

Петухова, Л.Д. Халенева // Справочник по контролю кормления и содержания животных - Москва «Колос», 1982.- С.141-199.

2. Афанасьев Ю.И. Популяционные- клеточные аспекты механизма действия витамина А. //Успехи современной биологии – 1983- т.95, вып.3.- С.358-373.

3. Дмитриевский А.А. Пути превращения бета- каротина в витамин А в организме и его регуляция.// Доклады ВАСХНИЛ – 1987-№9.- С.22-26.

4. Душкин В.В.Содержание каротина с учетом его фракционного состава в кормах в зависимости от почвенно – климатических зон их выращивания в Ульяновской области //Ж-л Главный зоотехник- 2008, №4.- С.21-23.

5. Калашников А.П. Состав и питательность кормов // А.П. Калашников, Н.И. Клейменов, В.Н. Баканов // Нормы и рационы кормления сельскохозяйственных животных/ Москва-1985.- С.329-330.

6. Серебряков И.В. Создание бобово- злаковых травостоев укосного использования в условиях европейского севера России // И.В. Серебряков, В.В. Вахрушева, Л.И. Кременская // Интенсификация сельскохозяйственного производства: сб. науч. ст./ Северо – Западный НИИ молочного и лугопастбищного хозяйства - Вологда, 2004.- С.76-79.

УДК 636.127.1:575

ОСОБЕННОСТИ МЕЖПОРОДНОЙ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ЛОШАДЕЙ ПО МИКРОСАТЕЛЛИТАМ ДНК THE GENETIC DIVERSITY BETWEEN BREEDS OF HORSES BY MICROSATELLITE DNA LOCI

Зайцева М.А.
ZAITSEVA M.A.

ВСЕРОССИЙСКИЙ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ ИНСТИТУТ КОНЕВОДСТВА
THE ALL-RUSSIAN RESEARCH INSTITUTE OF HORSE BREEDING

Genetic diversity in the 15 stud and native breeds of horses was evaluated using 17 microsatellite DNA loci. A high level of genetic variability within all native breeds was observed. Our study demonstrated the close genetic relationships between native breeds of horses. Some unique alleles of microsatellite DNA were found in nearly all breeds of the horses.

Использование молекулярно-генетических маркеров для изучения генофондов популяций и пород открывает новые возможности для решения многих теоретических и практических вопросов эволюции видов, процесса породообразования и оценки генетического сходства животных на индивидуальном и популяционном уровнях. Исследования, проводимые с середины 90-х годов XX века, показали, что микросателлитные маркеры с успехом используют для маркирования генотипов и контроля происхождения (1- 2). Благодаря своей высокой вариабельности, кодоминантному наследованию и известной локализации в геноме микросателлиты ДНК идеально подходят для изучения генетических особенностей и происхождения пород (3- 6).

Изучение и рациональное использование генофонда отечественных заводских и местных пород имеет огромное значение в связи с их хорошей приспособленностью к местным природно-климатическим условиям, устойчивостью к заболеваниям и, как правило, уникальным генофондом, что подтвердило изучение генетической структуры пород лошадей по полиморфным системам крови (7,8). В условиях сокращения численности и критического статуса ряда отечественных пород лошадей использование генетических методов их изучения и сохранения становится все более актуальным (9).

В исследование вошли результаты типирования 1169 лошадей 15 заводских и местных пород, в том числе: арабской (319), чистокровный верховой (443), ахалтекинской (109), тракененской (27), орловской (99), русской (14), стандартбредной (50) и французской рысистой (13). Группа местных пород включала алтайскую (29), бурятскую (11), вятскую (10), забайкальскую (11), мезенскую (12), тувинскую (11) и хакаскую (11) лошадь. Обследованное поголовье лошадей было протестировано по 17 локусам микросателлитов ДНК.

ДНК из проб крови и волосяных луковок выделяли с использованием наборов «Diatom™ DNA Prep 200» и «ExtraGene™ DNA Prep 200» производства ООО «Лаборатория Изоген», Россия, амплифицировали с использованием набора праймеров StockMarks®. Электрофорез продуктов амплификации осуществляли на автоматическом 4-х капиллярном генетическом анализаторе ABI 3130. Интерпретацию графических профилей результатов генотипирования проб и определение генотипов лошадей проводили с учетом контрольной пробы набора праймеров StockMarks и результатов участия в Международных сравнительных испытаниях Horse Comparison Test.

При тестировании обследованного поголовья лошадей в каждом из 17 изученных микросателлитных локусов было идентифицировано от 6 до 15 аллелей. При этом в 3-х локусах были обнаружены ранее не описанные аллели: АНТ4 F - исключительно у ахалтекинских, ASB17 W – алтайских, ASB23 G и ASB23 H – тувинских лошадей. Было установлено, что лошади разных пород заметно различаются по наличию и частоте встречаемости аллелей ряда микросателлитных локусов. Самый широкий спектр аллелей микросателлитных локусов (140 аллелей по 17 локусам), а также максимальное число частных аллелей (15) был выявлен у лошадей ахалтекинской породы, которая является одной из древнейших культурных конских пород мира.

Проведенный генетико-популяционный анализ показал, что средний уровень полиморфности обследованных пород варьирует в интервале 3,2 – 4,5, при этом культурные породы, по сравнению с местными лошадьми, имеют более низкий уровень генетической изменчивости вследствие влияния искусственного отбора (Табл. 3). Самый низкий уровень полиморфности микросателлитных локусов, как ранее структурных генов, был отмечен у лошадей чистокровной арабской породы.

Степень гетерозиготности обследованных популяций (He) в среднем по локусам варьировала в интервале от 0,656 (арабская порода) до 0,748 (тувинская порода). В целом у лошадей заводских и местных пород определена достаточно высокая степень гетерозиготности практически всех изучаемых микросателлитных локусов, что позволяет использовать полиморфизм сателлитной ДНК для оценки гетерозиготности как отдельных животных, так и популяций.

Сравнительно высокие показатели среднего числа аллелей, приходящих-

ся на один локус (NV) были зарегистрированы у лошадей ахалтекинской (8,2) и алтайской (7,5) пород. В семи популяциях из 15 имел место недостаток гетерозиготных генотипов, о чем свидетельствует положительное значение коэффициента инбридинга Fis. Избыток гетерозиготных генотипов наблюдался у орловских, русских и французских рысаков, тракненских и чистокровных верховых лошадей, а также у 3 местных пород, включая алтайскую, мезенскую и хакасскую лошадь.

Результаты проведенного кластерного анализа генетического сходства изученных пород лошадей наглядно демонстрирует дендрограмма (рис.2), подтверждающая выраженную генетическую дивергенцию двух эволюционных ветвей, образованных заводскими и местными породами лошадей. Некоторым исключением из общей картины является «присутствие» орловского рысака в группе местных пород, что объясняется не столько общим происхождением, сколько его систематическим использованием в качестве основного улучшателя местных лошадей в большинстве регионов страны.

Таблица 1 - Генетико-популяционные характеристики лошадей разных пород по 17 локусам микросателлитов ДНК

Порода лошадей	n	Ae	He	Ho	Fis	NV
Алтайская	29	4,466	0,744	0,723	-0,070	7,471
Арабская	319	3,213	0,656	0,610	0,061	6,824
Ахалтекинская	109	3,897	0,731	0,696	0,048	8,235
Бурятская	11	3,609	0,701	0,748	0,052	5,294
Вятская	10	3,721	0,691	0,680	0,018	5,294
Забайкальская	11	4,013	0,729	0,765	0,019	5,820
Мезенская	12	3,808	0,693	0,605	-0,110	5,529
Орловская рысистая	99	3,501	0,685	0,710	-0,035	6,402
Русская рысистая	14	3,450	0,669	0,716	-0,070	5,412
Стандартбредная	50	3,433	0,659	0,652	0,011	5,706
Тракненская	27	3,861	0,706	0,670	-0,120	5,353
Тувинская	11	4,204	0,748	0,776	0,013	5,882
Французская рысистая	13	3,379	0,686	0,723	-0,054	5,235
Хакасская	11	4,045	0,726	0,723	-0,020	5,647
Чистокровная верховая	443	3,519	0,689	0,697	-0,010	6,875

Таким образом, сравнительная оценка полиморфизма 17 микросателлитных локусов ДНК у лошадей 15 изученных заводских и местных пород показала, что каждая порода имеет свою характерную генетическую структуру при наличии нескольких приватных аллелей. Самый высокий уровень генетического разнообразия отмечен у лошадей древнейшей культурной породы – ахалтекинской, самый низкий – в арабской породе.

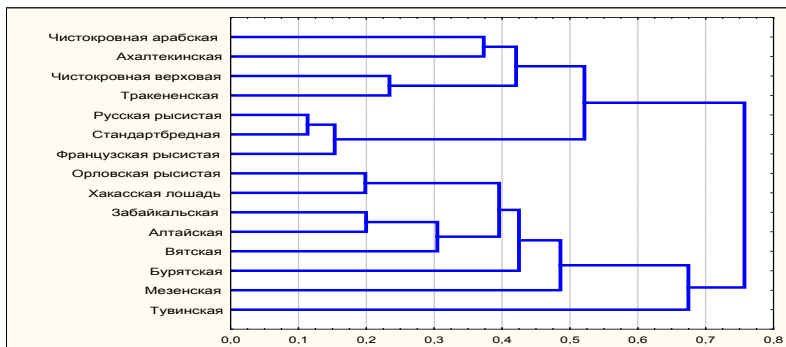


Рис. 2. Дендрограмма генетических расстояний между 15 породами лошадей по 17-ти локусам микросателлитов ДНК.

Установлен высокий уровень генетического сходства отечественных местных пород лошадей, которые имеют широкий спектр аллелей и образуют единый кластер, что свидетельствует об общности их происхождения. Выявленные генетические особенности лошадей разных пород дают дополнительную информацию для изучения их происхождения и могут быть использованы в программах по сохранению генофондов малочисленных популяций.

Литература:

1. Marklund S, Ellegren H., Eriksson S. e.a. Parentage testing and linkage analysis in the horse using a set of highly polymorphic microsatellites. *Animal Genetics*, 1994, 25: 19-23.
2. Binns M.M., Holmes N.G., Holiman A. e.a. The identification of polymorphic microsatellite loci in the horse and their use in thoroughbred parentage testing. *British Vet. J.*, 1995, 151: 9-16.
3. Bowling A.T., Ruyinsky A. *The genetics of the horse*. CABI Publishing, Wallington, UK. 2000.
4. Bjornstad G., Roed K.H. Breed demarcation and potential for breed allocation of horses assessed by microsatellites marker. *Animal Genetics*, 2001, 32: 59-65.
5. Aberle K.S., Hamann H., Drogemuller C. e.a. Genetic diversity in German draught horse breed compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of microsatellite DNA markers. *Animal Genetics*, 2004, 35: 270-277.
6. Luis C., Juras R., Oom M.M. e.a. Genetic diversity and relationships of Portuguese and other horse breeds based on protein and microsatellite loci variation. *Animal Genetics*, 2007, 38: 20-27.
7. Дубровская Р.М., Стародумов И.М. Аллелофонд локусов трансферрина, альбумина, эстеразы и групп крови лошадей 10 пород, разводимых в СССР. Резервы повышения эффективности коневодства и коннозаводства: сб. науч. тр./ВНИИ коневодства. – ВНИИК, 1987. - С.55-69.
8. Храброва Л.А. Влияние селекции на генетическую структуру пород лошадей. Сб. науч. тр. ВНИИК, 2007, Ч. 2:7-12.
9. Храброва Л.А. Зайцев А.М. Методические рекомендации по ведению