

УДК 619:636.2:575.174.4

## ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ПЯТИ ПОРОД КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ПО SNP-МАРКЕРАМ, АССОЦИИРОВАННЫМ С СОСТОЯНИЕМ ЗДОРОВЬЯ

© 2024 г. М. В. Бытов<sup>1</sup>, В. Д. Зубарева<sup>1</sup>, С. В. Вольская<sup>1</sup>, А. Г. Исаева<sup>1</sup>,  
Д. Ю. Нохрин<sup>1</sup>, Ю. А. Осипова<sup>1</sup>, О. В. Соколова<sup>1</sup>. \*

<sup>1</sup>Уральский федеральный аграрный научно-исследовательский центр  
Уральского отделения Российской академии наук, Екатеринбург, 620142 Россия

\*e-mail: nauka\_sokolova@mail.ru

Поступила в редакцию 04.12.2023 г.

После доработки 25.12.2023 г.

Принята к публикации 23.01.2024 г.

Генетическое тестирование животных в настоящее время является важной составляющей в развитии агропромышленного комплекса. Совершенствование молекулярно-генетических технологий с каждым годом позволяет быстрее и дешевле проводить генетические исследования, направленные на поиск наиболее ценных особей крупного рогатого скота. Аборигенные породы крупного рогатого скота являются привлекательным объектом для таких исследований, поскольку обладают большим адаптационным потенциалом и устойчивостью к заболеваниям. Однако современные сравнительные данные о генетическом разнообразии большинства локальных пород по SNP-маркерам, ассоциированным со здоровьем, отсутствуют. Проведение ассоциативных генетических тестов по данным генетическим маркерам для тагильской, сычевской, суксунской и истобенской пород еще предстоит. Цель данной работы – сравнение генетического разнообразия пяти пород крупного рогатого скота по SNP-маркерам, ассоциированным с развитием кетоза, мастита и продуктивным долголетием.

*Ключевые слова:* генетическое разнообразие, крупный рогатый скот, аборигенный скот, однонуклеотидный полиморфизм, ПЦР.

DOI: 10.31857/S0016675824060056 EDN: BXVTWP

Проблема генетического разнообразия отечественного генофонда популяций молочного крупного рогатого скота в условиях активного замещения животными голштинской породы стоит особенно остро [1]. Несмотря на высокие показатели продуктивности, голштинская порода является менее адаптированной к неблагоприятным условиям содержания и кормления, что приводит к значительному сокращению сроков хозяйственного использования коров. В связи с этим представляется актуальным поиск генетических ресурсов среди животных других пород, устойчивых к заболеваниям и неприхотливых к условиям содержания.

В настоящей работе были исследованы аборигенные породы, разводимые на западе, северо-востоке и востоке европейской части России, – истобенская, сычевская, суксунская и тагильская.

Истобенскую породу вывели в конце XIX в. в Кировской области в селе Истобенск при скрещивании местного скота с холмогорской, швицкой и

ярославской породами, при этом частично применяли прилитие крови остфризского и голштинского скота. В племенную книгу она была занесена в 1943 г. [2, 3].

С 1920-х гг. шла работа по усовершенствованию животных, направленная в первую очередь на увеличение у коров молочной продуктивности. В результате селекционной работы в конце XIX века в Сычевском районе Смоленской области получена сычевская порода скрещиванием аборигенных пород с высококровными помесью симментальского скота. Порода утвердили в 1950 г. [4].

Суксунская порода сформирована на основе аборигенного скота с использованием быков красной датской, бурой латвийской, красной степной и красной эстонской пород [5].

Некоторые аборигенные породы крупного рогатого скота уже исчезли, а многие из оставшихся находятся под угрозой исчезновения. Например,

численность тагильской породы на 2022-й г. составляла всего лишь 100 голов [6]. Вероятно, в последние десятилетия голштинская порода использовалась в качестве улучшающей для тагильского крупного рогатого скота, а при формировании породы проводили скрещивание аборигенного скота с ярославской, холмогорской, голландской породами [7].

Оценка и мониторинг генетических вариаций между популяциями и внутри них могут способствовать разработке рациональных и устойчивых программ разведения и сохранения аборигенных пород. Одно из направлений поиска ценных генетических ресурсов – ассоциативные тесты для обнаружения маркеров устойчивости к заболеваниям. Для поиска генетических маркеров, ассоциированных с состоянием здоровья, были отобраны три SNP: rs137396952, rs109452259, rs134055603. Ранее в GWAS-исследованиях данные полиморфизмы показали высокую степень ассоциации с уровнями бета-гидроксимасляной кислоты и развитием субклинического кетоза у крупного рогатого скота молочного направления продуктивности [8], клиническим маститом [9] и продуктивным долголетием [10]. Нами исследовано генетическое разнообразие нескольких пород крупного рогатого скота по данным полиморфизмам.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Оборудование и методы для генотипирования особей крупного рогатого скота с помощью TaqMan ПЦР методики для SNP подробно описаны нами ранее [11]. Дизайн олигонуклеотидов для новой ПЦР тест-системы для генотипирования полиморфизма rs109452259 был выполнен аналогичным образом [11], последовательность олигонуклеотидов (производство ООО «ДНК-Синт») представлена в табл. 1. Проверка специфичности ПЦР с системой генотипирования TaqMan выполнена с помощью капиллярного электрофореза Qsep100 на картриджах S1 с наибольшей разрешающей способностью.

При анализе генетических данных для трех SNP рассчитывались абсолютные и относительные (в %) частоты встречаемости аллелей и генотипов в каждой из пяти выборок коров пород: голштинская ( $n = 70$ ), истобенская ( $n = 81$ ), суксунская ( $n = 81$ ),

сычевская ( $n = 100$ ) и тагильская ( $n = 86$ ). Сравнение пород по соотношению аллелей и генотипов проводили в ходе анализа таблиц сопряженности критерием хи-квадрат Пирсона, а для выявления ячеек таблицы, давших неслучайный вклад в статистику критерия, рассчитывали согласованные остатки Хабермана [12] с оценкой их статистической значимости с поправкой Бонферрони на множественность сравнений. Расчеты выполнены в пакете PAST (v 4.13 [13]). Распределения генотипов были проверены на соответствие распределению Харди–Вайнберга с использованием точного критерия Холдейна (Haldane's exact test) в пакете HW\_TEST (v 1.1) [14], а для визуализации соотношения генотипов в пяти популяциях были построены диаграммы де Финетти в пакете finetti (version 3.0.5) [15]. Метод главных координат для анализа генетического расщепления пород крупного рогатого скота по всем трем полиморфизмам, а также вычисления степени неравновесного сцепления выполнены с помощью пакета GenAlEx (версия 6.5) для Microsoft Excel [16]. В качестве расстояния на схеме генетического расщепления популяций использовано генетическое расстояние Нэя. Графики для отражения степени неравновесного сцепления построены с помощью веб-инструмента SRplot [17].

## РЕЗУЛЬТАТЫ

### *Проверка соответствия распределения генотипов распределению Харди–Вайнберга*

Результаты проверки соотношения генотипов распределению Харди–Вайнберга представлены в табл. 2.

Из представленных данных видно, что в двух случаях по полиморфизму rs109452259 были выявлены статистически значимые отклонения распределения аллелей от равновесных по Харди–Вайнбергу. Такие отклонения могли возникнуть вследствие множества причин: действия отбора, изменчивости числа копий гена, инбридинга и субструктурирования популяции [18, 19]. Наиболее вероятной интерпретацией отклонения от равновесия Харди–Вайнберга является именно действие отбора, который, как видно из сравнения

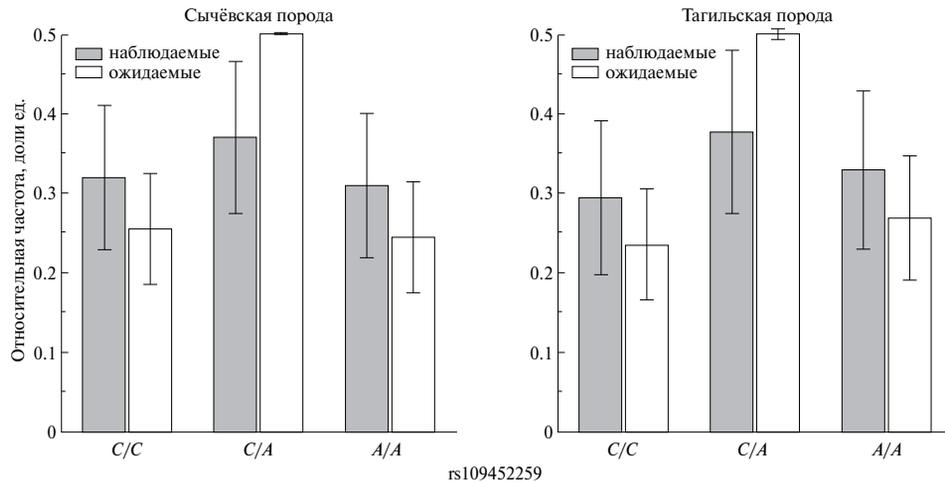
**Таблица 1.** Использованные олигонуклеотиды для генотипирования крупного рогатого скота по rs109452259

	Последовательность	Длина ампликона, пн
rs109452259_F	GCAAAAACACAATATGCTGGAT	415
rs109452259_R	AGGTCAAACAATAACAGTGG	
rs109452259_pA	[ROX]-CTT GTC +A+A+C TT+C +CA-[BHQ2]	
rs109452259_pC	[FAM]-CTTGTC+A+C+CTTCCA-[BHQ1]	

**Таблица 2.** Соответствие распределения генотипов закону Харди–Вайнберга: *p*-значения точного критерия Холдейна

SNP	Голштинская	Истобенская	Суксунская	Сычевская	Тагильская
rs137396952	0.30	0.55	0.82	0.55	0.55
rs109452259	0.44	0.32	0.51	0.0096**	0.0291*
rs134055603	0.44	0.20	0.82	0.43	0.51

Примечание. \*\* –  $p < 0.010$ ; \* –  $p < 0.05$ ; ? – 0.05.



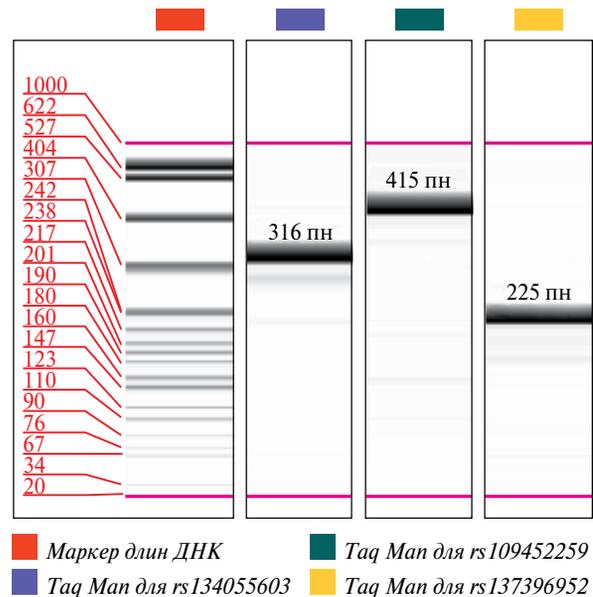
**Рис. 1.** Отклонения наблюдаемых частот генотипов от ожидаемых по Харди–Вайнбергу для двух исследованных пород молочного скота по rs109452259. Разбросом на гистограмме указан 95% ДИ по результатам моделирования Монте-Карло в пакете HW\_TEST.

наблюдаемых и ожидаемых частот, у обеих пород происходит против гетерозигот по rs109452259 (рис. 1).

В качестве проверки возможных ошибок в работе TaqMan системы ПЦР проведен капиллярный электрофорез ампликонов, полученных в результате генотипирования (рис. 2). Ранее описанные нами TaqMan системы [11] по результатам капиллярного электрофореза показали высокую специфичность в отношении соответствия длины нарабатываемого ампликона, результатам анализа по primerBLAST [20], а также отсутствие значимых димеров олигонуклеотидов.

*Сравнение популяций по соотношению аллелей и генотипов*

Результаты сравнения популяций по соотношению генотипов представлены в табл. 3. Из нее видно, что и по соотношению аллелей, и по соотношению генотипов между популяциями изученных пород наблюдались высоко статистически значимые различия по всем трем полиморфизмам. Анализ стандартизованных остатков показал, что эти различия были обусловлены преимущественно

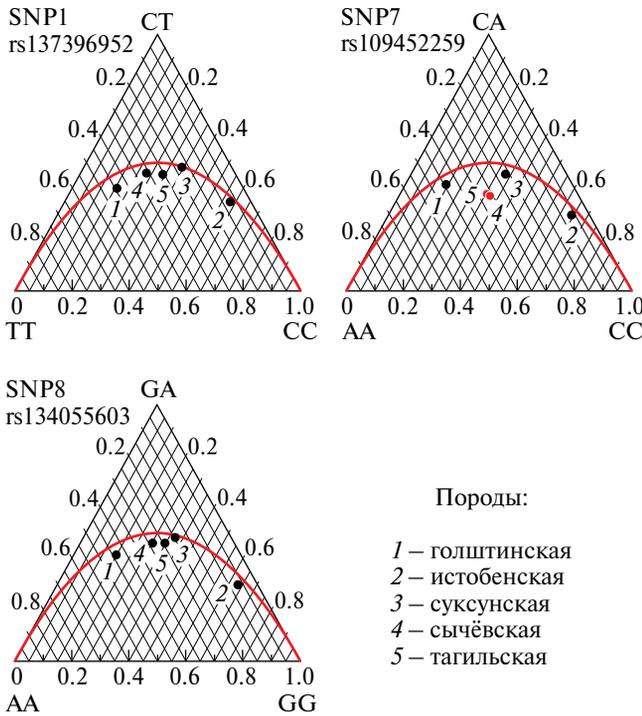


**Рис. 2.** Результаты капиллярного электрофореза продуктов ампликации, получаемых при использовании разработанных TaqMan-систем генотипирования.

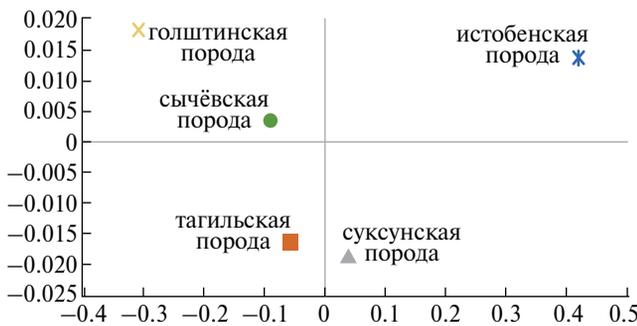
Таблица 3. Сравнения популяций по соотношению аллелей и генотипов трех однонуклеотидных полиморфизмов

rsID / полиморфизм	Аллели		Генотипы				
	rs137396952 / AC_000163.1:g.88817457C>T						
Порода	C	T	Всего	C/C	C/T	T/T	Всего
Голштинская	50 (35,7) AR = -4.52 $p < 0.001$	90 (64,3) AR = 4.52 $p < 0.001$	140 (100)	11 (15,7) AR = -3.13 $p < 0.001$	28 (40,0)	31 (44,3) AR = 3.990 $p = 0.001$	70 (100)
Истобенская	122 (75,3) AR = 6.31 $p < 0.001$	40 (24,7) AR = -6.31 $p < 0.001$	162 (100)	47 (58,0) AR = 5.70 $p < 0.001$	28 (34,6)	6 (7,4) AR = -4,14 $p = 0.001$	81 (100)
Суксунская	91 (56,2)	71 (43,8)	162 (100)	26 (32,1)	39 (48,1)	16 (19,8)	81 (100)
Сычевская	92 (46,0)	108 (54,0)	200 (100)	23 (23,0)	46 (46,0)	31 (31,0)	100 (100)
Тагильская	89 (51,7)	83 (48,3)	172 (100)	25 (29,1)	39 (45,3)	22 (25,6)	86 (100)
Различия	$\chi^2_{(4)} = 53.87, p < 0.001$			$\chi^2_{(8)} = 50.77, p < 0.001$			
	rs109452259 / AC_000163.1:g.88800322C>A						
Порода	C	A	Всего	C/C	C/A	A/A	Всего
Голштинская	49 (35,0) AR = -4.97 $p < 0.001$	91 (65,0) AR = 4.97 $p < 0.001$	140 (100)	10 (14,3) AR = -3.99 $p = 0.001$	29 (41,4)	31 (44,3) AR = 3,61 $p = 0.005$	70 (100)
Истобенская	128 (79,0) AR = 7.10 $p < 0.001$	34 (21,0) AR = -7,10 $p < 0.001$	162 (100)	52 (64,2) AR = 6.13 $p < 0.001$	24 (29,6)	5 (6,2) AR = -4,68 $p < 0.001$	81 (100)
Суксунская	91 (56,2)	71 (43,8)	162 (100)	27 (33,3)	37 (45,7)	17 (21,0)	81 (100)
Сычевская	101 (50,5)	99 (49,5)	200 (100)	32 (32,0)	37 (37,0)	31 (31,0)	100 (100)
Тагильская	82 (48,2)	88 (51,8%)	170 (100)	25 (29,4)	32 (37,6%)	28 (32,9)	85 (100)
Различия	$\chi^2_{(4)} = 64.73, p < 0.001$			$\chi^2_{(8)} = 56.03, p < 0.001$			
	rs134055603 / AC_000163.1:g.88832335G>A						
Порода	G	A	Всего	G/G	G/A	A/A	Всего
Голштинская	49 (35,0) AR = -4.97 $p < 0.001$	91 (65,0) AR = 4.97 $p < 0.001$	140 (100)	10 (14,3) AR = -3.63 $p = 0.004$	29 (41,4)	31 (44,3) AR = 4,17 $p < 0.001$	70 (100)
Истобенская	126 (77,8) AR = 6.74 $p < 0.001$	36 (22,2) AR = -6,74 $p < 0.001$	162 (100)	51 (63,0) AR = 6.43 $p < 0.001$	24 (29,6)	6 (7,4) AR = -4,102 $p = 0.001$	81 (100)
Суксунская	91 (56,2)	71 (43,8)	162 (100)	26 (32,1)	39 (48,1)	16 (19,8)	81 (100)
Сычевская	96 (48,0)	104 (52,0)	200 (100)	25 (25,0)	46 (46,0)	29 (29,0)	100 (100)
Тагильская	89 (52,4)	81 (47,6)	170 (100)	25 (29,4)	39 (45,9)	21 (24,7)	85 (100)
Различия	$\chi^2_{(4)} = 60.62, p < 0.001$			$\chi^2_{(8)} = 58.43, p < 0.001$			

Примечание. AR – остаток Хабермана; значения согласованных остатков AR и соответствующие  $p$ -значения приведены только для ячеек с неслучайным вкладом, в скобках указаны %.



**Рис. 3.** Соотношение частот генотипов трёх полиморфизмов в уральских популяциях молочного скота на диаграммах де Финетти. Красная парабола – равновесное соотношение по Харди-Вайнбергу, красные метки – популяции с отклонением от равновесия.



**Рис. 4.** Схема модели генетического расщепления пяти исследованных пород крупного рогатого скота по принципу главных координат.

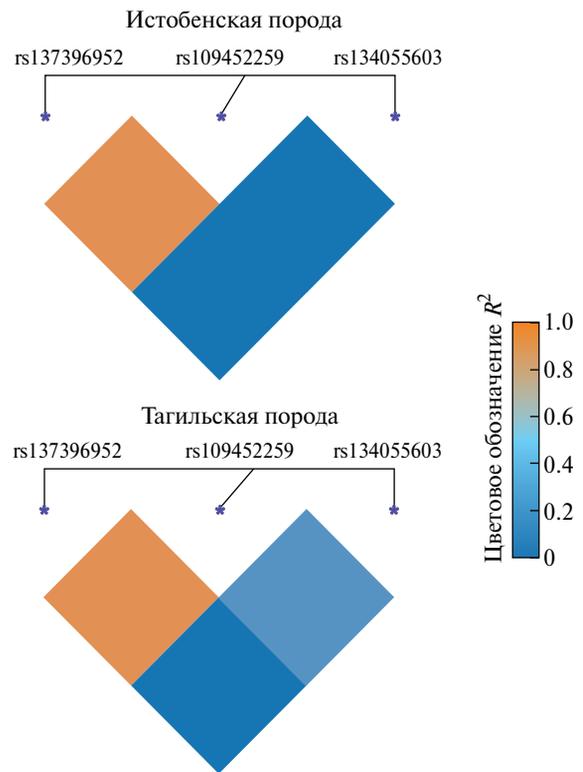
различиями между голштинской и истобенской породами, тогда как остальные три породы были более сходны. Эта же закономерность хорошо видна из диаграмм де Финетти (рис. 3), где голштинская порода (1 на графике) и истобенская (2) занимают крайние положения.

Поскольку для всех трех SNP известны предковые аллели, рис. 3 позволяет также оценить степень насыщения генотипов пяти популяций мутантными вариантами. Гомозигота по предковому аллелю находится в нижнем правом углу

диаграммы де Финетти, а гомозигота по мутантному – в левом. Видно, что для всех трех SNP максимально близкой к предковому генотипу является истобенская порода, а наиболее отдалённой от него – голштинская. В популяционной генетике мутантный аллель часто называют “редки ввиду его меньшей распространенности в популяции. Однако в данном случае мутантные варианты нельзя назвать редкими: в суксунской, сычёвской и тагильской популяциях предковых и мутантных аллелей было примерно поровну (см. табл. 3), а у голштинского скота мутантные варианты встречались примерно в 2 раза чаще предковых.

При distance-based генетическом анализе пяти молочных пород крупного рогатого скота по трем полиморфизмам использован метод главных координат пакета GenAlEx (рис. 4). По упрощенной модели генетического расщепления видно, что наиболее генетически удаленная друг от друга пара пород – голштинская и истобенская, что подтверждает результаты по каждому из SNP исходя из диаграмм Де Финетти.

При анализе неравновесного сцепления (linkage disequilibrium) выявлено, что для истобенской и тагильской пород наблюдаются неравновесные сцепления для пар SNP rs137396952–rs134055603, rs109452259–rs134055603 (рис. 5). Значения



**Рис. 5.** Результаты оценки неравновесного сцепления исследованных полиморфизмов для истобенской и тагильской пород крупного рогатого скота.

коэффициента  $R^2$  для истобенской породы в первой паре SNP равно 0.16, а во второй – 0.13. Для тагильской породы в первой паре SNP коэффициент имеет значение 0.29, во второй – 0.38 соответственно.

Проблема генетического разнообразия отечественного генофонда популяций молочного крупного рогатого скота в настоящее время весьма актуальна [1, 21, 22]. Несмотря на высокие показатели продуктивности голштинской породы, животные других пород, обладающие высоким адаптационным потенциалом и устойчивостью к заболеваниям, могут стать незаменимым источником генетической изменчивости.

Полученные данные позволили обнаружить особенности генетической изменчивости среди исследованных пород. Для сычевской и тагильской пород обнаружено несоответствие равновесию Харди–Вайнберга по однонуклеотидному полиморфизму rs109452259. С учетом специфичности работы ПЦР для генотипирования особей крупного рогатого скота, а также изолированности данных популяций можно сделать предположение о том, что данный SNP находится под воздействием искусственного отбора. Поэтому наши дальнейшие исследования будут направлены на оценку разнообразия полиморфизмов, расположенных в ближайших геномных участках, а именно внутри генов *GC* и *NPFFR2*, а также межгенных регионов.

Несмотря на историю формирования истобенского скота с использованием голштинской породы, полученные нами результаты могут указывать либо о низком вкладе голштинской породы в формирование истобенской породы, либо о достаточной степени изоляции популяции истобенского скота для формирования отдельной генетической группы по данным полиморфизмам. Стоит отметить, что генотипирование по большему количеству полиморфизмов может внести значительные изменения в результаты анализа генетического расщепления.

Работа выполнена в рамках проекта РНФ № 22-16-00021 “Изучение ассоциаций молекулярно-генетических маркеров с ценными физиологическими признаками сельскохозяйственных животных с целью направленной селекции для повышения адаптационного потенциала и долголетия”.

Исследование одобрено Этическим комитетом ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН (Протокол № 6 от 09.11.2023).

Все применимые международные, национальные и/или конституциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Модоров М.В., Ткаченко И.В., Грин А.А. и др. Генетическая структура популяции голштинизированного черно-пестрого скота на территории Урала // Генетика. 2021. Т. 57. № 4. С. 437–444. <https://doi.org/10.31857/S001667582104010X>.
2. Юдин Н.С., Ларкин Д.М. Происхождение, селекция и адаптация российских пород крупного рогатого скота по данным полногеномных исследований // Вавиловский журн. генетики и селекции. 2019. Т. 23. № 5. С. 559–568. <https://doi.org/10.18699/VJ19.525>
3. Породы крупного рогатого скота: справочник / Сост. Иванова Н.В., Максимов А.Г. Перси-ановский: Донской ГАУ, 2019. 143 с. URL: <https://e.lanbook.com/book/148559>
4. Фетисова Л.В. Создание и совершенствование сычевской породы крупного рогатого скота. Смоленск: Смоленское кн. изд-во, 1959. 163 с.
5. The State of the World’s Animal Genetic Resources for Food and Agriculture / Eds Rischkowsky B., Pilling D. FAO, 2007. 524 с.
6. Информационная система по разнообразию домашних животных (ИС-РДЖ). [Электронный ресурс] // URL: <https://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/ru/> (дата обращения: 10.11.2023).
7. Столповский Ю.А., Бекетов С.В., Солоднева Е.В. и др. Генетическая структура аборигенного тагильского скота по STR- и SNP-маркерам // С.-х. биология. 2021. Т. 56. № 6. С. 1111–1122. <https://doi.org/10.15389/agrobiology.2021.6.1123rus>.
8. Nayeri S., Schenkel F., Fleming A. et al. Genome-wide association analysis for  $\beta$ -hydroxybutyrate concentration in Milk in Holstein dairy cattle // BMC Genetics. 2019. V. 20. № 58. P. 1–17. <https://doi.org/10.1186/s12863-019-0761-9>.
9. Horst R.L., Goff J.P., Reinhardt T.A. Calcium and vitamin D metabolism during lactation // J. Mammary Gland Biol. Neoplasia. 1997. V. 2. P. 253–263. <https://doi.org/10.1023/A:1026384421273>.
10. Nayeri S., Sargolzaei M., Abo-Ismael M.K. et al. Genome-wide association study for lactation persistency, female fertility, longevity, and lifetime profit index traits in Holstein dairy cattle // J. Dairy Science. 2017. V. 100. № 2. P. 1246–1258. <https://doi.org/10.3168/jds.2016-11770>
11. Бытов М.В., Соколова О.В., Безбородова Н.А. и др. Методы генотипирования крупного рогатого скота для post-GWAS аннотирования SNPs // Аграрный вестник Урала. 2023. № 06 (235). С. 67–75. <https://doi.org/10.32417/1997-4868-2023-235-06-67-75>
12. Haberman S.J. The analysis of residuals in cross-classified tables // Biometrics. 1973. V. 29. № 1. P. 205–220. <https://doi.org/10.2307/2529686>
13. Hammer Ø., Harper D.A.T., Ryan P.D. PAST: Paleontological Statistics software package for education

- and data analysis // *Palaeontologia Electronica*. 2001. V. 4. № 1. P. 1–9.
14. Santos F.A.B., Lemes R.B., Otto P.A. HW\_TEST, a program for comprehensive Hardy–Weinberg equilibrium testing // *Genet. Mol. Biol.* 2020. V. 43. № 2. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2019-0380>
  15. Henschke H. De Finetti diagram. [Электронный ресурс] // URL: [https://web.archive.org/web/20110719103301/https://finetti.meb.unibonn.de/downloads/finetti\\_3.0.5\\_windows.zip](https://web.archive.org/web/20110719103301/https://finetti.meb.unibonn.de/downloads/finetti_3.0.5_windows.zip) (дата обращения: 1.11.2023).
  16. Peakall R., Smouse P.E. Genalex 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research // *Mol. Ecol. Notes*. 2006. V. 6. № 1. P. 288–295. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x>
  17. Tang D., Chen M., Huang X. et al. SRplot: A free online platform for data visualization and graphing // *PLoS One*. 2023. V. 18. № 11. P. 1–8. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0294236>
  18. Chen B., Cole J.W., Grond-Ginsbach C. Departure from Hardy–Weinberg equilibrium and genotyping error // *Front. Genet.* 2017. V. 8. № 167. P. 1–6. <https://doi.org/10.3389/fgene.2017.00167>
  19. Abramovs N., Brass A., Tassabehji M. Hardy–Weinberg equilibrium in the large scale genomic sequencing era // *Front. Genet.* 2020. V. 11. № 210. P. 1–11. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00210>
  20. Ye J., Coulouris G., Zaretskaya I. et al. Primer-BLAST: A tool to design target-specific primers for polymerase chain reaction // *BMC Bioinformatics*. 2012. V. 13. № 134. P. 1–11. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-13-134>
  21. Швелёва О.М., Бахарев А.А., Терещенко И.Я. Экстерьерные особенности крупного рогатого скота мясных пород в условиях Северного Зауралья // *Животноводство и кормопроизводство*. 2023. Т. 106. № 3. С. 35–45.
  22. Зиновьева Н.А., Доцев А.В., Сермягин А.А. и др. Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород крупного рогатого скота с использованием полногеномного анализа SNP // *С.-х. биология*. 2016. Т. 51. № 6. С. 788–800. <https://doi.org/10.15389/agrobiol.2016.6.788rus>

## Assessing the Genetic Diversity of Five Cattle Breeds Using SNP Markers Associated with Health

M. V. Bytov<sup>1</sup>, V. D. Zubareva<sup>1</sup>, S. V. Volskaya<sup>1</sup>, A. G. Isaeva<sup>1</sup>,  
D. Yu. Nokhrin<sup>1</sup>, Yu. A. Osipova<sup>1</sup>, O. V. Sokolova<sup>1</sup>. \*

<sup>1</sup>Ural Federal Agrarian Scientific Research Centre,  
Ural Branch of Russian Academy of Sciences, Ekaterinburg, 620142, Russia

\*e-mail: nauka\_sokolova@mail.ru

Currently genetic evaluation of animals is an important part of the development of the agricultural complex. The improvement of molecular technologies every year makes it possible to carry out genetic research aimed at finding the most valuable animals in a cheaper and faster way. Indigenous breeds of cattle are an attractive object for such research because they have greater adaptive potential and resistance to diseases. However, modern comparative data on the genetic diversity of most local breeds based on SNP markers associated with health are lacking. Genetic association tests using these genetic markers for the Tagil, Sychevskaya, Suksun and Istobenskaya breeds are still to be carried out. The purpose of this work was to compare the genetic diversity of five cattle breeds using SNP markers associated with the development of ketosis, mastitis and productive longevity.

**Keywords:** genetic diversity, cattle, indigenous cattle breeds, single nucleotide polymorphism, PCR.