

ОСОБЕННОСТИ АЛЛЕЛОФОНДА БАШКИРСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ СИММЕНТАЛЬСКОГО СКОТА ПО МИКРОСАТЕЛЛИТАМ*

И.Ю. ДОЛМАТОВА¹, Н.А. ЗИНОВЬЕВА², П.В. ГОРЕЛОВ², А.Д. ИЛЬЯСОВ¹,
Е.А. ГЛАДЫРЬ², А.А. ТРАСПОВ^{1, 2}, В.И. СЕЛЦОВ²

Аллелофонд башкирской популяции симментальского скота исследовали по 12 локусам микросателлитов в сравнении с чистопородными (новосибирская, орловская, австрийская) и голштинизированной популяциями. Показано, что при относительно невысоком уровне генетического разнообразия ($7,08 \pm 0,72$ против $7,08-8,83$ аллелей на локус) у башкирской популяции число эффективных аллелей ($4,11 \pm 0,37$ против $3,17-4,00$ аллелей на локус) было больше, чем у остальных изученных чистопородных популяций. Доля межпопуляционных различий (F_{st}) составила 3,9 %. Обнаружен наибольший вклад башкирской популяции в общую изменчивость по микросателлитам. Установлен высокий коэффициент подобию (Q) индивидуумов башкирской популяции по сравнению с другими исследованными популяциями скота ($84,6 \pm 2,2$ % против $36,3-74,9$ %). Филогенетический анализ выявил формирование башкирской популяцией самостоятельной ветви на генеалогическом дереве.

Ключевые слова: микросателлиты, симментальская порода крупного рогатого скота, биоразнообразие.

Keywords: microsatellites, Simmental cattle, biodiversity.

Поддержание генетического разнообразия в породах сельскохозяйственных животных служит предпосылкой эффективного ведения селекционно-племенной работы как в отдельных стадах, так и с породой в целом (1).

Оценка всего спектра разнообразия, создание генетических паспортов пород требует изучения как можно большего числа географически удаленных популяций. Существенный вклад в характеристику аллельного разнообразия пород вносят региональные популяции, формирование аллелофонда которых в большинстве случаев происходило в условиях относительной географической изоляции на основе местного скота с собственным уникальным аллелофондом (2, 3). Кроме того, на генетическую изменчивость региональных популяций определенное влияние оказывают специфические для каждого из регионов абиотические факторы.

В качестве инструмента для изучения вопросов популяционной и эволюционной генетики находят применение ДНК-маркеры (1, 4), к наиболее распространенным типам которых относятся микросателлиты (3, 5). Показана их прикладная значимость в характеристике новых типов скота (6), в оценке состояния популяций (7), контроле и управлении структурой стад (8).

Симментальская порода крупного рогатого скота представляет собой одну из основных пород молочно-мясного направления продуктивности. По данным Всемирной федерации симментальского скота (World Simmental Fleckvieh Federation — WSFF), в мире насчитывается около 40 млн гол. скота этой породы. В животноводческих хозяйствах Республики Башкортостан симментальская порода — вторая по численности.

Целью настоящей работы было сравнительное исследование аллелофонда башкирской популяции симментальского скота с использованием микросателлитов.

Методика. Материалом для исследований служили образцы ткани

* Исследования выполнены при финансовой поддержке Минобрнауки РФ, проекты № 16.512.11.2212 и № 14.740.12.0821.

(ушной выщип) коров баймакского типа симментальского скота (ОПХ «Баймакское», Республика Башкортостан) (SIM_B, $n = 80$). Для сравнения использовали образцы биологического материала коров, принадлежащих к популяциям симментальского скота из Сибири (SIM_SIB, $n = 156$), Орловской области (SIM_OR, $n = 56$) и Австрии (SIM_A, $n = 89$), а также голштинизированной популяции симментальского скота (SIM_H, $n = 147$), хранящиеся в Центре биотехнологии и молекулярной диагностики Всероссийского НИИ животноводства (ВИЖ). Выделение ДНК и амплификацию микросателлитов (TGLA126, TGLA122, TGLA227, ILST005, ILST006, ETH185, ETH10, ETH225, BM1818, BM1824, BM2113, SPS115) проводили с использованием макета тест-системы для генетической экспертизы крупного рогатого скота (ООО «Биострим», Россия). Детекцию результатов осуществляли с помощью генетического анализатора ABI Prism 3130xl («Applied Biosystems», США).

Статистическую обработку данных выполняли по Б. Вейру (9), используя пакет Microsoft Excel 2007 с плагином GenAlEx v. 6.4. Для определения популяционной принадлежности особей по методу J.K. Pritchard с соавт. (10) применяли программное обеспечение Structure (v. 2.3.1). Анализ проводили с указанием наиболее вероятного числа популяций ($k = 5$). Вычисления осуществляли в соответствии с admixture model и correlation model без введения предварительной информации о популяционной принадлежности особей, принимая коэффициент подобия (Q), равный 75 %, в качестве порогового значения генетической принадлежности особи к популяции. Генетические дистанции рассчитывали по М. Nei с соавт. (11).

Результаты. Анализ аллельных профилей микросателлитов показал отсутствие достоверных различий в разнообразии между изучаемыми популяциями симментальского скота (рис. 1).

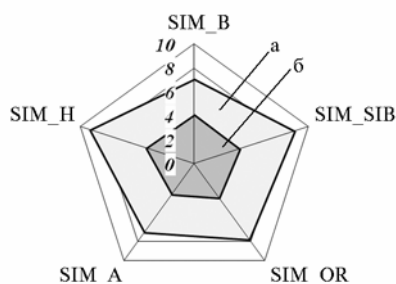


Рис. 1. Характеристика генетического разнообразия изучаемых популяций симментальского скота по микросателлитам: башкирская (SIM_B), сибирская (SIM_SIB), орловская (SIM_OR), австрийская (SIM_A) чистопородные и голштинизированная (SIM_H) популяции симментальского скота; а — среднее число аллелей на локус (N_a), б — число эффективных аллелей на локус (N_e).

Среднее число аллелей на локус микросателлитов варьировало от $7,08 \pm 0,58$ в австрийской и $7,08 \pm 0,72$ в башкирской популяциях до $9,17 \pm 1,07$ в популяции голштинизированного симментальского скота и в среднем по всем популяциям составило $9,00 \pm 0,37$. Башкирская популяция при относительно невысоком уровне генетического разнообразия характеризовалась наибольшим числом эффективных аллелей на локус ($4,11 \pm 0,37$) по сравнению с другими чистопородными популяциями, в которых величина этого показателя варьировала от $3,17 \pm 0,24$ до $4,00 \pm 0,47$. Более высокие значения общего числа аллелей и числа эффективных аллелей на локус микросателлитов в популяции голштинизированного симментальского скота, по всей видимости, обусловлены объединением аллелофонда двух пород (симментальской и голштинской красно-пестрой).

Анализ аллельных профилей по микросателлитным локусам выявил различный вклад последних в межпопуляционную изменчивость (рис. 2). Наименьшей генетической межпопуляционной вариабельностью

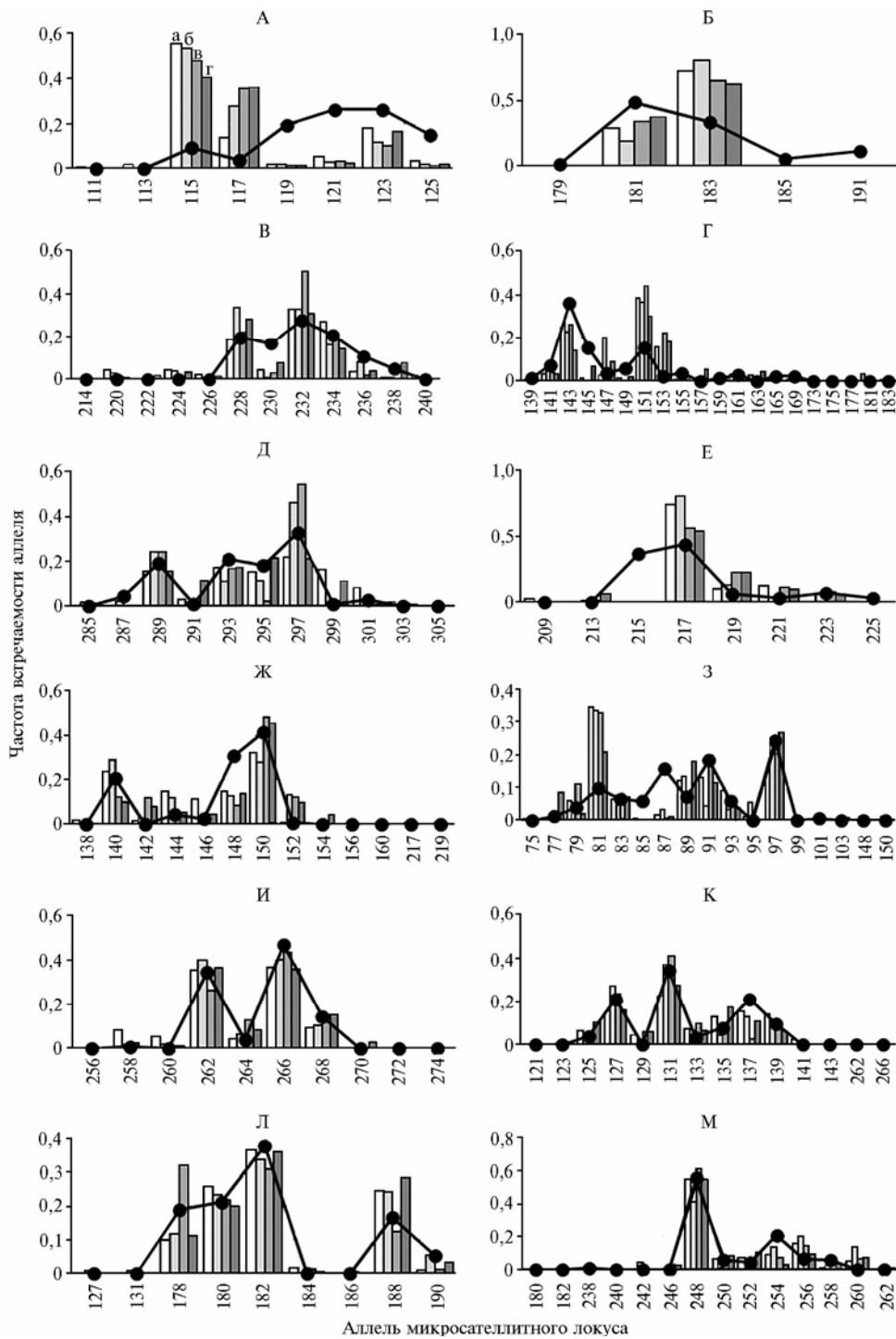


Рис. 2. Сравнительная характеристика аллельных профилей башкирской популяции симментальского скота (график) по локусам микросателлитов: А-М — соответственно TGLA126, ILST005, ETN185, TGLA122, ILST006, ETN10, ETN225, TGLA227, BM1818, BM2113, BM1824, SPS115; а, б, в, г — соответственно сибирская (SIM_SIB), орловская (SIM_OR), австрийская (SIM_A) чистопородные и голштинизированная (SIM_H) популяции симментальского скота.

характеризовался локус BM1818 (индекс фиксации F_{st} равнялся 1,0 %), относительно невысокие значения F_{st} были отмечены для локусов BM1824, BM2113, SPS115, ETN185 и TGLA227 (соответственно 1,6; 1,9; 2,3; 2,3 и

2,6 %). Наибольший вклад в межпопуляционную изменчивость вносили локусы ILST005, ETH10 и TGLA126 (величина F_{st} соответственно 7,5; 8,2 и 8,8 %). В целом на долю межпопуляционных различий приходилось 3,9 % общей изменчивости по микросателлитам.

Наибольший вклад в изменчивость вносила башкирская популяция симментальского скота: значения F_{st} при парном сравнении с популяциями SIM_SIB, SIM_OR, SIM_A и SIM_H составили соответственно 3,6; 4,5; 3,8 и 2,9 %, в то время как в парах SIM_SIB–SIM_OR, SIM_SIB–SIM_A, SIM_SIB–SIM_H, SIM_OR–SIM_A, SIM_OR–SIM_H и SIM_A–SIM_H значения этого показателя были заметно ниже — соответственно 1,2; 1,8; 1,2; 1,8; 1,9 и 1,4 %.

Результаты кластерного анализа показали высокую степень генетической консолидации башкирской популяции симментальского скота: коэффициент подобия (Q) в среднем составил $84,6 \pm 2,2$ %. У 86,3 % животных значение этого коэффициента было выше 75 % (рис. 3) (для сравнения: величина Q в популяциях SIM_SIB, SIM_OR, SIM_A и SIM_H равнялась соответственно $59,1 \pm 2,4$; $45,2 \pm 4,4$; $74,9 \pm 2,2$ и $36,3 \pm 3,2$ %).

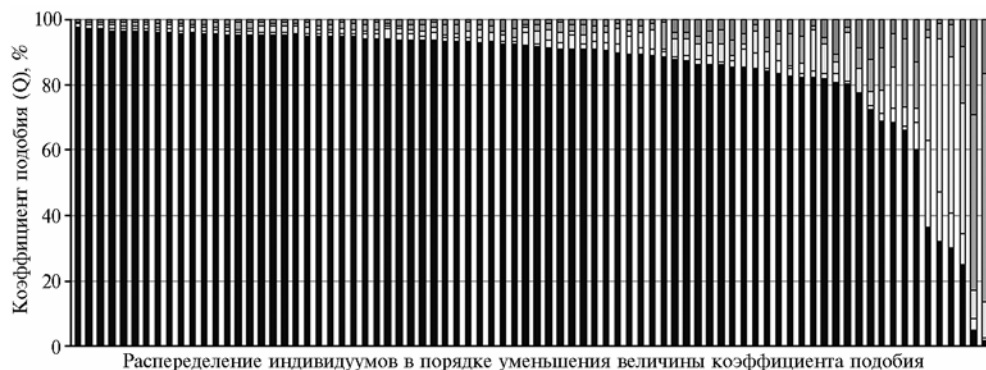


Рис. 3. Кластеризация пяти изученных популяций симментальского скота (сибирская, орловская, австрийская, башкирская чистопородные и голштинизированная). Индивидуумам соответствуют столбики диаграммы, дифференцированные по пяти вариантам окраски ($k = 5$) в соответствии с числом анализируемых популяций.

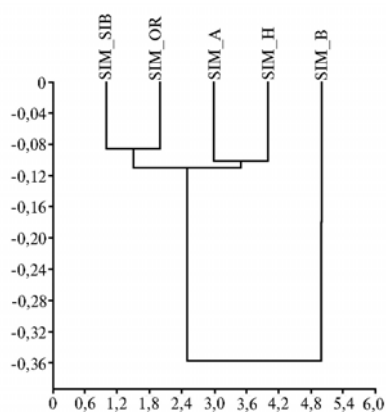


Рис. 4. Дендрограмма филогенетического родства пяти популяций симментальского скота, построенная на основании значений генетических дистанций по М. Неи с соавт. (11) с использованием парно-группового метода для невзвешенных средних (UMPGA): сибирская (SIM_SIB), орловская (SIM_OR), австрийская (SIM_A) чистопородные и голштинизированная (SIM_H) популяции.

Анализ структуры генеалогического дерева, построенного по М. Неи с соавт. (11), выявил формирование башкирской популяцией самостоятельной ветви (рис. 4), что указывает на участие в ее создании животных иного происхождения.

Таким образом, исследование пяти популяций симментальского скота (четырех чистопородных и одной голштинизированной) продемонстрировало существенный вклад башкирской популяции в общую изменчивость аллелофонда микросателлитов. Полученные данные указывают на необходимость вовлечения региональных популяций в работы по генетическому мониторингу пород крупного рогатого скота.

ЛИТЕРАТУРА

1. Марзанов Н.С., Саморуков Ю.В., Ескин Г.В., Насибов М.Г., Марзанова Л.К., Канатбаев С.Г., Букаров Н.Г. Сохранение биоразнообразия. Генетические маркеры и селекция животных. С.-х. биол., 2006, 4: 3-19.
2. Герчиков Н.П. Крупный рогатый скот. М., 1958.
3. Tapio M., Ozerov M., Tapio I., Togo M.A., Marzanov N.S., Ginkulov M., Goncharenko G., Kiselyova T., Murawski M., Kantanen J. Microsatellite-based genetic diversity and population structure of domestic sheep in northern Eurasia. BMC Genetics, 2010, 11: 76-86.
4. Сулимова Г.Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения. Усп. совр. биол., 2004, 124(3): 260-271.
5. Tautz D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. Nucl. Acids Res., 1989, 17: 6463-6471.
6. Стрекозов Н.И., Зиновьева Н.А., Горелов П.В., Листратенкова В.И., Коновалова Е.Н., Чернушенко В.К., Эрнст Л.К. Генетическая характеристика созданных типов скота бурой швицкой и сычевской пород с использованием полиморфизма микросателлитных локусов. С.-х. биол., 2009, 2: 10-15.
7. Зиновьева Н.А., Стрекозов Н.И., Молофеева Л.А. Оценка роли ДНК-микросателлитов в генетической характеристике популяции черно-пестрого скота. Зоотехния, 2009, 1: 2-4.
8. Проскурина Н.В., Тихомирова Т.И., Гладырь Е.А., Ларионова П.В., Зиновьева Н.А. Сравнительный анализ информативности эритроцитарных антигенов и ДНК-микросателлитов в селекционно-племенной работе со свиньями канадской селекции. С.-х. биол., 2007, 6: 41-47.
9. Вейр Б. Анализ генетических данных. М., 1995.
10. Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 2000, 155: 945-959.
11. Nei M., Tajima F., Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. J. Mol. Evol., 1983, 19: 153-170.

¹ФГБОУ ВПО Башкирский государственный аграрный университет,
450001 г. Уфа, ул. 50-летия Октября, 34,
e-mail: dolmat@list.ru;

²ГНУ Всероссийский НИИ животноводства
Россельхозакадемии,
142132 Московская обл., Подольский р-н, пос. Дубровицы,
e-mail: n_zinovieva@mail.ru

Поступила в редакцию
7 октября 2011 года

ALLELE POOL CHARACTERISTICS OF BASHKIRIA POPULATION OF SIMMENTAL CATTLE USING MICROSATELLITES

I.Yu. Dolmatova¹, N.A. Zinovieva², P.V. Gorelov², A.D. Il'yasov¹, E.A. Gladyr²,
A.A. Traspov^{1, 2}, V.I. Sel'tsov²

S u m m a r y

The allele pool study of Bashkiria population of Simmental cattle using twelve microsatellite loci comparing to pure breed (Novosibirsk, Orel and Austrian) and holstenized populations was carried out. It was shown that Bashkiria population comparing to other pure breed populations under relative low level of genetic diversity (7.08 ± 0.72 against 7.08-8.83 alleles per loci) was characterized by the highest number of effective alleles (4.11 ± 0.37 against 3.17-4.00 alleles per loci). The differences among population (F_{st}) were 3.9 per cent. The highest contribution of Bashkiria population into the total variability of microsatellites was shown. The highest value of similarity coefficient (Q) of individuals of Bashkiria population comparing to other populations was observed: 84.6 ± 2.2 against 36.3-74.9 per cent. The phylogenetic analysis showed the forming of the separate branch of Bashkiria population on the genealogical tree.

Новые книги

Кирилов М.П., Первов Н.Г., Виноградов В.Н., Косолапов В.М. и др. **Кормовые ресурсы животноводства: классификация, состав и питательность кормов.** М.: ФГНУ «Росинформагротех», 2009, 404 с.

Представлен классификатор кормов (авторы А.С. Аникин, Н.Г. Первов, М.П. Кирилов, В. В. Пузанова), дана краткая характе-

ристика показателей питательности кормовых средств (энергетическая ценность, протеин, минеральные вещества, витамины и др.), приведены таблицы химического состава и питательности кормов в среднем по Российской Федерации и Северо-Западному, Центральному, Приволжскому, Южному, Уральскому, Сибирскому и Дальневосточному федеральным округам.