

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ТЕСТИРОВАНИЕ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ЛОКУСАМ С ПОСЛЕДУЮЩИМ ИЗУЧЕНИЕМ ИХ ПОЛИМОРФИЗМА

С.А. Лялихова, 3 курс

*Научный руководитель – О.А. Епишко, к. с.-х. н., доцент
Полесский государственный университет*

Генетическое тестирование по микросателлитным локусам на сегодняшний день является наиболее точным способом контроля достоверности происхождения крупного рогатого скота (КРС) и его последующей идентификации, а также сохранения ценных животных в селекционной работе.

Ранее в мировом животноводстве в т.ч. и Республике Беларусь для установления происхождения животных использовали иммуногенетические маркеры, однако с достижениями молекулярной биологии, в качестве альтернативы серологическим методам, был разработан метод анализа ДНК по микросателлитным локусам, являющийся более информативным, который был предложен как основной, для оценки достоверности происхождения сельскохозяйственных животных [5, с. 97].

Микросателлитные последовательности имеют ряд преимуществ: для проведения анализа методом ПЦР требуется малое количество биологического образца (крови или ткани), что позволяет уменьшить количество травм и инфицирования животных при взятии биопробы; молекулярные размеры локусов лежат в узком интервале, что делает мультиплексный анализ возможным для автоматизации; характерна высокая скорость спонтанного мутирования, что обуславливает их аллельное разнообразие; близкие виды микросателлитов практически не отличаются по своей первичной нуклеотидной структуре, что позволяет использовать одни и те же праймеры для их анализа [2, с. 193; 3, с. 217].

Одно из неперенных условий при отборе ДНК-маркеров (микросателлитных последовательностей) для идентификации КРС - высокий уровень полиморфизма, который выражается в оценке ожидаемой и фактической гетерозиготности, а также характеристике аллельного разнообразия и частот исследуемых локусов [1, с. 84].

На базе Полесского государственного университета в НИЛ промышленной биотехнологии был проведен анализ 197 образцов ДНК КРС чёрно-пёстрой породы, разводимых в РУСП ПЗ «Красная звезда» по 11 микросателлитным локусам BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53 с использованием оптимизированных условий проведения ПЦР и разделения продуктов.

Согласно полученным данным, низкий уровень полиморфизма был выявлен в локусах ETH3 и BM1824, представленных 16 и 18 аллелями, размер нуклеотидных последовательностей которых варьировал от 114 до 129 п.н. и от 171 до 191 п.н., соответственно. Наибольшим количеством аллельных вариантов обладали локусы TGLA122, TGLA227, TGLA53, в которых было выявлено 32, 34, 32 аллеля, с длиной нуклеотидных последовательностей от 135 до 183 п.н., от 74 до 115 п.н., от 147 до 186 п.н., соответственно. Полиморфизм локусов BM2113, ETH10, ETH225, INRA023, SPS115 и TGLA126, составил 21, 20, 23, 25, 21 и 21 аллель, соответственно.

Была проведена оценка гетерозиготности исследованной выборки животных, которая является одним из важных параметров в вопросах динамики генетической изменчивости популяции [4, с. 84] (таблица 1). Гетерозиготность, присущее всякому гибриднему организму состояние, при котором его гомологичные хромосомы несут разные формы (аллели) того или иного гена или различаются по взаиморасположению генов, служит мерой генетической изменчивости популяции.

Таблица – Показатели гетерозиготности популяции КРС РУСП ПЗ «Красная звезда»

Показатели	Локус										
	BM1824	BM2113	ETH10	ETH225	ETH3	INRA023	SPS115	TGLA122	TGLA126	TGLA227	TGLA53
Фактическая гетерозиготность, %	87	96	91	84	90	84	74	92	83	97	90
Ожидаемая гетерозиготность, %	85	91	85	91	78	90	78	89	86	92	92
Количество аллелей	18	21	20	23	16	25	21	32	34	33	32
Средняя фактическая гетерозиготность в популяции 88 %											
Средняя ожидаемая гетерозиготность в популяции 87 %											

Данные, представленные в таблице, свидетельствуют о том, что в среднем по 11 локусам фактическая гетерозиготность составила 88%, а ожидаемая 87%. *Ожидаемая и фактическая степень гетерозиготности является хорошей предпосылкой генетической изменчивости, образующей полезные варианты для эффективной селекции.* В наших исследованиях не было обнаружено значимого отклонения фактической гетерозиготности от теоретически ожидаемой. *Как следует из анализа полученных результатов, уровень гетерозиготности всех изучаемых микросателлитных последовательностей превысил 50%, что даёт возможность для использования представленных микросателлитных маркеров для выполнения работ по генотипированию крупного рогатого скота, для паспортизации животных и установления родства, а также для отбора продолжателей линий - быков с определенным генотипом.*

Список использованных источников

1. Животовский Л.А. Статистические методы анализа частот генов в природных популяциях. Итоги науки и техники. Общая генетика. М.: ВИНТИ, 1998, 8: 76-104.
2. Georges M.D., Nielsen M., Mackinnon M. et al. Mapping quantitative trait loci controlling milk production in dairy cattle by exploiting progeny testing. Genetics. 1995,139: 907-920.

3. Vilkki H.J., Koning D.J., Elo K. et al. Multiple marker mapping of quantitative trait loci of Finnish dairy cattle by regression. J. Dairy Sci., 1997, 80, 1: 198-204.

4. Оценка достоверности происхождения популяций крупного рогатого скота по полиморфизму микросателлитных локусов [Текст] / Т.И. Епишко, О.А. Епишко, Н.А. Глинская // тезисы Генетика и биотехнология на рубеже тысячелетий. // Мат. междунар. науч. конф., посвященной 45-летию основания Института генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, 25-29 октября 2010 г. - С. 97.