangenome and multi-tissue gene atlas provide new insights into the domestication and highland adaptation of yaks / D. Lan, W. Fu, W. Ji, T. D. Mipam, X. Xiong, S. Ying, Y. Xiong, P. Sheng, J. Ni, L. Bai, T. Shan, X. Kong, J. Li // J Anim Sci Biotechnol. 2024. No. 15(1). P. 64. DOI: 10.1186/s40104-024-01027-2.

15. Selection of species specific panel of reference genes in peripheral blood mononuclear cells of native livestock species adapted to trans-Himalayan region of Leh-Ladakh / M. Tiwari, M. Sodhi, P. Verma, P. Vivek, R. S. Kataria, S. K. Niranjan, V. K. Bharti, N. Masharing, G. Gujar, D. Chanda, M. Mukesh // Sci Rep. 2022. No. 12(1). P. 18473. DOI: 10.1038/s41598-022-22588-0.

REFERENCES

1. Blohina N. V., Khrabrova L. A. Analysis of the Genetic Structure of 29 Horse Breeds of Russian Selection by STR Markers. *Genetics*. 2024;60(8):54–65. DOI: 10.31857/S0016675824080057. (In Russ.).

2. Golik T. V., Erkenov T. A., Glazko T. T. Spectra of ISSR-PCR markers in the evaluation of population-genetic differentiation of the Karachai horse on farms of the Karachai-Cherkess republic. *Izvestiâ Timirâzevskoj Sel'skohozâjstvennoj Akademii.* 2018;(3):61–77. DOI: 10.26897/0021- 342X-2018-3-61-77. (In Russ.).

3. Parfenov V. A., Politova M. A. Legenda Karachaya. *Konnyi Mir.* 2005;(1):5–12. (In Russ.).

4. Parfenov V. A., Khotov V. Kh. State stud book of Karachai horses; Ministry of Agriculture of the Russian Federation, Russian State. Agrarian University – Moscow Agricultural Academy named after. K. A. Timiryazeva. Moscow; 2010. T. 6. 288 p. (In Russ.).

5. Polymorphism of mobile genetic elements in the genomes of domestic horses / T. A. Erkenov, M. A. Elkina, Yu. A. Yuldashbaev, V. I. Glazko. *Izvestiâ Timirâzevskoj Sel'skohozâjstvennoj Akademii.* 2015;(3):75–86. (In Russ.).

6. Erkenov T. A., Kosovsky G. Yu. Selection of polymorphic DNA-markers based on retrotransposons for the control of genetic structures of the Karachai horse. *Agrarian Science*. 2024;(12):113–116. (In Russ.).

7. Conservation of Native Livestock Breeds in Russia: Current State and Promising Prospects 2025 / 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. *Animals*. 2025;15(21):3103. DOI: 10.3390/ani15213103.

8. Dimsoski P. Development of a 17-plex microsatellite polymerase chain reaction kit for genotyping horses. *Croat. Med. J.* 2003;44(3):332–335.

9. EPAS1 Gain-of-Function Mutation Contributes to High-Altitude Adaptation in Tibetan Horses / X. Liu, Y. Zhang, Y. Li, J. Pan, D. Wang, W. Chen, Z. Zheng, X. He, Q. Zhao, Y. Pu, W. Guan, J. Han, L. Orlando, Y. Ma, L. Jiang. *Mol Biol Evol*. 2019;36(11):2591–2603. DOI: 10.1093/molbev/msz158.

10. Glazko V. I., Erkenov T. A., Glazko T. T. Genetic structure of Karachai horses on ISSR-PCR markers. *Biogeosys. Tech.* 2016;9(3):195–204. DOI: 10.13187/bgt.2016.9.195.

11. Genetic structure analysis of yak breeds and their response to adaptive evolution / Q. Zheng, X. Wu, X. Ma, X. Zhou, T. Wang, C. Ma, M. Zhang, M. Chu, X. Guo, C. Liang, P. Bao, P. Yan. *Genomics*. 2024;116(5):110933. DOI: 10.1016/j.ygeno.2024.110933.

12. Hendricks D. B. L. International encyclopedia of horse breeds (Pbk.ed.). Norman: University of Oklahoma Press; 2007. 512 p. ISBN 9780806138848.

13. Khrabrova L. A. Characterization of genetic horse breeding resources in Russia. Lambert Acad. Publishing, OmniScriptum GmbH&Co KG. 2015. 59 p.

14. Pangenome and multi-tissue gene atlas provide new insights into the domestication and highland adaptation of yaks / D. Lan, W. Fu, W. Ji , T. D. Mipam, X. Xiong, S. Ying, Y. Xiong, P. Sheng, J. Ni, L. Bai, T. Shan, X. Kong, J. Li. *J Anim Sci Biotechnol.,* 2024;15(1):64. DOI: 10.1186/s40104-024-01027-2.

15. Selection of species specific panel of reference genes in peripheral blood mononuclear cells of native livestock species adapted to trans-Himalayan region of Leh-Ladakh / M. Tiwari, M. Sodhi, P. Verma, P. Vivek, R. S. Kataria, S. K. Niranjan, V. K. Bharti, N. Masharing, G. Gujar, D. Chanda, M. Mukesh *Sci Rep*. 2022;12(1):18473. DOI: 10.1038/s41598-022-22588-0.

Статья поступила в редакцию 21.11.2025; одобрена после рецензирования 22.12.2025; принята к публикации 25.12.2025.
The article was submitted 21.11.2025; approved after reviewing 22.12.2025; accepted for publication 25.12.2025.