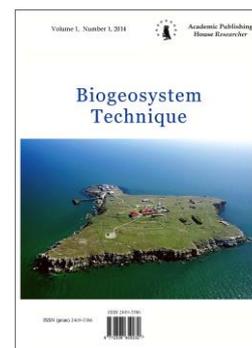


Copyright © 2016 by Academic Publishing House *Researcher*

Published in the Russian Federation
Biogeosystem Technique
Has been issued since 2014.
ISSN: 2409-3386
E-ISSN: 2413-7316
Vol. 9, Is. 3, pp. 195-204, 2016

DOI: 10.13187/bgt.2016.9.195
www.ejournal19.com



Articles and Statements

UDC 539.1.047:575.224

Genetic Structure of Karachai Horses on ISSR-PCR Markers

Valery I. Glazko ^{a,b,*}, Timur A. Erkenov ^a, Tatina T. Glazko ^{a,b}, Khisir M. Dzatoev ^c

^a Russian State Agrarian University – MAA named after K.A. Timiriyev, Moscow, Russian Federation

^b Centre of Experimental Embryology and Reproductive Biotechnologies RAAS, Moscow, Russian Federation

^c Ministry of Agriculture of Karachai-Cherkes Republic, Russian Federation

Abstract

Loss of biodiversity, irreversible extinction of local gene pools of native species, highly adapted to local agro-ecosystems requires the development of methods to identify the unique features of domestic genetic resources of farm animals. In this regard, in the present work the studies of the gene pool of representatives of the national Karachai breed horses, characterized by adaptation to conditions of mountain hypoxia, was carried out. The analysis of the genotypes of the 43 loci from 47 mares, 47 year-old fillies and 6 stallions with the use of methods for genotyping on the amplification products of the horse genome DNA fragments, flanked by inverted repeats of microsatellite loci (AG)₉C, (GA)₉C and (GAG)₆C with the using of the polymerase chain reaction (Inter-Simple Sequence Repeats – ISSR-PCR markers). The data obtained indicate a high degree of consolidation of the studied groups of animals, it was found that the average index of genetic identity between animals is 0.9345. The relatively high polymorphism of amplification product spectra obtained with the using as primer the sequence (GA)₉C. In all spectra only 13 loci from 43 ones were polymorphic and only 5 of them were involved in the subdivision of the investigated animals on the genetic distances to the two clusters. Given the genotypes of stallions can be expected that the differentiation between one-year-old fillies due to their different contribution stallions in the formation of their gene pools.

Keywords: Karachai breed horses, the spectra of amplification products, genetic differentiation, ISSR-PCR markers, consolidation.

1. Введение

Одной из центральных проблем животноводства является сокращение в мировом масштабе генетических ресурсов животных сельскохозяйственных видов. По данным FAO, в месяц происходит исчезновение в среднем одной породы. В особой опасности находятся местные породы. Сокращение породного разнообразия происходит с высокой скоростью, в

* Corresponding author

E-mail addresses: vigvalery@gmail.com (V.I. Glazko)

частности, у домашней лошади утрачено около 87 пород из них 71 порода – Европы и Кавказа (FAO, 2007). По данным FAO, на долю России приходится десятая часть мировых породных ресурсов коневодства. Локальные породы лошадей представляют интерес как несущие в своем геноме редкие аллели, ассоциированные с их приспособленностью к условиям среды обитания, и как резерв генетического разнообразия (Hendrickson S.L., 2013; Khrabrova, 2011; Zaitseva, 2010). Следует отметить также, что сокращение местных пород сказывается на соответствующих экосистемах, в которых копытные являются ландшафт образующими видами (Kalinitchenko et al., 2014; Kalinitchenko et al., 2016).

К таким породам, в частности, относится и отечественная порода – карачаевская. Карачаевская лошадь незаменима в условиях горной гипоксии, обладает высокой работоспособностью, выносливостью и плодовитостью (89,3–89,9 % жеребят на сто кобыл), имеет мягкий и удобный шаг. Карачаевская порода лошадей уникальна тем, что она универсальна и успешно может использоваться, наряду с выполнением задач сельскохозяйственного производства в горных условиях, для массового конного спорта, конной охоты и туризма, службы в армии и пограничных войсках.

Карачаевская порода лошадей является существенным элементом этноса карачаевского народа, тесно связанного с особенностями эколого-географических условий его формирования. Детальное зоотехническое обследование коневодства Северного Кавказа, проводившееся в 20–30-е годы, позволило отнести к числу подлинно самостоятельных пород региона две породы: кабардинская и карачаевская. На этом основании в 1935 году был выпущен I том Государственной племенной книги горских лошадей, куда и были записаны лучшие представители этих двух пород. После выселения карачаевского народа в республики Средней Азии, лошади карачаевской породы были «переписаны» в кабардинские, что и было зафиксировано во II, III, и IV томах Госплемкниг. Тем не менее, чистопородность карачаевских лошадей была сохранена. Зоотехническое название «карачаевская порода лошадей» было возвращено в 1989 году. В 1992 году в V том ГПК карачаевские лошади уже были записаны самостоятельным разделом, как и кабардинские. 2010 году вышел отдельный VI том лошадей карачаевской породы (Parphenov, Khotov, 2010). В то же время, до сих пор особенности генетической структуры карачаевской лошади остаются недостаточно исследованными. Для выяснения популяционно-генетических характеристик групп карачаевской лошади в настоящей работе выполнено полилокусное генотипирование (геномное сканирование) с использованием оценок полиморфизма участков геномной ДНК, фланкированных инвертированными повторами фрагментов микросателлитов (AG)₉C, (GA)₉C, (GAG)₆C группы карачаевской лошади хозяйства «Ахтамас» (Карачаево-Черкесская Республика).

2. Материалы и методы

В исследования включены образцы крови карачаевских лошадей ООО «Плем-Репродуктора «Ахтамас» (100 голов). ООО «Ахтамас» расположено в станице Сторожевой Зеленчукского района Карачаево-Черкесской Республики. В анализ вошли 47 кобыл и 6 жеребцов рождения 1998–2008 годов (53 головы), а также кобылки, рождения 2014 года (47 голов в возрасте 1 год). Статус племенного репродуктора с правом осуществления деятельности в области племенного животноводства и внесением в единый государственный Регистр племенных хозяйств России ООО «Ахтамас» получило в 2004 г.

Образцы крови получали из яремной вены животных, помещая в индивидуальные пробирки с предварительно добавленными калийными солями ЭДТА (Vacuette K3EDTA). После взятия проб крови их сохраняли на холоде (не замораживая). Из образцов крови геномную ДНК выделяли с помощью коммерческого набора реагентов «ДНК-Экстран-1» (Синтол, Россия) в соответствии с рекомендациями производителя. Процесс выделения включал лизис эритроцитов и ядер клеток, осаждение ДНК изопропанолом и промывку 70 % этанолом с окончательным растворением в бидистиллированной воде или буфере TE. После выделения определяли концентрацию ДНК в растворе с помощью спектрофотометра, количество ДНК составляло от 1,5 до 200 мкг при концентрациях от 15 до 2000 нг/мкл.

Все использованные праймеры были синтезированы по заказу фирмой Синтол, Россия. В качестве праймеров для полилокусного генотипирования по фрагментам ДНК, фланкированным инвертированными повторами микросателлитов (Inter-Simple Sequence

Repeats – ISSR-маркеры) применялись ди- и тринуклеотидные микросателлиты с якорными нуклеотидами – (AG)₉C, (GA)₉C и (GAG)₆C.

Полимеразную цепную реакцию проводили в объеме 20 мкл с использованием коммерческого набора реагентов ПЦР-РВ (Синтол, Россия) по методу (Zietkiewicz et al., 1994). Состав реакционной смеси: ДНК - 2 мкл (около 150 нг), дезоксинуклеозидтрифосфаты (2,5 мМ) – 2 мкл, 10-кратный ПЦР буфер – 2 мкл, MgCl₂ (25 мМ) – 2 мкл, Taq ДНК-полимераза с ингибирующими активностью фермента антителами (5 Е/мкл) – 0,2 мкл, праймер (10 пкмоль/реакцию) – 2 мкл, деионизированная вода – 10 мкл.

Аmplification выполнялась по следующей программе: первичная денатурация (t = 94 °С, 2 мин.); денатурация (t = 94 °С, 30 с.), отжиг (t = 55 °С, 30 с.), элонгация (t = 72 °С, 2 мин.) – 35 циклов; финальная элонгация (t = 72 °С, 10 мин.), ПЦР проводили на амплификаторе «Терцик» (ДНК-технологии, Россия). Продукты амплификации разделяли в горизонтальном 1,5 % агарозном геле в ТВЕ-буфере. Перед нанесением в гель ПЦР-продукт смешивали с красителем – бромфенолом в равных количествах. Напряжение источника тока во время электрофореза составляло 100 в, длительность разделения 80 мин. Окрашивание гелей проводили бромистым этидием концентрацией 0,5 мкг/мл. Фрагменты ДНК визуализировали в УФ свете при помощи трансиллюминатора УВТ-1 (Биоком, Россия) с использованием системы гель-документации VITRAN-PHOTO (Биоком, Россия). Размеры фрагментов ДНК определяли при помощи маркера молекулярных масс 100 bp+1.5 Kb+3 Kb (12 фрагментов от 100 до 3000 bp) M27 (СибЭнзим, Россия).

Для каждого спектра продуктов амплификации (ампликонов) строили матрицу, отражающую присутствие/отсутствие в нем конкретных ампликонов. Для обработки полученных данных использовались программы Microsoft Excel, TFPGA. Каждый ампликон спектра рассматривали как один локус ДНК. Полиморфизм такого локуса оценивали по наличию/отсутствию ампликона соответствующей длины в спектрах с использованием компьютерной программы TFPGA.

Расчет индекса PIC (Polymorphic Information Content) выполнялся по формуле для диаллельных локусов, для которых $PIC = 2f(1-f)$, где f – частота одного из двух аллелей. Поскольку используемые нами маркеры ISSR-PCR, имеют доминантный характер проявления по присутствию продукта амплификации, f рассчитывали по формуле: $f = R^{0.5}$, где R – частота встречаемости животных среди исследованных, у которых в спектрах продуктов амплификации отсутствовал фрагмент ДНК данной длины. Значение R рассматривалось как доля гомозигот по рецессивному аллелю.

3. Результаты и их обсуждение

В результате выполненных исследований, получены следующие данные. Спектры продуктов амплификации с использованием в качестве праймеров последовательностей (AG)₉C, (GA)₉C и (GAG)₆C существенно отличались друг от друга, как по количеству получаемых ампликонов, их длинам (в парах нуклеотидов), так и по их полиморфизму (таблица 1, рис. 1–3). Наиболее полиморфные спектры получены у исследованных групп лошадей при использовании в полимеразной цепной реакции последовательности (GA)₉C.

Суммарно по трём праймерам в спектрах амплификации было получено 43 четко воспроизводимых локуса, из которых 13 оказались полиморфными. Общая доля полиморфных локусов составила 30,2 %, усреднённое значение индекса PIC по трём праймерам составило 0,112 (таблица 1). На основании данных о распределении ампликонов по спектрам амплификации по методу Нея (Nei M., 1972) были определены генетические дистанции между исследуемыми лошадьми, а также между каждой отдельной особью и остальной частью выборки. Среднее значение генетической дистанции между образцами было 0,0683; среднее значение генетической идентичности между образцами – 0,9345.

Сравнивая полученные данные с результатами проведённых ранее исследований (Feofilov et al., 2011; Voronkova et al., 2011), можно обнаружить, что данная выборка лошадей карачаевской породы имеет выраженные особенности по составу спектров амплификации и полиморфизму полученных геномных участков. Можно утверждать, что исследованные лошади из ООО «Плем-Репродуктор «Ахтамас»» генетически исключительно высоко консолидированы, особенно для уровня локальной породы, но, тем не менее, сохраняют определённую степень гетерозиготности, что особенно важно для успеха дальнейшей

племенной работы и сохранения породы. В общем, в спектре продуктов амплификации праймера (AG)₉C было обнаружено 18 воспроизводимых локусов и только 4 из них были полиморфными (с длинами в 1360-1390 пар оснований – п.о., 1330-1350 п.о., 870-900 п.о., 720-750 п.о.). По праймеру (GA)₉C было выявлено 15 воспроизводимых локусов, полиморфными были 6 из них, с длинами в 1120-1170 п.о., 720-750 п.о., 630-640 п.о., 560-590 п.о., 530-550 п.о., 380-400 п.о. По праймеру (GAG)₆C наблюдали 10 воспроизводимых локусов, из них полиморфными были только 3 с длинами в 1060-1110 п.о., 1000-1050 п.о. и 950-980 п.о.

Таким образом, выполненный анализ свидетельствует о высокой эффективности использования ISSR-PCR маркеров для оценки консолидированности групп лошадей с использованием в качестве праймеров в полимеразной цепной реакции участков микросателлитов с коровым мотивом AG, GA и GAG.

На основании оценок полиморфизма продуктов амплификации, полученных с использованием в качестве праймеров фрагментов микросателлитных локусов, с применением программы TFPGA для ISSR-PCR маркеров построена дендрограмма, отражающая генетические взаимоотношения между исследованными представителями карачаевской лошади (рисунок). На этом рисунке видно, что в основном все животные формируют два отчетливо отличающихся кластера, не смотря на общую консолидированность исследованных животных.

Для того чтобы оценить источники наблюдаемых отличий, отдельно были рассмотрены генотипы животных, входящие в эти два разных кластера и сопоставлены друг с другом. Оказалось, что основные отличия между двумя группами животных в спектре праймера (AG)₉C наблюдаются в зоне «тяжелых» фрагментов с длинами в 1360–1390 п.о. и 1330–1350 п.о., в спектре праймера (GA)₉C – с длинами в 1120–1170 п.о. и 630–640 п.о., в спектре праймера (GAG)₆C – по фрагменту длиной в 1060–1110 п.о. То есть, отличия между двумя группами лошадей, сформировавших два отдельных кластера на дендрограммах, наблюдались только по 5-ти фрагментам ДНК из 43-х. В кластер, условно обозначенный как первая группа, входило 49 животных (из них 2 жеребца), во второй – 35 животных (из них 4 жеребца).

Как отмечалось в разделе «Материалы и методы», в исследованную группу животных входили кобылы рождения 1998–2008 годов (47 голов), а также кобылки, рождения 2014 года (47 голов). Внутри каждой возрастной группы животные отличались еще и по масти – вороной или гнедой. Распределения по мастям в каждой возрастной группе кобыл и кобыл, входящей на дендрограмме в первый (47 голов) и второй (31 голова) кластеры, представлены в [таблице 2](#).

Судя по распределению животных, представленного в [таблице 1](#), «старые» кобылы примерно в равном количестве входят в оба кластера, в то время как кобылки входят почти в два раза чаще в кластер № 1 (25 голов) по сравнению с кластером № 2 (14 голов). Отличаются кобылки и преимущественной представленностью животных гнедой масти. Учитывая то, что из 6-ти жеребцов 4-и по результатам генотипирования попадают во второй кластер (№№ 60, 68, 72 и 85) и только 2 в первый кластер (№№ 83 и 84), можно ожидать, что именно их разный вклад в воспроизводство кобыл повлиял на их дифференциацию на две группы по результатам генотипирования, и что жеребцы первого кластера внесли в воспроизводство кобыл относительно больший вклад. Это предположение поддерживается еще и тем, что во втором кластере у кобыл наблюдается отчетливое преимущество гнедой масти, несмотря на то, что все 4 жеребца, входящие во второй кластер, были вороной масти, а жеребцы № 83 и № 84 – гнедой.

4. Заключение

Полученные результаты показывают высокую консолидированность лошадей карачаевской породы по 43 локусам ISSR-PCR маркеров. Это позволяет предположить разный вклад в воспроизводство кобыл жеребцов, отличающихся по некоторым генотипам в спектрах этих маркеров.

Литература

FAO, 2007 – The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture (2007). Edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling. Rome, 540 p.

Feofilov et al., 2011 – Feofilov A.V., Bardukov N.V., Glazko V.I. (2011). Gene pool differentiation between Altaic and trotting horse breeds inferred from ISSR-PCR marker data. // *Genetika*, V. 47, No 9, pp.1230–1235

Hendrickson S.L., 2013 – Hendrickson S.L. (2013). A genome wide study of genetic adaptation to high altitude in feral Andean horses of the paramo. *BMC // Evol Biol.*, V.13, 273. DOI: 10.1186/1471-2148-13-273.

Kalinitchenko et al., 2014 – Kalinitchenko V.P., Batukaev A.A., Zinchenko V.E., Zarmaev A.A., Magomadov A.S., Chernenko V.V., Startsev V.F., Bakoev S.U., Dikaev Z.S. (2014). Biogeosystem technique as a method to overcome the Biological and Environmental Hazards of modern Agricultural, Irrigational and Technological Activities. // *Geophysical Research Abstracts*. EGU General Assembly. Vienna, 2014. DOI: Vol. 16, EGU2014-17015

Kalinitchenko et al., 2016 – Kalinitchenko V., A. Batukaev, A. Zarmaev, V. Startsev, V. Chernenko, Z. Dikaev, S. Sushkova (2016). Biogeosystem technique as the way to certainty of soil, hydrosphere, environment and climate. // *Geophysical Research Abstracts*, Vol. 18, EGU General Assembly, Vienna, EGU2016-3419

Khrabrova, 2011 – Khrabrova L. A. (2011). Theoretical and practical aspects of genetic monitoring in breeding – Thesis of diss. Agricultural Sciences, Divovo, Government of all-Russian Research Institute of Horse Breeding of Russian Agrarian Academy, 26 p

Nei M., 1972 – Nei M. (1972). Genetic distance between populations. // *Amer. Naturalist*, V. 106, No 949, pp. 283–2927

Parphenov, Khotov, 2010 – Parphenov V. A., Khotov V. H. (2010). State Studbook horses of Karachai breed. Ministry of Agriculture of Russian Federation, Moscow, Russian State Agrarian University – MTAА, V. 6.

Voronkova et al., 2011 – Voronkova V. N., Tsendsuren Tsedev, Sulimova G. E. (2011). Comparative Analysis of the Informativeness of ISSR Markers for Estimating Genetic Diversity of Horse Breeds. // *Genetika*, V. 47, № 8, pp. 1131–1134

Zaitseva, 2010 – Zaitseva M. A. (2010). Breed specific features of microsatellite allele DNA of horses stud and local breeds – Thesis of diss. Agricultural Sciences, Divovo, Government of all-Russian Research Institute of Horse Breeding of Russian Agrarian Academy, 24 p

Zietkiewicz et al., 1994 – Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D. (1994). Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification // *Genomics*, V. 20, pp. 176–183

References

FAO, 2007 – The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture (2007). Edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling. Rome, 540 p.

Feofilov et al., 2011 – Feofilov A.V., Bardukov N.V., Glazko V.I. (2011). Gene pool differentiation between Altaic and trotting horse breeds inferred from ISSR-PCR marker data. *Genetika*, V. 47, No 9, pp. 1230–1235

Hendrickson S.L., 2013 – Hendrickson S.L. (2013). A genome wide study of genetic adaptation to high altitude in feral Andean horses of the paramo. *BMC Evol Biol.*, V.13, 273. DOI: 10.1186/1471-2148-13-273.

Kalinitchenko et al., 2014 – Kalinitchenko V.P., Batukaev A.A., Zinchenko V.E., Zarmaev A.A., Magomadov A.S., Chernenko V.V., Startsev V.F., Bakoev S.U., Dikaev Z.S. (2014). Biogeosystem technique as a method to overcome the Biological and Environmental Hazards of modern Agricultural, Irrigational and Technological Activities. *Geophysical Research Abstracts*. EGU General Assembly. Vienna, 2014. DOI: Vol. 16, EGU2014-17015

Kalinitchenko et al., 2016 – Kalinitchenko V., A. Batukaev, A. Zarmaev, V. Startsev, V. Chernenko, Z. Dikaev, S. Sushkova (2016). Biogeosystem technique as the way to certainty of soil, hydrosphere, environment and climate. *Geophysical Research Abstracts*, Vol. 18, EGU General Assembly, Vienna, EGU2016-3419

[Khrabrova, 2011](#) – *Khrabrova L. A.* (2011). Theoretical and practical aspects of genetic monitoring in breeding – Thesis of diss. Agricultural Sciences, Divovo, Government of all-Russian Research Institute of Horse Breeding of Russian Agrarian Academy, 26 p

[Nei M., 1972](#) – *Nei M.* (1972). Genetic distance between populations. *Amer. Naturalist*, V. 106, No 949, pp. 283–2927

[Parphenov, Khotov, 2010](#) – *Parphenov V. A., Khotov V. H.* (2010). State Studbook horses of Karachai breed. Ministry of Agriculture of Russian Federation, Moscow, Russian State Agrarian University – МТАА, V. 6.

[Voronkova et al., 2011](#) – *Voronkova V. N., Tsendsuren Tsedev, Sulimova G. E.* (2011). Comparative Analysis of the Informativeness of ISSR Markers for Estimating Genetic Diversity of Horse Breeds. *Genetika*, V. 47, № 8, pp. 1131–1134

[Zaitseva, 2010](#) – *Zaitseva M. A.* (2010). Breed specific features of microsatellite allele DNA of horses stud and local breeds – Thesis of diss. Agricultural Sciences, Divovo, Government of all-Russian Research Institute of Horse Breeding of Russian Agrarian Academy, 24 p

[Zietkiewicz et al., 1994](#) – *Zietkiewicz E., Rafalski A., Labuda D.* (1994). Genome fingerprinting by sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification Genomics, V. 20, pp. 176–183

Таблица 1. Основные параметры спектров продуктов амплификации (ISSR-PCR маркеры), полученных на геномной ДНК карачаевских лошадей (100 голов) хозяйства «Ахтамас».

Праймер	(AG) ₉ C	(GA) ₉ C	(GAG) ₆ C	В сумме по трём праймерам
Количество локусов в спектре продуктов амплификации	18	15	10	43
Границы длин анализируемых локусов, п.о.	380-1490	380-1550	380-1350	380-1550
Полиморфное информационное содержание (PIC)	0,092	0,133	0,118	0,112
Доля полиморфных локусов (P, %)	22,2	40,0	30,0	30,2

Таблица 2. Распределение по возрастным группам и по мастям лошадей, входящих на дендограмме в условно обозначенный кластер №1 и кластер №2.

«Старые» кобылы				Годовалые кобылки			
Кластер №1		Кластер №2		Кластер №1		Кластер №2	
22		17		25		14	
гнедые	вороные	гнедые	вороные	гнедые	вороные	гнедые	вороные
13	9	10	7	16	9	11	3

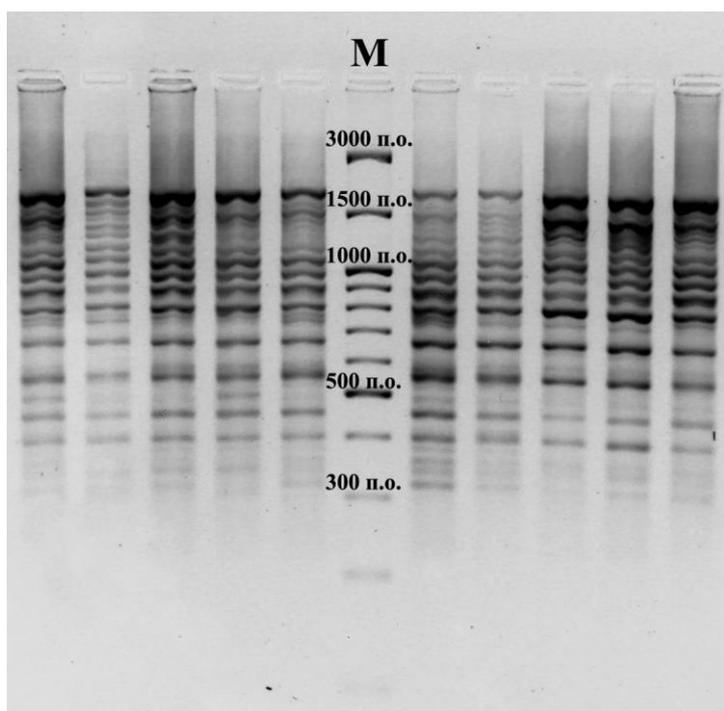


Рис. 1. Пример спектра амплификации праймера $(AG)_9C$ у лошадей карачаевской породы ООО «Плем-Репродуктор Ахтамас».
М – маркер молекулярных масс

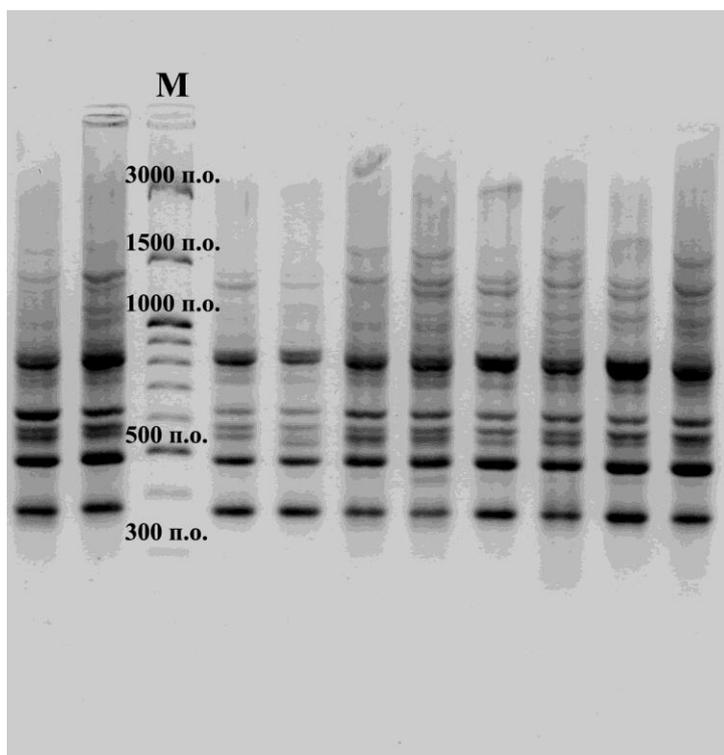


Рис. 2. Пример спектра амплификации праймера $(GA)_9C$ у лошадей карачаевской породы ООО «Плем-Репродуктор Ахтамас».
М – маркер молекулярных масс

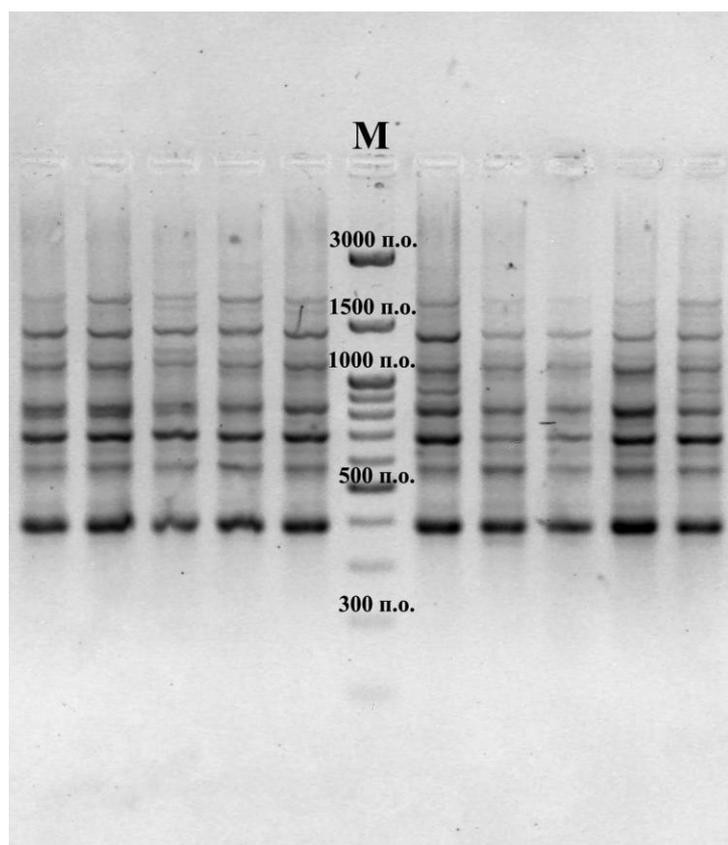


Рис. 3. Пример спектра амплификации праймера $(GAG)_6C$ у лошадей карачаевской породы ООО «Плем-Репродуктор Ахтамас». М – маркер молекулярных масс.

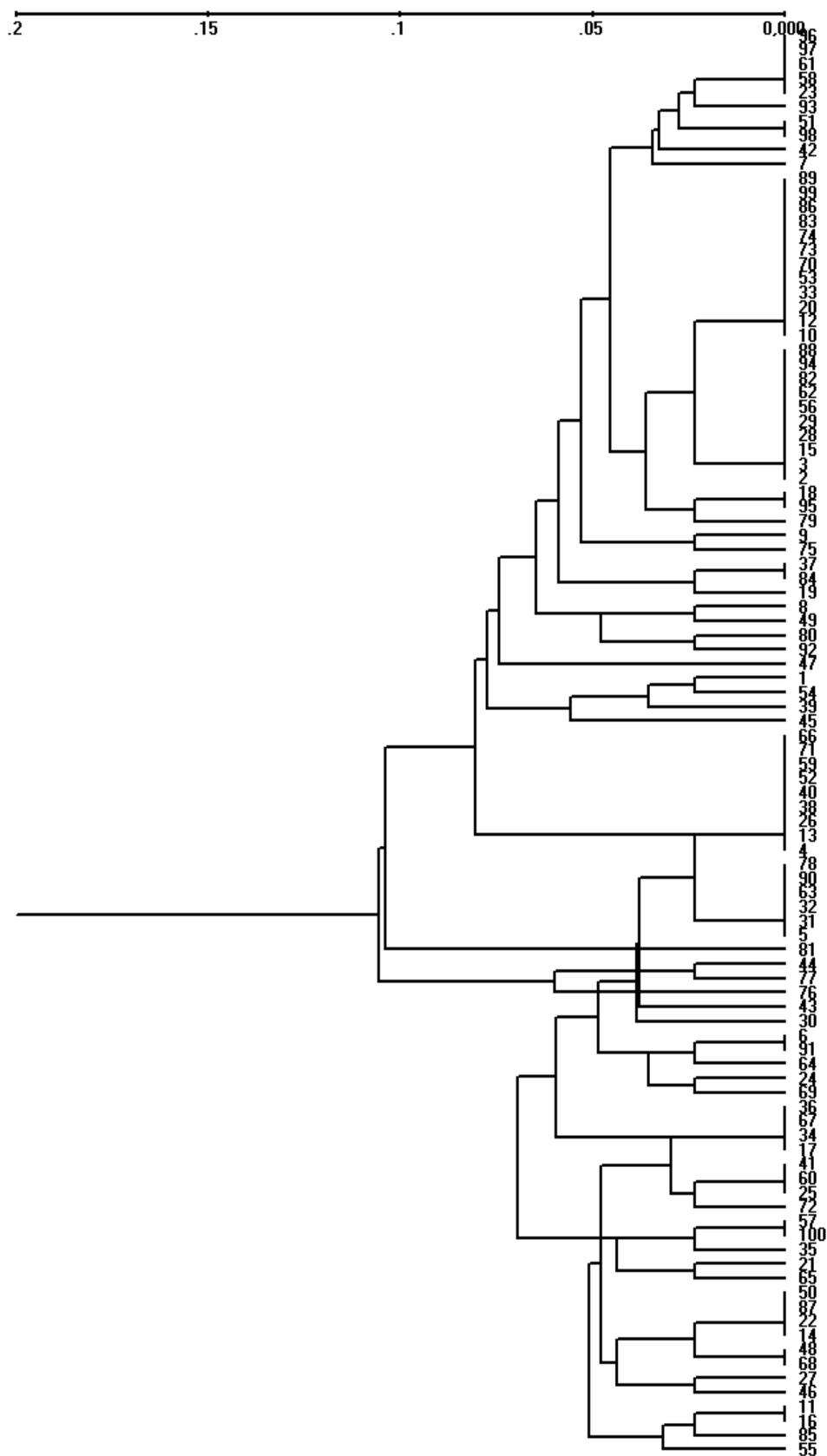


Рис. 4. Дендрограмма генетических взаимоотношений между «старыми» кобылами», годовальными кобылками и 6-тью жеребцами карачаевской породы ООО «Плем-Репродуктор Ахтамас», построенная на основании оценок полиморфизма 43 локусов ISSR-PCR.

УДК 539.1.047:575.224

Генетическая структура Карачаевской лошади по ISSR-PCR маркерамВалерий И. Глазко ^{a, b, *}, Тимур А., Эркенов ^a, Глазко Т.Т. ^{a, b}, Хызыр М. Джатоев ^c^a РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, Российская Федерация^b Центр экспериментальной эмбриологии и репродуктивных биотехнологий, Российская Федерация^c Минсельхоз Карачаево-Черкесской республики, Российская Федерация

Аннотация. Сокращение биоразнообразия, необратимое исчезновение генофондов местных отечественных пород, высоко адаптированных к локальным агроэкосистемам, требует развития методов выявления уникальных особенностей отечественных генетических ресурсов сельскохозяйственных животных. В этой связи в настоящей работе выполнены исследования генофонда представителей отечественной карачаевской породы лошадей, отличающейся адаптированностью к условиям горной гипоксии. Выполнен анализ генотипов 43 локусов у 47 кобыл, 47 годовалых кобыл и 6-ти жеребцов с использованием методов генотипирования продуктов амплификации фрагментов геномной ДНК лошадей, фланкированных инвертированными повторами участков микросателлитных локусов (AG)₉C, (GA)₉C и (GAG)₆C с использованием полимеразной цепной реакции (Inter-Simple Sequence Repeats – ISSR-PCR маркеры). Получены данные, свидетельствующие о высокой степени консолидированности исследованной группы животных, обнаружено, что в среднем индекс генетической идентичности между животными равен 0,9345. Относительно повышенным полиморфизмом отличались спектры продуктов амплификации, полученные с использованием в качестве праймера последовательности (GA)₉C. Во всех спектрах, суммарно, только 13 локусов из 43-х были полиморфными и только 5 из них оказались вовлеченными в подразделенность исследованных животных по генетическим расстояниям на два кластера. Учитывая генотипы жеребцов можно ожидать, что дифференциация между годовалыми кобылками обусловлена их разным вкладом жеребцов в формирование их генофондов.

Ключевые слова: карачаевская порода лошадей, спектры продуктов амплификации, генетическая дифференциация, ISSR-PCR маркеры, консолидированность.

* Корреспондирующий автор

Адреса электронной почты: vigvalery@gmail.com (В.И. Глазко)