

обеспечение развития отраслей агропромышленного комплекса» государственной программы Российской Федерации «Научно-технологическое развитие Российской Федерации» по заказу Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (№075-15-2025-185 от 17.04.2025 г).

ЛИТЕРАТУРА

1. Горлов, И. Ф. Полиморфизм генов GH, MC4R и CAPN1 у южных популяций крупного рогатого скота мясных пород и влияние на живую массу / И. Ф. Горлов, М. И. Сложенкина // Животноводство и кормопроизводство. – 2023. – Т. 106(3), С:21-34.
2. Каюмов, Ф. Г. Анализ полиморфизма генов CAPN1, GH и TG5 у помесного молодняка при скрещивании калмыцкого скота и красных ангусов/ Ф. Г. Каюмов, И. М. Дунин, М. И. Селионова // Животноводство и кормопроизводство. – 2018. – Т. 101(4), С: 28-34.
3. Калмыцкая порода скота в племенных хозяйствах России / Ф. Г. Каюмов [и др.] // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2014. – (5 (49)), 116-119.
4. Шевхужев, А. Ф. Полиморфизмы гена GH и LEP, ассоциированные с признаками роста в популяции мясного скота калмыцкой породы / А. Ф. Шевхужев, Л. Н. Скорых, А. В. Суховеева // Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета им. П.А. Костычева. – 2023. – Т. 15, № 3, С:61-68.
5. Шевхужев, А. Ф. Ассоциация однонуклеотидных полиморфизмов в гене гормона роста с живой массой у мясного скота калмыцкой породы / А. Ф. Шевхужев, Л. Н. Скорых // Сельскохозяйственный журнал. – 2023. – № 3(16), С:128-136.
6. Fedotova G.V., Slozhenkina M.I., Tsitsige, Natyrov A.K., Erendzenova M.V. (2020). Comparative analysis of economic and biological features of Kalmyk and Mongolian cattle breeds. IOP Conf. Ser. Earth Environ. Sci.;548(8):082076.
7. Ubushieva, Viktoria, Gorlov, Ivan, Chimidova, Nadezhda, Ubushieva, Altana. (2024). Microsatellite analysis of Kalmyk cattle, RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries, 19:12-18.

УДК 636.4.082.13

ПОЛИМОРФИЗМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ ДНК У СВИНЕЙ БЕЛОРУССКОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ

**Шейко И. П., Приступа Н. В., Янович Е. А., Портная Т. В.,
Аниховская И. В.**

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук
Беларуси по животноводству»

г. Жодино, Республика Беларусь

Аннотация. Проведен анализ популяционно-генетических параметров животных белорусской мясной породы, разводимых в с-х филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Орианский КХП», по 15-ти локусам ДНК-МС. Выявлено 84 аллеля. Среднее число аллелей на локус составило 5,60. Средний показатель уровня полиморфности (A_e) – 3,16. Показатель фактической степени гетерозиготности у свиней породы варьировал от 0,265 ($S0227$) до 0,926 ($S0005$). Величина показателя индекса фиксации по 15-ти локусам МС-ДНК составила -0,004. В изученной популяции все использованные в анализе локусы ДНК-МС находятся в состоянии генотипического равновесия, за исключением локуса SW24. Точность отнесения исследованных животных к «своей» популяции составила 100 %.

Summary. *The population genetic parameters of Belarusian meat breed animals bred in the agricultural branch of the Zadneprovsky SGC of Orsha KHP OJSC were analyzed for 15 DNA-MS loci. A total of 84 alleles were identified. The average number of alleles per locus was 5,60. The average polymorphism level (Ae) was 3,16. The actual heterozygosity index in pigs of this breed varied from 0,265 (S0227) to 0,926 (S0005). The fixation index value for 15 DNA-MS loci was -0,004. In the studied population, all DNA-MS loci used in the analysis are in a state of genotypic equilibrium, with the exception of the SW24 locus. The accuracy of classifying the studied animals as belonging to their own population was 100 %.*

Ключевые слова: свиньи, белорусская мясная, локус, аллель, генетическая изменчивость, ДНК-микросателлиты.

Key words: *pigs, Belarusian meat, locus, allele, genetic variability, DNA microsatellites.*

Изучение генетического полиморфизма различных пород сельскохозяйственных животных – актуальное направление современной популяционной генетики. Микросателлиты являются удобными генетическими маркерами в геноме животных вследствие высокого уровня полиморфизма и стабильного аутосомного кодоминантного наследования [1, 2]. Исследования животных по ДНК-микросателлитам позволяют более точно оценить гетерозиготность популяции, ее генетическое разнообразие. С помощью ДНК-МС можно определить степень инбридинга и тем самым снизить вероятность близкородственного спаривания, а также повысить точность учета результатов по выявлению происхождения животных [3, 4].

Объектом исследования являлись свиньи белорусской мясной породы, разводимые в с-х филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП». У животных были взяты пробы ткани (ушной выщип). В лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «НПЦ НАН Беларуси по животноводству» проведен анализ по ДНК-МС. После получения микросателлитных профилей сформирована матрица генотипов в формате Microsoft Excel. Статистическая обработка данных проведена по стандартным методикам [5] с использованием программного обеспечения GenAEx (версия 6.5).

Изучены популяционно-генетические параметры животных белорусской мясной породы, разводимых в с-х филиале «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП» на основе ДНК-МС. Число аллелей варьировало от 3 до 9 на локус. Наибольшей вариабельностью характеризовались локусы SW857, SW936, SW24 (7 аллелей), S0005 (9 аллелей). По 3 аллеля выявлено в локусах S0227 и SW951. Среднее число аллелей на локус у свиней белорусской мясной породы в СГЦ «Заднепровский» составило 5,60 (таблица 1).

Таблица 1 – Характеристика полиморфизма изученных локусов у животных белорусской мясной породы в СГЦ «Заднепровский»

Локус	Na	Ae	He	Ho	Fis	PIC	Величина генетического равновесия
S0228	6	2,30	0,566	0,603	-0,066	0,570	ns
S0355	6	2,66	0,623	0,676	-0,085	0,628	ns
S0005	9	6,51	0,846	0,926	-0,095	0,853	ns
SW240	5	2,20	0,545	0,574	-0,053	0,549	ns
SW857	7	4,46	0,776	0,779	-0,004	0,782	ns
SW911	5	1,77	0,435	0,412	0,053	0,438	ns
SW936	7	3,13	0,680	0,676	0,006	0,686	ns
S0101	5	2,89	0,654	0,676	-0,034	0,659	ns
S0155	5	3,16	0,684	0,618	0,097	0,689	ns
S0227	3	1,35	0,256	0,265	-0,032	0,258	ns
S0386	5	2,68	0,627	0,574	0,085	0,631	ns
S0090	6	2,96	0,663	0,750	-0,132	0,668	ns
SW24	7	4,61	0,783	0,779	0,005	0,789	*
SW72	5	4,42	0,774	0,721	0,069	0,780	ns
SW951	3	2,32	0,569	0,500	0,121	0,573	ns
Среднее	5,60	3,16	0,632	0,635	-0,004	0,637	-

Примечание – ns > 0,05; * P < 0,05; ** P < 0,01; *** P < 0,001

Средний показатель уровня полиморфности (Ae) – 3,16. Максимальным значением ожидаемого уровня гетерозиготности (He) характеризовались локусы SW72 (0,774), SW857 (0,776), SW24 (0,783) и S0005 (0,846), минимальное значение отмечено в локусе S0227 (0,256). Установлено увеличение уровня наблюдаемой гетерозиготности в сравнении с ожидаемой в 8-ми локусах: S0227 (0,265), SW240 (0,574), S0228 (0,603), S0355, S0101 (0,676), S0090 (0,750), SW857 (0,779) и S0005 (0,926).

Анализ данных показателя индекса фиксации (Fis) показал, что локусы SW24, SW936, SW911, SW72, S0386, S0155 и SW951 отличались смещением равновесия в сторону недостатка гетерозигот (Fis=0,005-0,121), что указывает на умеренный инбридинг. В остальных локусах отмечается избыток гетерозигот, о чем свидетельствуют отрицательные значения индекса фиксации (Fis) от -0,004 (SW857) до -0,132 (S0090). В среднем по 15-ти локусам МС-ДНК индекс фиксации составил -0,004. В изученной популяции по индексу Fis случайного спаривания между животными не обнаружено, так как значение Fis=0 не отмечено.

В ходе исследований установлено, что по полиморфному информационному содержанию локуса (PIC) основная часть изученных STR-локусов имела величину информативной ценности (PIC)>0,5. Наивысшие

значения PIC наблюдались в локусах SW72 (0,780), SW857 (0,782), SW24 (0,789) и S0005 (0,853). Микросателлитный локус S0227 (0,258) был умеренно информативным ($0,25 < \text{PIC} < 0,5$).

В результате проверки соотношения частот генотипов генетическому равновесию Харди-Вайнберга установлено, что в изученной популяции все использованные в анализе локусы ДНК-МС находятся в состоянии генотипического равновесия, за исключением локуса SW24. Результаты Assignment – теста представлены на рисунке 1.

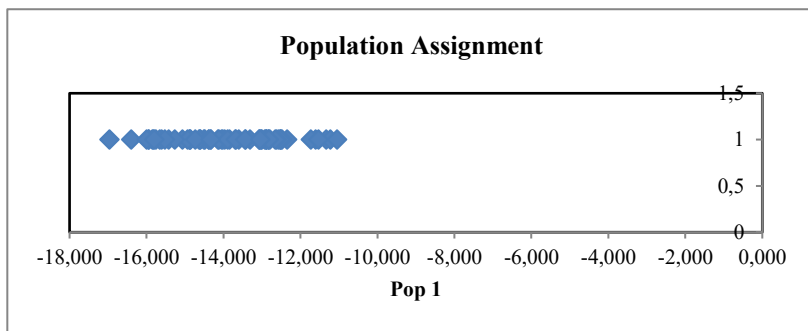


Рисунок 1 – Популяционная принадлежность животных белорусской мясной породы в «СГЦ «Заднепровский»

Установлено, что точность отнесения исследованных животных к «своей» популяции составила 100 %.

ЛИТЕРАТУРА

1. Bowling, A. T. The genetics of the horse / A. T. Bowling, A. Ruyinsky. – Wallington, UK, 2000.
2. Bjornstad, G. Breed demarcation and potential for breed allocation of horses assessed by microsatellites marker / G. Bjornstad, K. H. Roed. *Animal // Genetics*. – 2001. – Vol. 32. – P. 59-65.
3. Зиновьева, Н. А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов / Н. А. Зиновьева, Е. А. Гладырь // *Достижения науки и техники АПК*. – 2011. – № 9. – С. 46-48.
4. Микросателлиты и их использование для оценки генетического разнообразия животных / Н. С. Марзанов [и др.] // *Сельскохозяйственная биология*, 2004. – № 2. – С. 104-111.
5. Вейр, Б. Анализ генетических данных / Б. Вейр. – Москва: Мир, 1995. – 319 с.