

Особенности аллелофонда крупного рогатого скота породы атлас, разводимой в Марокко

Научный руководитель – Гладырь Елена Александровна

Нореззин Азиз -

Аспирант

Российский университет дружбы народов, Москва, Россия

E-mail: assissnor@gmail.com

Численность аборигенного скота в Марокко составляет около 1,34 миллиона коров. Изучение генетического разнообразия марокканского скота является одной из актуальных задач в рамках программы сохранения и совершенствования местных пород, хорошо адаптированных к суровым условиям страны.

Целью исследований являлась характеристика аллелофонда и генетического разнообразия крупного рогатого скота породы атлас (АТЛ) в сравнении с голштинской чернопестрой породой (ГЛШ) - главной молочной породой мира по десяти микросателлитным маркерам. С помощью микросателлитного анализа было прогенотипировано 99 голов скота, в том числе 44 голов АТЛ и 55 голов ГЛШ. Образцы ткани быков и коров породы АТЛ были отобраны в фермерском хозяйстве (Агадир, Королевство Марокко). В качестве группы сравнения были выбраны быки ГЛШ породы североамериканской селекции. Исследование микросателлитов, рекомендованных ISAG/FAO для анализа достоверности происхождения крупного рогатого скота TGLA227, BM2113, ETH10, SPS115, INRA23, TGLA126, BM1818, ETH225, BM1824 и TGLA122 выполняли с использованием генетического анализатора ABI3130xl (Applied Biosystems, Thermo Fisher Scientific, USA), с обработкой программным обеспечением Gene Mapper, v. 4. Статистическая обработка данных проведена с помощью программы GenAlEx6.5 [2]. При выполнении исследований использовали оборудование Центра коллективного пользования научным оборудованием «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФНЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

Установлено, что среднее число аллелей на локус в зависимости от микросателлитного маркера и породы изменялось в АТЛ в диапазоне от 13 аллелей в TGLA227 и TGLA122 до 6 аллелей в TGLA126 в сравнении с ГЛШ от 8 в TGLA227 до 5 в BM2113, INRA23, TGLA126 и BM1824 и в среднем по 10 микросателлитам составило $9,300 \pm 0,790$ и $5,900 \pm 0,314$ в АТЛ и ГЛШ, соответственно. Показан 100% уровень полиморфизма 10 микросателлитных локусов в изученных породах. Число информативных аллелей с частотой более 5% (N_a) было незначительно выше в выборке животных АТЛ $4,900 \pm 0,422$ в сравнении с ГЛШ $4,200 \pm 0,442$. Число эффективных аллелей (N_e) у животных представленных особями аборигенного скота Королевства Марокко было максимальным и составило $5,912 \pm 0,695$ аллелей в сравнении с животными ГЛШ $3,503 \pm 0,370$ аллеля. Выявленное число приватных аллелей АТЛ ($4,000 \pm 0,789$) превосходило данный показатель в ГЛШ ($0,600 \pm 0,267$) практически в 7 раз. Уровень наблюдаемой гетерозиготности (H_o) в изученных популяциях составил $0,730 \pm 0,032$ и $0,685 \pm 0,043$ в АТЛ и ГЛШ, соответственно. В изученной выборке марокканского скота АТЛ выявлен незначительный дефицит гетерозигот на уровне 2,7%, в то время, как у ГЛШ быков и показан минимальный избыток гетерозигот (0,2%), вместе с тем положительные значения индекса фиксации (F_{is}) в обеих группах скота 3,1 и 0,2%, в АТЛ и ГЛШ, соответственно, указывают на актуальность контроля уровня гетерозиготности в популяциях. Оценка консолидированности животных АТЛ и ГЛШ по микросателлитам показала, что 100,0% всех животных принадлежат к собственной популяции. Генетические расстояния между изучаемыми породами рассчитанные по Nei (1978)

[1] и с использованием индекса фиксации F_{st} показали значения, свойственные животным разных пород 0,258 ($NeiP$) и 0,042 (F_{st}).

Получены новые знания по генофонду крупного рогатого скота марокканской породы АТЛ, с использованием в качестве инструмента микросателлитных маркеров. В очередной раз показана эффективность использования микросателлитов в качестве инструментов оценки популяционно-генетических параметров групп крупного рогатого скота различных пород (степень полиморфизма, уровень гетерозиготности, индексы фиксации и др.)

Источники и литература

- 1) 1. Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals // *Genetics*. 1978. 76: 379-390.
- 2) 2. Peakall R. and Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update // *Bioinformatics*. 2012. 28(19):2537-2539.