

бавки / А. А. Бойко, А. Г. Кощаев, Ю. А. Лысенко [и др.] // Ветеринария и кормление. – 2022. – № 3. – С. 8–11.

3. Шаталов В.А. Основы молочного козоводства. В помощь начинающим и опытным козоводам / Издательство Аквариум, 2018. – 128 с.

4. Терентьев, В.В. Терентьева, М.В., Максимова О.В. Домашнее овцеводство и козоводство: учебное пособие для вузов/ Под редакцией профессора П.П. Царенко. -2-е изд., – Санкт- Петербург: Лань, 2021 – 192с. – с.54-65.

5. Москаленко, Л.П. Козоводство: учебное пособие /Л.П.Москаленко, О. В. Филинская. – Санкт- Петербург: Лань, 2021 – 272с. – с.195-203.

УДК 636.4:636.082.11

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ СВИНЕЙ ПОРОД ДЮРОК, ЛАНДРАС И ЙОРКШИР НА ОСНОВЕ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ

Ягорлицкая Анастасия Александровна, студент, ФГБОУ ВО РГАУ – МСХА имени К.А. Тимирязева

Научный руководитель – Глущенко Марина Анатольевна, к.б.н., доцент ФГБОУ ВО РГАУ – МСХА имени К.А. Тимирязева

***Аннотация.** Оценка генетического разнообразия пород свиней с использованием современных методов анализа на основе микросателлитных маркеров актуальна при проведении эффективной селекционной работы с животными.*

***Ключевые слова:** породы свиней, микросателлитные маркеры, частоты аллелей и генотипов.*

Введение. Оценка генетического разнообразия животных с использованием метода ПЦР - анализа микросателлитных локусов в настоящее время широко применяется по всему миру, позволяя создавать базы данных генотипов живых организмов и в подробностях изучать их, устанавливая родство между особями, узнавая больше о признаках продуктивности и механизмах их наследования [1, 2]. Становится возможной более точная оценка межпородных отличий, что позволяет сохранять генетическое разнообразие и использовать полученные данные при совершенствовании существующих и выведении новых пород и типов сельскохозяйственных животных.

Целью данной работы является характеристика групп свиней пород дюрок, ландрас и йоркширская по микросателлитным маркерам.

Материал и методы исследования. Исследования проводились в лаборатории АО «Агроплем» (г. Москва). Генетический мониторинг и анализ характеристик свиней пород дюрок, ландрас и йоркшир был проведен по полученным данным после проведения ПЦР диагностики на основе микро-

сателлитных локусов для 46 голов породы дюрок, 45 голов - ландрас и 58 голов йоркширской породы.

Для проведения исследования использовался набор реагентов «GeneProfile Pig», предназначенный для генетической идентификации и определения родства свиней, в основе которого лежит мультиплексная амплификация 15 STR-локусов (SW24, SW0101, SO386, S0005, SW72, S0090, SW951, SW936, SW857, S0355, SW240, S0228, SW911, S0227, S0155) с последующим анализом длин выделенных ПЦР-продуктов методом капиллярного электрофореза.

Праймеры для ПЦР подобраны с учетом проведения амплификации всех исследуемых локусов в одной пробирке. Размер амплифицируемых ПЦР продуктов находится в диапазоне от 90 до 275 пар нуклеотидов (с учетом всех известных аллелей). Разделение ампликонов, полученных в результате ПЦР, проводится методом капиллярного электрофореза с использованием автоматических генетических анализаторов.

Результаты и их обсуждение. Анализ генетической структуры по 15 микросателлитным маркерам у свиней пород дюрок, ландрас и йоркшир показал, что количество аллелей в исследованных локусах варьирует и составляет от 3 до 14 (табл. 1).

Таблица 1

Характеристика частот аллелей у исследуемых групп свиней

STR-Локус	Аллель	Частоты аллелей		
		Дюрок	Ландрас	Йоркшир
SW24	100	-	-	0,034
	106	0,402	0,267	-
	112	0,076	0,033	0,224
	114	-	-	0,095
	118	-	0,700	0,647
	122	0,522	-	-
SW0101	200	-	0,011	0,250
	212	0,022	0,267	0,293
	214	0,978	0,533	0,164
	215	-	0,022	-
	216	-	0,167	0,293
SO386	167	0,022	0,911	-
	169	0,891	-	0,241
	177	0,087	0,078	0,759
	267	-	0,011	-
S0005	213	-	0,056	0,371
	227	-	0,333	0,009
	231	-	0,044	0,302
	239	-	-	0,069
	241	-	0,056	-
	243	-	-	0,250
	247	0,446	-	-
	251	-	0,500	-
	253	0,011	-	-
	255	0,272	-	-
	271	0,033	-	-
	273	0,141	-	-
	275	0,098	-	-
	511	-	0,011	-
SW936	94	0,011	-	0,017
	96	-	0,389	0,448
	98	-	-	0,009
	102	0,543	-	-
	108	0,337	0,611	0,517
	110	0,109	-	0,009
	142	-	0,033	0,293
SW857	148	0,011	-	-
	150	0,109	0,156	0,034
	152	0,087	0,211	0,483
	154	-	-	0,009
	156	0,793	-	-
	158	-	0,589	0,181
	160	-	0,011	-
S0355	247	1,000	0,922	0,147
	251	-	0,011	0,138
	275	-	0,067	0,716
SW240	98	-	-	0,060
	100	0,522	0,056	0,017
	102	0,141	0,511	0,828
	112	-	0,067	-
	114	0,337	-	-
	116	-	0,011	0,095
	118	-	0,356	-
S0228	226	0,750	0,689	0,250
	228	-	0,211	0,664
	232	0,250	0,100	-
	244	-	-	0,086
SW911	156	0,109	0,444	0,009

SW72	103	0,043	0,122	0,147
	105	0,065	-	-
	111	-	-	0,207
	113	0,620	0,500	0,457
	115	0,250	-	0,190
	119	-	0,378	-
S0090	133	0,022	-	-
	232	0,011	-	-
	246	0,043	0,956	0,371
	248	-	-	0,198
	250	0,924	0,044	0,431
SW951	252	0,022	-	-
	123	0,098	0,744	0,336
	125	0,630	0,256	0,629
	129	0,272	-	-
	131	-	-	0,034

	160	0,880	0,556	0,681
	166	-	-	0,293
	168	-	-	0,017
	170	0,011	-	-
	232	0,891	0,900	0,724
S0227	244	-	0,089	0,267
	256	0,087	0,011	-
	257	0,022	-	-
	1232	-	-	0,009
S0155	152	-	0,167	0,319
	158	0,674	-	-
	162	-	0,144	0,017
	164	0,304	0,689	0,664
	166	0,022	-	-

Анализ генетической структуры групп свиней по 15 микросателлитным локусам позволил исследовать суммарно 88 аллелей. В группе свиней породы дюрок суммарное число обнаруженных аллелей составило 49, в породе ландрас было исследовано 50 аллелей, а в породе йоркшир – 55. Варьирующее число аллелей может свидетельствовать как о генетическом разнообразии внутри группы, так и о влиянии различного объема сравниваемых выборок.

Наиболее высокую степень полиморфизма у породы дюрок наблюдали в локусе S0005, а наименьшую - в локусе S0355 (табл. 2). У породы ландрас самый высокий полиморфизм наблюдается в локусе S0005, а самый низкий - в локусах S0090, SW951, SW936 и SW911. У породы йоркшир наиболее высокая степень полиморфизма отмечена в локусе S0005, а наименьшая в локусе S0386.

В оценке породной принадлежности и генетического разнообразия животных также использовалась характеристика числа частных аллелей.

Таблица 2

**Полиморфизм 15 микросателлитных локусов свиней
пород дюрок, ландрас и йоркшир**

Порода	Локус	N_a	N_E	I
Дюрок	SW24	3	2,274	0,902
	SW0101	2	1,044	0,105
	S0386	3	1,246	0,398
	S0005	6	3,299	1,379
	SW72	5	2,208	1,041
	S0090	4	1,168	0,342
	SW951	3	2,080	0,872
	SW936	4	2,376	0,988
	SW857	4	1,541	0,686
	S0355	1	1,000	-
	SW240	3	2,465	0,982
	S0228	2	1,600	0,562
	SW911	3	1,270	0,402
	S0227	3	1,246	0,398
	S0155	3	1,827	0,711
	Всего аллелей	В среднем по породе		

Порода	Локус	N_a	N_E	I
	49	3,267±0,316	1,776±0,170	0,651±0,098
Ландрас	SW24	3	1,779	0,716
	SW0101	5	2,605	1,121
	SO386	3	1,196	0,333
	S0005	6	2,707	1,222
	SW72	3	2,453	0,971
	S0090	2	1,093	0,182
	SW951	2	1,614	0,568
	SW936	2	1,906	0,668
	SW857	5	2,399	1,093
	S0355	3	1,170	0,305
	SW240	5	2,530	1,102
	S0228	3	1,890	0,815
	SW911	2	1,976	0,687
	S0227	3	1,222	0,360
	S0155	3	1,911	0,835
	Всего аллелей	В среднем по породе		
	50	3,333±0,333	1,897±0,144	0,732±0,086
Йоркшир	SW24	4	2,090	0,957
	SW0101	4	3,829	1,362
	SO386	2	1,578	0,553
	S0005	5	3,381	1,301
	SW72	4	3,236	1,281
	S0090	3	2,759	1,051
	SW951	3	1,960	0,774
	SW936	5	2,132	0,853
	SW857	5	2,833	1,178
	S0355	3	1,810	0,794
	SW240	4	1,433	0,619
	S0228	3	1,959	0,830
	SW911	4	1,818	0,732
	S0227	3	1,678	0,627
	S0155	3	1,843	0,706
	Всего аллелей	В целом по породе		
	55	3,667±0,232	2,289±0,189	0,908±0,069

В таблице 3 представлена информация по числу приватных аллелей в изучаемых группах. В породе дюрок по сравнению с другими породами обнаружено максимальное число приватных аллелей в локусе S0005 – 6 аллелей. В группе свиней ландрас также самое большое количество аллелей в локусе S0005 – 3. В породе йоркшир наибольшее численное значение приватных аллелей наблюдалось в локусах SW24, S0005, SW911 – по 2 аллеля в каждом.

Отсутствие приватных аллелей в некоторых локусах у всех трёх пород свидетельствует о некотором породном генетическом сходстве и меньшей изолированности и консолидации друг от друга по этим локусам.

Таблица 3

Характеристика приватного числа аллелей в исследуемых группах свиней

Локус	Число приватных аллелей и их наименование			
	Дюрок	Ландрас	Йоркшир	Итого
SW24	1	-	2	3
SW0101	-	1	-	1
SO386	-	1	-	1
S0005	6	3	2	11

Локус	Число частных аллелей и их наименование			
	Дюрок	Ландрас	Йоркшир	Итого
SW72	2	1	1	4
S0090	2	-	1	3
SW951	1	-	1	2
SW936	1	-	1	2
SW857	2	1	1	4
S0355	-	-	-	0
SW240	1	2	1	4
S0228	-	-	1	1
SW911	1	-	2	3
S0227	1	-	1	2
S0155	2	-	-	2
Итого	20	9	14	43

Изучение генетических характеристик свиней трёх исследуемых групп показало 100% изолированность пород друг от друга (рис. 1), что говорит о соответствии свиней заявленной породной принадлежности – животные дюрок, ландрас и йоркшир со 100% вероятностью отнесены к собственной популяции. Это может нам говорить о том, что исследованное поголовье получено с помощью чистопородного разведения.

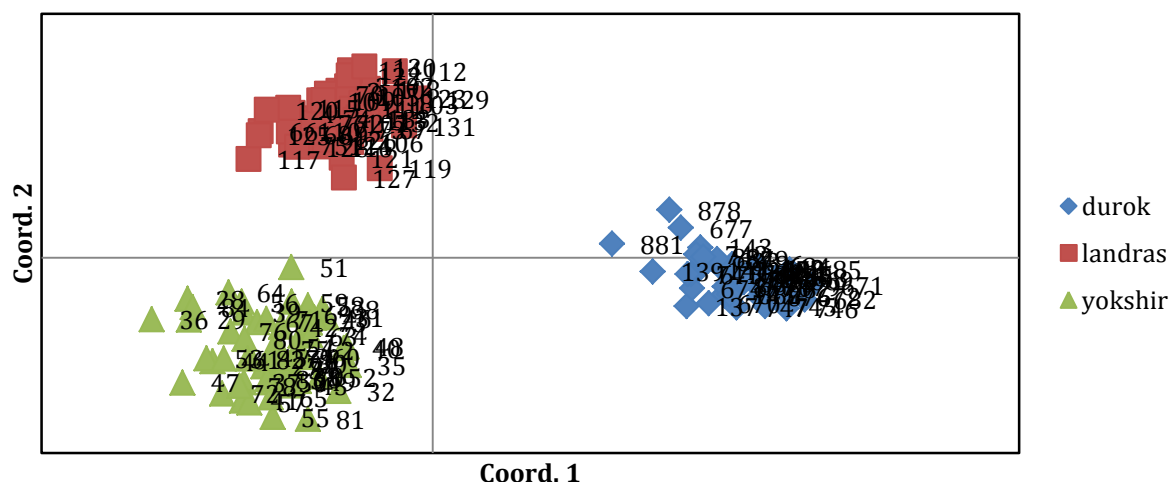


Рис. 1. Принадлежность изученных животных к разным породным группам.

Выводы. Исследованные животные трех разных пород свиней – дюрок, ландрас и йоркширская характеризуются генетическим разнообразием как внутри, так и между породами.

Библиографический список

1. Акопян Н. А., Харзинова В. Р., Чыдым С. М., Жучаев К. В., Костюнина О. В., Зиновьева Н. А. Генетический анализ митохондриальной и ядерной ДНК свиней кемеровской породы // Животноводство и кормопроизводство. 2019. №4. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/geneticheskiy-analiz-mitochondrialnoy-i-yadernoy-dnk-sviney-kemerovskoy-porody> (дата обращения: 01.10.2024).

2. Гладырь Е. А., Эрнст Л. К., Костюнина О. В. Изучение генома свиней (*Sus scrofa*) с использованием ДНК-маркеров // С.-х. биол., Сельхозбио-

логия, S-h biol, Sel-hoz biol, Sel'skokhozyaistvennaya biologiya, Agricultural Biology. 2009. №2. URL: <https://cyberleninka.ru/article/n/izuchenie-genoma-sviney-sus-scrofa-s-ispolzovaniem-dnk-markerov> (дата обращения: 01.10.2024).

УДК 619:616.993:638.15

ВАРРОАТОЗ ПЧЕЛ В ЗАПАДНО-КАЗАХСТАНСКОЙ ОБЛАСТИ

Кушалиев К.Ж., Западно-казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана

Баянтасова С.М., Западно-казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана

Нуржанова Ф.Х., Западно-казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана

Валитова Н.В., Восточно-Казахстанский технический университет имени Д. Серикбаева»

Каиргалиева Г.З., Западно-казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана

Сатыбаев Б.Г., Западно-казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана

Кожаева А.Р., Западно-казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана

Мендыбаева Э.Р., Западно-казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана

***Аннотация.** В настоящее время одним из серьезнейших препятствий на пути развития пчеловодства продолжают оставаться болезни пчел, вызываемые различными клещами, вирусами, микроорганизмами, чему сопутствуют нарушения при содержании пчел и проведении профилактических мероприятий. Правильная и своевременная диагностика болезней пчел на ранних стадиях упростит лечение пчелиной семьи, сохранит ей жизнь, остановит распространение болезни по всей пасеке. В результате эпизоотического мониторинга пчелосемей Западно-Казахстанской области выявлено, что 90% пчелосемей поражены различными болезнями, имеющими эпизоотологическое и экономическое значение. Они снижают способность пчел к медосбору и наносят огромный экономический ущерб. Работа проводилась на пасеках, расположенных в Байтерекском районе Западно-Казахстанской области.*

***Ключевые слова:** пчеловодство, пасеки, пчелосемьи, клещи, варроатоз.*

Введение. Болезни пчел, в том числе инвазионные, наносят большой вред пчеловодству и в последние десятилетия получили широкое распространение на пасеках многих уголках мира, как за рубежом, так и в Казахстане. В результате чего пасечники недополучают продукцию, которая широко используется как ценнейшее высококачественное диетическое