

ЛИТЕРАТУРА

1. Lucy, M. Functional differences in the growth hormone and insulin like growth factor axis in cattle and pigs: implications for post-partum nutrition and reproduction / M. Lucy // Reprod. Domest. Anim. – 2008. – 43. – P. 31-39.
2. Structure and function of a human insulinlike growth factor I gene promoter / S. Kim [et al.] // Mol. Endocrinol. – 1991. – Vol. 5. – P. 64.
3. Белая, Е. В. Оценка индивидуального фенотипического эффекта полиморфных вариантов генов гипофизарного фактора роста-1 (bPIT-1) и инсулиноподобного фактора роста-1 (bIGF-1) на признаки молочной продуктивности у черно-пестрого голштинизированного крупного рогатого скота / Е. В. Белая, М. Е. Михайлова, Н. В. Батин // Молекулярная и прикладная генетика. Том 13, 2012 – С. 30-35.

УДК 636.13.082.12

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРЫ МАТОЧНЫХ СЕМЕЙСТВ ВЕРХОВЫХ ПОРОД ЛОШАДЕЙ НА ОСНОВЕ STR-МАРКИРОВАНИЯ

Герман А. И., Рудак А. Н.

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук

Беларуси по животноводству»

г. Жодино, Республика Беларусь

Аннотация. Исследования особенностей полиморфизма STR-локусов выдающихся семейств показали генетическую специфику их аллелофонда. Самое многообразное количество редких аллелей идентифицировано в семействе Мангрови. Приватный аллель тракененской породы G в локусе CA425 обнаружен в семействе ³⁴⁷Эмблемы I 78. Элиминация типичных аллелей отмечена в семействах ³¹⁶Хозяйки 35 и Киевитт, а у представительниц семейства Ахтубы обнаружен редкий аллель P в локусе VHL20.

Выявлено, что в наиболее равновесном состоянии находится семейство ³⁴⁷Эмблемы I 78. Об этом свидетельствует индекс Fis равный -0,006, количество идентифицированных аллелей в среднем по 17 локусам – 5,70, показатель числа эффективно действующих аллелей – 3,75 – одни из значимых в группах исследуемых лошадей.

Установлено генетическое сходство между семействами Мангрови и ⁴²²Капители – 0,864, Киевитт и ³⁴⁷Эмблемы I 78 – 0,848. Генетически различными между собой являются семейства ³¹⁶Хозяйки 35 и ⁴²²Капители – 0,719, Мангрови и ³¹⁶Хозяйки 35 – 0,742, что подтверждается соответствующими показателями генетических дистанций между ними.

Полученные данные могут быть использованы для сохранения генетического разнообразия в дальнейшей селекционно-племенной работе.

Summary. Studies of the polymorphism features of STR loci in outstanding families have revealed the genetic specificity of their allele pools. The most diverse number of rare alleles was identified in the Mangrovi family. A private allele G of the Trakehner breed at the CA425 locus was found in the ³⁴⁷Emblem I 78 family. Elimination of typical

alleles was observed in the ³¹⁶Khozyayka 35 and Kiev families, while a rare allele P at the VHL20 locus was detected in representatives of the Akhtuba family.

It was revealed that the ³⁴⁷Emblem I 78 family is in the most equilibrium state. This is evidenced by the Fis index equal to -0,006, the average number of identified alleles across 17 loci – 5,70, and the effective allele count – 3,75 – which are among the significant values in the groups of horses studied.

Genetic similarity was established between the Mangrovi and ⁴²²Kapitel families – 0,864, and between the Kiev and ³⁴⁷Emblem I 78 families – 0,848. The genetically dissimilar pairs are the ³¹⁶Khozyayka 35 and ⁴²²Kapitel families – 0,719, and the Mangrovi and ³¹⁶Khozyayka 35 families – 0,742, which is confirmed by the corresponding genetic distance indices between them.

The data obtained can be used to preserve genetic diversity in further breeding and selection work.

Key words: riding breed mares, family, DNA STR loci, alleles, genetic diversity.

Ключевые слова: кобылы верховых пород, семейство, STR-локусы, ДНК, аллели, генетическое разнообразие.

Прогрессу генофонда и проявлению его ценных свойств способствует целенаправленная племенная работа, одним из эффективных приемов которой можно назвать селекцию по маточным семействам [1].

Для того чтобы оценить своеобразие каждого из семейств на уровне ДНК, а затем эффективно использовать выделенные особенности в селекционной работе для сохранения генетического разнообразия необходимо использовать современные методы, в частности молекулярно-генетический анализ [2].

В связи с этим целью исследований являлось изучить аллелофонд и генетическое разнообразие STR-локусов выдающихся маточных семейств и исследовать филогенетические связи между ними.

ДНК-анализ проводился в лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по животноводству» согласно методике мультиплексного генотипирования образцов ДНК лошадей по 17 микросателлитным локусам, рекомендованным ISAG и включал следующие основные этапы: получение препаратов ДНК из биоматериала, проведение ПЦР, электрофоретическое фракционирование полученных в результате проведения ПЦР амплифицированных фрагментов ДНК, интерпретацию результатов [3].

Особенности полиморфизма выделенных семейств определялись по частоте встречаемости генотипов и аллелей изученных локусов, количеству специфических аллелей («приватных»).

Оценка уровня генетического разнообразия проводилась по следующим показателям: наблюдаемой (Ho) и ожидаемой (He)

гетерозиготности; эффективному числу аллелей (уровню полиморфности, Ae); индексу фиксации F_{is} ; показателям генетического сходства и генетического расстояния между семействами согласно методическим указаниям Л. А. Храбровой [4]. Полученные данные были обработаны на ПК с использованием пакета статистики Microsoft Office Excel по методу Стьюдента [5].

По результатам исследований выявлено, что наибольшее количество продолжательниц представлено в семействах Киевитт-Халерб ($n = 11$), ³⁴⁷Эмблемы I 78 ($n = 14$), ⁴²²Капитель ($n = 10$), ³¹⁶Хозяйки 35 ($n = 11$), Мангрови ($n = 16$) и Ахтубы ($n = 15$).

Анализ данных показал, что семейство ³⁴⁷Эмблемы I 78 отличается наличием редких аллелей в локусах ASB17 H, HMS7 P и HTG7 P (частота встречаемости составила 0,036). В локусе CA425 выявлен приватный аллель тракненской породы G с частотой 0,071. Данная популяция лошадей также характеризовалась отсутствием типичного аллеля H в локусе АНТ4.

У лошадей семейства Мангрови идентифицированы редкие аллели в 7 микросателлитных локусах. Это аллели ASB17 J, HMS2 I, HMS3 K, HMS6 Q, HMS6 N и LEX3 R с частотой встречаемости 0,031. В локусе ASB23 и CA425 отмечено отсутствие типичных аллелей S и O соответственно.

Семейство ³¹⁶Хозяйки 35 выделялось отсутствием аллеля O в локусе ASB17, аллеля I в локусе ASB23, Q – в HMS3, O – в HMS6, Q – в VHL20, P – в LEX3 по сравнению с животными других семейств. Здесь также идентифицирован редкий аллель M в локусе HTG6 с частотой встречаемости 0,046 и аллель S в локусе HMS3 (0,091).

Выявлено, что для семейства ⁴²²Капители характерно отсутствие типичного аллеля N в локусе АНТ5, аллеля J в локусе HMS1 и аллеля R в локусе VHL20. Однако в локусе HTG4 идентифицированы два редких аллеля H и J с частотой встречаемости 0,05.

У представительниц семейства Ахтубы обнаружен редкий аллель P (0,033) в локусе VHL20.

Для семейства Киевитт характерно наличие редких аллелей I в локусе АНТ5, Q в локусе ASB17, аллеля I в локусах HTG4 и HTG7 с частотой 0,046. Выявлено также отсутствие типичного для лошадей верховых пород аллеля U в локусе ASB23.

Оценка уровня генетического разнообразия семейств представлена в таблице 1.

Таблица 1 – Характеристика генетической дифференциации лошадей верховых пород различных семейств по 17 STR-локусам

Семейство	n	Na	Ho	He	Ae	Fis
Киевитт	11	5,00 ± 0,36	0,775 ± 0,04	0,692 ± 0,02	3,54 ± 0,27	-0,117
³⁴⁷ Эмблема I 78	14	5,70 ± 0,35	0,681 ± 0,05	0,676 ± 0,04	3,75 ± 0,39	-0,006
Мангрови	16	5,76 ± 0,34	0,787 ± 0,03	0,686 ± 0,02	3,53 ± 0,30	-0,145
Ахтуба	15	5,59 ± 0,48	0,788 ± 0,03	0,719 ± 0,02	4,04 ± 0,35	-0,103
³¹⁶ Хозяйка 35	11	4,53 ± 0,26	0,645 ± 0,05	0,630 ± 0,03	3,08 ± 0,28	-0,013
⁴²² Капителъ	10	4,88 ± 0,26	0,734 ± 0,05	0,651 ± 0,04	3,26 ± 0,24	-0,123

Данные таблицы 1 свидетельствуют о том, что в наиболее равновесном состоянии находится семейство ³⁴⁷Эмблемы I 78, на что указывает индекс Fis равный -0,006, количество идентифицированных аллелей в среднем по 17 локусам – 5,70, показатель числа эффективно действующих аллелей – 3,75 – одни из самых высоких в группах исследуемых лошадей. Различия между наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготностью составляют 0,5 %.

По количеству идентифицированных аллелей наиболее высокий показатель отмечен в семействе Мангрови – 5,76. Наибольшее количество эффективно действующих аллелей выявлено в семействе Ахтубы – 4,04. Во всех семействах показатель наблюдаемой гетерозиготности превышал ожидаемую от 0,5 до 10,1 %.

Смещение генного равновесия в сторону избытка гетерозигот наблюдается в семействах Киевитт, Мангрови, Ахтубы и ⁴²²Капители.

Генетические дистанции и генетическое сходство выделенных семейств по STR-локусам представлены в таблице 2.

Таблица 2 – Генетические дистанции и генетическое сходство выделенных семейств по STR-локусам

Семейство	Киевитт	³⁴⁷ Эм- блемы I 78	Ман- грови	Ахтубы	³¹⁶ Хо- зяйки 35	⁴²² Капи- тели
Киевитт	-	0,848	0,837	0,827	0,825	0,803
³⁴⁷ Эмблемы I 78	0,072	-	0,835	0,822	0,802	0,831
Мангрови	0,077	0,078	-	0,803	0,742	0,864
Ахтубы	0,082	0,085	0,095	-	0,769	0,820
³¹⁶ Хозяйки 35	0,084	0,096	0,129	0,113	-	0,719
⁴²² Капители	0,095	0,080	0,064	0,086	0,143	-

Анализ данных таблицы 2 показал, что генетическое сходство отмечено между семействами Мангрови и ⁴²²Капители – 0,864, Киевитт и ³⁴⁷Эмблемы I 78 – 0,848. Генетически различными между собой являются семейства ³¹⁶Хозяйки 35 и ⁴²²Капители – 0,719, Мангрови и ³¹⁶Хозяйки 35 – 0,742, что подтверждается соответствующими показателями генетических дистанций между ними.

Генетическая характеристика семейств свидетельствует о том, что наибольшее количество эффективно действующих аллелей выявлено в семействе Ахтубы – 4,04. По количеству идентифицированных аллелей высокий показатель отмечен в семействе Мангрови – 5,76. Смещение генного равновесия в сторону избытка гетерозигот наблюдается в семействах Киевитт, Мангрови, Ахтубы и ⁴²²Капители.

Выявлено, что в равновесном состоянии находится семейство ³⁴⁷Эмблемы I 78. Об этом свидетельствует индекс Fis равный -0,006, количество идентифицированных аллелей в среднем по 17 локусам – 5,70, показатель числа эффективно действующих аллелей – 3,75 – одни из самых высоких в группах исследуемых лошадей.

Определено, что тесное генетическое сходство отмечено между семействами Мангрови и ⁴²²Капители – 0,864, Киевитт и ³⁴⁷Эмблемы I 78 – 0,848. Генетически различными являются между собой семейства ³¹⁶Хозяйки 35 и ⁴²²Капители – 0,719, Мангрови и ³¹⁶Хозяйки 35 – 0,742, что подтверждается соответствующими показателями генетических дистанций между ними.

Полученные данные могут быть использованы для сохранения генетического разнообразия в дальнейшей селекционно-племенной работе с лошадьми верховых пород.

ЛИТЕРАТУРА

1. Гладких, М. Ю. Анализ генетического разнообразия поголовья орловской рысистой породы в современных социально-экономических условиях [Электронный ресурс] / М. Ю. Гладких, М. А. Политова, С. В. Волкогон // Международный научно-исследовательский журнал. – 2025. – №2 (152). – Режим доступа: <https://research-journal.org/archive/2-152-2025february/10.60797/IRJ.2025.152.2>. – Дата доступа: 09.03.2026.
2. Наумова, Е. А. Маточные семейства и их влияние на микроэволюцию тракененской породы лошадей: автореф. дисс...уч. ст. кандидата сельскохозяйственных наук: 06.02.01 / Е. А. Наумова: ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт коневодства», Дивово, 2000. – 23 с.
3. Технология генотипирования лошадей по микросателлитным локусам ДНК / РУП «НПЦ НАН Беларуси по животноводству»; разраб. И. П. Шейко [и др.]. – Жодино, 2016. – 18 с.
4. Методы генетической сертификации лошадей по полиморфным системам крови: мет. указания / ГНУ ВНИИК; сост. Л. А. Храброва [и др.]. – Дивово, 2010. – 70 с.
5. Рокицкий, П. Ф. Биологическая статистика / П. Ф. Рокицкий. – Минск: Выш. шк., 1967. – 328 с.