УДК 636.2.034
Код ВАК 4.2.5
https://doi.org/10.32417/1997-4868-2025-25-06-915-925

Идентификация HBD-сегментов крупного рогатого скота голштинской породы

А. А. Зырянова[1, 2]✉, **А. А. Ярышкин**[1], **О. А. Быкова**[1], **О. А. Шевкунов**[1], **О. В. Костюнина**[1]
[1] Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия
[2] Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия
✉*E-mail: agata.lis.00.ru*

Аннотация. **Цель** – исследование распределения HBD-сегментов среди различных пород крупного рогатого скота, включая голштинскую, черно-пеструю, тагильскую и другие, с акцентом на популяции Свердловской области. **Методы.** Были проведены оценка молекулярно-генетических исследований крови голштинского крупного рогатого скота Урала и сравнение результатов с другими породами. **Научная новизна.** Сегменты аутозиготности (HBD – Homozygous-by-Descent) представляют собой участки генома, унаследованные от общего предка через обоих родителей. Их накопление свидетельствует о снижении генетического разнообразия и повышении уровня инбридинга, что связано с риском проявления наследственных заболеваний и ухудшением продуктивных качеств животных. В условиях интенсивной селекции, особенно в молочном скотоводстве, мониторинг HBD-сегментов становится ключевым инструментом для управления генетическим здоровьем популяций. Свердловская область является одним из крупнейших центров молочного скотоводства в России, где доминирует голштинизированный черно-пестрый скот (около 600 тыс. голов). Формирование этой популяции сопровождалось многолетним прилитием генов голландских и голштинских пород, что могло привести к накоплению инбридинга. Изучение HBD-сегментов позволяет оценить историю селекции, выявить скрытые риски и оптимизировать программы разведения. **Результаты.** Экспериментальная группа коров голштинской породы уральского региона характеризуется преобладанием классов Rk_8–Rk_32, указывающих на инбридинг в пределах 3–5 поколений. Ярославская и тагильская породы продемонстрировали сегменты, связанные с предками 4–5 поколений назад, что отражает более древние генетические события. Коэффициент геномного инбридинга в популяции уральских голштинов равен 0,064. Согласно полученным данным, большее количество сегментов обнаружили на 1-й хромосоме, меньшее – на 29-й, а среднее количество SNP составило 37,1. Результаты подтверждают, что интенсивная селекция, особенно с использованием ограниченного числа производителей, ведет к накоплению HBD-сегментов. Это согласуется с глобальными тенденциями, где рост инбридинга коррелирует с сокращением генетического разнообразия. У голштинской породы высокая доля сегментов Rk_8–Rk_32 может быть связана с активным использованием импортных быков-производителей в последние десятилетия.

Ключевые слова: сегменты аутозиготности (HBD), инбридинг, голштинская порода уральского разведения, SNP, аутозиготность

Благодарности. Исследования выполнены при поддержке Российского научного фонда, проект № 22-76-10021.

Для цитирования: Зырянова А. А., Ярышкин А. А., Быкова О. А., Шевкунов О. А., Костюнина О. В. Идентификация HBD-сегментов крупного рогатого скота голштинской породы // Аграрный вестник Урала. 2025. Т. 25, № 06. С. 915–925. https://doi.org/10.32417/1997-4868-2025-25-06-915-925.

Дата поступления статьи: 29.01.2025, ***дата рецензирования:*** 01.04.2025, ***дата принятия:*** 04.04.2025.

© Zyryanova A. A., Yaryshkin A. A., Bykova O. A., Shevkunov O. A., Kostyunina O. V., 2025

Identification of HBD segments in Holstein cattle

A. A. Zyryanova[1, 2]✉, A. A. Yaryshkin[1], O. A. Bykova[1], O. A. Shevkunov[1], O. V. Kostyunina[1]
[1] Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia
[2] Ural Federal Agrarian Research Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia
✉*E-mail: agata.lis.00.ru*

Abstract. **The purpose** is to study the distribution of HBD segments among various cattle breeds, including Holstein, Black-and-White, Tagil and others, with an emphasis on the population of the Sverdlovsk region. **Methods.** An assessment of molecular genetic studies of the blood of Holstein cattle from the Urals was carried out and the results were compared with other breeds. **Scientific novelty.** Autozygosity segments (HBD – Homozygous-by-Descent) are parts of the genome inherited from a common ancestor through both parents. Their accumulation indicates a decrease in genetic diversity and an increase in the level of inbreeding, which is associated with the risk of hereditary diseases and deterioration in the productive qualities of animals. In conditions of intensive selection, especially in dairy cattle breeding, monitoring of HBD segments becomes a key tool for managing the genetic health of populations. The Sverdlovsk region is one of the largest centers of dairy cattle breeding in Russia, where Holsteinized black-and-white cattle dominate (about 600 thousand heads). The formation of this population was accompanied by a long-term influx of genes from Dutch and Holstein breeds, which could lead to the accumulation of inbreeding. The study of HBD segments allows us to evaluate the history of selection, identify hidden risks and optimize breeding programs. **Results.** The experimental group of Holstein cows from the Ural region is characterized by the predominance of the Rk_8–Rk_32 classes, indicating inbreeding within 3–5 generations. The Yaroslavl and Tagil breeds demonstrated segments associated with ancestors 4–5 generations ago, which reflects more ancient genetic events. The coefficient of genomic inbreeding in the Ural Holstein population is 0.064. According to the obtained data, the largest number of segments were found on 1st chromosome, the smallest on 29th and the average number of SNPs was 37.1. The results confirm that intensive selection, especially using a limited number of sires, leads to the accumulation of HBD segments. This is consistent with global trends, where increasing inbreeding correlates with a reduction in genetic diversity. In the Holstein breed, the high proportion of Rk_8–Rk_32 segments may be associated with the active use of imported sires in recent decades.

Keywords: autozygosity segments (HBD), inbreeding, Holstein breed of Ural breeding, SNP, autozygosity

Acknowledgments. The research was carried out with the support of the Russian Science Foundation, project No. 22-76-10021.

For citation: Zyryanova A. A., Yaryshkin A. A., Bykova O. A., Shevkunov O. A., Kostyunina O. V. Identification of HBD segments in Holstein cattle. *Agrarian Bulletin of the Urals*. 2025; 25 (06): 915–925. https://doi.org/10.32417/1997-4868-2025-25-06-915-925. (In Russ.)

Date of paper submission: 29.01.2025, ***date of review:*** 01.04.2025, ***date of acceptance:*** 04.04.2025.

Постановка проблемы (Introduction)

Сегменты аутозиготности (HBD – Homozygous-by-Descent) являются участками ДНК, где обе копии хромосомы идентичны друг другу. Это свидетельствует о наследовании одного и того же аллеля от общего предка через обоих родителей. Таким образом, в популяции с высоким уровнем инбредности возрастает риск проявления генетически детерминированных заболеваний из-за снижения генетического разнообразия [1]. Исследование сегментов HBD в селекционных программах крупного рогатого скота играет важную роль, так как помогает выявлять уровень инбридинга, генетическое разнообразие и выявление рецессивных заболеваний. [2]. Анализ сегментов аутозиготности помогает определить степень родства между животными. Чем больше сегментов HBD, тем выше вероятность инбридинга [3].

Инбридинг может быть связан с негативными эффектами, например рецессивными генетическими дефектами и депрессией инбридинга, в связи с чем происходит снижение жизнеспособности у инбредных животных. Такой крупный рогатый скот может также демонстрировать снижение роста, продуктивных и репродуктивных особенностей, также снижается резистентность организма к различным заболеваниям. Исключение животных с критическим уровнем HBD-сегментов из разведения поможет зоотехникам-селекционерам снизить риски рецессивных заболеваний [4–8]. В молоч-

© Зырянова А. А., Ярышкин А. А., Быкова О. А., Шевкунов О. А., Костюнина О. В., 2025

ном скотоводстве инбридинг распространен из-за использования ограниченного количества лучших быков-производителей. С появлением высокоточных современных технологий исследования генома животных значительно упрощается оценка инбридинга [5]. Для определения сегментов HBD используются молекулярно-генетические методы, например исследование однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). Геномные методы исследования наиболее точно отражают реальный инбридинг в популяции. HBD-сегменты позволяют провести анализ временных рамок инбридинга. Анализ HBD открывает возможность оценки уровня реализованного инбридинга, в отличие от прогнозов по родословным [6; 9; 10].

В исследованиях Solé M., Gori A. S., Faux P. С соавторами [7] проведена оценка и разделение по классам индивидуальных уровней геномного инбридинга в популяции бельгийского голубого мясного скота. Классы более длинных сегментов HBD составляли меньшую долю от общего количества HBD, но при этом авторы наблюдали большее различие между особями. Например, коэффициент инбридинга, соответствующий HBD-классам с Rk ≤ 8, находился в диапазоне от 0,000 до 0,137. У быков, дата рождения которых составляла с 1980 по 2010 год, процент сегментов в геноме повысился примерно с 28 до 31 %. Однако тенденция для более поздних классов Rk ≤ 32 оказалась более выраженной, от 0 до 6 % (то есть +0,20 % в год). У быков, родившихся до 1980 года, по сравнению с современными быками авторы наблюдали мало признаков недавней аутозиготности [7].

Зарубежными учеными проведено исследование на 14 205 коровах бельгийской голубой породы, фенотипированных по 11 линейным признакам, которые связаны с телосложением. Авторами были рассчитаны оценки F на основе родословной (F_{PED}), корреляции между объединяющимися гаметами (F_{UNI}), геномной матрицы родства (F_{GRM}), избыточной гомозиготности (F_{HET}) и сегментов гомозиготности по происхождению (HBD, F_{HBD}). Результаты показали, что оценки F_{UNI} и F_{GRM} явились наиболее чувствительными к частотам аллелей, а F_{HET} и F_{HBD} более устойчивыми. Значимое снижение жизнеспособности из-за влияния инбридинга обнаружено для четырех фенотипических признаков, связанных с высотой и длиной тела. Относительно классификации HBD-сегментов по возрастным классам ученые определили, что наличие предков до 15 поколений сильнее связано с инбредной депрессией, чем более древние. Так, например, недавние классы (длинные сегменты, $R_c < 64$) сильнее влияли на инбредную депрессию. Для них оценки эффектов составляли < −20, тогда как для класса $R_c = 64$ эффект снизился до −6,75, а для древних классов ($R_c \geq 64$) приблизился к нулю и был статистически незначим. Исследователи пришли к выводу, что мутационная нагрузка снижается с возрастом гаплотипов. Таким образом, необходимо учитывать в селекционных планах уровни недавнего инбридинга [8].

На территории Свердловской области в молочном скотоводстве наиболее широко для разведения используют крупный рогатый скот голштинской породы, ранее известный как голштинизированный черно-пестрый скот [9]. В Уральском регионе насчитывает около 600 тысяч голов [10]. В процессе формирования данной популяции прослеживается несколько этапов миграции генов, которые охватывают несколько центров селекции. Улучшение уральского черно-пестрого скота в течение 20 лет начиная с 1965 года проводили посредством прилития крови голландского скота и путем межпородного скрещивания с голштинскими быками-производителями [9; 11]. В целом в формировании современного крупного рогатого скота молочного направления продуктивности в регионе принимали участие тагильская, голландская, черно-пестрая и голштинская породы [12].

В данной статье проведен анализ сегментов аутозиготности нескольких пород крупного рогатого скота: голштинской, черно-пестрой, тагильской, истобенской, ярославской, холмогорской, красно-пестрой и голштинские коровы уральского разведения. Наибольшее внимание было уделено популяции коров Свердловской области.

Методология и методы исследования (Methods)

Для анализа использовались данные молекулярно-генетических исследований, включая анализ однонуклеотидных полиморфизмов (SNP).

Геномная ДНК выделена из образцов крови отобранных от опытных животных голштинских коров Урала в количестве 698 голов. Также исследование охватило следующие породы: голштинскую, черно-пеструю, тагильскую, истобенскую, ярославскую, холмогорскую, красно-пеструю, информация по которым была заимствована из репозитория Dryad [13]. Данные по голштинской красно-пестрой породе отслеживались на количестве 50 голов, черно-пестрой – 24, истобенской – 5, голштинской черно-пестрой – 50, холмогорской – 34, ярославской и тагильской – по 19 животных. Полногеномное генотипирование отобранных образцов и исследование SNP-полиморфизмов проведены методом полногеномного сканирования с использованием чипов Illumina Bovine SNP50v3 (Illumina, США). Данные генотипы интерпретированы в GenomeSTUDIO v2 (Illumina, San Diego, CA, USA). Контроль качества и статистический анализ полученных данных осуществлены в программе Plink 1.9. С использованием пакета RZooRoH v.0.3.0.74 [14–19] идентифицированы гомозиготные по происхождению (HBD) и не-HBD сегменты, позволяющие лучше оценить текущий уровень инбридинга, с классификацией

сегментов HBD по возрастным классам. Сегменты HBD классифицировались по длине, соответствующей поколениям предков (например, Rk_8 – предки четвертого поколения). Пакет RZooRoH v.0.3.0.74 основан на скрытой модели Маркова [20–22].

Результаты (Results)

Выполнен анализ сегментов HBD в восьми группах животных различных пород. HBD-сегменты классифицируют по возрасту. Недавние сегменты аутозиготности указывают на наличие общих предков в пределах 15 поколений. Древние сегменты являются короткими и связаны с дальними предками, жившими десятки и сотни поколений назад. Недавние сегменты аутозиготности несут опасность из-за мутационной нагрузки на животное. Это связано с тем, что вредные рецессивные аллели в недавних сегментах еще не были устранены естественным отбором. На рис. 1 показан вклад различных HBD-сегментов аутозиготности на примере 8 пород крупного рогатого скота. В группе истобенской породы класс с коэффициентом Rk_8 внес наибольший вклад в реализованную аутозиготность, что соответствует предкам четвертого поколения назад. У экспериментальной группы, черно-пестрой, холмогорской, голштинской черно-пестрой и голштинской красно-пестрой пород скота наибольший вклад внесли классы Rk_8-Rk_32. Ярославская и тагильская породы отличились сегментами, которые указывают на наличие предков 8–16 поколений назад. В целом распределение по классам HBD в экспериментальной группе коров и других пород, сравнение носит схожий характер.

В таблице 1 представлены количество и длина в мегабазах сегментов HBD в разрезе 8 изучаемых пород.

Данные таблицы 1 свидетельствуют о том, что у всех популяций большее количество SNP сосредоточено в классах R_8. Также длина SNP превалирует в соответствующих группах животных. Для экспериментальной уральской группы коров характерно распределение классов HBD от R_8 до R_32. Наибольшее количество SNP выявлено у класса R_8, равное 57,49, с длиной 17502717,06 Мб, наименьшее – у класса R_32, составляющее 24,54 SNP длиной 5485643,38 Мб. Самое большое количество SNP и их длина представлены у черно-пестрой породы крупного рогатого скота: 67,69 и 20197825,31 Мб. Меньшее количество SNP с меньшей длиной практически у всех пород встречается у классов R_32. Исключением является скот истобенской породы, у которого присутствует только класс R_8. Самое меньшее количество SNP – у голштинской черно-пестрой породы, равное 22,60, средняя длина которых равна 5276265,79.

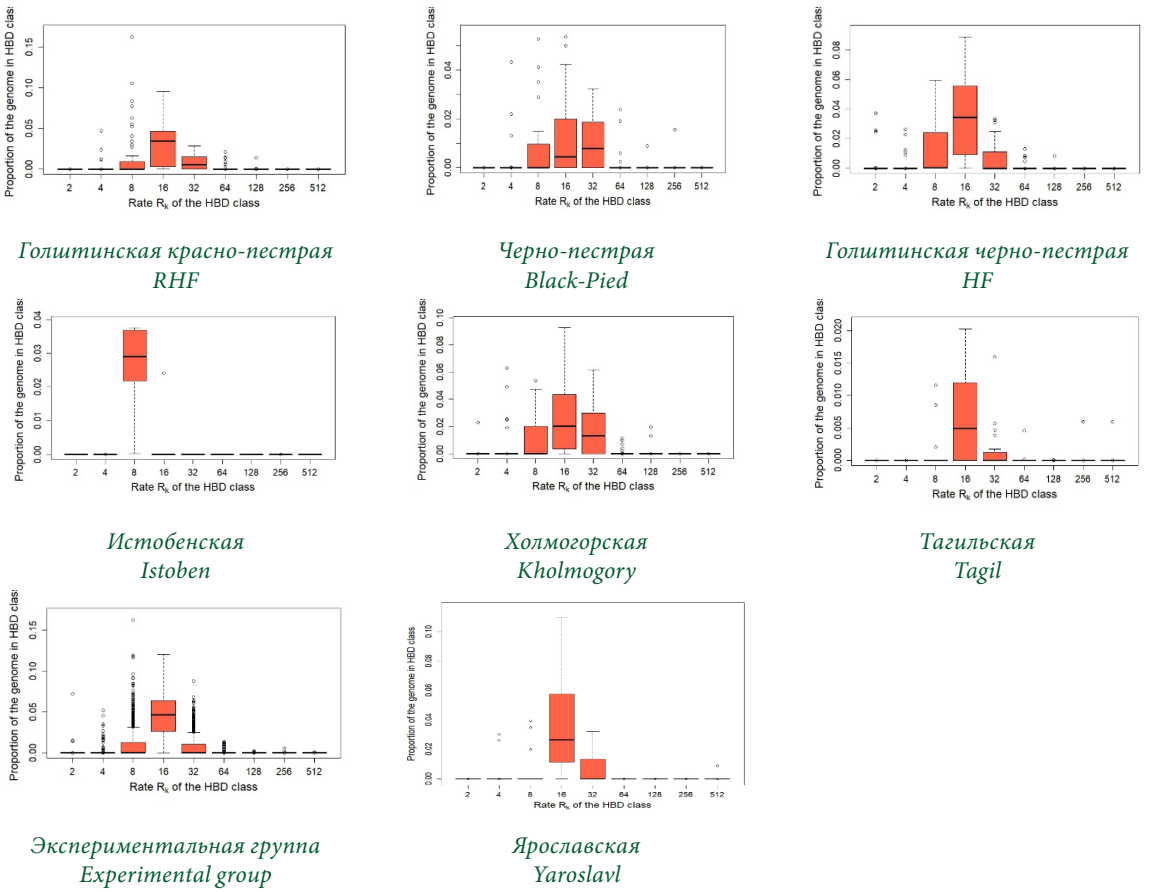


Рис. 1. Аутозиготность крупного рогатого скота различных пород в зависимости от скорости Rk класса HBD
Fig. 1. Autozygosity of cattle of different breeds depending on the Rk rate of the HBD class

Таблица 1

Количество и длина сегментов HBD в разрезе изучаемых пород

Порода	Класс	Поколение предков	Среднее количество SNP	Длина, Мб
Экспериментальная группа	R_8	4	57,49	17502717,06
	R_16	8	35,44	9555595,02
	R_32	16	24,54	5485643,38
Голштинская красно-пестрая	R_8	4	60,92	17117247,17
	R_16	8	36,10	9246703,72
	R_32	16	23,83	5231946,35
Черно-пестрая	R_8	4	67,69	20197825,31
	R_16	8	35,13	9351635,18
	R_32	16	25,86	5750181,18
Истобенская	R_8	4	58,94	15046912,94
Голштинская черно-пестрая	R_8	4	55,62	16660328,57
	R_16	8	35,11	9197519,92
	R_32	16	22,60	5276265,79
Холмогорская	R_8	4	55,55	16172205,58
	R_16	8	36,85	9658984,74
	R_32	16	25,91	5944464,07
Ярославская	R_16	8	40,06	10607475,08
	R_32	16	24,93	5347661,78
Тагильская	R_16	8	35,37	10529633,96
	R_32	16	31,40	5765416,00

Table 1

Number and length of HBD segments in the studied rocks

Breed	*Class*	*The ancestral generation*	*Average number of SNPs*	*Length, Mb*
Experimental group	*R_8*	*4*	*57,49*	*17502717.06*
	R_16	*8*	*35,44*	*9555595.02*
	R_32	*16*	*24,54*	*5485643.38*
RHF	*R_8*	*4*	*60,92*	*17117247.17*
	R_16	*8*	*36,10*	*9246703.72*
	R_32	*16*	*23,83*	*5231946.35*
Black-Pied	*R_8*	*4*	*67,69*	*20197825.31*
	R_16	*8*	*35,13*	*9351635.18*
	R_32	*16*	*25,86*	*5750181.18*
Istoben	*R_8*	*4*	*58,94*	*15046912.94*
HF	*R_8*	*4*	*55,62*	*16660328.57*
	R_16	*8*	*35,11*	*9197519.92*
	R_32	*16*	*22,60*	*5276265.79*
Kholmogory	*R_8*	*4*	*55,55*	*16172205.58*
	R_16	*8*	*36,85*	*9658984.74*
	R_32	*16*	*25,91*	*5944464.07*
Yaroslavl	*R_16*	*8*	*40,06*	*10607475.08*
	R_32	*16*	*24,93*	*5347661.78*
Tagil	*R_16*	*8*	*35,37*	*10529633.96*
	R_32	*16*	*31,40*	*5765416.00*

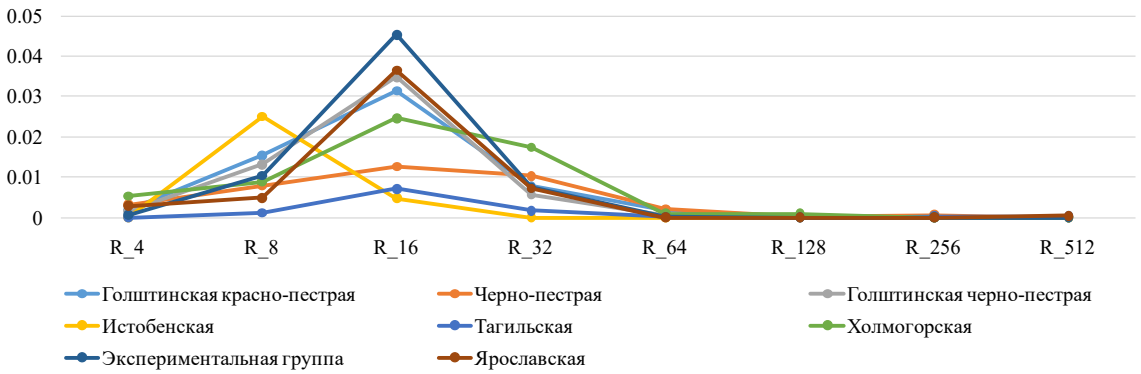


Рис. 2. Различие в породных уровнях аутозиготности

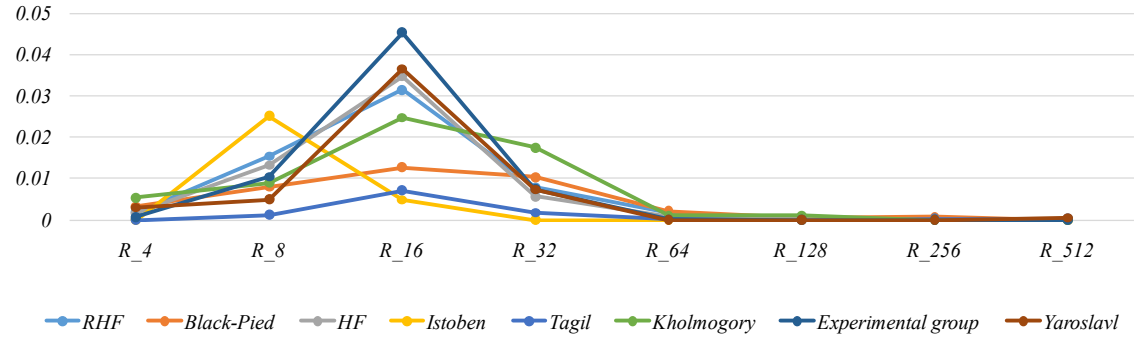
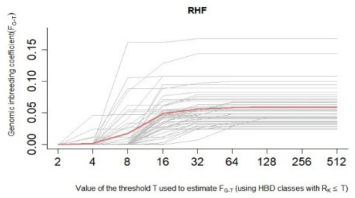
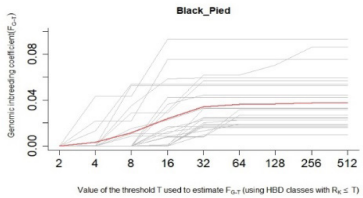


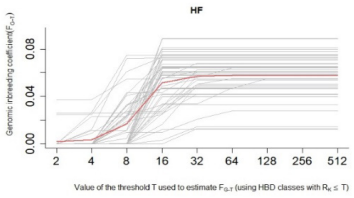
Fig. 2. Differences in breed levels of autozygosity



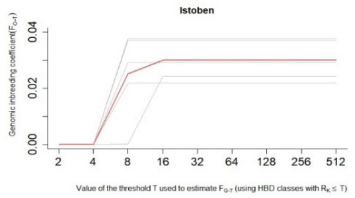
Голштинская красно-пестрая
RHF



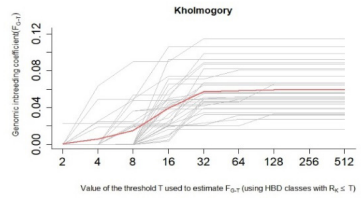
Черно-пестрая
Black-Pied



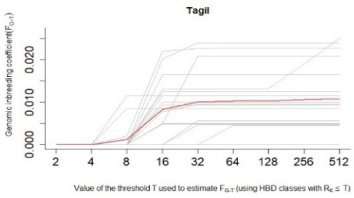
Голштинская черно-пестрая
HF



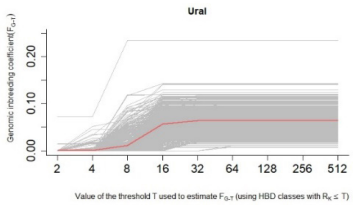
Истобенская
Istoben



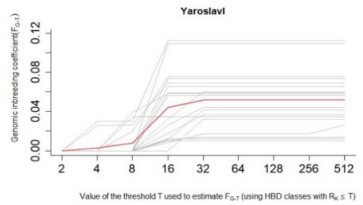
Холмогорская
Kholmogory



Тагильская
Tagil



Экспериментальная группа
Experimental group



Ярославская
Yaroslavl

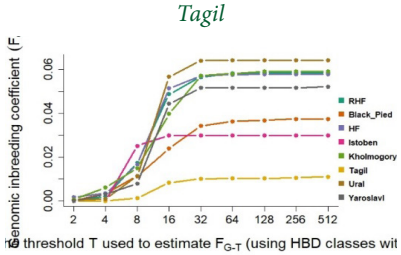


Рис. 3. Разделение генома в разных классах гомозиготного происхождения (HBD) у изучаемых пород
Fig. 3. Genome segregation in different homozygous descent (HBD) classes in the studied breeds

Таблица 2

Суммарная статистика коэффициента геномного инбридинга

Статистические показатели	Голштинская красно-пестрая	Черно-пестрая	Голштинская черно-пестрая	Истобенская	Холмогорская	Тагильская	Экспериментальная группа	Ярославская
Минимум	0,024	0,010	0,012	0,000	0,017	0,000	0,007	0,010
1 квартиль	0,036	0,019	0,048	0,008	0,044	0,005	0,048	0,033
Медиана	0,053	0,029	0,061	0,018	0,051	0,009	0,063	0,056
Среднее	0,058	0,036	0,058	0,025	0,058	0,010	0,064	0,052
3 квартиль	0,069	0,053	0,070	0,034	0,072	0,013	0,079	0,067
Максимум	0,167	0,093	0,089	0,143	0,115	0,024	0,234	0,112

Table 2

Summary statistics of the genomic inbreeding coefficient

Statistical indicators	*RHF*	*Black-Piel*	*HF*	*Istoben*	*Kholmogory*	*Tagil*	*Experimental group*	*Yaroslavl*
Minimum	*0.024*	*0.010*	*0.012*	*0.000*	*0.017*	*0.000*	*0.007*	*0.010*
1st quartile	*0.036*	*0.019*	*0.048*	*0.008*	*0.044*	*0.005*	*0.048*	*0.033*
Median	*0.053*	*0.029*	*0.061*	*0.018*	*0.051*	*0.009*	*0.063*	*0.056*
Mean	*0.058*	*0.036*	*0.058*	*0.025*	*0.058*	*0.010*	*0.064*	*0.052*
3rd quartile	*0.069*	*0.053*	*0.070*	*0.034*	*0.072*	*0.013*	*0.079*	*0.067*
Maximum	*0.167*	*0.093*	*0.089*	*0.143*	*0.115*	*0.024*	*0.234*	*0.112*

На рис. 2 рассмотрим вариации в индивидуальных уровнях аутозиготности, которые накоплены во всех классах HBD. Можем наблюдать различный вклад инбридинга у разных пород. Исследуемая группа коров характеризовалась самыми высокими уровнями геномного инбридинга по классам HBD. Животные тагильской породы обладают наименьшим уровнем инбридинга.

На рис. 3 представлено разделение генома в разных классах гомозиготного происхождения. Можем наблюдать наибольший вклад инбридинга в уральской экспериментальной группе. Обратная ситуация у тагильского крупного рогатого скота.

В таблице 2 представлена статистика коэффициента геномного инбридинга. Отметим, что самым высоким уровнем геномного инбридинга в исследуемых популяциях характеризовалась экспериментальная группа голштинских коров. Коэффициент составил 0,064. Самый низкий уровень инбридинга оказался у крупного рогатого скота тагильской породы: 0,010. Голштинской красно-пестрой, черно-пестрой и холмогорской породам животных соответствует уровень инбридинга 0,058.

В таблице 3 показана информация об обнаруженных в уральской группе голштинских животных сегментах HBD. В совокупности идентифицировано 9120 сегментов, средняя длина которых составляет 10148026 п. о.

Наибольшее количество HBD сегментов обнаружено на 1-й хромосоме (538) со средней длиной 11301878. Среднее количество SNP на данной хромосоме составляет 39,2, классы HBD – от 3 до 5. Меньше всего HBD-сегментов оказалось на 29-й хромосоме (187). Средняя длина равна 9231989, количество SNP – 34,9, классы HBD – от 2 до 5. В общем среднее количество сегментов составило 9120 со средней длиной 10148026 и среднее количество SNP 37,1 с классами HBD от 1 до 7. В зависимости от хромосомы среднее количество SNP варьировалось от 32,3 до 41,4.

Обсуждение и выводы (Discussion and Conclusion)

Исследование демонстрирует, что анализ HBD-сегментов представляет собой эффективный метод оценки генетического благополучия популяций, особенно в условиях интенсивного животноводства. В областях, где акцент на разведении высокопродуктивных молочных пород создает риски накопления скрытого инбридинга, применение этого подхода становится критически важным. Это связано с тем фактом, что инбридинг приводит к снижению продуктивности из-за инбредной депрессии. То есть могут проявиться рецессивные мутации,

снижающие молочную и репродуктивную продуктивность животных. Выявление участков генома с высокой гомозиготностью позволяет не только оценить степень генетического однообразия, но и прогнозировать потенциальные риски, связанные с инбредной депрессией – снижением жизнеспособности, плодовитости или устойчивости к заболеваниям.

В исследовании выявлено, что в экспериментальной группе коров наибольший вклад в аутозиготность внесли длинные и средние сегменты Rk_8-Rk_32, соответствующие наличию общих предков около 4–16 поколений назад. В целом распределение по классам HBD носит схожий характер у черно-пестрой, холмогорской, голштинской и голштинской красно-пестрой пород. У всех рассматриваемых пород наибольшее количество SNP и их длина расположены в классах R_8, наименьшее – у классов R_32, что составляет 67,69 (20197825,31) и 22,60 (5276265,79) соответственно. Самым высоким уровнем геномного инбридинга среди изучаемых популяций характеризовалась уральская экспериментальная группа коров, коэффициент которого равен 0,064. У данных животных идентифицировано 9120 сегментов со средней длиной 10148026 п. о. Наибольшее количество HBD-сегментов (538) сосредоточено на 1-й хромосоме, наименьшее – на 29-й хромосоме в количестве 187. Среднее количество SNP равно 37,1. В зависимости от хромосомы среднее количество SNP варьировалось от 32,3 до 41,4.

Таблица 3

Количество идентифицированных HBD сегментов в зависимости от хромосомы в экспериментальной группе животных

Хромосома	Количество сегментов	Средняя длина	Среднее количество SNP	Классы HBD
1	538	11301878	39,2	3–5
2	476	12938097	36,1	1–5
3	445	10972100	37,5	1–5
4	402	10512343	39,0	2–5
5	414	11718776	38,1	2–5
6	462	10281383	38,5	1–5
7	377	12486793	37,7	2–5
8	442	11795123	39,6	2–5
9	325	10305459	39,2	2–5
10	325	12104881	37,3	2–5
11	396	10585996	41,4	2–5
12	311	9434069	37,7	2–5
13	349	9145429	33,5	3–5
14	275	9949835	32,3	2–5
15	308	8496026	37,9	2–6
16	258	11684843	35,2	3–5
17	325	8630762	34,5	2–5
18	264	7212410	36,3	2–5,7
19	276	7349848	33,5	3–5
20	216	11176207	35,1	1–5
21	253	9404263	38,1	2–5
22	198	8510912	36,3	3–5
23	245	7878887	35,8	2–5
24	229	9790623	37,7	2–5
25	192	7304499	35,0	3–5
26	202	9173140	38,9	1,3–6
27	226	6860344	35,0	3–5
28	203	8763853	37,1	2–5
29	187	9231989	34,9	2–5
Среднее	9120	10148026	37,1	1–7

Table 3

The number of identified HBD segments depending on the chromosome in the experimental group of animals

Chromosome	*Number of segments*	*Average length*	*Average number of SNPs*	*HBD classes*
1	*538*	*11301878*	*39.2*	*3–5*
2	*476*	*12938097*	*36.1*	*1–5*
3	*445*	*10972100*	*37.5*	*1–5*
4	*402*	*10512343*	*39.0*	*2–5*
5	*414*	*11718776*	*38.1*	*2–5*
6	*462*	*10281383*	*38.5*	*1–5*
7	*377*	*12486793*	*37.7*	*2–5*
8	*442*	*11795123*	*39.6*	*2–5*
9	*325*	*10305459*	*39.2*	*2–5*
10	*325*	*12104881*	*37.3*	*2–5*
11	*396*	*10585996*	*41.4*	*2–5*
12	*311*	*9434069*	*37.7*	*2–5*
13	*349*	*9145429*	*33.5*	*3–5*
14	*275*	*9949835*	*32.3*	*2–5*
15	*308*	*8496026*	*37.9*	*2–6*
16	*258*	*11684843*	*35.2*	*3–5*
17	*325*	*8630762*	*34.5*	*2–5*
18	*264*	*7212410*	*36.3*	*2–5,7*
19	*276*	*7349848*	*33.5*	*3–5*
20	*216*	*11176207*	*35.1*	*1–5*
21	*253*	*9404263*	*38.1*	*2–5*
22	*198*	*8510912*	*36.3*	*3–5*
23	*245*	*7878887*	*35.8*	*2–5*
24	*229*	*9790623*	*37.7*	*2–5*
25	*192*	*7304499*	*35.0*	*3–5*
26	*202*	*9173140*	*38.9*	*1,3–6*
27	*226*	*6860344*	*35.0*	*3–5*
28	*203*	*8763853*	*37.1*	*2–5*
29	*187*	*9231989*	*34.9*	*2–5*
Average	*9120*	*10148026*	*37.1*	*1–7*

Сегменты аутозиготности являются мощным инструментом для анализа генетического здоровья популяций голштинского крупного рогатого скота Свердловской области. Изучение HBD-сегментов позволяет точно производить оценку инбридинга, предотвращать инбредную депрессию и генетические дефекты, оптимизировать селекционные программы. Перспективным шагом станет интеграция HBD-анализа с уже применяемыми в регионе технологиями геномной селекции. Оптимизация подбора пар с учетом распределения HBD-сегментов сохранит генетическое разнообразие. Контроль недавнего инбридинга критически необходим в отличие от древних HBD-сегментов. Совмещение данных о маркерах, ассоциированных с информацией о гомозиготных участках, позволит создавать сбалансированные племенные индексы, учитывающие как продуктивный потенциал, так и генетические риски. Проведение подобных исследований не только укрепит конкурентоспособность местного молочного скотоводства, но и станет моделью для других регионов, сталкивающихся с аналогичными вызовами.

Библиографический список

1. Ceballos F., Joshi P., Clark D., et al. Runs of homozygosity: windows into population history and trait architecture // Nature Reviews Genetics. 2018. Vol. 4. Pp. 220–234. DOI: 10.1038/nrg.2017.109.

2. Bertrand A. R., Kadri N. K., Flori L., Gautier M., Druet T. RZooRoH: an R package to characterize individual genomic autozygosity and identify homozygous-by-descent segments // Methods in Ecology and Evolution. 2019. Vol. 10. Pp. 860–866. DOI: 10.1111/2041-210X.13167.

3. Юдин В. М., Тучкова У. М., Васильева М. И. и др. Влияние инбридинга на показатели продуктивного долголетия коров // Вестник Ижевской государственной сельскохозяйственной академии. 2022. № 2 (70). С. 40–48. DOI: 10.48012/1817-5457_2022_2_40.

4. Шаталина О. С. Генетическая структура популяции голштинизированного черно-пестрого скота по микросателлитным локусам // Генетика. 2021. Т. 57, № 2. С. 205–213. DOI: 10.31857/S0016675821020090.

5. Yurchenko A., Yudin N., Aitnazarov R., et al. Data from: genome-wide genotyping uncovers genetic profiles and history of the Russian cattle breeds // Dryad. 2017. DOI: 10.5061/dryad.68hv7.

6. Gorssen W., Meyermans R., Janssens S., Buys N. A publicly available repository of ROH islands reveals signatures of selection in different livestock and pet species // Genetics Selection Evolution. 2021. Vol. 53 (1). Article number 2. DOI: 10.1186/s12711-020-00599-7.

7. Maltecca C., Tiezzi F., Cole J. B., Baes C. Symposium review: exploiting homozygosity in the era of genomics – selection, inbreeding, and mating programs // Journal of Dairy Science. 2020. No. 103 (6). Pp. 5302–5313. DOI: 10.3168/jds.2019-17846.

8. Naji M. M., Gualdrón Duarte J. L., Forneris N. S., Druet T. Inbreeding depression is associated with recent homozygous-by-descent segments in Belgian Blue beef cattle // Genetics Selection Evolution. 2024. No. 56 (1). Article number 10. DOI: 10.1186/s12711-024-00878-7.

9. Сермягин А. А., Быкова О. А., Лоретц О. Г., Костюнина О. В., Зиновьева Н. А. Оценка геномной вариабельности продуктивных признаков у животных голштинизированной черно-пестрой породы на основе GWAS-анализа и RON-паттернов // Сельскохозяйственная биология. 2020. № 2. С. 257–274. DOI: 10.15389/agrobiology.2020.2.257rus.

10. Smaragdov M. G. Identification of homozygosity-rich regions in the Holstein genome // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2023. Vol. 27, No. 5. Pp. 471–479. DOI: 10.18699/VJGB-23-57.

11. Филипенкова Г. В. Использование ДНК-маркеров в селекционном процессе в молочном скотоводстве // Вестник Российского государственного аграрного заочного университета. 2020. № 34 (39). С. 27–30.

12. Недашковский И. С., Контэ А. Ф., Сермягин А. А. Параметры генетической взаимосвязи по STR- и SNP-маркерам недостатков экстерьера дочерей голштинских быков-производителей с уровнем гомозиготности и геномного инбридинга отцов // Достижения науки и техники АПК. 2024. Т. 38, № 2. С. 46–52. DOI: 10.53859/02352451_2024_38_2_46.

13. Druet T., Gautier M. A model-based approach to characterize individual inbreeding at both global and local genomic scales // Molecular Ecology. 2017. Vol. 26. Pp. 5820–5841. DOI: 10.1111/mec.14324.

14. Solé M., Gori A. S., Faux P., et al. Age-based partitioning of individual genomic inbreeding levels in Belgian Blue cattle // Genetics Selection Evolution. 2017. No. 49. Article number. 92. DOI: 10.1186/s12711-017-0370-x.

15. Писаренко А. В. Популяционный мониторинг генофондных пород крупного рогатого скота как основа сохранения биоразнообразия // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). 2024. № 1 (70). С. 261–270. DOI: 10.31677/2072-6724-2024-70-1-261-270.

16. Orlov Y. L., Galieva A. G., Orlova N. G., Ivanova E. N., Mozyleva Y. A., Anashkina A. A. Reconstruction of gene network associated with Parkinson disease for gene targets search // Biomed Khim. 2021. No. 67 (3). Pp. 222–230. DOI: 10.18097/PBMC20216703222.

17. Mezzavilla M., Navarra C. O., Lenarda R., Gasparini P., Bevilacqua L., Robino A. Runs of homozygosity are associated with staging of periodontitis in isolated populations // Human Molecular Genetics. 2021. Vol. 30, No. 12. Pp. 1154–1159. DOI: 10.1093/hmg/ddab085.

18. Falchi L., Cesarani A., Mastrangelo S., Senczuk G., Portolano B., Pilla F., Macciotta N.P.P. Analysis of runs of homozygosity of cattle living in different climate zones // Journal of Animal Science. 2023. No. 101. DOI: 10.1093/jas/skad061.

19. Кожуховская В. В., Зайцева О. С., Мартынов Н. А., Зубарева В. Д. Летальные гаплотипы в популяции голштинского крупного рогатого скота и их роль в воспроизводстве (обзор) [Электронный ресурс] // Животноводство и кормопроизводство. 2021. № 3. С. 155–166. URL: http://gk.fncbst.ru/wp-content/uploads/2021/10/104.3.15.pdf (дата обращения: 10.03.2025).

20. Van den Boogaart K. G., Tolosana-Delgado R., Bren M. Compositions: compositional data analysis [Электронный ресурс]. 2023. URL: https://CRAN.R-project.org/package=compositions (дата обращения: 20.04.2025).

21. Meyermans R., Gorssen W., Buys N., Janssens S. How to study runs of homozygosity using PLINK? A guide for analyzing medium density SNP data in livestock and pet species // BMC Genomics. 2020. Vol. 21. Article number 94. DOI: 10.1186/s12864-020-6463-x.

22. R Core Team. R: a language and environment for statistical computing. R foundation for statistical computing. Vienna, Austria [Электронный ресурс]. 2022. URL: https://www.r-project.org (дата обращения: 20.04.2025).

Об авторах:

Анастасия Андреевна Зырянова, аспирант кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; младший научный сотрудник отдела животноводства и генетических исследований, Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, Россия;
ORCID 0009-0008-1435-8210, AuthorID 1123090. *E-mail: agata.lis.00@mail.ru*

Андрей Александрович Ярышкин, научный сотрудник, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0002-9215-5952, AuthorID 777264. *E-mail: x2580x@yandex.ru*

Ольга Александровна Быкова, доктор сельскохозяйственных наук, профессор кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия;
ORCID 0000-0002-0753-1539, AuthorID 663503. *E-mail: olbyk75@mail.ru*

Олег Александрович Шевкунов, специалист по РИНЦ, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия; ORCID 0000-0003-2975-0633, AuthorID 956848. *E-mail: Xoshyn@gmail.com*

Ольга Васильевна Костюнина, доктор биологических наук, профессор кафедры биотехнологии и пищевых продуктов, Уральский государственный аграрный университет, Екатеринбург, Россия;
ORCID 0000-0001-8206-3221, AuthorID 147325. *E-mail: kostolan@yandex.ru*

References

1. Ceballos F., Joshi P., Clark D. et al. Runs of homozygosity: windows into population history and trait architecture. *Nature Reviews Genetics*. 2018; 4: 220–234. DOI: 10.1038/nrg.2017.109.

2. Bertrand A. R., Kadri N. K., Flori L., Gautier M., Druet T. RZooRoH: an R package to characterize individual genomic autozygosity and identify homozygous-by-descent segments. *Methods in Ecology and Evolution*. 2019; 10: 860–866. DOI: 10.1111/2041-210X.13167.

3. Yudin V. M., Tuchkova U. M., Vasilyeva M. I., et al. The effect of inbreeding on indicators of productive longevity of cows. *The Bulletin of Izhevsk State Agricultural Academy.* 2022; 2 (70): 40–48. DOI: 10.48012/1817-5457_2022_2_40. (In Russ.)

4. Shatalina O. S., Tkachenko I. V., Yaryshkin A. A. Genetic structure of the population of Holstein Black-and-White cattle by microsatellite loci. *Russian Journal of Genetics.* 2021; 57 (2): 205–213. DOI: 10.31857/S0016675821020090. (In Russ.)

5. Yurchenko A., Yudin N., Aitnazarov R., et al. Data from: genome-wide genotyping uncovers genetic profiles and history of the Russian cattle breeds. *Dryad*. 2017. DOI: 10.5061/dryad.68hv7. (In Russ.)

6. Gorssen W., Meyermans R., Janssens S., Buys N. A publicly available repository of ROH islands reveals signatures of selection in different livestock and pet species. *Genetics Selection Evolution*. 2021; 53 (1): 2. DOI: 10.1186/s12711-020-00599-7.

7. Maltecca C., Tiezzi F., Cole J.B., Baes C. Symposium review: exploiting homozygosity in the era of genomics – selection, inbreeding, and mating programs. *Journal of Dairy Science.* 2020; 103 (6): 5302–5313. DOI: 10.3168/jds.2019-17846.

8. Naji M. M., Gualdrón Duarte J. L., Forneris N. S., Druet T. Inbreeding depression is associated with recent homozygous-by-descent segments in Belgian Blue beef cattle. *Genetics Selection Evolution.* 2024; 56 (1): 10. DOI: 10.1186/s12711-024-00878-7.

9. Sermyagin A. A., Bykova O. A., Loretts O. G., Kostyunina O. V., Zinovyeva N. A. Genomic variability assess for breeding traits in holsteinizated russian black-and-white cattle using GWAS analysis and ROH patterns. *Agricultural Biology*. 2020; 2: 257–274. DOI: 10.15389/agrobiology.2020.2.257rus. (In Russ.)

10. Smaragdov M. G. Identification of homozygosity-rich regions in the Holstein genome. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2023; 27 (5): 471–479. DOI: 10.18699/VJGB-23-57.

11. Filipenkova G. V. Use of DNA markers in the selection process in dairy cattle breeding. *Herald of Russian State Agrarian Correspondence University*. 2020; 34 (39): 27–30. (In Russ.)

12. Nedashkovskiy I. S., Konte A. F., Sermyagin A. A. Parameters of genetic correlation by STR and SNP markers of defects in the exterior of daughters of Holstein sires with the level of homozygosity and genomic inbreeding of fathers. *Achievements of Science and Technology of AIC.* 2024; 38 (2): 46–52. DOI: 10.53859/02352451_2024_38_2_46. (In Russ.)

13. Druet T., Gautier M. A model-based approach to characterize individual inbreeding at both global and local genomic scales. *Molecular Ecology*. 2017; 26: 5820–5841. DOI: 10.1111/mec.14324.

14. Solé M., Gori AS., Faux P., et al. Age-based partitioning of individual genomic inbreeding levels in Belgian Blue cattle. *Genetics Selection Evolution.* 2017; 49: 92. DOI: 10.1186/s12711-017-0370-x.

15. Pisarenko A. V. Population monitoring of gene pool breeds of cattle as a basis for biodiversity conservation. *Bulletin of NSAU (Novosibirsk State Agrarian University)*. 2024; 1: 261–270. DOI: 10.31677/2072-6724-2024-70-1-261-270. (In Russ.)

16. Orlov Y. L., Galieva A. G., Orlova N. G., Ivanova E. N., Mozyleva Y. A., Anashkina A. A. Reconstruction of gene network associated with Parkinson disease for gene targets search. *Biomed Khim.* 2021; 67 (3): 222–230. DOI: 10.18097/PBMC20216703222.

17. Mezzavilla M., Navarra C. O., Lenarda R., Gasparini P., Bevilacqua L., Robino A. Runs of homozygosity are associated with staging of periodontitis in isolated populations. *Human Molecular Genetics*. 2021; 30 (12): 1154–1159. DOI: 10.1093/hmg/ddab085.

18. Falchi L., Cesarani A., Mastrangelo S., Senczuk G., Portolano B., Pilla F., Macciotta N.P.P. Analysis of runs of homozygosity of cattle living in different climate zones. *Journal of Animal Science*. 2023: 101. DOI: 10.1093/jas/skad061.

19. Kozhukhovskaya V. V., Zaytseva O. S., Martynov N. A., Zubareva V. D. Lethal haplotypes in the population of the holstein cattle and their role in reproduction (review). *Animal Husbandry and Fodder Production.* 2021; 3: 155–166. (In Russ.)

20. Van den Boogaart K. G., Tolosana-Delgado R., Bren M. *Compositions: Compositional Data Analysis* [Internet]. 2023 [cited 2025 Apr. 20]. Available from: https://CRAN.R-project.org/package=compositions.

21. Meyermans R., Gorssen W., Buys N., Janssens S. How to study runs of homozygosity using PLINK? A guide for analyzing medium density SNP data in livestock and pet species. *BMC Genomics*. 2020: 94. DOI: 10.1186/s12864-020-6463-x.

22. *R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing*. Vienna, Austria [Internet]. 2022 [cited 2025 Apr 10]; Available from: https://www.r-project.org.

Authors' information:

Anastasiya A. Zyryanova, postgraduate of the department of biotechnology and food products, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; Junior researcher at the department of animal husbandry and genetic research, Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0009-0008-1435-8210, AuthorID 1123090. *E-mail: agata.lis.00@mail.ru*

Andrey A. Yaryshkin, researcher, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0002-9215-5952, AuthorID 777264. *E-mail: x2580x@yandex.ru*

Olga A. Bykova, doctor of agricultural sciences, professor of the department of biotechnology and food products, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0002-0753-1539, AuthorID 663503. *E-mail: olbyk75@mail.ru*

Oleg A. Shevkunov, RSCI specialist, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0003-2975-0633, AuthorID 956848. *E-mail: Xoshyn@gmail.com*

Olga V. Kostyunina, doctor of biological sciences, professor of the department of biotechnology and food products, Ural State Agrarian University, Ekaterinburg, Russia; ORCID 0000-0001-8206-3221, AuthorID 147325. *E-mail: kostolan@yandex.ru*