

УДК 636.082.12:636.933.2

ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ ГЕНОФОНДА ПОРОД КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ПО ISSR-PCR-МАРКЕРАМ

Ю.А. СТОЛПОВСКИЙ¹, АХАНИ АЗАРИ М.² Н.В. КОЛ¹, М.Н. РУЗИНА¹,
К.Ю. СТОЛПОВСКИЙ³, Г.Е. СУЛИМОВА¹, В.И. ГЛАЗКО⁴

С использованием оценок полиморфизма фрагментов ДНК, фланкированных инвертированными повторами динуклеотидных микросателлитных локусов (AG)_nC и (GA)_nC, исследовано 395 животных девяти пород крупного рогатого скота. Выявлено 49 локусов, из них 40 оказались полиморфными. Обнаружены породные различия по распределению генотипов и аллелей фрагментов ДНК, по генетическому разнообразию генофондов сравниваемых пород. Предложено использовать полилокусные ISSR-маркеры для выявления породоспецифичных характеристик генофондов пород крупного рогатого скота.

Ключевые слова: полиморфизм, крупный рогатый скот, ДНК, ПЦР.

Понятие породы до сих пор остается достаточно дискуссионным. Как известно, под ним понимают группу животных, имеющих общность происхождения, а также направленность действия факторов естественного и искусственного отборов [5]. В то же время Дж. Л. Лаш, один из ведущих генетиков с.-х. видов животных, в своих работах подчеркивал, что порода в общем до сих пор не имеет строго научного, универсального для всех с.-х. видов, обоснования [13]. Он полагал, что этот термин возник для удобства работы селекционеров и соответствует в большей степени требованиям животноводства: в конечном счете селекционеры решают, применим ли термин «порода» к данной группе животных или нет. Условно породы подразделяют на заводские, аборигенные и переходные, где к наиболее продук-

тивным и контролируемым селекционной работой относятся первые. Тем не менее не вызывает сомнений, что по комплексу морфофизиологических характеристик, истории происхождения, понятию «чистопородное разведение» порода является вполне объективным явлением, успешно используемым в селекционно-племенной работе [1, 4, 5, 8]. И если межпородные отличия по комплексу фенотипических, морфофизиологических характеристик, как правило, не нуждаются в специальных обсуждениях, генофондные отличия между ними до сих пор остаются недостаточно исследованными. В то же время генетическая эрозия заводских пород [12], существенное уменьшение скорости генетического совершенствования стад [11] требуют ускоренного развития методов генофондного контроля селекционного процесса. В этих

¹ Институт общей генетики имени Н.И. Вавилова РАН.

² Университет Сельскохозяйственных Наук и Естественных Ресурсов, Иран.

³ Московский государственный медико-стоматологический университет.

* Российский государственный аграрный университет — МСХА имени КА. Тимирязева.

целях достаточно давно применялись оценки породной специфичности частот встречаемости аллелей отдельных генов и их сочетаний (например, [2, 6]). Однако низкий уровень полиморфизма, ограниченность количества анализируемых локусов делала такие сравнения трудоемкими и низкоэффективными. Новые возможности и качественно новый этап в выявлении породоспецифичных генофондных особенностей появился в связи с возможностями генотипирования и анализа полиморфизма одновременно большого количества локусов в одном геноме [9]. Одним из удобных таких подходов является анализ полиморфизма полилокусных спектров фрагментов ДНК, фланкированных инвертированным повтором микросателлитного локуса (Inter-Simple Sequence Repeats — ISSR маркеры), выявляемых в полимеразной цепной реакции (ПЦР), при использовании в качестве праймера микросателлитной последовательности [3, 14].

Для того, чтобы оценить возможность выявления генофондных отличий между заводскими и аборигенными породами крупного рогатого скота, воспроизводимыми в России, в наших исследованиях выполнен сравнительный анализ генофондов девяти пород по распределению генотипов и аллелей локусов, маркируемых длинами фрагментов ДНК, на флангах которых присутствовал инвертированный повтор участков динуклеотидных микросателлитных локусов — $(AG)_gC$, или $(GA)_gC$.

Материалы и методы

В качестве объекта исследования были выбраны девять пород крупного рогатого скота, среди них семь выведены в РФ или бывшем СССР: белужевская (54 гол.), бурая швицкая кавказский тип (48), калмыцкая (29), костромская (60), серый степной скот (45), ярославская (62) и якутская (62) породы. А также наиболее распростра-

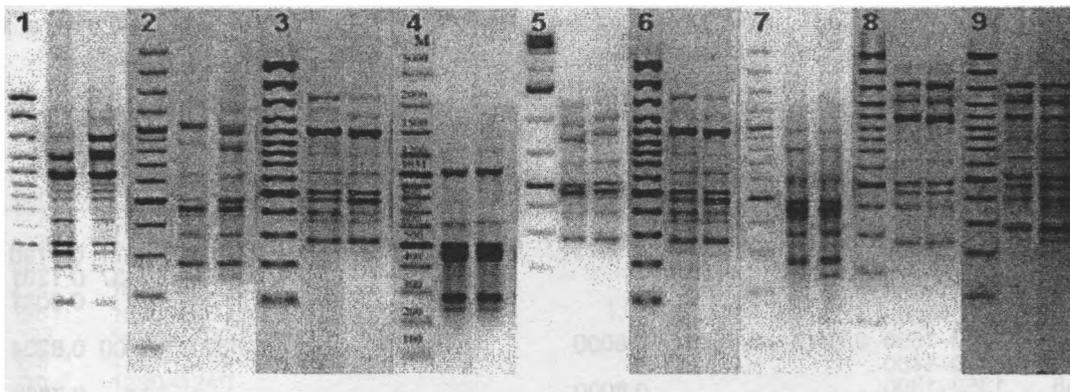
ненные на данный момент в России породы: голштино-фризская (25) и черно-пестрая (42). В качестве маркеров полиморфизма фрагментов ДНК, фланкированных инвертированными повторами микросателлитных локусов (ISSR-PCR маркеры), использовали стандартный метод, разработанный Зиеткевичем и с соавт. [14]. Для проведения полимеразной цепной реакции (ПЦР, PCR) из образцов крови животных выделяли геномную ДНК, в качестве праймеров в реакционную смесь добавляли олигонуклеотиды $(AG)_gC$ и $(GA)_gC$. ПЦР проводили на амплификаторе «Терцик, ДНК Технологии» (Россия) с применением набора сухих реагентов для ПЦР амплификации ДНК GenePak™ PCR Core (Изоген, Москва). Электрофорез продуктов амплификации проводили в 2%-м агарозном геле в течение 1,5—2 ч, с применением в качестве ДНК-маркера GeneRuler™ 100 bp DNA Ladder Plus (MBI Fermentas, USA) для оценки длины продуктов ПЦР-амплификации. Документацию продуктов ПЦР-амплификации проводили с помощью программы Vitran v.1.0 (Biokom, 2001-2002) под ультрафиолетовым излучением на трансиллюминаторе (17VT1, Biokom) после окрашивания гелей бромистым этидием.

Для определения размера продуктов амплификации использовали программу «OneDscan». Статистическую обработку данных осуществляли с помощью стандартных компьютерных программ «Генератор».

Результаты и их обсуждение

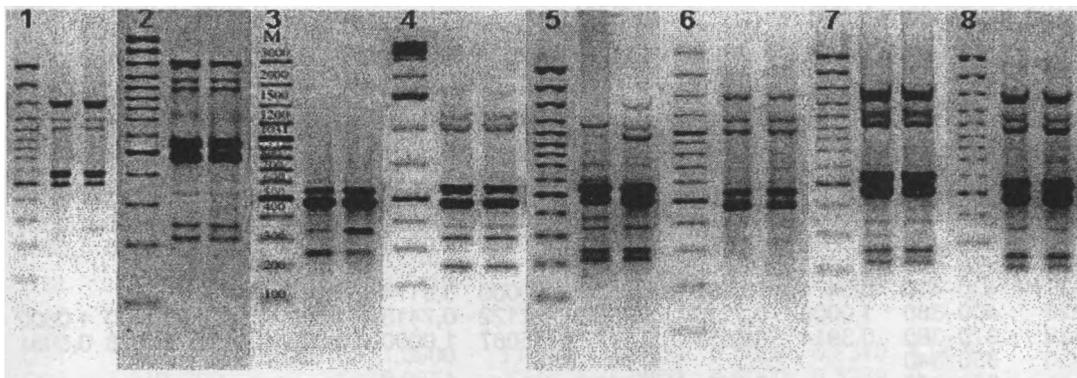
В данной работе методом ISSR-анализа исследовано генетическое разнообразие девяти пород КРС с использованием двух праймеров $(AG)_gC$ и $(GA)_gC$. Исследованные породы в целом различались как по наличию/отсутствию отдельных фрагментов (ампликонов, локусов), так и по их частотам (рис. 1, 2).

В нашем исследовании выявлено 49 локусов (фрагментов ДНК). С помощью



1. Бестужевская; 2. Бурая швица (кавказский тип); 3. Голштинофризская; 4. Калмыцкая;
5. Костромская; 6. Черно-пестрая; 7. Серый степной скот; 8. Ярославская; 9. Якутская

Рис. 1. Спектры ампликонов, полученные методом ISSR-PCR при использовании праймера (AG)₉C у животных девяти пород крупного рогатого скота



1. Бустужевская; 2. Голштинофризская; 3. Калмыцкая; 4. Костромская;
5. Черно-пестрая; 6. Серый степной скот; 7. Ярославская; 8. Якутская

Рис. 2. Спектры ампликонов, полученные методом ISSR-PCR при использовании праймера (GA)₉C у животных восьми пород крупного рогатого скота

олигонуклеотида (AG)₉C обнаружено 32 локуса, из них 25 оказались полиморфными (рис. 1), по (GA)₉C маркеру — 17 локусов, из них 15 полиморфные (см. рис. 2). Ампликоны обнаружены в диапазоне от 2500 до 160 п.н. Частоты встречаемости фрагментов для AG и GA-ISSR маркерам девяти пород представлены в таблице 1 и 2.

У всех особей исследуемых пород крупного рогатого скота по (AG)₉C выявлены фрагменты длиной: 1050-1000 (A13), 670-640 (A20), 520-500 (A24),

490-470 (A25), 290-280 (A33) п.н., а для (GA)₉C праймера со 100% встречаемостью обнаружено два фрагмента с молекулярным весом 550-530 (G23) и 490-470 п.н. (G25).

Поскольку отдельные фрагменты ДНК обнаруживались у всех исследованных пород, можно ожидать, что именно для *Bos taurus* спектр из семи ампликонов: A13, A20, A24, A25, A33, G23, G25 является типичным.

Вместе с общими локусами в нашем исследовании выделены и породоспе-

Таблица 1

**Частоты встречаемости фрагментов для AG-ISSR
для девяти пород крупного рогатого скота**

Фрагменты	ИРФ ¹	Бестужевская (N=54)	Бурая швица кавказский тип (N=48)	Голштинофризская (N=25)	Калмыцкая (N=29)	Костромская (N=60)	Серый скот (N=45)	Чернопестрая (N=42)	Якутская (N=30)	Ярославская (N=62)
A1	2500-2300								0,0513	
A2	2100-2000			0,3675				0,0742	0,0871	0,4180
A3	1900-1800	0,5286	0,0105					0,0120	0,1437	0,1201
A4	1750-1700									0,0081
A5	1650-1600									
A6	1550-1500	0,7643	0,5670	0,8000		0,4084		0,5371	1,0000	0,8204
A7	1450-1400									
A8	1350-1300			0,8000						0,7800
A9	1290-1240	0,4908	0,7959	0,8000	0,5451	0,7418		0,3453	1,0000	0,8730
A10	1230-1180	0,8639	0,0105					0,2285	1,0000	
A11	1170-1120		0,0211				0,0572			
A12	1110-1060		0,0318						0,0871	
A13	1050-1000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
A14	990-940		0,0105							
A15	930-880	0,6667		0,8000				0,4882	1,0000	1,0000
A16	870-820	0,8075	1,0000	0,8000	1,0000	1,0000	1,0000	0,4882	1,0000	1,0000
A17	810-760	0,8075	0,7959	0,8000	0,2808	0,3169		0,7327	1,0000	1,0000
A18	750-720		0,0426				0,2851			
A19	710-680	0,0671	0,5918	0,0619		0,0426	0,0455		0,5528	0,0163
A20	670-640	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
A21	630-600		0,0318			0,0084	0,0811			
A22	590-560	0,0093	0,3708							
A23	550-530	0,0187	0,0105			0,0084		0,0120	0,1633	
A24	520-500	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
A25	490-470	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
A26	460-440	0,0093								
A27	430-410	0,0474	1,0000	0,0619	1,0000	0,8174				
A28	400-380	1,0000	0,7113	1,0000	0,2122	0,7418	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
A29	370-360	0,3914	0,8557	0,7172	0,5087	1,0000	1,0000	0,2441	0,5528	0,5081
A30	350-340									
A31	330-320		0,1461	0,0835	0,0531	0,2147				0,1968
A32	310-300					0,0084				
A33	290-280	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
A34	270-260									
A35	250-240	0,5487	1,0000	1,0000	0,8143	0,6127	0,5286	0,7327	0,7418	0,7160
A36	230-220									
A37	210-200	0,0093	0,2227			0,2697		0,2600	0,4226	0,1576
A38	180-160		0,1708			0,0691				

¹ Интервал размера фрагментов.

цифические особенности (фрагменты и спектры). Так, по (AG)₉C праймеру фрагмент 2500-2300 п.н.(A1) встречается только у якутского скота, а фрагмент 1750-1700 п.н. (A4) обнаружен исключительно у животных ярославской породы. У костромской породы есть фрагмент 310-300 п.н. (A32), который не встречается у других исследованных пород, только у

животных бестужевской породы обнаружен фрагмент 460-440 п.н. (A26). В то же время у серого степного и калмыцкого скота не выявлены «мажорные» для других пород фрагменты (A1-A7) молекулярной массой от 1300 до 2500 п.н.. В спектре, полученном по (GA)₉C праймеру, фрагмент 430-410 (G27) встречается только у голштинофризского скота.

Таблица 2

Частоты встречаемости фрагментов для GA-ISSR
для восьми пород крупного рогатого скота

Фрагмент	ИРФ	Бестужевская	Голштино-фризская	Калмыцкая	Костромская	Серая степная	Черно-пестрая	Якутская	Ярославская
G1	2500–2300	0,0697						0,0986	0,1772
G2	2100–2000								
G3	1900–1800								
G4	1750–1700								
G5	1650–1600								
G6	1550–1500	0,8613	1,0000		1,0000	1,0000	0,5860	0,6938	1,0000
G7	1450–1400								
G8	1350–1300								
G9	1290–1240								
G10	1230–1180	0,7598	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
G11	1170–1120								
G12	1110–1060								
G13	1050–1000	0,8039	1,0000	0,5697	1,0000	1,0000	0,5860	1,0000	1,0000
G14	990–940								
G15	930–880								0,0077
G16	870–820				0,0087				0,0155
G17	810–760						0,1719	0,1708	0,0233
G18	750–720		0,6838		0,0087	1,0000	0,3031	0,4137	0,5703
G19	710–680								
G20	670–640								
G21	630–600		0,1056	1,0000			0,1719	0,0157	
G22	590–560								
G23	550–530	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
G24	520–500								
G25	490–470	1,0000	1,0000		1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
G26	460–440								
G27	430–410		0,0168						
G28	400–380		0,7418		0,8687		0,1381		0,0885
G29	370–360								
G30	350–340								
G31	330–320	0,0097	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,8310	1,0000	1,0000
G32	310–300		0,0871		1,0000	1,0000	0,3239	0,2929	0,2155
G33	290–280								
G34	270–260								
G35	250–240	0,5196	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
G36	230–220	0,4117	1,0000		1,0000		1,0000	1,0000	1,0000
G37	210–200								
G38	180–160								

Частота встречаемости того или иного фрагмента существенно варьировала от породе к породе и от маркера к маркеру. Так, в продуктах амплификации, полученных с помощью (AG)₉C праймера, фрагмент 1290-1240 п.н.(A9) обнаружен у всех животных якутской породы. С высокой частотой ампликон A9 выявлен в бурой швицкой (кавказский тип), ярославской и голштино-фризской, соответственно 0,7959, 0,8730, 0,8000. Значительно реже он

встречается у калмыцкой (0,5451), черно-пестрой (0,3453) и его нет у серой степной породы. Наиболее наглядно породные различия в частоте встречаемости показаны для ампликона 360-370 п.н. (A29). У костромской и серой степной пород фрагмент A29 встречается у всех животных, у бурой швицкой (кавказский тип) и голштино-фризской превалирует с частотой от 0,8557 до 0,7112. У ярославской и калмыцкой пород обнаружен у половины

исследованных животных — 0,5081 и 0,5987, в то же время у бестужевской породы его частота составила всего 0,3914, у черно-пестрой — 0,7172.

По (GA)₉C праймеру получены более консервативные спектры амплифицированных фрагментов ДНК. Основной полиморфизм выявлен в зонах от 870-720 и 400-380 п.н. Так, фрагмент G28 встречается у голштино-фризской (0,7418), костромской (0,8687), черно-пестрой (0,1381) и ярославской (0,0885) пород, т.е. у лучших на сегодняшний момент молочных пород России. При этом его нет в исследуемых выборках других пяти пород.

Породы различались как по числу полиморфных локусов, так и по уровню полиморфизма амплифицированных фрагментов ДНК (табл. 3 и 4). Число полиморфных локусов по (AG)₉C праймеру резко различалось — от 5 у серого степного скота и до 18 локусов у бурого швицкого (кавказский тип). По (GA)₉C от 8 полиморфных локусов у

черно-пестрой породы до их отсутствия у серого степного скота.

В заводских отечественных молочных породах КРС по (AG)₉C праймеру выявлено 11 (ярославская порода) и 13 ампликонов (костромская), а с помощью олигонуклеотида (GA)₉C — 7 и 3 полиморфных локусов соответственно. В наиболее распространенных породах, таких как черно-пестрая и голштино-фризская, процент полиморфных локусов по (AG)₉C составил 31,58 и 28,95%; в бестужевской породе — 39,47, костромской — 34,21 и ярославской — 29,73%. Крайние варианты по наличию полиморфных локусов зафиксированы для бурой швицкой породы (кавказский тип) и серого степного скота. В первом случае 47,37, во втором — лишь 13,51% полиморфных локусов. Для (GA)₉C наивысший процент выявлен для черно-пестрой породы — 21,05%, практически одинаковый результат показали ярославская и бестужевская породы — 18,42% полиморфных локусов.

Таблица 3

Параметры генного разнообразия по AG-маркеру

Порода	Абсолютное число аллелей (n _a)	Эффективное число аллелей (n _e)	Число полиморфных локусов	% полиморфных локусов	Генетическое разнообразие по (Nei, 1973)	Индекс разнообразия Шеннона (Lewontin, 1972)	PIC
Бестужевская	1.3947 (0.4954)	1.1788 (0.3310)	15	39.47	0.1037 (0.1774)	0.1576 (0.2542)	0,2257
Бурая швицкая кавказский тип	1.4737 (0.5060)	1.1675 (0.2907)	18	47.37	0.1041 (0.1645)	0.1642 (0.2403)	0,2197
Голштино-фризская	1.2895 (0.4596)	1.1268 (0.2328)	11	28.95	0.0836 (0.1452)	0.1318 (0.2218)	0,2887
Калмыцкая	1.1579 (0.3695)	1.0976 (0.2608)	6	15.79	0.0562 (0.1426)	0.0837 (0.2068)	0,3561
Костромская	1.3421 (0.4808)	1.1504 (0.2884)	13	34.21	0.0907 (0.1651)	0.1385 (0.2413)	0,2651
Серая степная	1.1351 (0.3466)	1.0560 (0.1971)	5	13.51	0.0338 (0.1072)	0.0534 (0.1574)	0,2499
Черно-пестрая	1.3158 (0.4711)	1.1859 (0.3380)	12	31.58	0.1059 (0.1846)	0.1564 (0.2652)	0,3352
Якутская	1.2368 (0.4309)	1.1242 (0.2825)	9	23.68	0.0735 (0.1528)	0.1126 (0.2229)	0,3105
Ярославская	1.2973 (0.4634)	1.1351 (0.2707)	11	29.73	0.0836 (0.1549)	0.1291 (0.2301)	0,2812

Таблица 4

Параметры генного разнообразия по GA- маркеру

Порода	Абсолютное число аллелей (n _a)	Эффективное число аллелей (n _e)	Число полиморфных локусов	% полиморфных локусов	Генетическое разнообразие по (Nei, 1973)	Индекс разнообразия Шеннона (Lewontin, 1972)	PIC
Бестужевская	1.1842 (0.3929)	1.0909 (0.2453)	7	18.42	0.0540 (0.1356)	0.0823 (0.1986)	0,2931
Голштино-фризская	1.1316 (0.3426)	1.0484 (0.1618)	5	13.16	0.0315 (0.0984)	0.0504 (0.1496)	0,2392
Калмыцкая	1.0263 (0.1622)	1.0253 (0.1560)	1	2.63	0.0129	0.0180	0,4902
Костромская	1.0789 (0.2733)	1.0087 (0.0480)	3	7.89	0.0069 (0.0371)	0.0129 (0.0636)	0,0875
Серая степная	1 (0)	1 (0)	0	0	0	0	0
Черно-пестрая	1.2105 (0.4132)	1.1288 (0.2778)	8	21.05	0.0768 (0.1572)	0.1151 (0.2312)	0,3648
Якутская	1.1579 (0.3695)	1.0798 (0.2263)	6	15.79	0.0478 (0.1288)	0.0726 (0.1892)	0,3026
Ярославская	1.1842 (0.3929)	1.0571 (0.1853)	7	18.42	0.0361 (0.1065)	0.0581 (0.1593)	0,1960

Результаты, полученные по генетическому полиморфизму с использованием ISSR-маркера (AG)₉C, достаточно точно отражают как селекционную историю, так и современное состояние исследуемых пород С одной стороны, закрытые популяции с минимальной численностью (серый степной и якутский скот) и породы, которые находятся под «селекционным давлением», прежде всего, за счет отбора самцов (голштинофризский, черно-пестрый, ярославский и костромской скот), с другой — животные бурой швицкой породы (кавказский тип), где благодаря скрещиванию местного скота с завезенным швицким получена популяция, которая находится на стадии породной консолидации. Отчасти это подтверждается и данными, полученными по (GA)₉C праймеру.

Для оценки генетического разнообразия среди пород мы использовали традиционно применяемые методы оценки на популяционном уровне. Значения генетического разнообразия по Нею (1973) и Левонтину (1972) были сходными для ISSR-маркеров. Наибольшее

генетическое разнообразие по (AG)₉C праймеру выявлено у черно-пестрой, бурой швицкой (кавказский тип) и бестужевской пород. По (GA)₉C — у черно-пестрой, бестужевской и ярославской пород. На фоне параметров по разнообразию среди девяти пород своими низкими показателями выделяются серый степной и калмыцкий скот. Этот факт можно объяснить тем, что серый степной скот длительное время находится в изоляции и имеет по классификации ФАО по численности критический статус, иными словами, находится на грани выживания [7]. Выборка из калмыцкого скота, по всей видимости, получена из инбредной популяции.

Интересные данные по генетическому разнообразию получены по якутскому скоту. Если по (AG)₉C маркеру разнообразие по индексу Шеннона находится на уровне 0,1126 и соответствует ярославской и голштинофризской породам, то по (GA)₉C маркеру якутский скот входит в лидирующую тройку пород по показателям внутри популяционного разнообразия.

Наибольшее абсолютное число аллелей на locus (фрагмент ДНК) по $(AG)_nC$ праймеру отмечено у бурой швицкой (кавказский тип), бестужевской и костромской пород, соответственно 1,4737 (0,5052), 1,3947 (0,4977), 1,3421 (0,4808). Эффективное число аллелей оценивает величину, обратную гомозиготности, и представляет собой такое число аллелей, при одинаковой частоте которых в популяции гетерозиготность будет равна фактической. По этому параметру генного разнообразия можно сделать выводы, что все исследуемые популяции крупного рогатого скота обладают повышенным внутри- и межпопуляционным разнообразием.

По GA маркеру в тех породах, где выявлено наибольшее количество полиморфных loci (от 5 и 8) абсолютное и эффективное число аллелей различается незначительно.

В данной работе выполнен расчет индекса PIC (polymorphic information contents) по формуле [10] для диаллельных loci, для которых $PIC = 2f(1 - f)$, где f — частота одного из двух аллелей. Индекс PIC характеризует уровень ожидаемой гетерозиготностиTM loci — продуктов амплификации, исходя из представлений о том, что по каждому locus исследованная группа животных находится в равновесном состоянии, соответствующему закону Харди-Вайнберга. Полученные величины PIC для каждого loci спектра усредняли по всем ампликонам спектров одного праймера у исследованных групп животных.

Уровень ожидаемой гетерозиготности по выявленным ампликонам, фланкированным инвертированным повтором последовательности $(TC)_nG$, среди исследованных пород крупного рогатого скота показал, что по этому параметру калмыцкая (0,3561), чернопестрая (0,3352), якутская (0,3105) породы превосходят все остальные, а показатель PIC не зависит от количества (поли- или мономорфных) loci.

Для $(GA)_nC$ праймера показатели PIC резко отличались. Ожидаемая гетерозиготность у калмыцкой породы составила 0,4902, а у костромской — всего 0,0875 (см. табл. 4).

Заключение

Выполненные сравнительные исследования 49 полилокусных спектров фрагментов ДНК, фланкированных участками микросателлитных loci (ISSR-PCR) ряда пород крупного рогатого скота, позволили выявить консервативные loci, переменные участки, породоспецифические характеристики (спектры) на геномном и генофондном уровнях. Полученные нами данные свидетельствуют о том, что метод ISSR-фингерпринтинга позволяет выявлять породоспецифические loci и паттерны, иными словами, идентифицировать породы как по частоте встречаемости, так и по наличию того или иного loci ISSR-маркеров.

Наиболее консервативными оказались спектры ампликонов праймера $(GA)_nC$, наиболее изменчивыми — праймера $(AG)_nC$. Совместив спектры по частоте встречаемости 49 loci, полученных с помощью ISSR маркеров, определены «геномные профили» для девяти пород крупного рогатого скота.

Полученные данные при оценке межпородного и внутривидового разнообразия, выявленные закономерности по дифференциации пород на основе AG-ISSR и GA-ISSR-маркеров могут быть использованы для мониторинга и последующих анализа и коррекции селекционных процессов, происходящих в стадах с.-х. животных, а также в исследованиях филогенеза пород.

Анализ полиморфизма по AG и GA ISSR праймерам позволил выделить группы loci, которые могут использоваться для описания «породного стандарта» пород крупного рогатого скота, что крайне важно при чистопородном разведении и сохранении породы как резерва определенных наследственных качеств.

При этом предстоит выяснить функциональную значимость обнаруженных

отличий в количестве продуктов амплификации, их длин и полиморфизма в зависимости от корового мотива микросателлитного фрагмента. Однако уже сегодня можно со всей уверенностью утверждать, что выявленные геномные полилокусные спектры у пород крупного рогатого скота являются не случайными и маркируют не только видовые, но и

внутри породные аллельные сочетания, связанные как с происхождением, естественным и искусственным отбором, так и с пока неизвестными биологическими процессами. Комплекс этих факторов формирует породные особенности тех или иных групп животных, проявление которых мы видим на фенотипическом и генотипическом уровнях.

Библиографический список

1. Браунер А.А. Породы сельскохозяйственных животных: рогатый скот. Одесса: Изд. Наркомзема Украины, 1922.
2. Глазко В.И. Биохимическая генетика овец / Отв. ред. Баранов О.К. Новосибирск: Наука. Сиб. отд-ние, 1985.
3. Глазко В.И., Дымань Т.Н., Тарасюк С.И., Дубин А.В. Полиморфизм белков, RAPD-PCR и ISSR-PCR маркеров у зубров, бизонов и крупного рогатого скота // Цитология и генетика, 1999. Т. 33. № 6. С. 30-38.
4. Дмитриев Н.Г. Породы скота по странам мира. Ленинград, 1978.
5. Кисловский Д.А. Избранные сочинения. М.: Колос, 1965.
6. Макавеев Ц., Тянков С., Яблански Ц. Иммуногенетика в животноводстве. София: Земиздат, 1985.
7. Сулимова Г.Е., Столповский Ю.А., Рузина М.А., Захаров-Гезеосус И.А. Мониторинг генофондов популяций животных в связи с задачами селекции и изучением филогении / Биоразнообразие и динамика генофондов. М., 2008. С. 211-214.
8. ФАО, 2007. Состояние всемирных генетических ресурсов животных в сфере продовольствия и сельского хозяйства. Краткий отчет / Под ред. Д. Пиллинга и Б. Ришковски. Рим, 2007.
9. Харченко П.Н., Глазко В.И. ДНК технологии в развитии агробиологии / Под ред. член-корр. Б.Ф. Ванюшина. М.: Воскресенье, 2006.
10. Botstein D., White R.L., Scolnick M., Davis R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism // Am. J. Hum. Genet., 1980. Vol. 32. P. 314-331.
11. De Vries A., Overton M., Fetrow J., Leslie K., Eicker S., Rogers G. Exploring the Impact of Sexed Semen on the Structure of the Dairy Industry // J. Dairy Sci., 2008. V. 91. P. 847-856.
12. Funk D.A. Major Advances in Globalization and Consolidation of the Artificial Insemination Industry // J. Dairy Sci., 2006. V. 89. P. 1362-1368.
13. Lush J.L. Importance of Family Structure in the Dairy Cattle Population // J. Dairy Science, 1967. V. 51. N. 2. P. 296-306.
14. Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) — anchored polymerase chain reaction amplification // Genomics, 1994. 20. P. 176-183.

Рецензент — д. с.-х. н. Ю.А. Юлдашбаев

SUMMARY

395 heads of nine cattle breeds have been tested using DNA fragments polymorphism evaluations, flanked by inverted repeats of dinucleotide microsatellite loci (Ag)₉C and (GA)₉C. 49 loci are revealed, 40 loci being polymorphous. Pedigree differences according to both genotypes and alleles of DNA fragments, genetic diversity of genepools in compared breeds, have been found. Polylocus ISSR-markers (targets) are offered to determine pedigree specific characteristics of cattle gene pools.

Key words: polymorphism, cattle, DNA, PCR.