

встречаемости нежелательного гомозиготного генотипа IGF-2^q составила 3,7 %, у животных сочетания (ЙхЛ)х(ЛхД) данный генотип отсутствует.

ЛИТЕРАТУРА

1. Эрнст, Л. К. Генетические основы селекции сельскохозяйственных животных / Л. К. Эрнст. – Москва, 2004. – 733 с.
2. Достижения и перспективы использования ДНК-технологий в свиноводстве / Т. И. Епишко [и др.]. – Витебск: ВГАВМ, 2012. – 254 с.
3. ДНК-технологии в животноводстве / Н. В. Михайлов [и др.] // Актуальные проблемы развития биотехнологий: сб. материалов междунар. науч.-практ. конф., Екатеринбург, 23–24 мая 2013 г. / Урал. гос. аграр. ун-т; науч. ред.: И. М. Донник, Б. А. Воронин. – Екатеринбург, 2013. – С. 147-148.
4. Полиморфизм локуса рецептора эстрогена в популяциях свиней разных генотипов и его ассоциация с репродуктивными признаками свиноматок / В. Н. Балацкий [и др.] // Современные проблемы интенсификации про-изводства свинины в странах СНГ: сб. науч. тр. XVII Междунар. науч.-практ. конф. по свиноводству, Ульяновск, 7–10 июля 2010 г. / М-во сел. хоз-ва РФ [и др.]; ред.: А. В. Дозоров [и др.]. – Ульяновск, 2010. – Т. 2: Разведение, селекция, генетика и воспроизводство свиней. – С. 42-47.

УДК 636.4.082.26

ПОЛИМОРФИЗМ МИКРОСАТЕЛЛИТНОЙ ДНК У ЖИВОТНЫХ ПОРОДЫ ЛАНДРАС, РАЗВОДИМЫХ В СГЦ «ЗАДНЕПРОВСКИЙ» ОАО «ОРШАНСКИЙ КХП»

**Тимошенко Т. Н.¹, Янович Е. А.¹, Приступа Н. В.¹, Заяц В. Н.¹,
Среда Е. С.², Путик А. А.³**

¹ – РУП «Научно-практический центр НАН Беларуси по животноводству»

г. Жодино, Республика Беларусь;

² – с-х филиал «СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП»;

п/о Заднепровское, Оршанский р-н, Республика Беларусь;

³ – УО «Белорусский государственный педагогический университет
имени М. Танка»

г. Минск, Республика Беларусь

Развитие технологий геномного анализа обусловило проведение исследований, направленных на разработку методических приемов использования молекулярно-генетической информации в селекции животных. Перспективным приемом в этой связи является использование ДНК-микросателлитов, на долю которых приходится до 30 % генома сельскохозяйственных животных. Высокополиморфный характер и менделевский тип наследования микросателлитов делает их идеальным инструментом выявления степени генетических различий между породами, группами (линиями) животных, оценки и управления степе-

нию инбредности, поддержания оптимального уровня гетерозиготности стада, сохранения в потомстве уникальных генетических профилей, свойственных определенным линиям, стадам, типам и породам свиней [1, 2, 3].

Цель исследований – определение популяционно-генетических параметров животных породы ландрас, разводимых в с-х филиале СГЦ «Заднепровский» ОАО «Оршанский КХП», на основе МС-ДНК. У свиней взяты биопробы ткани (ушной выщип). В лаборатории молекулярной биотехнологии и ДНК-тестирования РУП «НПЦ НАН Беларуси по животноводству» проведен микросателлитный анализ по 15 локусам ДНК-МС. Статистическая обработка данных проводилась по стандартным методикам [4] с использованием программного обеспечения GenAEx (версия 6.5).

В исследуемой группе животных породы ландрас ($n = 40$) по 15 использованным микросателлитам определено 67 аллелей. Выделены следующие типичные для данной популяции аллели: по локусу SW951 – аллель 123 (68 %); по локусу SW72 – аллели 103 (53 %) и 113 (40 %); по локусу S090 – аллели 244 (44 %) и 246 (36 %); по локусу S0386 – аллель 167 (44 %); по локусу S0227 – аллель 232 (75 %); по локусу S0155 – аллель 162 (31 %); по локусу S0101 – аллели 214 (40 %) и 216 (43 %); по локусу SW936 – аллель 96 (64 %); по локусу SW911 – аллель 156 (58 %) и аллель 160 (41 %); по локусу S0355 – аллели 247 (46 %) и 251 (36 %), по локусу S0228 – аллель 226 (51 %); по локусу SW857 – аллель 152 (46 %); по локусу SW240 – аллель 102 (51 %); по локусу S0005 – аллель 251 (37 %); по локусу SW24 – аллели 106 (51 %) и 118 (40 %). Наибольшей вариабельностью характеризовался локус S0005 (9 аллелей). Среднее число аллелей на локус у свиней породы ландрас в СГЦ «Заднепровский» составило 4,47. Средний показатель уровня полиморфности (A_e) – 2,73.

Проведена оценка наблюдаемой и ожидаемой степени гетерозиготности, рассчитанной по 15 STR-локусам. Максимальным значением ожидаемого уровня гетерозиготности (H_e) характеризовались локусы S0005 (0,761) S0155 (0,751), минимальное значение отмечено в локусах SW911 (0,499), SW951 (0,487) и S0227 (0,407). Увеличение уровня наблюдаемой гетерозиготности в сравнении с ожидаемой установлено в локусах SW951(0,525), SW911 (0,525), SW936 (0,575), S0288 (0,650), S0355 (0,675), S0155 (0,800), S0005 (0,850) и S0386 (0,875).

Смещение равновесия в сторону недостатка гетерозигот отмечено в локусах SW72, SW240, S0227, S0101, S0090, SW857 и SW24. Показатели индекса фиксации (F_{is}) составили 0,018-0,214. Во всех остальных случаях наблюдалась различная степень преобладания показателей

наблюдаемой гетерозиготности (H_o) над ожидаемой (H_e), максимальная – в локусе S0386 ($Fis = -0,287$). Установлено, что популяция животных в СГЦ «Заднепровский» находится в равновесном состоянии. Средняя величина показателя индекса фиксации составила 0,001, что свидетельствует о равновесном состоянии животных в СГЦ «Заднепровский».

При проведении расчета величины информационной ценности использованных маркеров (PIC) установлено, что основная часть изученных STR-локусов имела величину информативной ценности (PIC) $> 0,5$, что указывает на их высокую информативность в качестве молекулярно-генетических маркеров. Наивысшие значения PIC наблюдались в локусах S0155 и S0005 – 0,760 и 0,771 соответственно. Проверка соотношения частот генотипов генетическому равновесию Харди-Вайнберга свидетельствует, что в изученной популяции основная часть использованных в анализе локусов МС-ДНК находится в состоянии генотипического равновесия, за исключением локусов S0228, SW240, S0227 и S0386.

С целью изучения генетического разнообразия каждой особи и популяции, из которой она происходила, и оценки вероятности отнесения данной особи или к своей собственной популяции, или к иной использован Assignment-тест. Полученные результаты свидетельствуют, что в целом по всем исследованным животным точность отнесения к «своей» популяции составляет 97,5 %.

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 bred allocation of horses assessed by microsatellites marker / G. Bjornstad, K. H. Roed // *Animal Genetics*. – 2001. – Vol. 32. – P. 59-65.
3. Genetic diversity in German draught horse breed compared with a group of primitive, riding and wild horses by means of microsatellite DNA markers / K. S. Aberle [et al.] // *Animal Genetics*. – 2004. – Vol. 35. – P. 270-277.
4. Вейр, Б. Анализ генетических данных / Б. Вейр. – Москва: Мир. 1995. – 319 с.