

было обнаружено три полиморфизма, из них 2 SNP во втором интроне (A103G и C154T) и один в 3' UTR области (C617G). Мутации C154T и C617G оказались специфичными для породы Dorset, корреляции их с хозяйственно полезными признаками не установлено. Полиморфизм A103G был обнаружен у представителей обеих пород без значимых различий в частоте аллелей. Выявлено отрицательное влияние полиморфизма A103G на рост мышечной ткани у ягнят породы Suffolk [3]. При исследовании полиморфизмов, в работе [3] в популяции овец трёх аборигенных пород Ирана? было показана значительная корреляция A103G варианта гена *LEP* с характеристиками туши у пород Shal и Zel [4]. В работе [5] показано влияние полиморфизмов в интроне 2 и экзоне 3 на размер помёта и сезонность овец Awassi (Ирак). Влияние полиморфизма T483A на суточный привес пакистанских овец Lohi исследовалось в работе Ali Haider Saleem et al. [6].

Малое количество публикаций, посвящённых исследованию влияния лептина на продуктивные качества овец, а также значительные различия полиморфной структуры гена у представителей различных пород, позволяют рассматривать его в качестве перспективного маркера продуктивности для овец отечественных пород.

ЛИТЕРАТУРА

1. *Ali Haider Saleem et al.* // *Advances in Animal and Veterinary Science*. 2015. Vol. 3, Issue 5. P. 302–307.
2. *Getmantseva L. et al.* // *Bulgarian Journal of Agricultural Science*. 2017. Vol. 23 (No 5). P. 843–850.
3. *Boucher D. et al.* // *Canadian Journal of Animal Science* March. 2006. Vol. 86. P. 31–35.
4. *Roohallah Barzehkar, Abdolreza Salehi, Frouzandeh Mahjoub* // *Iranian Journal of Biotechnology*. 2009. Vol. 7, № 4. P. 241–246.
5. *Laith Sofian Younis et al.* // *Advances in Animal and Veterinary Sciences*. 2019. Vol. 7, Issue 1. P. 17–23.
6. *Ali Haider Saleem et al.* // *Pakistan J. Zool.* 2018. Vol. 50 (3). P. 1029–1033. DOI: <http://dx.doi.org/10.17582/journal.pjz/2018.50.3.1029.1033>.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ХАРАКТЕРИСТИКИ ДОНСКОЙ ПОРОДЫ ЛОШАДЕЙ

Д.П. Камфарин¹, И.В. Корниенко^{1,2}, М.С. Макаренко¹, Т.П. Шкурат¹

¹Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского Южного федерального университета, 344090, Российская Федерация, г. Ростов-на-Дону, пр. Стачки, 194/1

²Федеральный исследовательский центр Южный научный центр Российской академии наук, 344006, Российская Федерация, г. Ростов-на-Дону, пр. Чехова, 41

E-mail: tshkurat@srfedu.ru

Историческим местом выведения донской породы было правобережье реки Дон, как части Евразийской степи. На формирование старо-донской, задонской, а в последствие донской породы оказало влияние использование восточных лошадей (арабских и ахалтекинских) и английской верховой. Влияние английской крови достоверно зафиксировано зоотехнической документацией и не нуждается в дополнительном подтверждении. В нашу задачу входило доказательство влияния генофонда лошадей восточного происхождения на формирование донской породы я.

Целью данной работы было определить нуклеотидную последовательность фрагментов гипервариабельного района мтДНК арабской, алхитинской и донской пород лошадей.

В работе были изучены 13 выборки лошадей, из них четыре ахалтекинской породы, пять арабской и четыре донской породы лошадей. Для очистки продуктов ПЦР контрольного региона мтДНК их фракционировали в 1 %-ном агарозном геле (смесь 1:1 легко- и тугоплавкой агарозы) с использованием в качестве маркера молекулярных масс 1kb DNA Ladder Plus Gene Rulertm. Определение нуклеотидной последовательности в гипервариабельном участке D-петли митохондриальной ДНК проводили методом

автоматического секвенирования на генетическом анализаторе ABI Prism 3500 (Applied Biosystems, США).

При исследовании генома донской кобылы, в отличие от референсного генома лошади, определена новая мутация С15589А. В геноме мтДНК донской кобылы были определены полиморфизмы С15606Т, G15724А и С15775Т, отмечаемые также у арабских и ахалтекинских лошадей, участвовавших в данном исследовании. В образце донской кобылы на участке 15256 выявлен нуклеотид Т, причем в референсном геноме лошади и у других лошадей, участвующих в исследовании, он не определен (т.е. полиморфизм -16256Т). Общей для всех участников, и донской кобылы в том числе, является полиморфизм С16302Т. Построенная математическая модель филогенетического дерева позволяет учесть общие для разных животных мутации и соотнести их друг относительно друга и филогенеза пород, также иллюстрируя присутствие общих предков у представителей разных пород. Данная модель убедительно демонстрирует общность происхождения животных восточных пород (арабская, ахалтекинская) и донской.

Работа выполнена на базе ООО «АгроСоюз Юг Руси» Филиал «Племенной завод им. С.М. Буденного», конного клуба «Ход конем», конного клуба «Лидер» и лаборатории генетики человека и животных Академии биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского ЮФУ, ЦКП «Высокие технологии» ЮФУ.

Исследование выполнено в рамках базовой части госзадания Минобрнауки РФ по теме: "Исследования функциональной роли генетических полиморфизмов и микро РНК в геноме человека и животных", проект № 6.6762.2017 БЧ.