

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ПОПУЛЯЦИИ АБОРИГЕННОГО ЯКУТСКОГО СКОТА ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ЛОКУСАМ

^{1,2} Л.Н. Владимиров, доктор биологических наук, профессор

¹ В.А. Мачахтырова, кандидат биологических наук, доцент

¹ Г.Н. Мачахтыров, кандидат биологических наук

¹ Я.Л. Шадрина, кандидат ветеринарных наук

¹ С.И. Заровняев, научный сотрудник

¹ В.Н. Лукин, научный сотрудник

¹ М.Г. Слепцова, соискатель

¹ Якутский научно-исследовательский институт сельского хозяйства им. М.Г. Сафронова, Якутск, Россия

² Академия наук Республики Саха (Якутия), Якутск, Россия

E-mail: varvara-an@mail.ru

Ключевые слова: якутский аборигенный скот, микросателлиты, аллели, локусы, гетерозиготность.

Реферат. Приведены результаты анализа генетической характеристики по 15 микросателлитным локусам современной популяции якутского скота генофондного предприятия ГКП РС(Я) «Якутский скот». Якутский аборигенный скот, считающийся одной из уникальных местных пород в России, представлен малочисленной популяцией. Она отличается исключительно высокой морозостойкостью (вплоть до -60°C), неприхотливостью к условиям содержания и выносливостью к недостаточному уровню питания. Сравнительную оценку аллелофонда якутского скота провели по субпопуляциям семи хозяйств: «Саккырыр» Эвено-Бытантайского улуса, «Кылыс» Горного улуса, «Таастаах» Намского улуса, «Куллэги» Амгинского улуса, «Онхой» Верхневилуйского улуса, «Акана» Нюрбинского улуса и «Сымах» Мегино-Кангаласского улуса. Всего были проанализированы данные по 898 головам чистопородного якутского скота. По результатам анализа установлено, что во всех 15 микросателлитных локусах якутского скота распространен полиморфизм аллелей – от 3 до 10. Наиболее полиморфным является локус TGLA53, в котором имеется 10 аллелей, несмотря на это число эффективных аллелей в данном локусе всего 2,76. С наибольшей частотой в данном локусе встречается аллель 160 (0,534), с наименьшей – 188 (0,009). В локусах BM1818, INRA023 установлено наименьшее количество аллелей – 3. Из всех проанализированных локусов с наибольшей частотой отмечается аллель 256 локуса SPS115 с частотой встречаемости 0,733. Самые редкие аллели встречались с частотой 0,002 и 0,004. В среднем число аллелей на локус аборигенного якутского скота составило $5,91 \pm 0,46$, что свидетельствует о достаточно высокой консолидированности популяции местного чистопородного якутского скота и о наименьшем генетическом разнообразии имеющегося поголовья местного скота по сравнению с культурными породами. Всего у популяции якутского скота выявлено 90 аллелей.

GENETIC DIVERSITY OF THE POPULATION OF ABORIGINAL YAKUT CATTLE BY MICROSATELLITE LOCUSES

^{1,2} L.N. Vladimirov, Doctor of Biological Sciences, Professor

¹ V.A. Machakhtyrova, Candidate of Biological Sciences, Assistant Professor

¹ G.N. Machakhtyrov, Candidate of Biological Sciences

¹ Y.L. Shadrina, Candidate of Veterinary Sciences

¹ S.I. Zarovnyev, Researcher

¹ V.N. Lukin, Researcher

¹ M.N. Sleptsova, Applicant

¹ Yakut Scientific Research Institute of Agriculture named after M.G. Safronova, Yakutsk, Russia

² Academy of Sciences of the Republic of Sakha (Yakutia), Yakutsk, Russia

E-mail: varvara-an@mail.ru

Keywords: Yakut aboriginal cattle, microsatellites, alleles, loci, heterozygosity

Abstract. *The results of the analysis of genetic characteristics for 15 microsatellite loci of the modern population of Yakut cattle of the gene pool enterprise of the State Enterprise of the Republic of Sakha (Yakutia) “Yakut Cattle” are presented. Yakut aboriginal cattle, considered one of the unique local breeds in Russia, are represented by a small population. It is distinguished by exceptionally high frost resistance (down to -60°C), unpretentiousness to living conditions and tolerance to insufficient nutrition. A comparative assessment of the allele pool of Yakut cattle was carried out on subpopulations of 7 farms: “Sakkyryr” of the Eveno-Bytantaisky ulus, “Kyls” of the Gorny ulus, “Taastaakh” of the Namsky ulus, “Kullegi” of the Amginsky ulus, “Onkhai” of the Verkhnevilyuyusky ulus, “Akana” of the Nyurbinsky ulus and “Symakh” Megino-Kangalassky ulus. In total, data on 898 heads of purebred Yakut cattle were analyzed. Based on the results of the analysis, it was established that in all 15 microsatellite loci of Yakut cattle, polymorphism of alleles is widespread - from 3 to 10. The most polymorphic is the TGLA53 locus, which has 10 alleles, despite this the number of effective alleles in this locus is only 2.76. Allele 160 (0.534) occurs with the highest frequency at this locus, and 188 (0.009) with the lowest frequency. In loci BM1818, INRA023, the smallest number of alleles was found – 3. Of all the analyzed loci, allele 256 of the SPS115 locus is observed with the highest frequency with an occurrence frequency of 0.733. The rarest alleles occurred with a frequency of 0.002 and 0.004. On average, the number of alleles per locus of indigenous Yakut cattle was 5.91 ± 0.46 , which indicates a fairly high consolidation of the population of local purebred Yakut cattle and the lowest genetic diversity of the existing population of local cattle compared to cultivated breeds. A total of 90 alleles were identified in the Yakut cattle population.*

Аборигенные местные породы крупного рогатого скота, разводимые на севере Евразии, отличаются высокой степенью адаптации к суровым климатическим условиям. Коренные породы крупного рогатого скота являются важными генетическими ресурсами с культурным и историческим наследием, и поэтому характеристика генетического разнообразия является одной из важных составляющих их сохранения.

Якутская порода крупного рогатого скота, выведенная методом многовековой народной селекции, обладает уникальной способностью выживать в экстремальных природно-климатических условиях субарктической и арктической зон, привлекая тем самым в течение длительного времени внимание исследователей [1–4]. Аборигенный якутский скот относят к турано-монгольской группе, которая объединяет породы, несущие в себе генетические компоненты как европейского, так и азиатского происхождения. Для изучения аллелофонда якутского скота были использованы различные молекулярно-генетические инструменты, включая микросателлиты [5, 6], полиморфизмы мтДНК, Y-хромосомальные полиморфизмы [7], SNP-маркеры [8–10], полногеномное секвенирование [11]. Несмотря на многочисленные исследования аллелофонда породы, ее происхождение остается до конца невыясненным [12]. Так, при проведении исследований с использованием микросателлитов и полногеномного набора SNP-маркеров все авторы установили низкий уровень внутрипопуляционного разно-

образия по сравнению с другими породами [5, 9, 10]. Однако имеются результаты, где, напротив, полногеномное секвенирование выявило более высокий уровень внутрипопуляционной изменчивости у якутского скота по сравнению с другими тауриновыми породами [11].

В результате многолетней направленной работы по коренному улучшению продуктивных качеств якутского скота путем скрещивания с культурными породами численность чистопородного скота в Якутии снизилась к началу 2000-х гг. до менее чем 1 тыс. голов [4]. Принимаемые в настоящее время меры государственной поддержки по сохранению популяции якутского скота позволяют несколько увеличить численность его поголовья. Следует отметить, что все проведенные до настоящего времени генетические исследования якутского скота проводились на относительно малых выборках, что не позволяло в полной мере оценить его генофонд. В популяции якутского скота могут содержаться присущие только ему уникальные предковые генетические сочетания.

В этой связи целью исследования является проведение анализа генетического разнообразия популяции якутского скота по микросателлитным локусам.

ОБЪЕКТЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Объектом исследования является якутский скот. Анализ генетической характеристики современной популяции якутского скота

проведен по 15 микросателлитным локусам (BM1818, BM1824, BM2113, Csm60, Csm66, ETN10, ETN225, ETN3, ilsts6, INRA023, SPS115, TGLA122, TGLA126, TGLA227, TGLA53) по данным, предоставленным ГКП РС(Я) «Якутский скот». Сравнительную оценку аллелофонда провели по семи хозяйствам генфондного предприятия «Якутский скот»: «Саккырыр» Эвено-Бытантайского улуса (246 голов), «Кылыс» Горного улуса (105 голов), «Таастаах» Намского улуса (240 голов), «Кул-лэги» Амгинского улуса (123 головы), «Онхой» Верхневилуйского улуса (43 головы), «Акана» Нюрбинского улуса (88 голов), «Сымах» Мегино-Кангаласского улуса (53 головы). Всего были проанализированы данные по 898 живот-

ным. При оценке определяли число аллелей на локус, частоту встречаемости аллелей, степень наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности, F_{is} -коэффициент по общепринятым методикам. Статистическая обработка проведена по стандартным методам с использованием программного обеспечения GenAIEх 6.5.

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Установлено, что во всех 15 микросателлитных локусах якутского скота распространен полиморфизм аллелей – от 3 до 10 (табл. 1). Наиболее полиморфным является локус TGLA53, в котором имеется по 10 аллелей.

Таблица 1

Характеристика 15 микросателлитных локусов якутского скота
Characteristics of 15 microsatellite loci of Yakut cattle

Микросателлитный локус	Аллели	N_a	N_e	Число информативных аллелей*
BM1818	262–266	3	1,77	2
BM1824	178–188	4	1,74	4
BM2113	125–139	6	3,66	5
Csm60	92–114	8	3,14	3
Csm66	179–199	7	3,14	3
ETN10	215–225	5	2,27	3
ETN225	140–158	7	2,82	4
ETN3	117–127	5	2,91	4
ilsts6	288–298	6	4,01	6
INRA023	206–214	3	1,98	3
SPS115	248–260	4	1,56	4
TGLA122	141–177	6	3,93	5
TGLA126	113–124	7	4,38	5
TGLA227	77–97	9	4,82	5
TGLA53	154–188	10	2,76	5
Среднее на локус	–	6,00±0,53	2,99±0,27	4,07±0,29

Примечание. N_a – число аллелей на локус; N_e – эффективное число аллелей на локус; *число информативных аллелей, встречающихся с частотой от 5% и выше.

С наибольшей частотой в данном локусе встречается аллель 160 (0,534), с наименьшей – 188 (0,009). В локусах BM1818, INRA023 установлено наименьшее количество аллелей – 3, в них с наибольшей частотой встречались микросателлиты 266 (0,665) и 182 (0,644), с наименьшей – аллели 264 (0,016) и 208 (0,068)

соответственно. Из всех проанализированных локусов с наибольшей частотой встречался аллель 256 локуса SPS115 с частотой встречаемости 0,733. Самые редкие аллели встречались с частотой 0,006.

Следует отметить, что при сравнении с показателями высокопродуктивной голштинизи-

рованной черно-пестрой породы, выяснили, что 182 пн локуса BM1824 (0,732) и 256 пн локуса SPS115 (0,628), имеющие у якутского скота высокую степень встречаемости, у данной культурной породы имеют редкую встречаемость, тогда как остальные указанные аллели с высокой частотой также имеют высокую встречаемость у голштинизированного черно-пестрого скота [13, 14].

Наименьшая встречаемость (0,002) отмечена у аллелей 154 пн локуса TGLA53 и (0,004) у аллелей 106 пн локуса csrm60; 199 пн локуса cssm66; 91 пн локуса TGLA227; 113 пн локуса TGLA126. Выяснено, что в каждом локусе есть аллели и наиболее часто встречающиеся, и редкие, которые имеются только у единичных особей, частота встречаемости которых составляет от 0,002 до 0,008. Кроме того, аллель 113 пн локуса TGLA126 совсем не встречается у высокопродуктивного голштинизированного скота [13, 14].

В среднем число аллелей на локус аборигенного якутского скота составило $5,91 \pm 0,46$, что свидетельствует о достаточно высокой консолидированности популяции местного чистопородного якутского скота и о наимень-

шем генетическом разнообразии имеющегося поголовья местного скота по сравнению с культурными породами. У популяции якутского скота выявлено 90 аллелей, типичных для данной породы, что подтверждается другими ранее проведенными исследованиями [3, 6, 15].

Сравнительный анализ якутского скота по хозяйствам показывает, что они различаются по числу аллелей (67–86) и уровню полиморфности (4,47–5,73). При сравнении хозяйств можно отметить, что у массива якутского скота Эвено-Бытантайского улуса аллелофонд включает 86 аллелей, среднее число аллелей на локус составило 6,13 (рис. 1).

Самое меньшее количество аллелей встречается у поголовья хозяйства «Онхой» – 67 и хозяйства «Сымах» – 77, среднее число аллелей на локус составило 4,47 и 5,13 соответственно.

Вариация числа аллелей в отдельных локусах микросателлитов популяции якутского скота составило от трёх (BM1818, INRA023) до десяти (TGLA53). При этом более высокая степень полиформности установлена в хозяйствах «Саккырыр» Эвено-Бытантайского улуса (5,73), «Кылыс» Горного и «Таастаах» Намского улусов (по 5,60).

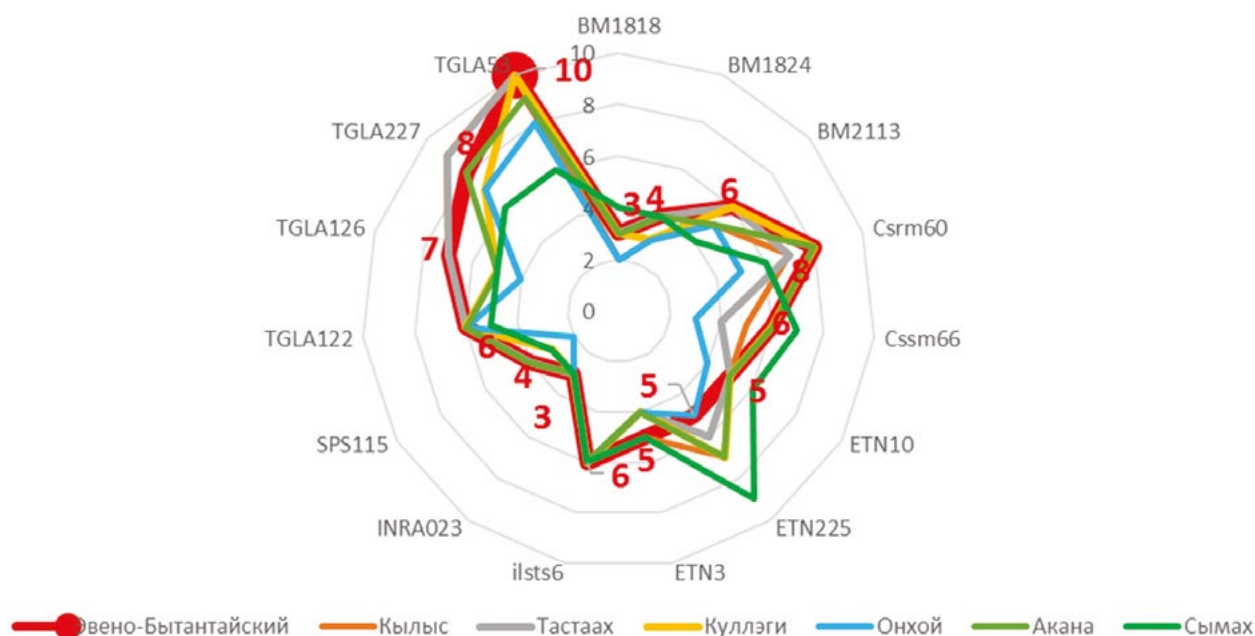


Рис. 1. Сравнительная характеристика полиморфизма микросателлитов по хозяйствам ГКП РС(Я) «Якутский скот»

Comparative characteristics of microsatellite polymorphism on the farms of the State Enterprise of the Republic of Sakha (Yakutia) "Yakut Cattle"

В ходе анализа установлено, что количество гетерозиготных особей выше, чем гомозиготных по 12 локусам (рис. 2). По трем локусам выявлено превосходство гомозиготных животных: BM1818 – 56 %, BM1824 – 54,9 %, и

самая большая доля гомозиготного скота по локусу SPS115 – 62,0 %. По локусу INRA023 также отмечается достаточно высокий уровень гомозиготных животных – 47,2 %.

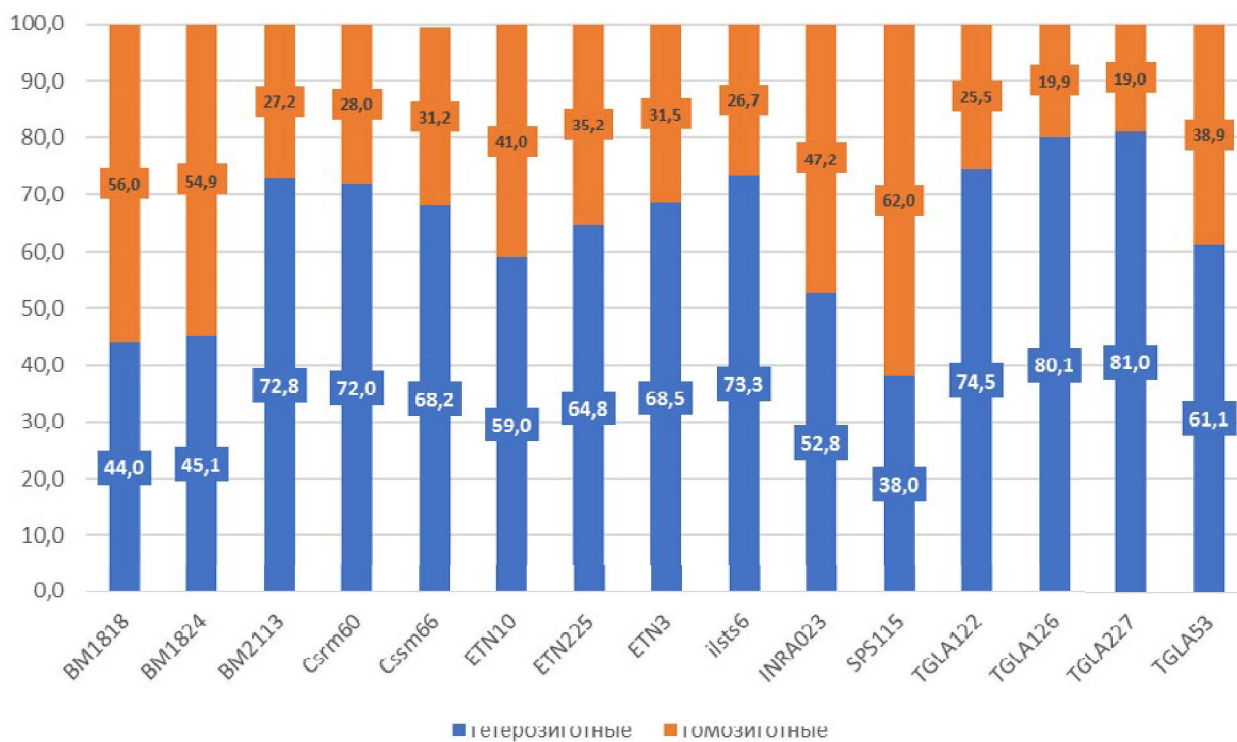


Рис. 2. Структура популяции якутского скота по гомозиготности микросателлитных локусов ($n = 898$)
Population structure of Yakut cattle by homozygosity of microsatellite loci ($n = 898$)

Наибольшая степень гетерозиготности наблюдается по локусу TGLA227 и TGLA53 – выше 80,1 и 80,0 % соответственно, что обусловлено высокой полиморфностью данных локусов. В среднем по популяции якутского скота гетерозиготность составила 63,7 %, гомозиготность – 36,3 %, что указывает на меньшее генетическое разнообразие аборигенного скота.

При сравнении количества гетерозиготных и гомозиготных животных по хозяйствам выяс-

нили, что по локусу BM1818 и BM1824 во всех стадах наблюдается превосходство гомозиготных особей (табл. 2). По локусу SPS115 высокая гомозиготность отмечается по хозяйствам «Кылыс», «Таастаах», «Онхой», «Акана» и «Сымах». По локусу ETN10 также отмечается достаточно высокий уровень количества гомозиготных животных: в хозяйстве Акана – 50 %, в других – выше 40 %.

Таблица 2
Структура якутского скота по гомозиготности микросателлитных локусов по хозяйствам ($n = 898$)
Structure of Yakut cattle according to homozygosity of microsatellite loci by farm ($n = 898$)

Локус	«Саккырыр»		«Кылыс»		«Таастаах»		«Куллэги»		«Онхой»		«Акана»		«Сымах»	
	гетерозиготные	гомозиготные	гетерозиготные	гомозиготные	гетерозиготные	гомозиготные	гетерозиготные	гомозиготные	гетерозиготные	гомозиготные	гетерозиготные	гомозиготные	гетерозиготные	гомозиготные
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
BM1818	0,488	0,512	0,457	0,543	0,325	0,675	0,390	0,610	0,419	0,581	0,409	0,591	0,547	0,453

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
BM1824	0,451	0,549	0,381	0,619	0,379	0,621	0,480	0,520	0,488	0,512	0,432	0,568	0,358	0,642
BM2113	0,703	0,297	0,762	0,238	0,700	0,300	0,707	0,293	0,837	0,163	0,625	0,375	0,755	0,245
Csrm60	0,695	0,305	0,762	0,238	0,700	0,300	0,659	0,341	0,628	0,372	0,648	0,352	0,679	0,321
Cssm66	0,671	0,329	0,857	0,143	0,667	0,333	0,699	0,301	0,605	0,395	0,648	0,352	0,623	0,377
ETN10	0,598	0,402	0,552	0,448	0,575	0,425	0,585	0,415	0,558	0,442	0,500	0,500	0,547	0,453
ETN225	0,614	0,386	0,705	0,295	0,521	0,479	0,764	0,236	0,581	0,419	0,636	0,364	0,698	0,302
ETN3	0,744	0,256	0,667	0,333	0,663	0,338	0,610	0,390	0,628	0,372	0,602	0,398	0,679	0,321
ilsts6	0,707	0,293	0,762	0,238	0,713	0,288	0,846	0,154	0,860	0,140	0,705	0,295	0,660	0,340
INRA023	0,626	0,374	0,581	0,419	0,538	0,463	0,309	0,691	0,512	0,488	0,534	0,466	0,358	0,642
SPS115	0,508	0,492	0,305	0,695	0,333	0,667	0,512	0,488	0,116	0,884	0,318	0,682	0,434	0,566
TGLA122	0,780	0,220	0,810	0,190	0,792	0,208	0,659	0,341	0,744	0,256	0,716	0,284	0,717	0,283
TGLA126	0,756	0,244	0,752	0,248	0,917	0,083	0,919	0,081	0,767	0,233	0,705	0,295	0,585	0,415
TGLA227	0,789	0,211	0,781	0,219	0,846	0,154	0,789	0,211	0,791	0,209	0,818	0,182	0,736	0,264
TGLA53	0,309	0,691	0,448	0,552	0,908	0,092	0,846	0,154	0,698	0,302	0,648	0,352	0,604	0,396

Высокая гомозиготность отмечается в основном по тем локусам, которые отличаются низким полиморфизмом – от 3 до 5. Вполне вероятно, что это указывает на снижение генетического разнообразия и повышение степени инбридинга, и в дальнейшей работе по составлению плана селекционной работы необходимо учесть данный факт.

Анализ гетерозиготности указывает на животных, несущих разные аллели, и степень наблюдаемой гетерозиготности служит показателем генетической изменчивости в популяциях. Гетерозиготность имеет положительное значение для адаптации животных к изменяющимся условиям среды, что подтверждается многочисленными исследованиями. Отмечено, что у гетерозигот повышена жизнеспособность.

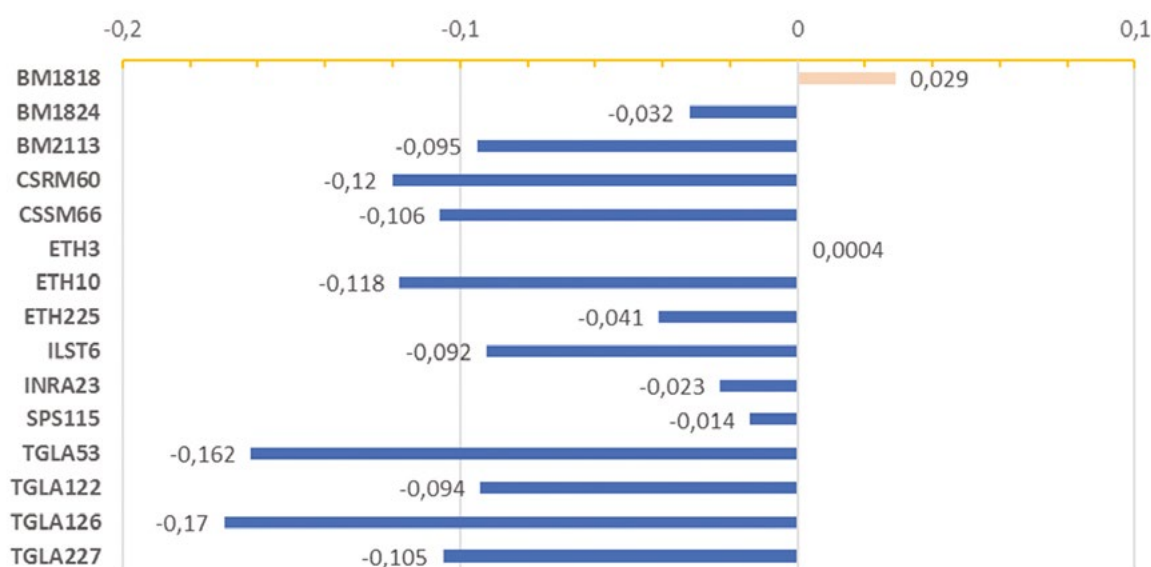


Рис. 3. Показатель индекса фиксации по 15 микросателлитным локусам популяции якутского скота ($n = 898$)
Fixation index indicator for 15 microsatellite loci of the Yakut cattle population ($n = 898$)

Таблица 3
Характеристика гетерозиготности микросателлитных локусов якутского скота по хозяйствам ГКП РС(Я) «Якутский скот»
Characteristics of heterozygosity of microsatellite loci of Yakut cattle on the farms of the State Enterprise of the Republic of Sakha
(Yakutia) "Yakut Cattle"

Локус	«Саккырыр»			«Кылыс»			«Таастаах»			«Куллэги»			«Онхой»			«Акана»			«Сымах»		
	Гетеро-зиготность		Fis	Гетеро-зиготность		Fis	Гетеро-зиготность		Fis	Гетеро-зиготность		Fis	Гетеро-зиготность		Fis	Гетеро-зиготность		Fis	Гетеро-зиготность		Fis
	Ho	He		Ho	He		Ho	He		Ho	He		Ho	He		Ho	He		Ho	He	
BM1818	0,488	0,468	-0,043	0,457	0,500	0,086	0,325	0,353	0,079	0,390	0,393	0,007	0,419	0,500	0,162	0,409	0,416	0,017	0,547	0,497	-0,101
BM1824	0,451	0,397	-0,138	0,381	0,376	-0,014	0,379	0,378	-0,002	0,479	0,551	0,131	0,488	0,400	-0,220	0,432	0,398	-0,086	0,358	0,376	0,046
BM2113	0,703	0,651	-0,080	0,762	0,699	-0,089	0,700	0,645	-0,085	0,707	0,613	-0,153	0,837	0,756	-0,107	0,625	0,616	-0,015	0,755	0,668	-0,130
CSRM60	0,695	0,671	-0,036	0,762	0,628	-0,213	0,700	0,598	-0,171	0,659	0,603	-0,092	0,628	0,562	-0,116	0,648	0,582	-0,112	0,679	0,613	-0,108
CSSM66	0,671	0,579	-0,159	0,857	0,722	-0,187	0,667	0,616	-0,083	0,699	0,616	-0,135	0,605	0,649	0,068	0,648	0,626	-0,035	0,502	0,502	-0,240
ETH3	0,774	0,738	-0,008	0,667	0,642	-0,038	0,663	0,650	-0,020	0,610	0,630	0,032	0,628	0,678	0,074	0,602	0,664	0,093	0,679	0,623	-0,091
ETH10	0,598	0,561	-0,065	0,552	0,509	-0,084	0,575	0,541	-0,063	0,528	0,497	-0,063	0,558	0,615	0,092	0,500	0,284	-0,762	0,547	0,446	-0,227
ETH225	0,614	0,599	-0,024	0,705	0,725	0,027	0,521	0,505	-0,032	0,764	0,744	-0,028	0,581	0,598	0,028	0,636	0,617	-0,031	0,698	0,556	-0,256
ILST6	0,707	0,655	-0,080	0,762	0,685	-0,112	0,713	0,698	-0,0205	0,846	0,732	-0,155	0,860	0,712	-0,208	0,705	0,667	-0,056	0,660	0,658	-0,004
INRA23	0,626	0,587	-0,066	0,581	0,480	-0,209	0,538	0,537	-0,0003	0,309	0,345	0,105	0,512	0,500	-0,024	0,534	0,478	-0,117	0,358	0,452	0,207
SPS115	0,508	0,488	-0,042	0,305	0,303	-0,005	0,333	0,323	-0,033	0,512	0,484	-0,059	0,116	0,110	-0,062	0,318	0,365	0,127	0,434	0,420	-0,033
TGLA53	0,309	0,458	0,326	0,447	0,560	0,201	0,908	0,673	-0,350	0,846	0,550	-0,536	0,698	0,557	-0,254	0,648	0,535	-0,211	0,604	0,505	-0,196
TGLA122	0,780	0,752	-0,038	0,810	0,688	-0,176	0,792	0,709	-0,117	0,659	0,676	0,027	0,744	0,619	-0,202	0,716	0,658	-0,089	0,717	0,666	-0,077
TGLA126	0,756	0,692	-0,093	0,752	0,631	-0,193	0,917	0,648	-0,415	0,919	0,647	-0,420	0,767	0,705	-0,089	0,705	0,669	-0,054	0,585	0,623	0,061
TGLA227	0,788	0,712	-0,107	0,781	0,728	-0,073	0,846	0,826	-0,024	0,789	0,720	-0,095	0,791	0,701	-0,129	0,818	0,668	-0,225	0,736	0,668	-0,101
X	0,631	0,601	-0,044	0,639	0,592	-0,072	0,638	0,580	-0,089	0,648	0,587	-0,096	0,616	0,577	-0,066	0,596	0,549	-0,104	0,596	0,549	-0,104
S _k	0,036	0,028	-	0,045	0,034	-	0,050	0,037	-	0,046	0,031	-	0,049	0,042	-	0,035	0,033	-	0,035	0,033	-

Примечание. Ho – наблюдаемая гетерозиготность; He – ожидаемая гетерозиготность; Fis – индекс фиксации.

Вместе с наблюдаемой гетерозиготностью был определен показатель ожидаемой гетерозиготности, который более точно характеризует разнообразие исследуемой популяции по микросателлитам. Анализ показал, что все субпопуляции якутского скота по семи хозяйствам имели схожие показатели по количеству гетерозигот (табл. 3). Наибольшие уровни наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности были определены у животных всех хозяйств по локусам TGLA126 (0,919 и 0,647 соответственно), наименьшие показатели – по локусу SPS115 (0,116 и 0,110 соответственно). Средний уровень наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности составил примерно 0,600.

Для оценки отклонения гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемых показателей использовали значение индекса фиксации Райта (F_{is}), который отражает состояние исследуемой группы по отношению к гетерозиготным генотипам. Данный индекс может иметь положительные или отрицательные значения. В положительном случае можно судить о нехватке или дефиците гетерозигот, а отрицательный указывает на их избыток. Из показателей табл. 3 видно, что в хозяйствах «Саккырыр» и «Таастаах» недостаток гетерозигот зафиксирован по одному локусу: TGLA53 (0,326) и BM1818 (0,079) соответственно.

Значения уровней наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности находились в пределах 0,116–0,919 (в среднем $0,623 \pm 0,042$) и 0,110–0,756 (в среднем $0,576 \pm 0,034$) соответственно. Несмотря на большее разнообразие границ уровней гетерозиготности, средние показатели схожи с данными других авторов [6]. Дефицит гетерозигот выявлен в локусе BM1818 в пяти и ETH3 в трех хозяйствах из семи. Соответственно, индекс фиксации оказался положительным

в данных двух локусах и отрицательным по остальным 13 локусам.

Полиморфизм 15 микросателлитных маркеров у якутского скота представлен на рис. 3, где показано, что по двум локусам из пятнадцати наблюдается недостаток гетерозигот, максимальное его значение составляло 0,029 в локусе BM1818. В среднем по породе индекс фиксации достигал -0,081, что указывает на избыток гетерозиготных особей.

ВЫВОДЫ

1. Генетическое разнообразие популяции якутского скота составило 90 аллелей. В среднем на locus приходилось $5,91 \pm 0,46$ аллеля. Наибольшее число аллелей наблюдалось в локусе TGLA53 ($N_a = 10$), а минимальное количество ($N_a = 3$) – в локусах BM1818 и INRA023. Число информативных аллелей варьировало от двух (BM1818) до шести (ilsts6).

2. Для якутского аборигенного скота уровень наблюдаемой гетерозиготности (H_o) составил $0,623 \pm 0,042$, ожидаемой (H_e) – $0,576 \pm 0,034$. В данной популяции система случайного скрещивания преобладает над инбридингом благодаря плановому проведению селекционно-племенной работы.

3. Индекс фиксации принимал положительное значение в двух локусах: BM1818 (0,029) и ETH3 (0,004). В среднем индекс фиксации составил -0,081, что указывает на достаточное количество гетерозиготных особей в целом по популяции.

4. Избыток гетерозигот при отрицательном показателе индекса фиксации указывает на то, что в малочисленной популяции количество гетерозигот превышает количество гомозигот, что является хорошим/достаточным показателем.

Исследования выполнены в рамках темы НИР FWRS-2021-0005.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Романов П.А. Охрана и использование генофонда якутского скота. – Якутск: Бичик, 2020. – 144 с.
2. Паронян И.А. Современное состояние генофонда молочных и молочно-мясных пород крупного рогатого скота в Российской Федерации // Достижения науки и техники АПК. – 2020. – Т. 34, № 6. – С. 79–83.
3. Попов Р.Г., Попова Н.В. Проблемы сохранения и использования генофонда якутского скота // Вестник КрасГАУ. – 2020. – № 6. – С. 150–159.

4. Горохов Н.И. Изучение и использование генофонда якутского скота // Научные исследования по скотоводству в Якутии. – Новосибирск: Наука, 2000. – С. 6–12.
5. The genetic structure of cattle populations (*Bos taurus*) in northern Eurasia and the neighbouring Near Eastern regions: implications for breeding strategies and conservation / M.H. Li, I. Tapio, J. Vilkkil [et al.] // *Mol Ecol.* – 2007, Sep. – Vol. 16 (18). – P. 3839–3853.
6. Микросателлитный анализ якутского скота / Н.П. Филиппова, Н.И. Павлова, Л.П. Корякина [и др.] // Животноводство и кормопроизводство. – 2018. – Т. 101, № 4. – С. 58–63.
7. Maternal and paternal genealogy of Eurasian taurine cattle (*Bos taurus*) / J. Kantanen, C.J. Edwards, D.G. Bradley [et al.] // *Heredity (Edinb.)*. – 2009, Nov. – Vol. 103 (5). – P. 404–415.
8. Study of genetic diversity and population structure of five Russian cattle breeds using whole-genome SNP analysis / N.A. Zinovieva, A.V. Dotsev, A.A. Sermyagin [et al.] // *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. – 2016. – Vol. 51 (2). – P. 788–800. – DOI: 10.15389/agrobiology.2016.6.788eng.
9. Genetic diversity and genomic signatures of selection among cattle breeds from Siberia, eastern and northern Europe / T. Iso-Touru, M. Tapio, J. Vilkkil [et al.] // *Anim Genet.* – 2016. – Vol. 47 (6). – P. 647–657. – DOI: 10.1111/age.12473.
10. Whole-genome SNP analysis elucidates the genetic structure of Russian cattle and its relationship with Eurasian taurine breeds / A.A. Sermyagin, A.V. Dotsev, E.A. Gladyr [et al.] // *Genetics, selection, evolution : GSE.* – 2018. – Vol. 50 (1). – P. 37. – <https://doi.org/10.1186/s12711-018-0408-8>.
11. Whole-Genome Sequencing of Three native cattle breeds originating from the northernmost cattle farming regions / M. Weldenegodguad, R. Popov, K. Pokharell [et al.] // *Frontiers in genetics.* – 2019. – Vol. 9. – P. 728. – <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00728>.
12. Yudin N.S., Larkin D.M. Whole genome studies of origin, selection and adaptation of the Russian cattle breeds // *Vavilov Journal of Genetics and Breeding.* – 2019. – Vol. 23 (5). – P. 559–568. – DOI: 10.18699/VJ19.525.
13. Шаталина О.С., Ткаченко И.В., Ярышкин А.А. Генетическая структура популяции голштинизированного черно-пестрого скота по микросателлитным локусам // *Генетика.* – 2021. – Т. 57, № 2. – С. 205–213.
14. Шукярова Е.Б., Лукашина А.А., Бузько А.Н. Генетическая характеристика голштинского крупного рогатого скота по ДНК-микросателлитам // *Вестник ДВО РАН.* – 2020. – № 4. – С. 47–52.
15. Характеристика аллелофонда якутского скота по микросателлитам / Е.А. Гладырь, Я.Л. Шадрина, П.В. Горелов [и др.] // *Сельскохозяйственная биология.* – 2011. – № 6. – С. 65–69.

REFERENCES

1. Romanov P.A., *Okhrana i ispol'zovanie genofonda yakutskogo skota* (Protection and use of the gene pool of Yakut cattle), Yakutsk: Bichik, 2020, 144 p.
2. Paronyan I.A., *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*, 2020, No. 6, pp. 79–83. (In Russ.)
3. Popov R.G., Popova N.V., *Vestnik KrasGAU*, 2020, No.6, pp. 150–159. (In Russ.)
4. Gorokhov N.I. Izuchenie i ispol'zovanie genofonda yakutskogo skota // *Nauchnye issledovaniya po skotovodstvu v Yakutii* (Study and use of the gene pool of Yakut cattle), Novosibirsk: Nauka, 2000, 126 p.
5. Li M.H., Tapio I., Vilkkil J. [et al.], The genetic structure of cattle populations (*Bos taurus*) in northern Eurasia and the neighbouring Near Eastern regions: implications for breeding strategies and conservation, *Mol Ecol.*, 2007 Sep, Vol. 16 (18), pp. 3839–3853.
6. Filippova N.P., Pavlova N.I., Koryakina L.P., Stepanov N.P., Mordovskoi N.N., Grigoryeva N.N., *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*, 2018, No. 4, pp. 58–63. (In Russ.)
7. Kantanen J., Edwards C.J., Bradley D.G. [et al.], Maternal and paternal genealogy of Eurasian taurine cattle (*Bos taurus*), *Heredity (Edinb.)*, 2009 Nov, Vol. 103 (5), pp. 404–415.
8. Zinovieva N.A., Dotsev A.V., Sermyagin A.A. [et al.], Study of genetic diversity and population structure of five Russian cattle breeds using whole-genome SNP analysis, *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya*, 2016, Vol. 51 (2), pp. 788–800, DOI: 10.15389/agrobiology.2016.6.788eng.
9. Iso-Touru T., Tapio M., Vilkkil J. [et al.], Genetic diversity and genomic signatures of selection among cattle breeds from Siberia, eastern and northern Europe, *Anim Genet.*, 2016, Vol. 47 (6), pp. 647–657, DOI: 10.1111/age.12473.

10. Sermyagin A.A., Dotsev A.V., Gladyr E.A. [et al.], Whole-genome SNP analysis elucidates the genetic structure of Russian cattle and its relationship with Eurasian taurine breeds, *Genetics, selection, evolution: GSE*, 2018, Vol. 50 (1), pp. 37, DOI: 10.1186/s12711-018-0408-8.
11. Weldenegodguad M., Popov R., Pokharel K. [et al.], Whole-Genome Sequencing of Three native cattle breeds originating from the northernmost cattle farming regions, *Frontiers in genetics*, 2019, Vol. 9, pp. 728, DOI: 10.3389/fgene.2018.00728.
12. Yudin N.S., Larkin D.M., Whole genome studies of origin, selection and adaptation of the Russian cattle breeds, *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 2019, Vol. 23 (5), pp. 559–568, DOI: 10.18699/VJ19.525.
13. Shatalina O.S., Tkachenko I.V., Yaryshkin A.A., *Genetika*, 2021, No. 2, pp. 205–213. (In Russ.)
14. Shukyurova E.B., Lukashina A.A., Buz'ko A.N., *Vestnik DVO RAN*, 2020, No. 4, pp. 47–52. (In Russ.)
15. Gladyr' E.A., Shadrina Y.L., Gorelov P.V., Davaahuu L., Popov R.G., Matyukov V.S., Agyshova A.K., Zinovyeva N.A., *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya*, 2011, No. 6, pp. 65–69. (In Russ.)