

Спектры ISSR-PCR маркеров в оценках популяционно-генетической дифференциации карачаевской лошади в хозяйствах Карачаево-Черкесской Республики

Научный руководитель – Глазко Татьяна Теодоровна

Гolik Татьяна Вадимовна

Студент (магистр)

Российский государственный аграрный университет МСХА имени К.А. Тимирязева,
Зоотехнии и биологии, Разведения и племенного дела, Москва, Россия

E-mail: golik.tikhon@mail.ru

По данным FAO, в настоящее время особую актуальность приобретают вопросы, связанные с сохранением генетических ресурсов местных пород животных сельскохозяйственных видов, их генетического и фенотипического разнообразия [1]. Местные породы интересны тем, что несут в своем геноме аллели и их сочетания, ассоциированные с возможностью адаптации к конкретным условиям окружающей среды. Они могут проживать в районах неблагоприятных по климатическим и географическим условиям (например, условия высокогорной гипоксии), с минимальным использованием пищевых ресурсов и человеческого труда [2]. К одной из таких пород относится карачаевская порода лошадей, сохранение и усовершенствование которой требует подробного изучения ее генетической структуры. В этой связи, в данной работе выполнен анализ генотипов лошадей карачаевской породы из шести различных хозяйств Карачаево-Черкесской Республики по 41 локусу с применением методов генотипирования продуктов амплификации фрагментов геномной ДНК лошадей, фланкированных инвертированными повторами участков микросателлитных локусов (AG)9C, (GA)9C и (GAG)6C с использованием полимеразной цепной реакции (Inter-Simple Sequence Repeats - ISSR-PCR маркеры).

На основании генотипирования 333 лошадей по 41 локусу можно сделать заключение о генетической дифференциации лошадей, воспроизводившихся в разных хозяйствах. По праймеру (GAG)6C у исследованных лошадей найдено наименьшее количество полиморфных локусов (16,6%), по праймеру (AG)9C - (23,3%), наибольшее значение было получено по праймеру (GA)9C - (35,7%). Получены данные, свидетельствующие о достаточно высокой степени консолидированности исследованной группы животных. Относительно повышенным полиморфизмом отличались спектры продуктов амплификации у лошадей из ООО «Икар», а наибольшей консолидированностью обладали животные из хозяйства «Карплемхоз». По ISSR-PCR маркерам рассчитаны генетические расстояния между исследованными группами и построены дендрограммы. На полученных дендрограммах видно, что в целом все группы животных четко кластеризуются по принадлежности к своему хозяйству. Необходимо отметить, что жеребцы-производители кластеризуются отдельно, что соответствует относительно большей интенсивности селекционной работы с ними по сравнению с кобылами. Кластеризация годовалых кобылок с матерями свидетельствует об отсутствии ошибок в оценках их происхождении. Помимо этого, при сравнении близости расположения жеребцов на дендрограмме и картой географического расположения хозяйств, где они содержатся, была отмечено совпадение кластеризации жеребцов из разных хозяйств и географической близости их расположения.

Источники и литература

- 1) Hendrickson S.L. A genome wide study of genetic adaptation to high altitude in feral Andean horses of the paramo // BMC Evol Biol. 2013, Vol.13.

- 2) Глазко В.И., Гладырь Е.А., Феофилов А.В., Бардуков Н.В., Глазко Т.Т. ISSR- PCR маркеры и мобильные генетические элементы в геномах сельскохозяйственных видов млекопитающих // Сельскохозяйственная биология. 2013, том 2.
- 3) The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Recourses for Food and Agriculture Organization of the United Nations // Rome, 2015.
- 4) Калашников В.В., Храброва Л.А., Зайцев А.М. и др. Полиморфизм микросателлитной ДНК у лошадей заводских и локальных пород // Сельскохозяйственная биология. 2010, №2, с. 41-45.