
КРАТКИЕ
СООБЩЕНИЯ

УДК 636.367/368:636.082.13:575

АНАЛИЗ АЛЛЕЛОФОНДА ПОЛУТОНКОРУННЫХ ОВЕЦ ПЕЧОРСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ С ПОМОЩЬЮ STR-МАРКЕРОВ

© 2023 г. В. С. Матюков¹, *, Я. А. Жариков¹, Л. А. Канева¹

¹Институт агробиотехнологий Федерального исследовательского центра Коми,
Научный центр Уральского отделения Российской академии наук, Сыктывкар, 167023 Россия

*e-mail: nipti38mail.ru

Поступила в редакцию 16.11.2022 г.

После доработки 28.11.2022 г.

Принята к публикации 29.11.2022 г.

Изучили полиморфизм микросателлитов у полутонкорунных овец в типе ромни-марш печорской популяции, выведенных с участием исчезнувшей ныне северной короткохвостой аборигенной овцы. Оценка дифференциации групп овец разного генезиса по частотам генов STR-локусов, идентификация приват-аллелей и кластерный анализ не позволили получить информацию об аллелофонде аборигенной овцы. Поглолительное скрещивание на улучшающую породу с селекцией кроссбредной популяции по целевым стандартам мясошерстных пород, по-видимому, привели к утрате печорскими полутонкорунными овцами генного пула, характерного для северной аборигенной овцы.

Ключевые слова: частота аллелей, гетерозиготность, приват-аллели, субпопуляция, аллелофонд, короткохвостая, полутонкорунная, овцы.

DOI: 10.31857/S0016675823060103, **EDN:** STXPYA

Ключевой проблемой сохранения генетического разнообразия является сохранение популяций и пород, генофонд которых пока безвозвратно не потерян [1]. Однако не менее важна проблема реконструкции аборигенных генофондов, ассимилированных в процессе создания новых пород или кроссбредных товарных популяций. В связи с этим ранее нами проведено рекогносцировочное исследование кроссбредных полутонкорунных овец печорской популяции, при выведении которых материнской основой послужила ныне исчезнувшая аборигенная северная короткохвостая овца. В результате получили предварительные сведения об аллельной структуре STR-локусов и выявили приват-аллели, которые предположительно отнесли к утраченному аллелофонду [2]. В задачи настоящего исследования входило путем анализа более многочисленных выборок по аллелям STR-локусов определить генетический вклад северной короткохвостой грубошерстной овцы в аллелофонд печорской популяции.

С этой целью по 12 локусам микросателлитов генотипировали три репродуктивные группы животных. В первую включили полутонкорунных овец по родословным и внешним признакам, имевшим предположительное родство с исчезнувшей аборигенной северной овцой. Во вторую группу вошли помеси, полученные от скрещивания баранов куйбышевской породы с печорскими

овцематками в типе ромни-марш, по родословным и внешним признакам, не имевшим родства с аборигенной овцой. В третью группу включили чистопородных овец грубошерстной романовской породы исторически близкой по региону разведения и, возможно, имеющей с последней общее происхождение [3]. Исследование провели на базе экспериментального стада овец крестьянско-фермерского хозяйства Л.А. Каневой, изначально укомплектованного репродуктивным поголовьем овец, законтрактованным у местного населения поселений Усть-Цилемского р-на Республики Коми. Территория района (с географическими координатами 65°48'13" северной широты и 51°32'4" восточной долготы) относится к атлантико-арктической климатической зоне.

Анализ полиморфизма микросателлитов на коммерческих условиях выполнили лаборатории ДНК-технологий ВНИИплем и ООО "Гордиз" (gordiz.ru). Для генотипирования использовали набор реагентов COrDIS Sheep, с помощью которого можно анализировать аллельный полиморфизм следующих локусов: *McM042*, *INRA006*, *McM527*, *ETH152*, *CSRD247*, *OarFCB20*, *INRA172*, *INRA063*, *MAF065*, *MAF214*, *INRA005*, *INRA023* и маркер пола *AMEL* [4]. ДНК для анализа выделяли из тканей ушных раковин, отсеченных во время мечения животных. Образцы консервировали 96%-ным этиловым спиртом-ректификатом.

По группам овец рассчитали следующие генетико-популяционные показатели: число животных в группе — n , частоты генов (q_{ijk} — частота i -го аллеля, j -го локуса, в k -ой (суб)популяции (группе); стандартные ошибки частот генов — $\pm sq_{ijk}$, разницу по частотам генов между группами овец (dq_{ijk}), среднее число аллелей (N_{jk}), число аллелей с частотой ≥ 0.05 (N_{ajk}), число эффективных аллелей (N_{ejk}) на locus, доля приват-аллелей к сумме аллелей по 12 STR-локусам ($N_{pl_{ijk}}$). Также по группам животных рассчитывали: ожидаемую (H_{ek}) и наблюдаемую (H_{ok}) гетерозиготности, F_{isj_k} — индексы фиксации, генетические дистанции при попарном сравнении групп по отдельным локусам — F_{stj} , и в среднем по 12 STR-локусам — F_{st} по Райту [5], а также коэффициенты вариации F_{stj} , вычисленные при попарном сравнении групп по каждому в отдельности локусу (C.V.). Статистическую обработку данных, построение диаграмм выполнили с использованием программ GenAlEx 6.503 [6] и Microsoft Excel.

В целом по 12 STR-локусам в трех группах животных выявлено 109 аллелей, из них в первой группе — 88, во второй — 91, в третьей — 77. Независимо от породности и породы аллели *INRA006*¹¹⁰, *INRA006*¹⁶⁴, *ETH152*¹⁸⁶, *CSRD247*²¹³ и *CSRD247*²²⁷, *OarFCB20*⁹¹ и *OarFCB20*¹⁰⁵, *INRA172*¹⁵⁴, *INRA063*¹⁶⁹ и *INRA063*¹⁷⁵, *MAF065*¹²⁷ и *MAF065*¹³⁵, *MAF214*¹⁸⁹ встречались во всех группах овец с частотами 0.150 и выше. Первая и вторая группы овец достоверно различались по частотам 28 аллелей, первая с третьей — по 57, вторая и третья — 61. Наиболее высокая частота достоверных различий между группами установлена по частотам аллелей трех высокополиморфных локусов: *CSRD247*, *INRA005*, *INRA023* (табл. 1). В первой группе выявлены два приват-аллеля: *CSRD247*²⁰⁹ и *INRA023*²¹⁸, во второй — 11 аллелей, которые не встречались в первой группе, 10 из них отсутствовали и в аллелфонде овец третьей группы.

В самой “бедной” по аллельному разнообразию третьей группе выявлено 16 специфических аллелей. Если в группах тонкорунных овец специфические аллели встречались с низкими частотами (максимальная частота — 0.049 ± 0.018 *INRA023*²⁰²), то у романовских овец частоты некоторых из них превышали 0.05 и доходили до 0.130.

Из данных, приведенных в табл. 2, видно, что по аллельному разнообразию, ожидаемой гетерозиготности первая группа недостоверно превосходила чистопородных романовских овец и уступала кроссбредной второй группе. По значениям F_{is} она характеризовалась максимальным избытком гетерозигот, а по количеству и частоте выявленных приват-аллелей достоверно уступала второй и третьей группам соответственно при уровне значимости $p < 0.05$ и $p < 0.01$. Средняя по 12-ти

STR-локусам генетическая дистанция (F_{st}) между первой и второй группами составила 0.012 ± 0.002 . По парам 1*3 и 2*3 значения F_{st} соответственно были 0.052 ± 0.011 и 0.054 ± 0.010 . Коэффициенты вариации значений F_{st} , рассчитанных при попарном сравнении групп в пределах каждого локуса, колебались от 58.7 до 75.8%.

При сравнении пород (групп, популяций) некоторые из полиморфных маркеров теоретически могут коррелировать с дивергенцией популяций по полиморфным генам, контролирующим селективные признаки. Усреднение оценок генетической изменчивости по ряду маркерных локусов нивелирует такие ассоциации и мешает их выявлению [7–9]. Из данных, представленных на рис. 1 видно, что ни по одному локусу генетическая дистанция между первой и второй группами не превосходила генетические дистанции при попарном сравнении первой и второй групп с третьей группой. Лocus *CSRD247* являлся единственным, по которому значение F_{st} между первой и второй группами приближалось по величине к F_{st} между первой и третьей группами.

Анализ более многочисленных выборок, чем в ранее проведенном рекогносцировочном исследовании [10], показал, что поголовье овец сохранившее родственные связи с северными овцами и овцами печорской породной группы по абсолютному числу аллелей, числу информативных и эффективных аллелей на locus достоверно не отличались от помесей печорских маток с баранами куйбышевской породы и от чистопородных романовских овец. Генетические дистанции по Райту между полутонкорунными овцами 1-й и 2-й групп по отдельным локусам колебались в пределах от 0.004 до 0.024. По доле приват-аллелей от общего числа аллелей по 12 локусам овцы первой группы достоверно уступали второй ($p < 0.05$) и третьей группе ($p < 0.001$). Различия между первой и второй группами скорее всего обусловлены генетическим компонентом, привнесенным куйбышевской породой, поскольку именно во второй группе обнаружено 11 аллелей, которые в ней встречены.

При планировании исследования мы допускали, что генетическая дистанция между первой и третьей группами должна быть ниже, чем между второй и третьей, что косвенно указывало бы на наличие генного пула аборигенной северной короткохвостой овцы в генофонде полутонкорунных печорских овец первой группы. Такое допущение основывалось на различном генезисе печорских полутонкорунных овец и куйбышевской породы, поскольку при выведении последней материнскими породами служили аборигенные грубошерстные длинношестехвостые черкасские и вагасские полутонкорунные ярки, которые перекрывались баранами ромни-марш до получения второго поколения включительно (“кровность”

Таблица 1. Частоты аллелей STR-локусов и разница между группами овец по частотам аллелей

Локусы	Аллели	Группы и численность животных						Разница по частотам аллелей между группами (dq_{ijk}) ^x		
		1 ($n = 68$)		2 ($n = 72$)		3 ($n = 50$)		1–2	1–3	2–3
		q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$	q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$	q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$			
<i>McM042</i>	81	0.324	0.040	0.417	0.041	0.000	0.000	–0.093	0.324***	0.417***
	87	0.125	0.028	0.243	0.036	0.360	0.048	–0.118**	–0.235***	–0.117*
	89	0.176	0.033	0.076	0.022	0.060	0.024	0.100*	0.116**	0.016
	93	0.000	0.000	0.007	0.007	0.000	0.000	–0.007	0.000	0.007
	95	0.022	0.013	0.049	0.018	0.240	0.043	–0.027	–0.218***	–0.191***
	99	0.147	0.030	0.076	0.022	0.000	0.000	0.071	0.147***	0.076***
	103	0.206	0.035	0.132	0.028	0.340	0.047	0.074	–0.134*	–0.208***
<i>INRA006</i>	108	0.007	0.007	0.104	0.025	0.000	0.000	–0.097***	0.007	0.104***
	110	0.478	0.043	0.493	0.042	0.580	0.049	–0.015	–0.102	–0.087
	112	0.029	0.014	0.028	0.014	0.040	0.020	0.002	–0.011	–0.012
	116	0.103	0.026	0.097	0.025	0.230	0.042	0.006	–0.127**	–0.133**
	124	0.191	0.034	0.104	0.025	0.000	0.000	0.087*	0.191***	0.104***
	130	0.000	0.000	0.000	0.000	0.040	0.020	0.000	–0.040*	–0.040*
	132	0.162	0.032	0.125	0.028	0.100	0.030	0.037	0.062	0.025
	134	0.029	0.014	0.049	0.018	0.010	0.010	–0.019	0.019	0.039
<i>McM527</i>	158	0.000	0.000	0.014	0.010	0.000	0.000	–0.014	0.000	0.014
	164	0.404	0.042	0.375	0.040	0.210	0.041	0.029	0.194***	0.165**
	166	0.169	0.032	0.146	0.029	0.170	0.038	0.023	–0.001	–0.024
	168	0.162	0.032	0.236	0.035	0.120	0.032	–0.074	0.042	0.116*
	170	0.096	0.025	0.139	0.029	0.070	0.026	–0.043	0.026	0.069
	172	0.000	0.000	0.000	0.000	0.130	0.034	0.000	–0.130***	–0.130***
	174	0.044	0.018	0.014	0.010	0.080	0.027	0.030	–0.036	–0.066*
	176	0.125	0.028	0.076	0.022	0.120	0.032	0.049	0.005	–0.044
	178	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.030	0.000	–0.100***	–0.100***
<i>ETH152</i>	186	0.456	0.043	0.396	0.041	0.330	0.047	0.060	0.126*	0.066
	188	0.147	0.030	0.083	0.023	0.090	0.029	0.064	0.057	–0.007
	190	0.081	0.023	0.139	0.029	0.490	0.050	–0.058	–0.409***	–0.351***
	192	0.316	0.040	0.382	0.040	0.030	0.017	–0.066	0.286***	0.352***
	196	0.000	0.000	0.000	0.000	0.060	0.024	0.000	–0.060*	–0.060*
<i>CSRD247</i>	209	0.022	0.013	0.000	0.000	0.000	0.000	0.022	0.022	0.000
	213	0.375	0.042	0.194	0.033	0.620	0.049	0.181***	–0.245***	–0.426***
	223	0.044	0.018	0.049	0.018	0.000	0.000	–0.004	0.044*	0.049**
	227	0.250	0.037	0.410	0.041	0.240	0.043	–0.160**	0.010	0.170**
	228	0.000	0.000	0.007	0.007	0.000	0.000	–0.007	0.000	0.007
	229	0.125	0.028	0.125	0.028	0.020	0.014	0.000	0.105***	0.105***
	231	0.044	0.018	0.111	0.026	0.030	0.017	–0.067*	0.014	0.081**
	233	0.000	0.000	0.063	0.020	0.020	0.014	–0.063**	–0.020	0.043
	235	0.000	0.000	0.000	0.000	0.070	0.026	0.000	–0.070**	–0.070**
	237	0.140	0.030	0.028	0.014	0.000	0.000	0.112***	0.140***	0.028*
	239	0.000	0.000	0.014	0.010	0.000	0.000	–0.014	0.000	0.014

Таблица 1. Продолжение

Локусы	Алели	Группы и численность животных						Разница по частотам аллелей между группами (dq_{ijk}) ^x		
		1 ($n = 68$)		2 ($n = 72$)		3 ($n = 50$)		1–2	1–3	2–3
		q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$	q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$	q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$			
<i>OarFCB20</i>	87	0.015	0.010	0.056	0.019	0.000	0.000	–0.041	0.015	0.056**
	89	0.037	0.016	0.146	0.029	0.150	0.036	–0.109**	–0.113**	–0.004
	91	0.390	0.042	0.285	0.038	0.410	0.049	0.105	–0.020	–0.125*
	93	0.103	0.026	0.111	0.026	0.000	0.000	–0.008	0.103***	0.111***
	95	0.066	0.021	0.042	0.017	0.000	0.000	0.025	0.066**	0.042*
	99	0.096	0.025	0.028	0.014	0.010	0.010	0.068*	0.086**	0.018
	101	0.074	0.022	0.139	0.029	0.060	0.024	–0.065	0.014	0.079*
	102	0.000	0.000	0.007	0.007	0.000	0.000	–0.007	0.000	0.007
	105	0.221	0.036	0.188	0.033	0.370	0.048	0.033	–0.149*	–0.183**
<i>INRA172</i>	126	0.243	0.037	0.104	0.025	0.000	0.000	0.138**	0.243***	0.104***
	154	0.500	0.043	0.486	0.042	0.160	0.037	0.014	0.340***	0.326***
	156	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.014	0.000	–0.020	–0.020
	158	0.051	0.019	0.104	0.025	0.000	0.000	–0.053	0.051**	0.104***
	160	0.074	0.022	0.132	0.028	0.540	0.050	–0.058	–0.466***	–0.408***
	162	0.088	0.024	0.097	0.025	0.190	0.039	–0.009	–0.102*	–0.093*
	164	0.044	0.018	0.069	0.021	0.090	0.029	–0.025	–0.046	–0.021
	170	0.000	0.000	0.007	0.007	0.000	0.000	–0.007	0.000	0.007
<i>INRA063</i>	167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.060	0.024	0.000	–0.060*	–0.060*
	169	0.287	0.039	0.229	0.035	0.330	0.047	0.058	–0.043	–0.101
	173	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.014	0.000	–0.020	–0.020
	175	0.375	0.042	0.278	0.037	0.290	0.045	0.097	0.085	–0.012
	177	0.081	0.023	0.125	0.028	0.180	0.038	–0.044	–0.099*	–0.055
	183	0.221	0.036	0.167	0.031	0.100	0.030	0.054	0.121**	0.067
	189	0.000	0.000	0.014	0.010	0.000	0.000	–0.014	0.000	0.014
	197	0.007	0.007	0.174	0.032	0.000	0.000	–0.166***	0.007	0.174***
	201	0.029	0.014	0.007	0.007	0.020	0.014	0.022	0.009	–0.013
	209	0.000	0.000	0.007	0.007	0.000	0.000	–0.007	0.000	0.007
<i>MAF065</i>	121	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.010	0.000	–0.010	–0.010
	125	0.191	0.034	0.097	0.025	0.000	0.000	0.094*	0.191***	0.097***
	127	0.265	0.038	0.410	0.041	0.150	0.036	–0.145**	0.115*	0.260***
	129	0.096	0.025	0.201	0.033	0.050	0.022	–0.105*	0.046	0.151***
	131	0.029	0.014	0.007	0.007	0.110	0.031	0.022	–0.081*	–0.103**
	133	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.010	0.000	–0.010	–0.010
	135	0.390	0.042	0.229	0.035	0.210	0.041	0.161**	0.180**	0.019
	137	0.029	0.014	0.056	0.019	0.450	0.050	–0.026	–0.421***	–0.394***
	139	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.010	0.000	–0.010	–0.010
<i>MAF214</i>	183	0.110	0.027	0.049	0.018	0.000	0.000	0.062	0.110***	0.049**
	187	0.007	0.007	0.063	0.020	0.000	0.000	–0.055**	0.007	0.063**
	189	0.507	0.043	0.479	0.042	0.630	0.048	0.028	–0.123	–0.151*
	191	0.250	0.037	0.306	0.038	0.160	0.037	–0.056	0.090	0.146**
	223	0.125	0.028	0.104	0.025	0.080	0.027	0.021	0.045	0.024
	263	0.000	0.000	0.000	0.000	0.130	0.034	0.000	–0.130***	–0.130***

Таблица 1. Окончание

Локусы	Алели	Группы и численность животных						Разница по частотам аллелей между группами (dq_{ijk}) ^x		
		1 ($n = 68$)		2 ($n = 72$)		3 ($n = 50$)		1–2	1–3	2–3
		q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$	q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$	q_{ijk}	$\pm sq_{ijk}$			
INRA005	119	0.000	0.000	0.000	0.000	0.020	0.014	0.000	–0.020	–0.020
	125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.070	0.026	0.000	–0.070**	–0.070**
	127	0.066	0.021	0.146	0.029	0.210	0.041	–0.080*	–0.144**	–0.064
	129	0.096	0.025	0.014	0.010	0.000	0.000	0.082**	0.096***	0.014
	133	0.022	0.013	0.021	0.012	0.000	0.000	0.001	0.022	0.021
	135	0.051	0.019	0.118	0.027	0.130	0.034	–0.067*	–0.079*	–0.012
	137	0.000	0.000	0.007	0.007	0.000	0.000	–0.007	0.000	0.007
	141	0.199	0.034	0.181	0.032	0.020	0.014	0.018	0.179***	0.161***
	143	0.066	0.021	0.181	0.032	0.040	0.020	–0.114**	0.026	0.141***
	145	0.250	0.037	0.188	0.033	0.130	0.034	0.063	0.120*	0.058
	147	0.029	0.014	0.042	0.017	0.370	0.048	–0.012	–0.341***	–0.328***
	151	0.169	0.032	0.097	0.025	0.010	0.010	0.072	0.159***	0.087***
	153	0.051	0.019	0.007	0.007	0.000	0.000	0.045*	0.051**	0.007
INRA023	194	0.169	0.032	0.215	0.034	0.060	0.024	–0.046	0.109**	0.155***
	196	0.000	0.000	0.000	0.000	0.010	0.010	0.000	–0.010	–0.010
	198	0.007	0.007	0.007	0.007	0.170	0.038	0.000	–0.163***	–0.163***
	200	0.213	0.035	0.292	0.038	0.140	0.035	–0.078	0.073	0.152**
	202	0.000	0.000	0.049	0.018	0.000	0.000	–0.049**	0.000	0.049**
	204	0.096	0.025	0.097	0.025	0.030	0.017	–0.002	0.066*	0.067*
	206	0.257	0.037	0.125	0.028	0.230	0.042	0.132**	0.027	–0.105*
	208	0.074	0.022	0.042	0.017	0.010	0.010	0.032	0.064**	0.032
	210	0.029	0.014	0.021	0.012	0.000	0.000	0.009	0.029*	0.021
	212	0.125	0.028	0.042	0.017	0.250	0.043	0.083*	–0.125*	–0.208***
	214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.022	0.000	–0.050*	–0.050*
	216	0.015	0.010	0.035	0.015	0.050	0.022	–0.020	–0.035	–0.015
	218	0.007	0.007	0.000	0.000	0.000	0.000	0.007	0.007	0.000
	220	0.007	0.007	0.076	0.022	0.000	0.000	–0.069**	0.007	0.076***

Примечание. Достоверность различий (dq_{ijk}) при уровнях значимости: * – $p \leq 0.05$, ** – $p \leq 0.01$, *** – $p \leq 0.001$.

по ромни-марш $\approx 75\%$) [11]. “Кровность” овец печорской породной группы по отцовской породе ромни-марш доходила до 87–93% [12]. Поэтому генетический компонент северной аборигенной овцы в синтетическом генофонде, по-видимому, не превышал 13%. Родство романовской породы с исчезнувшей северной короткохвостой овцой обосновывалось их бесспорным сходством по некоторым анатомическим особенностям скелета, шерстного покрова, скороспелости, плодовитости, полиэстричности и очагу первичного возникновения [3]. На этом основании генофонд романовской овцы рассматривался нами в качестве возможного образца генофонда северной аборигенной овцы [13]. Хотя, объективности ради, заметим, что о

происхождении романовской породы до настоящего времени единого мнения нет [3, 13, 14].

Таким образом, анализ дифференциации групп овец разного генезиса по частотам генов STR-локусов, генетических дистанций, приват-аллелей и результатов ранее проведенного кластерного анализа [10] при исследовании более многочисленных выборок не подтвердил полученную ранее предварительную информацию об обнаружении STR-маркеров аллелофонда исчезнувшей аборигенной северной короткохвостой овцы [10], ассимилированной породой ромни-марш в ходе выведения печорской полутонкорунной породной группы. Поглощающее скрещивание на улучшающую породу и селекция по целевым стандартам полутонкорунных мясошерстных пород в типе ромни-марш

Таблица 2. Характеристика групп овец по генетико-популяционным показателям

Показатель	Средние по группам					
	X_1	$\pm Sx_1$	X_2	$\pm Sx_2$	X_3	$\pm Sx_3$
N	6.8	0.58	7.6	0.62	6.4	0.57
N_a	4.9	0.36	5.1	0.19	4.7	0.43
N_e	4.077	0.322	4.321	0.356	3.655	0.436
N_{PI}	0.027	0.017	0.110	0.033	0.208	0.046
I_{Sh}	1.553	0.073	1.624	0.075	1.419	0.096
H_e	0.740	0.018	0.753	0.018	0.690	0.029
F_{is}	-0.050	0.013	-0.033	0.020	-0.023	0.025
Между группами	1*2		1*3		2*3	
F_{st}	0.012	0.002	0.052	0.011	0.055	0.010
$C.V_{Fst}$	58.7		75.8		61.0	

Примечание. X_k – средние значение по 12-ти локусам STR в трех группах животных, $\pm Sx_k$ – стандартные ошибки средних по группам.

привели к тому, что печорские полутонкорунные овцы по STR-маркерам, видимо, утратили генный пул короткохвостой аборигенной овцы, ранее широко распространенной на территории Северной

Европы. По устным свидетельствам старожилів приполярных районов, исчезнувшая северная аборигенная овца обладала неприхотливостью, жизнеспособностью, скороспелостью, плодовитостью

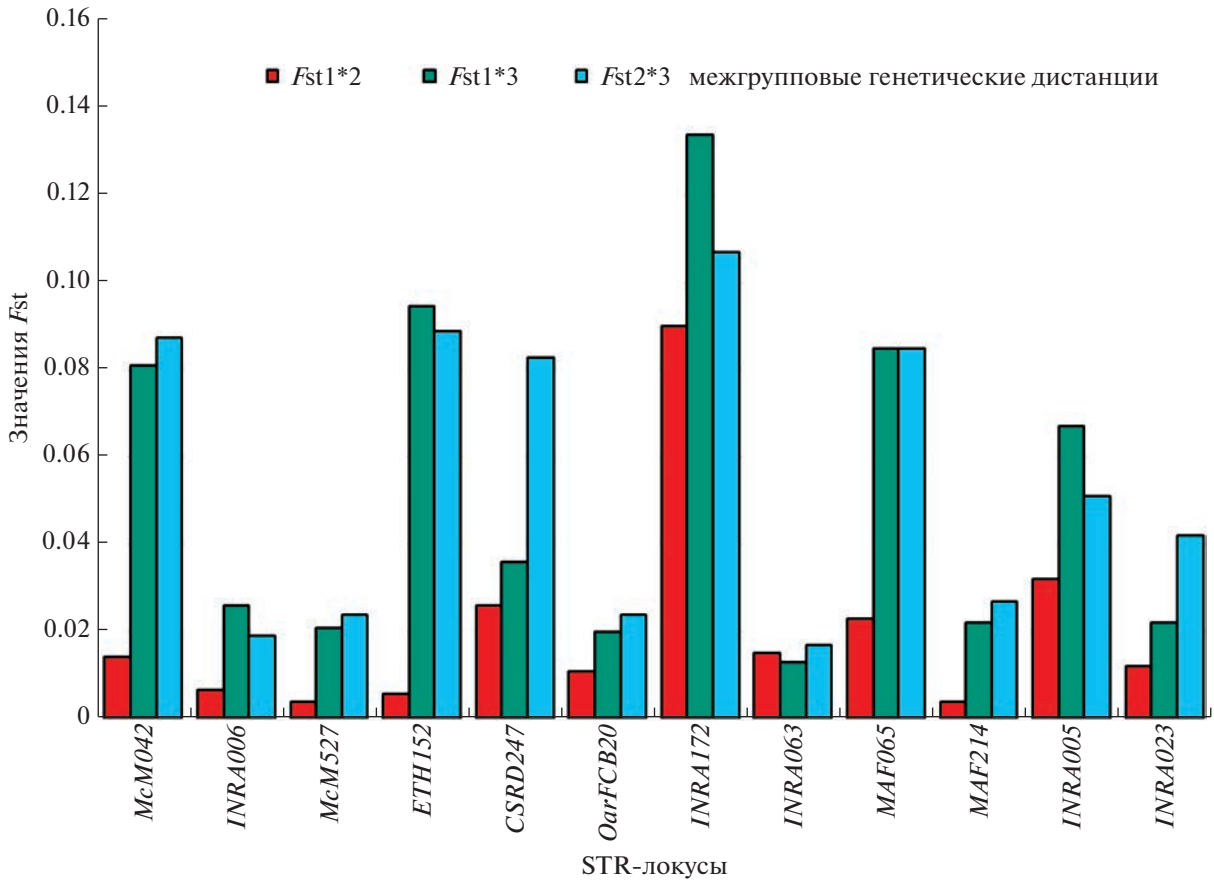


Рис. 1. Генетические дистанции по Райту между группами овец по 12-ти STR-локусам (F_{st}).

и полиэстричностью — ценнейшими качествами, которых остро не достает современным культурным породам.

Работа выполнена при поддержке Министерства высшего образования и науки РФ в рамках Государственного задания 02106411598-8-4.4.4.

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Ульянов А.Н., Куликова А.Я., Ерохин А.И. Состояние и резервы породного генофонда овцеводства России // Овцы, козы, шерстяное дело. 2012. № 1. С. 4–11.
2. Матюков В.С., Жариков Я.А., Канева Л.А. Генетическая структура печорской популяции полутонкорунных овец по аллелям STR-локусов // Дост. науки и техники АПК. 2022. Т. 36. № 3. С. 91–96.
https://doi.org/10.53859/02352451_2022_36_3_91
3. Чирвинский Н.П., Елагин В.Д. Разводимые в России породы грубошерстных овец // Избранные соч. Чирвинский Н.П. М.: Изд. сельхоз лит., 1951. Т. 2. С. 11–242.
4. COrDIS Sheep. Набор реагентов для мультиплексного анализа 12-ти микросателлитных маркеров и локуса амелогенина овец COrDIS Sheep. Инструкция пользователя. URL: <https://gordiz.ru/wp-content/uploads/2021/05/instrukczia-cordis-sheep-140521.pdf> (дата обращения: 20.01.2022).
5. Кузнецов В.М. F-статистики Райта: оценка и интерпретация // Пробл. биол. продуктивных животных. 2014. № 4. С. 80–104.
6. Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-anupdate // Bioinformatics. 2012. V. 28. P. 2537–2539.
7. Msalya G., Kim E.S., Laisser E.L. et al. Determination of genetic structure and signatures of selection in three strains of Tanzania shorthorn zebu, boran and friesland cattle by genome-wide SNP analyses. // PLoS One. 2017. V. 12. № 1. P. 88.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0171088>
8. Upadhyay M.R., Chen W., Lenstra J.A. et al. Genetic origin, admixture and population history of aurochs (*Bos primigenius*) and primitive European cattle // Heredity (Edinb). 2017. V. 118. № 2. P. 169–176.
<https://doi.org/10.1038/hdy.2016.79>
9. Te Pas M.F.W., Madsen J., Calus M.P.L. et al. The importance of endophenotypes to evaluate the relationship between genotype and external phenotype // Int. J. Mol. Sci. 2017. V. 18. № 2. P. 472.
<https://doi.org/10.3390/ijms18020472>
10. Жариков Я.А., Матюков В.С., Канева Л.А. Биологические и продуктивные особенности овец разных генотипов в Арктической зоне разведения. Сыктывкар, 2022. 154 с.
11. Вениаминов А.А. Породы овец мира. М.: Колос, 1984. 207 с.
12. Епанешников Д.А. Разведение полутонкорунных овец на Крайнем севере Коми АССР. Дис. ... канд. с.-х. наук. М.: Всесоюзный НИИ животноводства, 1953. 105 с.
13. Лазовский А.А. К вопросу о происхождении романовских овец // Генетика. 1982. Т. 18. № 12. С. 2036–2043.
14. Марзанов Н.С., Девришов Д.А., Марзанова С.Н. и др. Оценка овец романовской породы по различным типам иммунологических и генетических маркеров. М.: МВА им. К.И. Скрябина, 2021. 154 с.

Analysis of the Allelofund of Semi-Fine-Wool Sheep of the Pechora Population Using STR Markers

V. S. Matyukov^a, *, Ya. A. Zharikov^a, and L. A. Kaneva^a

^aInstitute of Agrobiotechnologies of the Federal Research Center of the Komi, Science Center of the Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Syktyvkar, 167023 Russia

*e-mail: nipti38@mail.ru

The polymorphism of microsatellites was studied in semi-fine-wool sheep in the Romney-Marsh type of the Pechora population, bred with the participation of the now extinct northern short-tailed aboriginal sheep. Evaluation of the differentiation of groups of sheep of different genesis by the frequencies of STR loci genes, identification of private alleles and cluster analysis did not allow to obtain information about the allelofund of the aboriginal sheep. Absorption crossing into an improved breed with the selection of a crossbred population according to the target standards of semi-fine-wool breeds, apparently, led to the loss of the gene pool characteristic of the northern aboriginal sheep by the Pechora sheep.

Keywords: frequency of alleles, heterozygosity, private alleles, subpopulation, allelofund, short-tailed, semi-fine-wool, sheep.