

2. **Potapova Svetlana Nikolaevna**, Junior Researcher, Laboratory of Technogenic Ecotoxicants, Department of Toxicology, Federal Center for Toxicological, Radiation and Biological Safety, 420075, Republic of Tatarstan, Kazan, Nauchnyi gorodok -2; e-mail: svetlana150895@yandex.ru, tel. 8-917-914-19-08;

3. **Kadikov Ilnur Ravilevich**, Doctor of Biological Sciences, Head of the Laboratory of Technogenic Ecotoxicants, Department of Toxicology, Federal Center for Toxicological, Radiation and Biological Safety, 420075, Republic of Tatarstan, Kazan, Nauchnyi gorodok -2; e-mail: cir6@yandex.ru, tel. 8-987-268-73-75.

УДК 636.046.2

DOI: 10.48612/vch/np59-6mmp-xrxh

## ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОТИПОВ STR-ЛОКУСОВ ОСНОВНЫХ ЛИНИЙ ЖЕРЕБЦОВ АБОРИГЕННОЙ КЫРГЫЗСКОЙ ЛОШАДИ

**Б. И. Токтосунов<sup>1)</sup>, Д. А. Баймуканов<sup>2)</sup>, А. Х. Абдурасулов<sup>3)</sup>, С. Д. Монгуш<sup>4)</sup>**

<sup>1)</sup>Институт биотехнологии Национальная Академии Наук,  
720071, г. Бишкек, Кыргызская Республика

<sup>2)</sup>ТОО «Научно-производственный центр животноводства и ветеринарии»  
010000, г. Нур-Султан, Республика Казахстан

<sup>3)</sup>Ошский государственный университет,  
723500, г. Ош, Кыргызская Республика

<sup>4)</sup>Тувинский государственный университет,  
667000, г. Кызыл, Российская Федерация

**Аннотация.** Сегодня изучение локусов микросателлитов – это не только контроль происхождения и генетическая идентификация, но и полиморфизм локусов микросателлитов. Методика успешно применяется при проведении генетического мониторинга пород и популяций лошадей и при изучении межпородной дифференциации. Генетические исследования особенно актуальны в отношении аборигенных кыргызских лошадей, находящихся на грани исчезновения, что позволяет достаточно адекватно оценить и поддержать уровень генетического потенциала и разнообразия. Отобранные для опытов жеребцы-производители исследовались на генетическом уровне по 17 микросателлитным локусам. Результаты исследования показали, что самый высокий уровень полиморфности исследованных локусов был отмечен у аборигенных пород лошадей, хорошо приспособленных к существованию в природных условиях. А самый низкий уровень полиморфности был зарегистрирован у лошадей чистокровной верховой породы. Из 17 исследованных STR-локусов было идентифицировано 120 аллелей. Число аллелей в каждом локусе варьировало от 4 до 8, при среднем значении  $7,06 \pm 0,231$  аллелей на локус. По среднему числу аллелей в расчете на один локус значение кыргызской популяции среди других аборигенных популяций относительно ближе к данным алтайской породы (7,27 аллелей/локус). Среди жеребцов-производителей по числу аллелей имеются незначительные отклонения, и среднее значение составляет 30 аллелей на 17 локусов. Относительно большое количество – 120 аллелей у исследуемых жеребцов аборигенной кыргызской лошади свидетельствует о значительном генетическом потенциале и их высоком генетическом разнообразии, обеспечивающим необходимые приспособленческие качества и способность к воспроизводству в широком диапазоне неблагоприятных кормовых и природно-климатических условий.

**Ключевые слова:** кыргызская лошадь, жеребец, генотип, STR-локус, аллель.

**Введение.** Изучение и рациональное использование локальных аборигенных пород имеет важное значение в связи с их адаптированностью к местным природно-климатическим условиям, устойчивостью к заболеваниям. Местные породы лошадей обладают генетическими особенностями, что указывает на их уникальность генофонда. В условиях сокращения численности и критического статуса ряда аборигенных пород все более актуальным становится использование генетических методов их сохранения и приумножения.

Идея сохранения генетических ресурсов предложена С. Серебровским (1928). Он дает такое определение: «Генофонд – это совокупность генов, которые имеются у особей данной популяции, группы популяций или вида» [3]. Изучением генофонда занимается популяционная генетика, которая исследует распределение частот аллелей (различных форм одного и того же гена, расположенных в одинаковых участках хромосом), а также их изменение под влиянием движущих сил эволюции, определяющих генетическую структуру популяции. То есть, приводит описание генетического состава популяций и анализ причин изменения генофонда популяции.

Популяционная генетика как самостоятельный раздел генетической науки сформировалась в начале 20 века. Огромный вклад в науку внес В.Л. Иогансен (W.L. Johannsen) (1903) с работой «О наследовании в популяциях и чистых линиях»; Г.Х. Харди (G. H. Hardy) и В. Вейнберг (W. Weinberg) (1908) дали математическое обоснование соотношения аллелей в популяции, С.С. Четвериков (1926) показал, что

генотипическую эволюцию популяций определяет накопление мутаций и естественный отбор, и опубликовал результаты первого экспериментального исследования по генетике природных популяций. Н.П. Дубинин, Д.Д. Ромашов и С. Райт (S. Wright) (1931-1932) сформулировали теорию генетико-автоматического процесса (теория дрейфа генов) [1].

Изучение генофонда популяций и пород с использованием молекулярно-генетических маркеров открывает новые возможности. Это решение многих теоретических и практических вопросов, связанных с эволюцией видов, процессов пороодообразования, оценкой генетического сходства животных на индивидуальном и популяционном уровнях. В.В. Калашников (2011) писал: «Исследования, проводимые с середины 1990-х годов, доказали эффективность применения микросателлитных маркеров. Благодаря высокой вариабельности, кодоминантному наследованию и известной локализации в геноме они идеально подходят для изучения генетических особенностей и происхождения пород» [2]. В своей статье М.А. Зайцева (2011) дает определение, что «Микросателлиты (STR, Short Tandem Repeats) – это короткие, последовательно расположенные повторы, которые являются удобными генетическими маркерами из-за относительно несложной методики определения, высокого уровня полиморфизма и стабильного аутосомного кодоминантного наследования» [4].

Информацию о структуре микросателлитных последовательностей получают после выделения интересующих фрагментов, полученных в ходе RAPD-ПЦР с последующим сиквенсом и подбором фланкирующих праймеров, а также методом визуализации, который происходит путем использования меченых флуоресцентными метками праймеров с последующим спектрографическим лазерным анализом. Для обработки данных и унификации результатов, полученных в разных лабораториях, было внедрено буквенное обозначение аллелей микросателлитов по аналогии с таковым у аллелей белков и ферментов крови лошадей. Изучение локусов микросателлитов – это не только контроль происхождения и генетическая идентификация, но и полиморфизм локусов микросателлитов. Методика успешно применяется при проведении генетического мониторинга пород и популяций лошадей и при изучении межпородной дифференциации. Типирование лошадей по локусам микросателлитов ДНК позволяет повысить эффективность генетической экспертизы практически до 100% в определении генетической структуры и филогенетической связи пород, а также проводить мониторинг гетерогенности популяций.

**Материал и методы исследований.** Международным обществом по генетике животных (International Society of Animal Genetics, ISAG) были предложены панели локусов микросателлитов для основных видов сельскохозяйственных, домашних и одомашненных животных, в которые включены наиболее информативные локусы (таблица 1).

Таблица 1 – Характеристика панелей микросателлитов, рекомендованная ISAG

Вид животных	Число локусов микросателлитов	Особенности ПЦР
1	2	3
лошадь	9 основных, 6 дополнительных (А.Т. Bowling, 1998)	две мультиплексные реакции
КРС	9 основных, 5 дополнительных	две мультиплексные реакции
собака	23 локуса (рекомендованы в 2000 году)	две мультиплексные реакции
овца	19 локусов (рекомендованы в 2002 году)	три мультиплексные реакции
коза	16 локусов (рекомендованы в 2002 году, 4 локуса аналогичны локусам овец)	три мультиплексные реакции (1 аналогична ПЦР для овец)
свинья	15 локусов (рекомендованы в 2002 году)	две мультиплексные реакции

Методика определения полиморфизма микросателлитов применяется с начала 90-х гг. прошлого века и практически сразу микросателлитные маркеры показали высокую эффективность.

На основании обобщения результатов собственных исследований и анализа многочисленных публикаций по изучению и использованию полиморфизма структурных генов и участков ДНК (STR, SNP) лошадей, Л.А. Храброва (2015) сформулировала основные направления исследовательской работы в коневодстве:

- изучение генетической структуры и филогенеза пород и популяций лошадей, включая оценку степени разнообразия и определение генетического сходства;
- генетическая сертификация происхождения лошадей;
- генетический мониторинг пород лошадей, сохранение оригинальности и гетерогенности аллелофонда малочисленных пород;
- совершенствование метода линейного разведения, включая генетическую оценку степени дифференциации генеалогической структуры породы, определение генетического сходства с родоначальником;
- контроль применения родственного разведения, включая мониторинг за нарастанием гомозиготности и оценку результатов инбридинга;
- селекция по маркерам, ассоциированным с хозяйственно-полезными признаками;
- диагностика наследственных дефектов и заболеваний, в том числе SCID, CA, HYPP и др. [5].

Для лошадей панель микросателлитов, включающая локусы, обладающие высоким уровнем полиморфизма, приведены в таблице 2.

Таблица 2 – Характеристика локусов микросателлитов, рекомендованных ISAG

Локус	Количество аллелей	Длина фрагментов, bp/ M value	Метка праймера, DYE
AHT4	9	146-170/158	FAM
AHT5	8	129-149/138	JOE
ASB2	17	220-240/244	JOE
HMS2		218-238/	TAMRA
HMS3	10	149-172/160	TAMRA
HMS6	6	157-169/163	JOE
HMS7	6	172-180/179	FAM
HTG4	7	120-140/133	FAM
HTG6	8	80-107/96	JOE
HTG7	5	118-130/124	TAMRA
HTG10	7	92-112/101	TAMRA
VHL20	10	86-105/97	FAM
HMS1*	6-7	170-180/181	-/-
LEX3*	-	-/210	-/-
LEX33*	-	-/207	-/-

Используя генетические маркеры, можно определить диапазон популяционной и видовой изменчивости, изучения филогенеза, степени генетического сходства и последующей микроэволюции пород лошадей.

В настоящее время в теоретической и прикладной генетике лошади используется огромное количество локусов микросателлитов. Однако только наиболее информативные и обладающие стабильным наследованием без проявления эффекта «нулевых» аллелей были отобраны комитетом Международного общества по изучению генетики животных.

В настоящее время официально рекомендованный ISAG коммерческий набор реактивов дополнился еще 5 парами праймеров. Таким образом, предлагаемая панель стала включать 17 локусов микросателлитов ДНК.

**Результаты и обсуждение.** Результаты исследования показали, что самый высокий уровень полиморфности исследованных локусов был отмечен у аборигенных пород лошадей, хорошо приспособленных к существованию в природных условиях. А самый низкий уровень полиморфности был зарегистрирован у лошадей чистокровной верховой породы [6]. Изучение генетических особенностей локальных пород лошадей является основой при разработке методов генетического мониторинга в коневодстве. В мире разводится целый ряд уникальных местных пород, многие из которых отнесены к породам с ограниченным генофондом. Необходимо и далее изучать генетическую изменчивость местных пород лошадей, целью которого является разработка методических рекомендаций по изучению и сохранению генофонда отечественных пород лошадей.

В России ВНИИ коневодства уже несколько десятилетий изучают генетическую структуру аборигенных пород лошадей страны. На базе ДНК-лаборатории были проведены исследования молекулярно-генетических особенностей местных пород с использованием микросателлитов ДНК. Результаты свидетельствуют об уникальности и своеобразной генетической структуре этих лошадей. Л.А. Храброва (2016) в своей статье пишет, что полиморфизм микросателлитных локусов у 10 местных пород лошадей в 17 STR локусах протестирован в 184 вариантах фрагментов. Число аллелей варьировало от 2 (HTG6 у печорской лошади) до 14 (ASB17 у алтайской лошади), в среднем составило 6,82 на локус, большинство приватных аллелей с низкой частотой встречаемости менее 5%. Кроме стандартных 17-ти микросателлитных локусов выявлено несколько новых аллелей: AHT5P; ASB2H; ASB17U; ASB23M; ASB23N; CA425E; HMS1O; HMS1R; HMS2D; HMS2G; HMS2N; LEX3R; LEX3S. Также выявлены существенные межпородные различия по основным генетико-популяционным характеристикам – по общему числу аллельных вариантов, эффективному числу ( $A_e$ ) и среднему числу аллелей на один локус (MNA) (таблица 3.).

Таблица 3 – Популяционно-генетическая характеристика лошадей местных пород

Порода	n	Ae	Ho	He	Fis	MNA
Алтайская	39	4,60	0,723	0,750	0,036	7,47
Башкирская	100	4,44	0,755	0,750	- 0,006	8,29
Бурятская	13	3,21	0,694	0,697	0,004	5,47
Вятская	16	3,72	0,691	0,709	0,025	6,00
Забайкальская	31	4,01	0,729	0,732	0,004	6,82
Мезенская	43	3,81	0,693	0,709	0,023	6,59
Печорская	12	4,25	0,726	0,738	0,016	5,81
Тувинская	35	4,20	0,748	0,742	- 0,008	6,65
Хакасская	18	4,05	0,726	0,727	0,001	6,12
Якутская	42	4,27	0,734	0,732	-0,003	7,00

*Примечание:*

1. Ae – эффективное число аллелей.
2. He – ожидаемая гетерозиготность.
3. Ho – наблюдаемая гетерозиготность.
4. Fis – уровень популяционного инбридинга.
5. MNA – среднее число аллелей на локус.

Число действующих аллелей (Ae) местных пород варьирует от 3,21 (бурятская) до 4,60 (алтайская), также и наблюдаемая гетерозиготность (Ho) меняется от 0,691 (вятская) до 0,802 (алтайская). Отрицательное значение коэффициента популяционного инбридинга Fis двух пород свидетельствует о положительном балансе гетерозисных типов. В группе российских местных пород наиболее высокие показатели генетического разнообразия у лошадей башкирской породы, кроме уровня полиморфности Ae, которая максимальна у алтайской породы (Ae = 4,6). И по другим показателям имеет наивысшее генетическое сходства с башкирской породой.

Следовательно, молекулярно-генетический анализ полиморфизма сателлитной ДНК местных пород России демонстрирует высокий уровень варибельности аллелей, обуславливающий хорошие адаптивные качества, и имеет своеобразную и уникальную генетическую структуру, которая характерна в большинстве случаев наличием частных аллелей [7].

Исследованные популяции местных лошадей различаются по своей генетической структуре и степени дифференциации, межпородная генетическая дистанция варьирует в широком интервале 0,075 – 0,690.

По представленной Л.А. Храбровой (2016) дендрограмме (рис. 1), кластерный анализ демонстрирует то, что местные породы образуют один общий субкластер и по своему генофонду существенно отличаются от культурных пород. В субкластер «местных» пород попали две культурные породы – орловская рысистая и русский тяжеловоз. Не вызывает сомнения, что имело место кровосмешение при создании этих пород. Таким образом, кластерный анализ доказывает генетическую общность лошадей местных пород России, которые формировались в самых разных природно-климатических условиях и географических поясах [7].

Кроме популяционных генетических исследований изучение структурных генов и участков ДНК имеет широкий спектр применения на практике коневодства. Определение особенностей ядерной и митохондриальной ДНК лошадей разных пород и найденных останков древних лошадей позволят прояснить многие вопросы эволюции эквидов. Генетическая особенность локальных пород лошадей станет основой для разработки методов генетического мониторинга. Это даст возможность использования новых технологий в селекции отбора и подбора на генотипическом уровне. Внедрение маркерной селекции в коневодческую практику даст возможность более эффективного использования индивидуальной системы отбора и подбора особей. При разведении пород по линиям генетическая информация покажет наличие четко выраженных межлинейных различий по наличию и частоте встречаемости отдельных аллелей исследуемых локусов. При этом будет дополнена еще одним важным зоотехническим методом оценки дифференциации сложившейся генеалогической структуры. Это даст весьма ценную информацию о степени генетического различия или сходства мужских и женских линий и позволит наполнить родословную конкретной генетической информацией. Генетические маркеры животных позволят проводить оценку результатов родственного разведения по фактическому генотипическому сходству с инбридируемым предком и контролировать уровень гомозиготности у инбредных животных. Это подтверждается результатами исследований Л.А. Храбровой (2015), где тенденция нарастания гомозиготности была отмечена только при близкородственном спаривании при коэффициенте инбридинга 5,0% и выше, фактически на границе проявления инбредной депрессии [5].

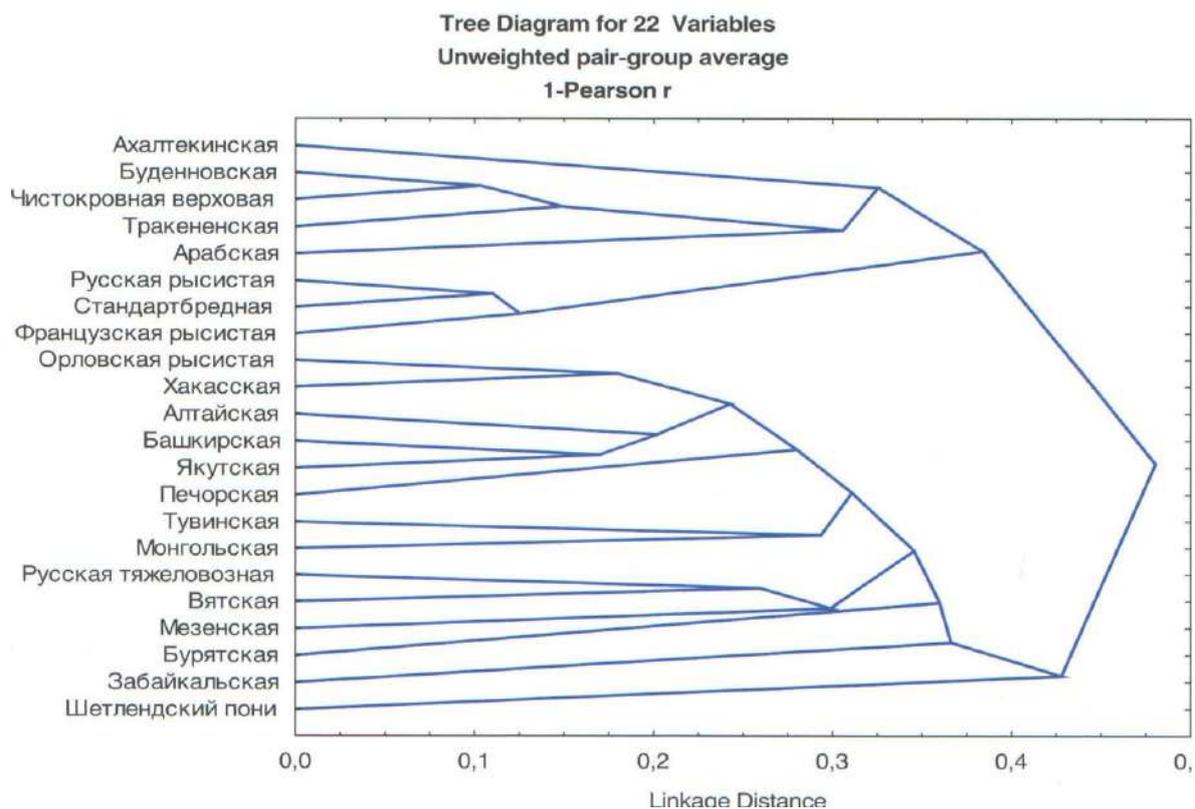


Рис. 1. Дендрограмма генетических дистанций между породами лошадей по STR-локусам по Nei (1978)

Одним из достижений современной генетики является разработка методов ДНК-типирования десятка наследственных заболеваний лошадей, вызванных различными дефектами нормальных генов. На практике у 1-2% новорожденных жеребят имеются наследственные аномалии. При высокой степени селекции, при отсутствии генетического контроля и селекции животных этот показатель будет иметь тенденцию к увеличению [11].

Используя новейшую технологию полногеномного сканирования и чипов высокой плотности (Illumina 50K, 54K, 70K SNP), ученым удалось выявить локализацию генов, определяющих многие селекционируемые признаки, включающие скаковую и спортивную работоспособность лошадей. Шведский генетик L.S. Andersson (2012) идентифицировал локус, детерминирующий способность лошади двигаться иноходью. Оказалось, что это зависит от мутации в гене *DMRT3*, локализованном в хромосоме 23 [11].

На основании этого и других подобных исследований был разработан тест для определения предрасположенности лошадей рысистых пород к локомоции иноходью, результаты исследований приведены в таблице 3.

Таблица 3 – Распределение генотипов локуса *DMRT3* у лошадей разных пород

Порода	СС	СА	АА
Исландские пони	3	105	149
Стандартбредная (иноходцы)	0	0	37
Стандартбредная (рысаки)	3	31	304
Северо-шведская рысистая	74	168	48
Северо-шведская тяжеловозная	31	0	0
Арабская	29	0	0
Чистокровная верховая	35	0	0
Миссури фокс рысак	0	0	40
Теннессийская прогулочная	0	1	32

Генетическая детекция этой мутации представляет интерес для селекции лошадей по признаку предрасположенности к иноходи.

Немецкими исследователями из Ганновера во главе с О. Distl (2012), использовавших технологию полногеномного сканирования и чип высокой плотности (Illumina 54K SNP), удалось установить, что конкурные качества лошадей статистически значимо зависят от генов, локализованных в хромосомах 1, 8, 14, 16, 17 и 23, а способность к выезде определяют гены 1, 3, 5, 16 и 17 хромосом [9].

При использовании традиционных методов селекционная ценность лошади, включающая информацию о работоспособности и качестве ее потомства, возможна при достижении возраста 8-10 лет. При использовании геномной селекции дополнительная генетическая информация значительно увеличивает точность селекционной ценности молодых не испытанных лошадей, а также взрослых лошадей, не имеющих оцененного потомства [10]. Это свидетельствует о перспективности метода геномной селекции в коневодстве, тем более что уже разработаны SNP-чипы малой и высокой плотности (3K, 9K, 17K, 35K, 50K, 54K, Equine SNP70K).

Генетические исследования особенно актуальны в отношении аборигенных кыргызских лошадей, находящихся на грани исчезновения. Это позволяет достаточно адекватно оценить и поддержать уровень генетического потенциала и разнообразия. Отобранные жеребцы-производители исследовались на генетическом уровне по 17 микросателлитным локусам.

По таблице 4, из 17 исследованных STR-локусов было идентифицировано 120 аллелей.

Число аллелей в каждом локусе варьировало от 4 до 8, при среднем значении  $7,06 \pm 0,231$  аллелей на локус. По среднему числу аллелей в расчете на один локус значение кыргызской популяции среди других аборигенных популяций относительно ближе к данным алтайской породе (7,27 аллелей/локус). Среди жеребцов-производителей по числу аллелей имеются незначительные отклонения и среднее значение составляет 30 аллелей на 17 локусов.

Таблица 4 – Генотипы STR-локусов основных линий жеребцов аборигенной кыргызской породы лошадей

Локусы	Ансар кула проба №25	Чий кашка проба №18	Тай тору проба №2	Каракуш проба №29	Число аллелей на локус
	Аллели				
VHL20	IL	MN	OR	M	7
HTG4	MQ	LM	MP	KM	8
AHT4	IJ	KO	JM	IO	8
HMS7	MN	JK	MN	LO	8
HTG6	O	IJ	GO	IJ	7
AHT5	LO	K	MO	MO	7
HMS6	MO	MO	OP	O	7
ASB23	IS	JL	S	KL	7
ASB2	NO	KN	BN	KN	8
HTG10	O	O	PR	MR	6
HTG7	KO	N	KO	NO	7
HMS3	NP	P	P	PR	6
HMS2	LR	KR	LR	IK	8
ASB17	NQ	HP	NS	IN	8
LEX3	I	M	G	L	4
HMS1	JK	KM	MN	M	7
CA425	JN	N	MN	NO	7
Всего	31	28	31	30	120

Аллели, как различные формы одного гена, воздействуют и контролируют развитие и проявление качественных и количественных признаков лошадей.

**Заключение.** Проведенные исследования жеребцов-производителей кыргызской аборигенной породы по фенотипическим показателям подтверждают принадлежность данных особей к аборигенной кыргызской лошади, а также об относительной идентичности.

Относительно большое количество – 120 аллелей у исследуемых жеребцов аборигенной кыргызской лошади свидетельствуют о значительном генетическом потенциале и их высоком генетическом разнообразии, обеспечивающим необходимые приспособленческие качества и способность к воспроизводству в широком диапазоне неблагоприятных кормовых и природно-климатических условий.

#### Литература

1. Дубинин, Н. П. Аллельные маркеры при наследовании отдельных участков и целых хромосом у сельскохозяйственных животных / Н. П. Дубинин, А. М. Машуров // Сельскохозяйственная биология. – 1986. – № 2. – С. 71-79.
2. Калашников, В. В. Изучение полиморфизма сателлитной ДНК лошадей заводских и местных пород / В. В. Калашников, Л. А. Храброва, А. М. Зайцев и др. // Доклады РАСХН. – 2010. – № 6. – С. 48 - 50.
3. Серебровский, А. С. Геногеография и генофонд с/х животных / А. С. Серебровский // Научное слово. – 1928. – №9. – С. 3-22.
4. Храброва, Л. А. Методические положения по использованию ДНК-анализа лошадей для оценки генетических ресурсов в коневодстве / Л. А. Храброва, Л. В. Калинин, М. А. Зайцева. – Дивово, 2011. – 28 с.
5. Храброва, Л. А. Стратегия использования генетических маркеров и геномной селекции в коневодстве / Л. А. Храброва. – Дивово, 2015. – 81 с.
6. Храброва, Л. А. Маркер-вспомогательная селекция в коневодстве / Л. А. Храброва. – Дивово, – 2017. – 77 с.
7. Храброва, Л. А. Сравнительная характеристика аллелофонда местных пород лошадей по ДНК-маркерам / Л. А. Храброва // Аборигенные породы лошадей: их роль и место в коневодстве Российской Федерации. – Ижевск, 2016. – С.171-177.
8. Alderson, L. Criteria for the recognition and prioritization of breeds of special genetic importance / L. Alderson // Animal Genetic Resources Information. 2003. Vol. 33. P. 1-9. Doi: 10.1017/S10142339000537X
9. Distl, O. Genome-wide association mapping and genomic breeding values for warmblood horses / O. Distl, J. Metzger, R. Schrimpf et al. // Book of Abstracts of the 63rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Bratislava, Slovakia. 2012. - N 18. - С. 323.
10. Haberland, A.M. Integration of genomic information into sport horse breeding programs for optimization of accuracy of selection / A.M. Haberland, U. Konig von Borstel, H. Simianer, S. Konig// Animal. - 2012. - Vol.6. - N 9. - P.1369-1376.
11. Nicolas, F.W. Mutation discovery for Mendelian traits in non-laboratory animals: a review of achievements up to 2012 / F.W Nicolas., M. Hobbs // Animal Genetics. - 2014. - Vol. 45. – № 2. - P.157-170.

#### Сведения об авторах

1. **Токтосунов Болот Ишембекович**, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, старший научный сотрудник Института биотехнологии Национальной Академии Наук, г. Бишкек, ул. Салиева 182/10. e-mail: bolot\_2020@mail.ru, тел. +996 777 977 599.
2. **Баймуканов Дастанбек Асылбекович**, доктор сельскохозяйственных наук, доцент, член-корреспондент НАН РК, главный научный сотрудник отдела животноводства, ветеринарии и оценки качества кормов и молока, ТОО «Научно-производственный центр животноводства и ветеринарии, 010000, г. Нур-Султан, Республика Казахстан, ул. Кенесары, дом 40,. e-mail: dbaimukanov@mail.ru, тел. +7(707)248-06-68.
3. **Абдурасулов Абдугани Халмурзаевич**, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, заведующий кафедрой ветеринарной медицины и биотехнологии, Ошский государственный университет, Кыргызская Республика, г. Ош, e-mail: abdurasul65@mail.ru, тел. +996 559 602 034.
4. **Монгуш Саяна Даржаевна**, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент кафедры технологии производства и переработки продукции сельскохозяйственного производства, Тувинский государственный университет, Россия, г. Кызыл, e-mail: s.mongush@mail.ru, тел. +7(999)8668075.

#### POLYMORPHISM OF GENOTYPES OF STR LOCI OF THE MAIN LINES OF STALLIONS OF THE ABORIGINAL KYRGYZ HORSE

**B.I. Toktosunov<sup>1)</sup>, D.A. Baymukanov<sup>2)</sup>, A. H. Abdurasulov<sup>3)</sup>, S.D. Mongush<sup>4)</sup>**

<sup>1)</sup>*Institute of Biotechnology of the National Academy of Sciences,  
720071, Bishkek, Kyrgyz Republic*

<sup>2)</sup>*TOO «Scientific and Production center of animal husbandry and veterinary medicine»,  
010000, Nursultan, Republic of Kazakhstan*

<sup>3)</sup>Osh State University,  
723500, Osh, Kyrgyz Republic  
<sup>4)</sup>667000, Tuva State University, Kyzyl, Russian Federation

**Abstract:** Today, the study of microsatellite loci is not only the control of origin and genetic identification, but also the polymorphism of microsatellite loci. The technique is successfully used in the genetic monitoring of horse breeds and populations and in the study of interbreed differentiation. Genetic research is particularly relevant in relation to indigenous Kyrgyz horses that are on the verge of extinction, which allows us to adequately assess and maintain the level of genetic potential and diversity. The breeding stallions selected for the experiments were studied at the genetic level at 17 microsatellite loci. The results of the study showed that the highest level of polymorphism of the studied loci was observed in native breeds of horses well adapted to living in natural conditions. And the lowest level of polymorphism was registered in thoroughbred horses. Of the 17 STR loci studied, 120 alleles were identified. The number of alleles in each locus varied from 4 to 8, with an average value of  $7.06 \pm 0.231$  alleles per locus. According to the average number of alleles per locus, the value of the Kyrgyz population among other aboriginal populations is relatively closer to the data of the Altai breed (7.27 alleles/locus). Among breeding stallions, there are minor deviations in the number of alleles and the average value is 30 alleles at 17 loci. A relatively large number of 120 alleles in the studied stallions of the indigenous Kyrgyz horse indicates a significant genetic potential and their high genetic diversity, providing the necessary adaptive qualities and the ability to reproduce in a wide range of unfavorable forage and climatic conditions.

**Keywords:** Kyrgyz horse, stallion, genotype, STR-locus, allele.

#### References

1. Dubinin, N. P. Allel'nye markery pri nasledovanii otdel'nyh uchastkov i celyh hromosom u sel'skokozyajstvennyh zhivotnyh / N. P. Dubinin, A. M. Mashurov // Sel'skokozyajstvennaya biologiya. – 1986. – № 2. – S. 71-79.
2. Kalashnikov, V. V. Izuchenie polimorfizma satellitnoj DNK loshadej zavodskih i mestnyh porod / V. V. Kalashnikov, L. A. Hrabrova. A. M. Zajcev i dr. // Doklady RASKHN. – 2010. – № 6. – S. 48 - 50.
3. Serebrovskij, A. S. Genogeografiya i genofond s/h zhivotnyh / A. S. Serebrovskij // Nauchnoe slovo. – 1928. – №9. – S. 3-22.
4. Hrabrova, L. A. Metodicheskie polozeniya po ispol'zovaniyu DNK-analiza loshadej dlya ocenki geneticheskikh resursov v konevodstve / L. A. Hrabrova, L. V. Kalinkova, M. A. Zajceva. – Divovo, 2011. – 28 s.
5. Hrabrova, L. A. Strategiya ispol'zovaniya geneticheskikh markerov i genomnoj selekcii v konevodstve / L. A. Hrabrova. – Divovo, 2015. – 81 s.
6. Hrabrova, L. A. Marker-vspomogatel'naya selekciya v konevodstve / L. A. Hrabrova. – Divovo, – 2017. – 77 s.
7. Hrabrova, L. A. Sravnitel'naya harakteristika allelofonda mestnyh porod loshadej po DNK-markeram / L. A. Hrabrova // Aborigennye porody loshadej: ih rol' i mesto v konevodstve Rossijskoj Federacii. – Izhevsk, 2016. – S.171-177.
8. Alderson, L. Criteria for the recognition and prioritization of breeds of special genetic importance / L. Alderson // Animal Genetic Resources Information. 2003. Vol. 33. P. 1-9. Doi: 10.1017/S10142339000537X
9. Distl, O. Genome-wide association mapping and genomic breeding values for warmblood horses / O. Distl, J. Metzger, R. Schrimpf et al. // Book of Abstracts of the 63rd Annual Meeting of the European Federation of Animal Science. Bratislava, Slovakia. 2012. - N 18. - C. 323.
10. Haberland, A.M. Integration of genomic information into sport horse breeding programs for optimization of accuracy of selection / A.M. Haberland, U. Konig von Borstel, H. Simianer, S. Konig// Animal. - 2012. - Vol.6. - N 9. - P.1369-1376.
11. Nicolas, F.W. Mutation discovery for Mendelian traits in non-laboratory animals: a review of achievements up to 2012 / F.W Nicolas., M. Hobbs // Animal Genetics. - 2014. - Vol. 45. – № 2. - P.157-170.

#### Information about the authors

1. **Toktosunov Bolot Ishembekovich**, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Senior Researcher, Institute of Biotechnology of the National Academy of Sciences; Bishkek, st. Saliev 182/10; e-mail: bolot\_2020@mail.ru, tel. +996 777 977 599;
2. **Baimukanov Dastanbek Asylbekovich**, Doctor of Agricultural Sciences, Associate Professor, Corresponding Member of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan, Chief Researcher of the Department of Animal Husbandry, Veterinary Medicine and Assessment of the Quality of Feed and Milk, LLP Scientific and Production Center for Animal Husbandry and Veterinary Medicine; 010000, Nur-Sultan, Republic of Kazakhstan, st. Kenesary, house 40, e-mail: dbaimukanov@mail.ru, tel. +7(707)248-06-68;

3. *Abdurasulov Abdugani Khalmurzaevich*, Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Head of the Department of Veterinary Medicine and Biotechnology, Osh State University; Kyrgyz Republic, Osh, e-mail: abdurusul65@mail.ru, tel. +996 559 602 034;

4. *Mongush Sayana Darzhaevna*, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor of the Department of Production Technology and Processing of Agricultural Products, Tuva State University; Russia, Republic of Tuva, Kyzyl, e-mail: s.mongush@mail.ru, tel. +7(999)8668075.

УДК 636.5.087.69

DOI: 10.48612/vch/eke6-f2ev-em5u

## САНИТАРНО-БАКТЕРИОЛОГИЧЕСКОЕ СОСТОЯНИЕ ОРГАНОМИНЕРАЛЬНЫХ КОМПОСТОВ НА ОСНОВЕ ОТХОДОВ ЖИВОТНОВОДСТВА

**В. Г. Тюрин<sup>1)</sup>, В. Г. Семенов<sup>2)</sup>, Н. Н. Потемкина<sup>1)</sup>, Д.А. Никитин<sup>2)</sup>**

<sup>1)</sup> *Всероссийский научно-исследовательский институт ветеринарной санитарии, гигиены и экологии  
– филиал ФГБНУ ФНЦ ВИЭВ РАН  
123022, г. Москва, Российская Федерация*

<sup>2)</sup> *Чувашский государственный аграрный университет  
428003, г. Чебоксары, Российская Федерация*

**Аннотация.** *Изыскание эффективных способов биоконверсии органических отходов животноводства, обеспечивающих их обеззараживание и охрану окружающей среды, является важным элементом научной системы получения безопасных удобрений, позволяющих снизить экологическую нагрузку на окружающую среду и добиться ветеринарного благополучия. Цель исследований – изучить санитарно-бактериологическое состояние органоминеральных компостов на основе отходов животноводства. Объектом исследований служили навоз крупного рогатого скота, исходный подготовленный органический субстрат из навоза, опилок, мочевины (карбамид марки Б) и формалина. Опыты по определению степени и сроков обеззараживания органоминеральных удобрений проводили непосредственно в смесителе и резервуаре, загруженном исходным органоминеральным субстратом (навоз и минеральные компоненты), в который закладывали тест-объекты, контаминированные взвесью из микроорганизмов (*E. coli*, *St. aureus*), отличающиеся различной степенью устойчивости к действию неблагоприятных факторов. Одновременно при изучении санитарно-бактериологического состояния определяли рН, влажность органического субстрата и температурные параметры. Наиболее эффективным для инактивации тест-микроорганизмов в органоминеральной смеси на основе навоза крупного рогатого скота является использование мочевины и формалина в количестве 0,3% к объему массы. Так, в органоминеральных смесях с указанной концентрацией мочевины и формалина тест-микроорганизмы (бактерии группы кишечных палочек, кокковая микрофлора) погибают через 12 ч компостирования. На основании изучения продолжительности выживаемости индикаторных санитарно-показательных микроорганизмов в органоминеральном субстрате на основе навоза крупного рогатого скота установлено, что смешивание минеральных компонентов мочевины и формалина в компостной смеси в количестве 0,3% от ее объема обеспечивает инактивацию санитарно-показательной микрофлоры после 12 ч экспозиции.*

**Ключевые слова:** *органоминеральные компосты, выживаемость, обеззараживание, санитарно-показательная микрофлора, мочевина, формалин.*

В последнее время качественно изменился подход к решению проблемы охраны окружающей среды, неотъемлемой частью которой является своевременная и эффективная организация по переработке отходов производства и потребления.

Основными источниками загрязнений, поступающих от животноводческих ферм различной мощности и форм собственности в окружающую среду, являются навоз, помет и стоки в процессе их удаления, хранения и использования. Несмотря на значительное снижение объемов выхода бесподстильного навоза и помета вследствие резкого сокращения поголовья животных, ежегодное количество навоза и стоков в РФ превышает 300,0 млн. т., то есть в почву поступает свыше 750 тыс. т азота, 310 тыс. т фосфора, 660 тыс. т калия. Площадь сельскохозяйственных полей, загрязненных отходами животноводства и птицеводства, за последние пять лет превысила 2,4 млн. га, из которых 20,0% являются сильно загрязненными, 54,0% – загрязненными и 26,0% – слабо загрязненными [5, 9].

Скопление больших объемов необеззараженного навоза и помета создает опасность для здоровья людей, животных и имеет не только медико-ветеринарное, хозяйственное, но и важное экологическое значение, а в условиях чрезвычайных ситуаций может привести к серьезным последствиям, связанным с распространением заболеваний среди населения [4].

Вместе с тем необходимо учитывать, что традиционно в мировой и отечественной практике сельскохозяйственного производства все виды навоза используются для органического удобрения земельных угодий, повышения плодородия почвы и урожайности сельскохозяйственных культур [7, 6].