

ГЕТЕРОЗИГОТНОСТЬ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДНК ПОПУЛЯЦИЙ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ

И.Г. Пашкевич, 3курс

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

Изучение структурно-функциональной организации генома сельскохозяйственных животных является одним из необходимых условий повышения эффективности их селекции. На современном этапе исследование отдельных областей генома или отдельных локусов возможно при наличии сцепленных с этим локусом полиморфных маркеров. Среди существующих генетических маркеров ведущее положение заняли микросателлитные последовательности. В геноме крупного рогатого скота идентифицировано более 2000 микросателлитных последовательностей ДНК – это короткие 1-6-нуклеотидные tandemные повторы, длиной до 200 пар нуклеотидов, характеризуются высоким уровнем полиморфизма, обилием аллелей, в среднем 6-8 на локус, и высоким уровнем информативности [2, с. 365].

Полиморфизм микросателлитных локусов используется в программах картирования генома, при изучении генетической структуры породы, в анализе генетических расстояний между линиями, породами и популяциями, в оценке генетической вариабельности и внутривидового родства, а также для прогноза возможного гетерозиготного эффекта при скрещивании [3, с. 177].

На современном уровне развития науки важен вопрос сохранения генетической изменчивости сельскохозяйственных животных, которая имеет тенденцию к снижению в результате интенсивного и одностороннего скрещивания [1, с. 351].

Важным параметром динамики генетической изменчивости состава популяций является гетерозиготность. На гетерозиготность популяций влияют: мутаионный процесс, различные типы отбора, дрейф генов, неслучайное скрещивание и другие факторы. Потому ее оценка в настоящее время необходима практически во всех популяционно-генетических исследованиях.

Гетерозиготность служит мерой генетической изменчивости популяций, она определяется как средняя частота особей гетерозиготных по отношению к численности популяций по определенным локусам. Это мера изменчивости, которая служит оценкой вероятности того, что два аллеля данного локуса, взятые наугад из генофонда популяции, окажутся различными. Высокая гетерозиготность обеспечивает большое количество информативных мейозов (случаев рекомбинации), что повышает эффективность тестов сцепления [4, с. 81].

Увеличение гомозиготности сопровождается снижением генетического и фенотипического разнообразия и приводит к повышению однородности популяций [5, с. 97].

На базе УО «Полесский государственный университет» в НИЛ промышленной биотехнологии был проведен сравнительный анализ полиморфизма 11 микросателлитных маркеров ДНК: BM1824, BM 2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53, оценка уровня гомо-и гетерозиготности, частот встречаемости аллельных вариантов нуклеотидных последовательностей ДНК среди животных чёрно-пёстрой породы крупного рогатого скота СПК АК «Снов» (n=54) и ОАО «1-я Минская птицефабрика» (n=27) (таблица 10).

Таблица – Определение количества аллелей на локус (n); ожидаемой гетерозиготности по каждому локусу (h_k); средней ожидаемой гетерозиготности на локус (животное) (H); наблюдаемой гетерозиготности (H_{obs}), средней наблюдаемой гетерозиготности ($H_{obs,sp}$)

Локус	СПК АК «Снов»					ОАО «1-я Минская птицефабрика»				
	n	h_k , %	H, %	H_{obs} , %	$H_{obs,c}$ p,%	n	h_k , %	H, %	H_{obs} , %	$H_{obs,c}$ p,%
BM1824	12	79,7	62,13	92,6	82	7	79,5	68,7	81,5	91,1
BM 2113	8	24,9		77,8		12	81,8		96,3	
ETH10	10	45,7		72,2		12	83,9		100	
ETH 225	9	75,6		31,5		7	71,8		88,9	
ETH 3	8	69,9		94,4		7	66,1		87,5	
INRA023	9	64,2		100		8	66,4		88,9	
SPS115	8	40,4		81,5		8	28,1		88,9	
TGLA122	16	75,8		92,6		11	77,5		100	
TGLA 126	8	36,8		66,7		5	36,4		70,4	
TGLA227	13	84,6		100		9	77,3		100	
TGLA 53	15	85,5		93,5		10	86,7		100	

В результате исследования было идентифицировано 196 аллелей изучаемых локусов: 101 аллель у животных СПК АК «Снов» и 95 - ОАО «1-я Минская птицефабрика». Наибольшее количество аллелей наблюдалось в локусах TGLA122 (16; СПК АК «Снов») и ETH10 (12; ОАО «1-я Минская птицефабрика»). Остальные аллели характеризовались достаточно равномерным распределением в специфических локусах (от 7 до 15), кроме локуса TGLA126 у животных предприятия ОАО «1-я Минская птицефабрика», по которому было идентифицировано только пять аллелей.

Результаты исследований свидетельствуют о том, что в обеих популяциях крупного рогатого скота микросателлитные локусы характеризуются высокой степенью полиморфизма. Так, показатель степени средней наблюдаемой гетерозиготности для каждого маркера превысил среднюю ожидаемую гетерозиготность в обоих случаях.

Установлено, что популяция животных ОАО «1-я Минская птицефабрика» отличается более высокой гетерозиготностью (91,1%) в сравнении с популяцией СПК АК «Снов» (82%). Такая картина может быть, прежде всего, причиной дрейфа генов извне в результате искусственного осеменения животных, искусственного отбора и условий содержания животных.

Полученные данные анализа 11 исследуемых микросателлитных локусов ДНК, подтверждающие их высокую полиморфность, свидетельствуют о возможности использования их в качестве маркеров для паспортизации, идентификации и подтверждения происхождения отдельных особей, пород и популяций крупного рогатого скота.

Список использованных источников

1. Левонтин Р. Генетические основы эволюции. М.: Мир. 1978: 351с.
2. Hirano T., Nakane S., Mizoshita K. et al. Characterization of 42 highly polymorphic bovine microsatellite markers // Anim. Genet. – 1996. – Vol.27(5). – P. 365–368.
3. Martin-Burriel I., Garcia-Muro E., Zaragoza P. Genetic diversity analysis of six Spanish native cattle breeds using microsatellites // Anim. Genet. – 1999. – Vol.30. – P. 177–182.
4. Шмидт Т.Ю., Шевченко В.Г. Микросателлиты - маркеры локусов хозяйственно-полезных признаков крупного рогатого скота // Сб. науч. тр. / ВНИИФБиП. - 2000. - Т. 39. - С. 81.
5. 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.