DOI: 10.48612/sbornik-2026-1-61
УДК: 636.32/38.082.1

АНАЛИЗ АЛЛЕЛОФОНДА ДЛИННОШЕРСТНЫХ ОВЕЦ КУБАНСКОГО ЗАВОДСКОГО ТИПА ПОРОДЫ ЛИНКОЛЬН С ПОМОЩЬЮ STR-МАРКЕРОВ

Куликова Анна Яковлевна, д-р с.-х. наук
Ковалюк Наталья Викторовна, д-р биол. наук
Кулешова Елена Алексеевна, канд. биол. наук
Волченко Анастасия Евгеньевна, канд. биол. наук
Якушева Людмила Ивановна, канд. биол. наук
Шахназарова Юлия Юрьевна
ФГБНУ «Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии», г. Краснодар, Российская Федерация

Изучен микросателлитный профиль овец и выявлено генетическое разнообразие аллелофонда овец кубанского заводского типа породы линкольн на основе генотипирования 12 микросателлитных локусов: *CSRD247, ETH152, INRA005, INRA006, INRA063, INRA023, INRA172, MAF065, MAF214, McM042, McM527, OarFCB20* проведен анализ ассоциаций их полиморфизма с продуктивными качествами субпопуляции замкнутого типа. В породе овец кубанский линкольн, выявлены 68 аллелей (17 редких) с частотой встречаемости 5,67 на локус, эффективных – 3,78, индексы: H-ind (0,733) указывает на высокую полиморфность локусов, Fis (- 0,44) – на гетерозиготность и отсутствие инбридинга в генофондной субпопуляции.

Ключевые слова: овцы; микросателлитные локусы; генетическое разнообразие; полиморфизм; аллелофонд субпопуляций

ANALYSIS OF THE ALLELE POOL OF LONG-WOOL SHEEP OF THE KUBAN STUD TYPE OF THE LINCOLN BREED USING STR MARKERS

Kulikova Anna Yakovlevna, Dr. Agr. Sci.
Kovalyuk Natalya Viktorovna, Dr. Biol. Sci.
Kuleshova Elena Alekseevna, Ph.D. Biol. Sci.
Volchenko Anastasia Evgenievna, PhD. Biol. Sci.
Yakusheva Lyudmila Ivanovna, PhD. Biol. Sci.
Shakhnazarova Yulia Yurievna
Krasnodar Research Centre for Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Krasnodar, Russian Federation

The microsatellite profile of sheep was studied and the genetic diversity of the allele pool of sheep of the Kuban stud type of the Lincoln breed was revealed based on the genotyping of 12 microsatellite loci: *CSRD247, ETH152, INRA005, INRA006, INRA063, INRA023, INRA172, MAF065, MAF214, McM042, McM527, OarFCB20*, an analysis of the associations of their polymorphism with the productive qualities of the closed-type subpopulation was carried out. In the Kuban Lincoln sheep breed, 68 alleles (17 rare) were identified with a frequency of 5.67 per locus, and an effective frequency of 3.78. The indices: H-ind (0.733) indicates high polymorphism of the loci, and Fis (-0.44) indicates heterozygosity and the absence of inbreeding in the gene pool subpopulation.

Keywords: sheep; microsatellite loci; genetic diversity; polymorphism; allele pool of subpopulations

Доминирующее положение в современном промышленном животноводстве занимают породы, разведение которых является экономически выгодным. В молочном скотоводстве – это голштинская, айрширская породы, в овцеводстве – породы интенсивного типа мясного направления продуктивности. По данным ФАО (Food and Agricultural Organiza-

tion) в системе мировых генетических ресурсов насчитывается более 7 тысяч пород, однако, по разным причинам происходит сокращение породного разнообразия. Так, в процессе создания сырьевой базы для шерстеперерабатывающей промышленности за счет поглотительного скрещивания грубошерстных пород овец тонкорунными и полутонкорунными, были утеряны более 60 ценнейших грубошерстных и полугрубошерстных пород и отродий, хорошо приспособленных к разведению в горных, высокогорных, пустынных и полупустынных зонах страны [2, 5, 6].

Программы разведения районированных пород выполняются в основном на основе производственных показателей пробандов, их потомства, предков и возможности их использования, для чистопородного разведения и скрещивания. Стратегия селекции с использованием ДНК-маркеров в животноводстве в настоящее время значительно ускорит генетический прогресс желательных производственных признаков, особенно тех, которые трудно измерить или они проявляются только в позднем возрасте. Поскольку основные хозяйственно-полезные признаки формируются под влиянием аддитивных генов (суммарных), то отбор с помощью ДНК-маркеров с учетом всего генома гарантирует большую надежность и исключает повторное их определение в каждом поколении.

Маркерная селекция является современным перспективным направлением в животноводстве, позволяющим результативно использовать выявленные генетические маркеры, ассоциированные с хозяйственно-значимыми признаками и повысить эффективность селекционной работы. Известно, что история интенсивного изучения и поиска возможного использования различных систем генетических маркеров в селекции сельскохозяйственных животных насчитывает более 50 лет. В настоящее время существует 9 типов различных систем генетических маркеров, с помощью которых изучены основные виды домашних животных, за исключением ДНК – маркеров (повторяющихся фракций геномной ДНК) – микросателлитов. Микросателлиты наследуются в поколениях и являются нейтральными маркерами с высоким уровнем полиморфизма, что позволяет использовать их при оценке дивергенции (отклонений) в популяции, а также определения филогенетических связей субпопуляций. В этой связи, разработка методов выявления микросателлитных маркеров для оценки аллелофонда пород молочного скота и полутонкорунных овец интенсивного типа является актуальным и вызывает большой интерес к изучению генетических механизмов формирования адаптации к технологии содержания, устойчивости к болезням, сохранению уровня продуктивности и возможности избежать инбредную депрессию при разведении малочисленных субпопуляций и генофондных стад [1, 4, 5].

Методика исследований. В исследованиях на овцах биологическим материалом для молекулярно-генетического исследования послужили образцы криоконсервированной кожи из уха 50 овцематок кубанских линкольнов генофондного хозяйства ФГБНУ КНЦЗВ. Для выделения ДНК из биобразцов использованы наборы реагентов Diatom™ DNA Prep100 «ООО» (izo Genelab) г. Москва.

Генотипирование проводилось с использованием набора реагентов для мультиплексного анализа CorDIS Sheep (ООО «Гордиз» РФ), рекомендованного Международным обществом генетики животных (International Society of Animal Genetics, ISAG) который анализирует полиморфизм микросателлитов по 12 локусам: *CSRD247, ETH152, INRA005, INRA006, INRA063, INRA023, INRA172, MAF065, MAF214, McM042, McM527, OarFCB20*. Генетико-статистический анализ проведен с помощью математических формул программы Microsoft Excel. Определение размеров выявленных генотипов ДНК в исследуемых локусах выполнен при помощи программы Gene Mapper ID 3.2.

Результаты исследований и их обсуждения. Анализ ДНК в генофонде длинношерстных овец кубанского заводского типа породы линкольн выполняется впервые. В результате выполненных исследований получены предварительные данные об аллельной структуре 12 STR-локусов у овец полутонкорунной породы кубанский линкольн (КЛ). Генотипированием по 12 локусам микросателлитов, расположенных на аутосомах овцематок породы КЛ идентифицированы 68 аллелей. В породе овец определены 16 редких аллелей с частотой встречаемости 5 % и менее, что составляет 23,5 % от общего количества выявленных аллелей (таблица 1).

Количество редких аллелей для STR-

локусов INRA005, INRA006, INRA023, McM042 и CSRD247 не превышала двух, и их наличие не оказало существенного влияния на величину показателя эффективных аллелей (Ne) из числа выявленных, при среднем их значении равном 3,78±0,175 (C_v=38,1 %).

Максимальное количество редких аллелей длиной от 89 п.н. до 103 п.н. наблюдали в локусе McM042 (4,4 %). Аллели с частотой встречаемости от 5 % до 30 % составляли 55,9 % (38 аллелей), а более 30 % – 14 аллелей или 20,5 %.

В исследуемых STR-локусах овец КЛ аллели отличаются высокой вариабельностью частот встречаемости от 0,01±0,01 до 0,65±0,048 (или от 1,0 % до 65,0 %). Число аллелей в каждом локусе варьировало от 3 до 9, при среднем значении 5,67±0,215 на локус, с изменчивостью C_v=31,2 %. Наибольшее число аллелей наблюдалось в аутосомных локусах: INRA005 (8 аллелей), длиной от 125 п.н. до 151 п.н., INRA023 (9 аллелей) длиной от 198 п.н. до 218 п.н., McM527 (7 аллелей) длиной от 164 п.н. до 176 п.н., CSRD247 (6 аллелей) длиной от 213 п.н. до 237 п.н., INRA006 (6 аллелей) длиной от 110 п.н. до 134 п.н. и McM042 (6 аллелей) длиной 81 п.н. до 103 п.н., что свидетельствует о высокой полиморфности локусов.

Таблица 1 – Описание микросателлитных маркеров CorDIS Shep и идентифицированных аллелей у кубанских линкольнов

STR	Локализация (хромосома)	Структура единицы повтора	Аллели с частотой встречаемости (P), %		
			P ≤ 5	5 < P < 30	P ≥ 30
CSRD247	14	(CA)n	223; 233	227; 235; 237	213
ETH152	3	(AC)n	-	186; 188; 192; 198	190
INRA005	10	(GT)n	125; 151	127; 131; 135; 137; 141; 143	–
INRA006	1	(CA)n	114; 124	110; 116; 132	134
INRA023	3	(AC)n	212; 218	198; 200; 204; 206; 208; 214; 216	–
INRA063	14	(AC)n	–	189	169; 175
INRA172	22	(TG)n	126	160; 162	154; 164
MAF065	15	(CA)n	–	127; 129	125
MAF214	16	(GT)n	187; 223	183; 191	189
McM042	9	(AC)n	89; 97;103	95	81; 87
McM527	5	(TG)n	168	164; 170; 172; 174; 176	166
OarFCB20	2	(TG)n	89	101; 105	91; 93

При определении частот встречаемости аллелей локусов оказалось, что 58 % животных являются носителями аллеля 175 локуса INRA063, у 55 % особей распространен аллель 125 локуса MAF065, у 65 % – аллель 189 (MAF214) (таблица 2).

Число эффективных аллелей варьировало – от 2,0 (MAF214) до 7,18 в STR-локусе INRA023. Показатель наблюдаемой гетерозиготности (Ho) находился в интервале от 0,56 (MAF214) до 0,96 (INRA023). Совокупность гетерозиготных генотипов (показатель *H-ind*) в исследуемой субпопуляции овец породы КЛ составлял 0,733±0,033, что связано с высокой полиморфностью STR-локусов. Средняя величина наблюдаемой гетерозиготности на 4,4 % выше ожидаемой (He=0,702±0,029), что свидетельствует об отсутствии дефицита носителей гетерозигот, за исключением локуса CSRD247, где ожидаемая гетерозиготность превышает наблюдаемую (He>Ho) на 6,1 %.

В генетической идентификации овец показатель PIC служит мерой внутрипородного разнообразия и зависит от числа выявленных аллелей и частот их распределения. Показатель меры информационного полиморфизма (PIC) исследуемых локусов в породе овец КЛ составил 0,7, а в STR-локусах INRA005 и INRA023 величина PIC>0,8, что характеризует их высокую информационную значимость для характеристики генетических различий внутри субпопуляции. Наименьшие показате-

ли PIC имели STR – локусы INRA063 (0,54), MAF065 (0,59) и MAF214 (0,51). Для изолированной субпопуляции овец породы КЛ, где ремонт стада, в ряде поколений проводился за счет собственной репродукции с применением схемы ротации родительских пар, определение индекса фиксации Fis, указывающего на недостаток или избыток гетерозиготности внутри субпопуляции, является обязательным элементом селекции (таблица 3).

Таблица 2 – Вариативность аллелей в локусах овец породы кубанский линкольн

Локус	Длина аллеля (п.н.), частота встречаемости (Р)									
CSRD247	п.н.	213	223	227	233	235	237	–	–	–
	Р	0,40	0,05	0,29	0,01	0,11	0,14	–	–	–
ETH152	п.н.	186	188	190	192	198	–	–	–	–
	Р	0,21	0,11	0,42	0,16	0,11	–	–	–	–
INRA005	п.н.	125	127	131	135	137	141	143	151	–
	Р	0,03	0,09	0,08	0,17	0,17	–	–	–	–
INRA006	п.н.	110	114	116	124	132	134	–	–	–
	Р	0,27	0,03	0,12	0,05	0,21	0,32			
INRA023	п.н	198	200	204	206	208	212	214	216	218
	Р	0,18	0,06	0,16	0,15	0,12	0,03	0,13	0,15	0,02
INRA063	п.н.	169	175	189	–	–	–	–	–	–
	Р	0,34	0,58	0,08	–	–	–	–	–	–
INRA172	п.н.	126	154	160	162	164	–	–	–	–
	Р	0,02	0,37	0,08	0,14	0,43	–	–	–	–
MAF065	п.н.	125	127	129	–	–	–	–	–	–
	Р	0,55	0,20	0,25	–	–	–	–	–	–
MAF214	п.н	183	187	189	191	223	–	–	–	–
	Р	0,07	0,02	0,65	0,25	0,01	–	–	–	–
McM042	п.н.	81	87	89	95	97	103	–	–	–
	Р	0,38	0,31	0,05	0,21	0,01	0,04	–	–	–
McM527	п.н.	164	166	168	170	172	174	176	–	–
	Р	0,26	0,39	0,05	0,07	0,08	0,07	0,08	–	–
OarFCB20	п.н.	89	91	93	101	105	–	–	–	–
	Р	0,01	0,39	0,30	0,19	0,11	–	–	–	–

Таблица 3 – Генетическая характеристика овцематок кубанский линкольн по STR-локусам

STR	Количество аллелей		Гетерозиготность		PIC	Fis
	выявленных Na	эффективных Ne	наблюдаемая Ho	ожидаемая He		
CSRD247	6	3,6	0,68	0,7216	0,7216	+0,058
ETH152	5	3,75	0,78	0,7333	0,733	-0,064
INRA005	8	5,6	0,88	0,8224	0,8205	-0,070
INRA006	6	4,2	0,72	0,7628	0,7628	+0,056
INRA023	9	7,18	0,96	0,8572	0,855	-0,115
INRA063	3	2,2	0,62	0,5416	0,5416	-0,145
INRA172	5	3,4	0,74	0,7046	0,7046	-0,050
MAF065	3	2,5	0,65	0,595	0,595	-0,042
MAF214	5	2,0	0,56	0,5101	0,5101	-0,098
McM042	6	3,46	0,72	0,7114	0,7114	-0,012
McM527	7	4,08	0,80	0,7552	0,7552	-0,059
OarFCB20	5	3,4	0,72	0,7096	0,7096	-0,014
По субпопуляции	68	3,78	0,733	0,702	0,7017	-0,044

Отрицательные значения индекса Fis в изучаемых STR-локусах подтверждают, что выбранная система разведения генофондного стада овец породы КЛ обеспечивает гетерозиготность генотипов и возможный рост продуктивности. Положительные значения коэффициента индивидуальной фиксации (Fis>0) рассчитаны для STR CSRD247(+0,058) и INRA006 (+0,056), указывающие на дефицит гетерозигот, у 10 STR-локусов(Fis<0), что свидетельствует о высоком уровне гетерозиготности субпопуляции.

По данным А. Ю. Криворучко и др. (2024) у овец северокавказской мясошерстной породы в локусе INRA 023 определен уникальный аллель 214 с частотой встречаемости 0,16, а в породе КЛ - 0,13. Количество эффективных аллелей в СК породе составляло 5,4, у КЛ – 3,8. Внутрипородная изменчивость по показателю PIC оказалось близкой и составляла у овец СК - 0,77, а КЛ – 0,70, что свидетельствует о высокой информационной ценности микросателлитов в качестве маркеров пород [3].

Выводы. В полутонкорунном овцеводстве изолированных субпопуляций овец на примере породы КЛ, где ремонт стада в ряде поколений проводился за счет собственной репродукции с применением схемы ротации родительских пар, определение индекса фиксации Fis, указывающего на недостаток или избыток гетерозиготности внутри субпопуляции, является обязательным элементом селекции. Отрицательные значения индекса Fis в изучаемых STR-локусах подтверждают, что выбранная система разведения генофондного стада овец породы КЛ обеспечивает гетерозиготность генотипов и возможный рост продуктивности. Положительные значения коэффициента индивидуальной фиксации (Fis>0) рассчитаны для STR CSRD247(+0,058) и INRA006 (+0,056), указывающие на дефицит гетерозигот, у 10 STR-локусов (Fis<0), что свидетельствует о высоком уровне гетерозиготности субпопуляции.

Список литературы

1. Исакова Ж. Т. Исследование генетического разнообразия в популяции кыргызского горного мериноса с использованием микросателлитных локусов / Ж. Т. Исакова, А. Б. Бектуров, Т. Д. Чортонбаев [и др.] // Генетика. – 2023. – Т. 59. – № 1. – С. 89–96.

2. Концепция развития племенного животноводства Российской Федерации до 2020 года. – URL: http://www.myshared/ru/slide/327388/ (дата обращения: 07.04.2026).

3. Криворучко А. Ю. Использование микросателлитных локусов для генетической идентификации овец шерстного направления продуктивности в Ставропольском крае / А. Ю. Криворучко, А. В. Скокова, Л. Н. Скорых [и др.] // Животноводство и кормопроизводство. – 2024. – № 107 (2). – С. 71–84.

4. Матюков В. С. Микросателлитный профиль, гетерозиготность и фертильность овец / В. С. Матюков, Я. А. Жариков, Л. А. Канева // Аграрный вестник Урала. – 2024. – Т. 24. – № 4. – С. 510–521.

5. Ульянов А. Н. К проблеме сохранения генофондных стад овец кубанского заводского типа породы линкольн / А. Н. Ульянов, А. Я. Куликова // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2016. – № 1. – С. 17–20.

6. ФАОСТАТ. Статистический отдел. Продовольственная и сельскохозяйственная организация Объединенных Наций. – URL: http://www.fao.org/poisk (дата обращения: 13.10.2020).