

Животноводство и кормопроизводство. 2024. Т. 107, № 4. С. 106-119.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2024. Vol. 107, no 4. P. 106-119.

Научная статья
УДК 639.3.03
doi:10.33284/2658-3135-107-4-106

Определение достоверности происхождения сибирского осетра на основе результатов микросателлитного анализа и коэффициентов генетического сходства

Николай Владимирович Бардуков¹, Амина Кумаровна Никипелова², Петр Ильич Отраднов³, Владислав Игоревич Никипелов⁴, Анна Александровна Белоус⁵

^{1,2,3,4,5}Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, Московская область, п. Дубровицы, Россия

¹bardukv-nikolajj@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5497-2409>

²nikipelova_aminavij@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-8248-7555>

³deriteronard@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-1153-5815>

⁴vladnikipelovvij@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0008-6411-2454>

⁵belousa663@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>

Аннотация. В настоящем исследовании был разработан статистический подход к определению генетического сходства у тетраплоидных животных на примере сибирского осетра аквакультурного происхождения. Была определена целесообразность использования параметров генетического сходства для определения родственных отношений, в частности, для установления материнского и отцовского происхождения особей. По результатам анализа 7-ми микросателлитных локусов были получены генетические профили родительской популяции и их потомков. В результате валидационного исследования было выявлено, что группы предковых особей определяются корректно в среднем в 95,39 % случаев при разбросе значений от 79,17 до 100 % в разных экспериментальных выборках. Созданный алгоритм не всегда позволяет со 100 % точностью соотнести родительских особей и потомков, но может выявить генетически близкие группы внутри стада. Таким образом, разработанный подход имеет ряд перспектив для применения как в генетических исследованиях, так и в селекционном процессе.

Ключевые слова: сибирский осетр, микросателлитные локусы, аллели, тетраплоиды, генетическое сходство, матрица родства

Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР на 2022-2024 гг. ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста (№ FGGN-2022-0007).

Выражаем благодарность коллективу ООО РТФ «Лиана» за проведение серии экспериментальных скрещиваний, выполненных в целях данного исследования.

Для цитирования: Определение достоверности происхождения сибирского осетра на основе результатов микросателлитного анализа и коэффициентов генетического сходства / Н.В. Бардуков, А.К. Никипелова, П.И. Отраднов, В.И. Никипелов, А.А. Белоус // Животноводство и кормопроизводство. 2024. Т. 107, № 4. С. 106-119. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-107-4-106>

Original article

Determining the reliability of the origin of Siberian sturgeon based on the results of microsatellite analysis and genetic similarity coefficients

Nikolai V Bardukov¹, Amina K Nikipelova², Petr I Otradnov³, Vladislav I Nikipelov⁴, Anna A Belous⁵

^{1,2,3,4,5}Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Moscow region, Dubrovitsy, Russia

¹bardukv-nikolajj@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5497-2409>

²nikipelova_aminavij@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0002-8248-7555>

³deriteronard@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-1153-5815>

⁴vladnikipelovvij@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0008-6411-2454>

⁵belousa663@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-7533-4281>

Abstract. In the present study, a statistical approach to determining genetic similarity in tetraploid animals was developed using the example of aquacultured Siberian sturgeon. The feasibility of using genetic similarity parameters to determine kinship relations, in particular, to establish the maternal and pa-

ternal origin of individuals, was determined. Genetic profiles of the parental population and their offspring were obtained by analyzing 7 microsatellite loci. As a result of the validation study, it was revealed that the ancestral groups of individuals were correctly determined on average in 95.39% of cases with a range of values from 79.17 to 100% in different experimental samples. The created algorithm does not always allow to correlate parental individuals and descendants with 100% accuracy, but it can identify genetically close groups within the herd. Thus, the developed approach has a number of prospects for application both in genetic studies and in the breeding process.

Keywords: Siberian sturgeon, microsatellite loci, alleles, tetraploids, genetic similarity, kinship matrix

Acknowledgments: the work was carried out in accordance with the research plan for 2022-2024. FSBSI L.K. Ernst Federal Research Center for Animal Husbandry (No. FGGN-2022-0007).

We express our gratitude to the staff of RTF “Diana” Ltd. for conducting a series of experimental crosses performed for the purposes of this study.

For citation: Bardukov NV, Nikipelova AK, Otradnov PI, Nikipelov VI, Belous AA. Determining the reliability of the origin of Siberian sturgeon based on the results of microsatellite analysis and genetic similarity coefficients. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(4):106-119. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-107-4-106>

Введение.

Сибирский осётр (*Acipenser baerii* Brandt, 1869) привлекает большое внимание в сфере коммерческой аквакультуры благодаря высоким адаптационным способностям к условиям содержания, таким как плотность посадки, кормление, гидрохимические показатели, а также его экономической ценности, связанной с производством чёрной икры и высококачественного мяса. За последние 70 лет естественные популяции сибирского осетра значительно сократились из-за антропогенного влияния, включая перекрытие и уничтожение основных мест нереста, что привело к включению вида в Красную книгу МСОП и запрету на промышленный и любительский вылов, за исключением научно-исследовательских целей (Ruban GI and Mугue NS, 2022). В настоящее время основным источником продукции сибирского осетра является товарное осетроводство. В 1981 году впервые было сформировано маточное стадо сибирского осетра Ленской популяции на Конаковском осетровом заводе (Малютин В.С. и Рубан Г.И., 2009). В течение многих лет предприятие считалось главным поставщиком маточного поголовья сибирского осетра в России. Товарным выращиванием сибирского осетра активно занимаются во многих странах (Россия, Китай, Франция, Италия и т. д.) (Bronzi P et al., 2011).

В последние десятилетия сибирский осётр стал модельным объектом исследований в области аквакультуры, что способствовало развитию эффективных методов разведения и улучшению его выращивания в индустриальных условиях.

Повышение продуктивности и адаптационных характеристик сибирского осетра, содержащегося в условиях аквакультуры, немыслимо без проведения генетического тестирования, как это сейчас происходит во всех областях животноводства, где в этих целях активно применяют различные молекулярно-генетические маркеры, которые позволяют предоставить данные, способствующие оптимизации процессов разведения и улучшению генетического потенциала сельскохозяйственных животных (Акопян Н.А. и др., 2019; Абдельманова А.С. и др., 2021; Додохов В.В., 2024). Успех генетического анализа напрямую зависит от выбора ДНК-маркера. В данной работе мы рассмотрим микросателлитные маркеры как наиболее подходящие для решения общих селекционных задач.

Микросателлиты представляют собой повторяющиеся короткие генетические элементы (2-6 нуклеотидов), различия между которыми обусловлены в основном числом повторов (Edwards A et al., 1991). Одним из главных достоинств микросателлитов является их кодоминантность, что позволяет чётко различать гетерозиготных и гомозиготных особей. Кроме того, микросателлитные локусы характеризуются высокой частотой мутаций, чем обусловлено наличие множества аллелей

в одном локусе. Использование микросателлитного анализа основано на полимеразной цепной реакции (ПЦР), которая требует небольшого объёма ДНК и не требует высокого её качества (Webster MS and Reichart L, 2005).

В осетроводстве внедрение этих маркеров произошло относительно недавно в целях мониторинга выпуска рыб в естественные водоёмы, а также определения видовой принадлежности особей осетровых и идентификации межвидовых гибридных форм (Мюге Н.С. и Барминцева А.Е., 2020). Сложность микросателлитного анализа у сибирского осетра заключается в строении его генома. Сибирский осётр является функциональным тетраплоидным видом (4n) с ~245 хромосомами (Havelka M et al., 2013). Эта уникальная черта геномов осетровых создаёт серьёзные проблемы для выполнения статистических расчётов – чтобы корректно вычислить значения популяционно-генетических показателей, нужно либо учитывать дозу каждого аллеля, либо адаптировать методику статистических расчётов (Cui X et al., 2022).

Способ определения числа копий аллелей описан в научной литературе (Барминцева А.Е., 2018), однако, современное программное обеспечение для анализа микросателлитных профилей – программы GeneMarker и GeneMapper – не позволяют произвести автоматический сбор этих данных и тому есть объективные причины.

Для правильной интерпретации данных дозы аллелей необходимо вручную просматривать каждый локус. Соотношение высоты пиков в исследуемом на генетическом анализаторе ПЦР-продукте является основным, но не единственным критерием для определения числа гомологичных хромосом в геноме, которые несут тот или иной аллель. Высота этих пиков будет зависеть также и от длины амплифицируемых аллелей, а в случае мультиплексирования ПЦР ситуация усложнится ещё сильнее вследствие конкурентирования нескольких пар праймеров – то есть алгоритмы автоматического определения дозового соотношения аллелей должны учитывать множество коэффициентов, которые могут быть уникальны для каждого локуса. Соответственно, практическая реализация корректно работающей автоматической системы учёта весьма затруднительна. По этой причине получили развитие статистические методы, позволяющие работать с таблицами полиплоидных генотипов, заведомо содержащих неполную информацию – данные о дозах аллелей игнорируются за исключением гомозиготных вариантов и полных гетерозигот, где соотношение аллелей очевидно. Применение этого статистического подхода позволяет в достаточной степени автоматизировать процесс учёта генетических профилей и вполне объективно рассчитать основные популяционно-генетические показатели, такие как коэффициент инбридинга, генетическое разнообразие, генетические расстояния между группами. Для работы с таблицами аллелей, организованными по принципу игнорирования эффекта их дозы к настоящему моменту разработано множество программ и пакетов, таких как TETRASAT (Markwith SH et al., 2006), SPAGeDi (Hardy OJ and Vekemans X, 2002), R-пакет Polysat (Clark LV and Jasieniuk M, 2011), STRUCTURE (Pritchard JK et al., 2000).

Однако при возникновении задачи выявления родства – соотнесения профилей родителей и потомков, отсутствие информации о дозе аллелей сравниваемых представителей полиплоидных организмов может существенно усложнить её решение. С такой проблемой могут столкнуться селекционеры на осетровых заводах, на которых введена схема получения потомства, подразумевающая использование икры нескольких самок и оплодотворение её несколькими самцами. Данная практика позволяет повысить процент оплодотворения икры, но при этом невозможно соотнести родителей и потомков, что является важным аспектом селекционной работы, ключевым подходом которой служит оценка качества производителей по показателям их потомков.

Цель исследования.

Разработка и апробация метода выявления родственных взаимоотношений у тетраплоидных животных с помощью индивидуальных профилей микросателлитных маркеров, учитывающих дозу каждого аллеля на примере domestцированного сибирского осетра ленской популяции.

Материал и методы исследования.

Объект исследования. Сибирский осётр ленокской популяции заводского происхождения.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями российских нормативных актов, протоколами Женевской конвенции и принципами надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Для определения точности расчёта родства родительских групп сибирского осетра, и их потомков, в общем количестве 200 особей, из них 14 производителей и 186 потомков, была проведена серия экспериментальных скрещиваний – для каждой группы потомков были известны родительские особи, от которых получали половые продукты. В шести группах оплодотворение икры проводили по стандартной схеме (смешивали половые продукты нескольких производителей). В последней, контрольной, седьмой группе потомство было получено исключительно от одной самки и одного самца. Характеристики экспериментальных групп представлены в таблице 1.

Таблица 1. Характеристика экспериментальных групп
 Table 1. Characteristics of experimental groups

№ группы / No group	Производители (№ по базе данных ФГБНУ ФИЦ ВИЖ) / Sires (No in the data base of FSBSI FRC AH)	Количество те- стируемых по- томков / Number of progeny tested	Год получе- ния / Year of receipt
1	♀2774, ♂2773, ♂2776, ♂2781	24	2024
2	♀2774, ♂2772, ♂2782, ♂2779	24	2024
3	♀2777, ♂2773, ♂2775, ♂2781	24	2024
4	♀2783, ♂2773, ♂2775, ♂2779	24	2024
5	♀2780, ♂2775, ♂2779, ♂2781, ♂2782	24	2024
6	♀2778, ♂2772, ♂2776, ♂2781	24	2024
7	♀2366, ♂2367	42	2023
Общее количе- ство / Total number	14	186	2023-2024

Оплодотворенную икру инкубировали в аппаратах Вейса, личинку отбирали сразу после выклева и фиксировали в спирте. Эта работа была выполнена на базе ООО РТФ «Диана» Вологодская область, Кадуйский район, рабочий поселок Кадуй. ДНК выделяли с помощью коммерческого набора «ДНК-ЭКСТРАН-2» (НПК «Синтол») согласно методике фирмы-производителя. В качестве материала для выделения ДНК использовали срез плавниковой ткани (у рыб-производителей) либо хвостовую часть (личинка). Генетический анализ производителей и потомков был выполнен при помощи следующих STR-маркеров: Agu38, An20, Aru18, Ls19, Ag49a, Agu37, Agu41 (Georgescu S et al., 2013; Kohlmann K et al., 2017; Kohlmann K et al., 2018; Zane L et al., 2002). Температурно-временные режимы и общая методика ПЦР представлены в ранее опубликованной работе (Бардуков Н.В. и др., 2023).

Оборудование и технические средства. Исследования выполнены с использованием приборной базы центра коллективного пользования научным оборудованием «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Фрагментный анализ выполняли на генетическом анализаторе НАНОФОР (НПК «Синтол», Россия). Дозу каждого аллеля тетраплоидных микросателлитных локусов определяли по методике, описанной в диссертации

онной работе Барминцевой А.Е. (Бардуков Н.В. и др., 2024), а также в методических рекомендациях по проведению молекулярно-генетической экспертизы племенного материала сибирского осетра (*Acipenser baerii*), разводимого в товарной аквакультуре (Барминцева А.Е., 2018). Результаты фрагментного анализа обрабатывали в программе GeneMarker (Version 3.0.1). Для обработки сформированных таблиц индивидуальных генетических профилей особей было разработано программное средство в виде R-скрипта, определяющее степень их генетического сходства (Заявка на патент № 2024669684). В рамках исследования реализованный подход тестировался на возможность определения происхождения тетраплоидных животных. Для создания программного кода использовался язык программирования R версии 4.4.0 (R Core Team, 2024) и среда разработки RStudio версии 2024.04.2+764 "Chocolate Cosmos". В рамках разработанного кода используются вспомогательные библиотеки `corrplot`, `reshape2` и `data.table`.

Статистическая обработка. В основе работы программного модуля лежит формула, предполагающая определение количества совпадающих элементов, например, аллельных вариантов, в рамках каждого интервала (микросателлитного локуса) между всеми возможными парами особей:

$$k_i = \frac{\sum_{j=1}^m \binom{c_{общ.}}{c}}{m},$$

где i – пара особей, для которых определяется генетическое сходство,

m – количество микросателлитных локусов,

j – номер микросателлитного локуса,

$c_{общ.}$ – сумма совпадающих аллельных вариантов,

c – сумма длин интервалов (4 позиции аллеля у каждой особи, т. е. $c=8$ в данном исследовании).

Так, например, если предположить сравнение пары особей по двум микросателлитным локусам, то по локусу А скрипт обнаружит общий для обеих особей элемент «110», а по локусу В – общие элементы «112» и «120» (табл. 2).

Таблица 2. Пример таблицы микросателлитных профилей для пары особей

Table 2. Example of a table of microsatellite profiles for a pair of individuals

Номер особи / Individual number	Локус А / Loci A				Локус В / Loci B			
	A ₁	A ₂	A ₃	A ₄	B ₁	B ₂	B ₃	B ₄
1	110	110	120	130	112	114	114	120
2	110	112	110	114	120	120	112	112

Таким образом, для рассматриваемой экспериментальной пары особей формула будет иметь вид:

$$k = \frac{\frac{4}{8} + \frac{6}{8}}{2} = 0,625$$

Подобное сравнение производилось для всех возможных пар особей в выборке, формируя в качестве промежуточных данных матрицу родства

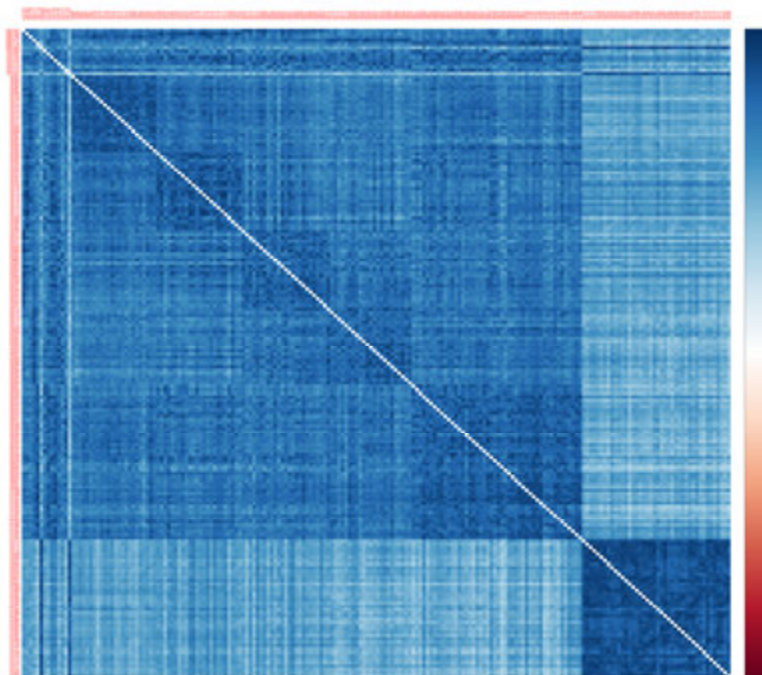
$$n \times n,$$

где n – количество образцов (особей) в обрабатываемой таблице.

Принципиальным моментом в подготовке первичных данных было введение меток для образцов, являющихся предками женского пола, предками мужского пола и потомками. Таким образом, при дальнейшем сопоставлении полученных результатов исключались случаи, в которых в качестве особей-предков женского и мужского пола могла определиться одна и та же.

Результаты исследования.

Посредством разработанного программного кода были обработаны данные микросателлитного анализа двухсот особей сибирского осетра – 14 производителей и 186 их потомков. В результате была получена матрица генетического сходства между проанализированными образцами, визуализированная в виде тепловой карты (рис. 1).



Примечание: ¹белый цвет – генетическое сходство равно 0, синий цвет – генетическое сходство равно 1; ²В первом визуально различимом кластере (первые сверху строки и слева – столбцы) представлены особи-предки, все остальные – потомки

Note: ¹White colour – genetic similarity equals 0, blue colour – genetic similarity equals 1; ²The first visually distinguishable cluster (first rows from the top and columns from the left) represents ancestor individuals, all others are descendants

Рисунок 1. Тепловая карта¹ сходства особей² в исследованном массиве

Figure 1. Heat map¹ of the similarity of individuals² in the studied array

Рассматривая тепловую плеяду, можно заметить, что значения генетического сходства, полученные при попарном сравнении аллельных профилей протестированных образцов, хоть и формируют выраженные кластеры происхождения, которые можно наблюдать возле диагонали, тем не менее, насыщены статистическими шумами, чреватые ложными результатами. Исходя из этого, было произведено нормирование полученных результатов в два этапа:

- на первом этапе из значений сходства каждой пары особей вычиталось среднее значение сходства по всему массиву,
- на втором этапе отрицательные значения коэффициента сходства приводились к нулю.

Нормирование по обозначенной процедуре позволило снизить статистические шумы, связанные со сходством особей между различными наблюдаемыми кластерами. Тепловая карта демонстрирует большую их выраженность, что позволяет, в первом приближении, судить о возможности применения разработанного подхода для определения происхождения особей. Результат, визуализированный в виде тепловой карты, представлен на рисунке 2.



Рисунок 2. Тепловая карта нормированного сходства особей в массиве
Figure 2. Heat map of normalized similarity of individuals in the array

Финальным этапом, заложенным в функционал программного манускрипта, являлось формирование родословной в виде таблицы, состоящей из трёх столбцов: 1 – идентификатор потомка (столбец «offspring»), 2 – идентификатор женского предка («mother»), 3 – идентификатор мужского предка («father»). В выходных данных применялись англоязычные названия во избежание проблем кодировок, возникновение которых обычно связано с использованием кириллицы.

Для верификации, полученной в результате родословной, производилось сравнение с данными первичного учёта происхождения. Итогом верификации являлся показатель точности соотнесения особи-потомка к экспериментальной родительской группе, от которой он произошёл. Точность определялась по формуле:

$$Rel_G = \frac{n_{совп}}{n},$$

где G – пол предка,

$n_{совп}$ – количество предков пола G , совпавших с данными первичного учёта,

n – количество тестируемых потомков в группе.

В результате верификации полученной родословной была определена точность применённого подхода в отношении задачи выявления происхождения. Основные показатели представлены в таблице 3.

Верификация соотнесения потомков и родительских групп (от 2 до 5 производителей в каждой группе в зависимости от номера эксперимента, произведённого на основе обработки таблицы микросателлитных профилей, демонстрирует варьирующую результативность исследуемого подхода (табл. 3). Так, матери определялись в среднем с точностью в 95,39 % при разбросе значений в зависимости от группы от 79,17 до 100 %. Точность определения отцовского предка была ниже, чем определения материнского – при среднем значении в 87,01 % варьировала от 62,50 до 97,62 %. Но результаты превысили 50 % достоверности, в связи с чем, можно говорить о верности разработанного программного механизма.

Таблица 3. Результаты проведённого эксперимента
Table 3. Results of the conducted experiment

№ группы / No group	Производители (№ по базе данных ФГБНУ ФИЦ ВИЖ) / Sires (No in the data base of FSBSI FRC AH)	Количество тестируемых потомков / Number of progeny tested	Точность опре- деления, % / Accuracy of de- termination, %	
			женские предки / Female ancestors	мужские предки / Male ancestors
1	♀2774, ♂2773, ♂2776, ♂2781	24	95,83	95,83
2	♀2774, ♂2772, ♂2782, ♂2779	24	79,17	62,50
3	♀2777, ♂2773, ♂2775, ♂2781	24	100,00	79,17
4	♀2783, ♂2773, ♂2775, ♂2779	24	91,67	87,50
5	♀2780, ♂2775, ♂2779, ♂2781, ♂2782	24	91,67	87,50
6	♀2778, ♂2772, ♂2776, ♂2781	24	83,33	70,83
7	♀2366, ♂2367	42	100,00	97,62
Общее коли- чество / Total number	14	186	95,39	87,01

На следующем этапе была произведена проверка эффективности работы разработанного скрипта в качестве инструмента определения родительских пар для каждого потомка. Контрольное тестирование происходило по следующей схеме: профиль потомка, включающий информацию об аллелях семи микросателлитных локусов (с учётом дозы эффекта каждого аллеля) сравнивали с аналогичными профилями возможных родителей вручную. Для подтверждения происхождения особи от пары конкретных производителей исходили из правила, что по каждому из 7-ми локусов набор аллелей потомка обязательно должен состоять из двух аллелей матери и двух аллелей отца. При соблюдении этого условия происхождение подтверждалось.

Сравнение данным способом выполнили на экспериментальных группах № 1 и 2, показавших существенную разницу в степени достоверности соотнесения потомков с родительскими группами. Были получены следующие результаты. В экспериментальной группе № 1 в 87,5 % родительские пары были определены корректно, в то время как в группе № 2 только 45,8 % пар прошли проверку. Классическим сравнением микросателлитных профилей удалось установить родительские пары в 79,2 % в 1-й группе и в 87,5 % – во 2-й. Соответственно, для нескольких потомков однозначно определить родительские пары не удалось из-за близкого родства производителей, благодаря которому их генетические профили содержали высокий процент идентичных сочетаний аллелей. Второй причиной были вероятные ошибки в определении длин аллелей у некоторых особей-потомков.

Обсуждение полученных результатов.

В целом, традиционный способ работы с микросателлитными локусами в настоящее время позволяет более точно определять родительские пары и, самое важное, в случае успешной идентификации не допускает двойной трактовки результатов. Представленный в данной работе про-

граммный код может выдавать ошибочные результаты в случае высокой степени генетического сходства между производителями сибирского осетра, участвующими в нерестовой кампании, что говорит о необходимости его улучшения для дальнейшего машинного обучения. Но в то же время он имеет и неоспоримые преимущества. Во-первых, генерация матриц генетического сходства позволяет наглядно отобразить наличие генетически близких групп внутри тестируемого стада, что позволит селекционеру уйти от инбридинга при проведении нерестовых мероприятий или, при некоторой удаче, выявить особенность, характерную для какой-либо генетически консолидированной группы особей, и таким образом связать некие фенотипические (физиологические, поведенческие) особенности с генотипом. Это открывает перспективы формирования таких селекционных единиц, как породы, типы и линии в рамках изучаемого вида. Во-вторых, применение матрицы генетического сходства – ключевой момент в оценке геномной ценности животных, реализованный в рамках методологии GBLUP (Genomic BLUP) (Meuwissen TH et al., 2001; Zhu S et al., 2021; Отраднов П.И. и др., 2023) и ssGBLUP (single-step GBLUP) (Aguilar I et al., 2010), неоднократно доказавших свою эффективность как инструмента оценки племенной ценности, имеющего ряд преимуществ по сравнению с оценкой, основанной исключительно на превосходстве фенотипических измерений особей. Данные методы позволяют учитывать не только наблюдаемые значения признаков, но и генетическую информацию, что существенно повышает точность оценки и ускоряет селекционный процесс. Важным аспектом является возможность прогнозирования племенной ценности животных в раннем возрасте, до проявления важных хозяйственно-полезных признаков. Применение подобной методологии в селекции осетровых рыб, характеризующихся длительным периодом роста и полового созревания, может стать значимым подспорьем для ведения эффективной селекционной работы. Использование геномных методов оценки позволит сократить интервал между поколениями, повысить интенсивность отбора и, как следствие, ускорить генетический прогресс в популяциях осетровых, что особенно важно для видов с длительным жизненным циклом, применение классических методов селекции к которым требует значительных временных затрат. Кроме того, геномная оценка может помочь в сохранении генетического разнообразия осетровых рыб, многие виды которых находятся под угрозой исчезновения, путём более точного подбора родительских пар и управления инбридингом.

Заключение.

Таким образом, представленный в настоящей статье способ расчёта генетического сходства, основанный на сравнении микросателлитных профилей тетраплоидных животных имеет хорошие перспективы для внедрения в селекционную работу с многими осетровыми видами рыб, характеризующимися тетраплоидными геномами. Применение данной разработки позволит повысить уровень селекционного процесса за счёт введения современных методов расчёта геномной оценки, что, в свою очередь, должно положительным образом сказаться на росте продуктивности одомашненных форм осетровых рыб.

Список источников

1. Барминцева А.Е. Филогеография и внутривидовой генетический полиморфизм сибирского осетра *Acipenser baerii* Brandt, 1869 в природе и аквакультуре: дис. ... канд. биол. наук. М., 2018. 145 с. [Barmintseva AE. Filogeografiya i vnutrividovoy geneticheskiy polimorfizm sibirskogo osetra *Acipenser baerii* Brandt, 1869 v prirode i akvakulture. [dissertation] Moscow; 2018:145 p. (*In Russ.*)].
2. Генетический анализ митохондриальной и ядерной ДНК свиней кемеровской породы / Н.А. Акопян, В.Р. Харзинова, С.М. Чыдым и др. // Животноводство и кормопроизводство. 2019. № 102(4). С. 132-137. [Akopyan NA, Kharzinova VR, Chydym SM et al. Genetic analysis of mitochondrial and nuclear DNA of Kemerovo pigs. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2019;102(4):132-137. (*In Russ.*)]. doi: 10.33284/2658-3135-102-4-132

3. Додохов В.В. Полиморфизм микросателлитных локусов ДНК у домашних северных оленей эвенской породы // Животноводство и кормопроизводство. 2024. № 107(3). С. 70-78. [Dodokhov VV. Polymorphism of DNA microsatellite loci in domestic reindeer of the Even breed. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(3):70-78. (*In Russ.*)]. doi: 10.33284/2658-3135-107-3-70

4. Малютин В.С., Рубан Г.И. К истории рыбоводного освоения сибирского осетра *Acipenser baerii* реки Лена для целей акклиматизации и товарного выращивания // Вопросы ихтиологии. 2009. Т. 49. № 3. С. 389-395. [Malyutin VC, Ruban GI. On the history of fish husbandry of siberian sturgeon *Acipenser baerii* from the Lena river for acclimatization and commercial cultivation. *Journal of Ichthyology*. 2009;49(3):389-395. (*In Russ.*)].

5. Методические рекомендации по проведению молекулярно-генетической экспертизы племенного материала сибирского осетра (*Acipenser baerii*), разводимого в товарной аквакультуре / Н.В. Бардуков, А.К. Никипелова, В.И. Никипелов, А.А. Белоус, Н.А. Зиновьева. Дубровицы: ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, 2024. 32 с. [Bardukov NV, Nikipelova AK, Nikipelov VI, Belous AA, Zinovieva NA. Metodicheskie rekomendatsii po provedeniyu molekularno-geneticheskoi ekspertizy plemennogo materiala sibirskogo osetra (*Acipenser baerii*), razvodimogo v tovarnoi akvakulture. Dubrovitsy: FGBNU FIC VIZH im. L.K. Ernsta; 2024:32 p. (*In Russ.*)].

6. Мюге Н.С., Барминцева А.Е. Геномные исследования для сохранения осетровых: анализ наследования полиплоидных локусов и разработка панели маркеров для идентификации гибридов осетровых и продукции из них // Вестник Российского фонда фундаментальных исследований. 2020. № 2(106). С. 78-87. [Muge NS, Barmintseva AE. Genomic research for sturgeon conservation: analysis of the inheritance of polyploid loci and the development of a marker panel to identify sturgeon hybrids and their products. *Russian Foundation for Basic Research Journal*. 2020;2(106):78-87. (*In Russ.*)]. doi: 10.22204/2410-4639-2020-106-02-78-87

7. Отрадных П.И., Рудиянов Д.М., Белоус А.А. Валидация оценок племенной ценности свиной породы дюрок по признакам кормового поведения // Свиноводство. 2023. № 5. С. 22-26. [Otradnov PI, Rudiyanov DM, Belous AA. Validation of breeding value estimates for duroc pigs by feeding behavior traits. *Svinivodstvo*. 2023;5:22-26. (*In Russ.*)]. doi: 10.37925/0039-713X-2023-5-22-26

8. Полногеномное исследование ассоциаций SNP с высотой в холке в популяциях локальных и трансграничных пород крупного рогатого скота в России / А.С. Абдельманова, М.С. Форнара, Н.В. Бардуков и др. // Сельскохозяйственная биология. 2021. Т. 56. № 6. С. 1111-1122. [Abdel'manova AS, Fornara MS, Bardukov NV, et al. Whole genome study of single nucleotide polymorphisms' associations with withers height in local and transboundary breeds in Russia. *Selskokhozyaystvennaya biologiya [Agricultural Biology]*. 2021;56(6):1111-1122. (*In Russ.*)]. doi: 10.15389/agrobiol.2021.6.1111rus doi: 10.15389/agrobiol.2021.6.1099eng

9. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для генетической паспортизации сибирского осетра (*Acipenser baerii*) / Н.В. Бардуков, А.К. Никипелова, А.А. Белоус, Н.А. Зиновьева // Сельскохозяйственная биология. 2023. Т. 58. № 6. С. 1057-1067. [Bardukov NV, Nikipelova AK, Belous AA, Zinovieva NA. Development of multiplex panel of microsatellites for genetic studies of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) bred in commercial aquaculture. *Selskokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural biology]*. 2023;58(6):1057-1067. (*In Russ.*)]. doi: 10.15389/agrobiol.2023.6.1057rus doi: 10.15389/agrobiol.2023.6.1057eng

10. Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, Legarra A, et al. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*. 2010;93(2):743-752. doi: 10.3168/jds.2009-2730

11. Bronzi P, Rosenthal H, Gessner J. Global sturgeon aquaculture production: an overview. *Journal of Applied Ichthyology*. 2011;27:169-175. doi: 10.1111/j.1439-0426.2011.01757.x

12. Clark LV, Jasieniuk M. POLYSAT: an R package for polyploid microsatellite analysis. *Molecular Ecology Resources*. 2011;11(3):562-566. doi: 10.1111/j.1755-0998.2011.02985.x

13. Cui X, Li C, Qin S, Huang Z, Gan B, Jiang Z, Huang X, Yang X, Li Q, Xiang X, Chen J, Zhao Y, Rong J. High-throughput sequencing-based microsatellite genotyping for polyploids to re-

solve allele dosage uncertainty and improve analyses of genetic diversity, structure and differentiation: A case study of the hexaploidy *Camellia oleifera*. *Molecular Ecology Resources*. 2022;22(1):199-211. doi: 10.1111/1755-0998.13469

14. Edwards A, Civitello A, Hammond HA, Caskey CT. DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. *American Journal of Human Genetics*. 1991;49(4):746-75.

15. Georgescu SE, Canareica O, Popa G, Dudu A, Costache M. Characterization of five microsatellites in the Siberian sturgeon *Acipenser baerii* from aquaculture. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2013;46(1):95-98.

16. Hardy OJ, Vekemans X. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*. 2002;2:618-620. doi: 10.1046/j.1471-8286.2002.00305.x

17. Havelka M, Hulak M, Bailie DA, Prodohl PA, Flajshans M. Extensive genome duplications in sturgeons: New evidence from microsatellite data. *Journal of Applied Ichthyology*. 2013;29:704-708. doi: 10.1111/jai.12224

18. Kohlmann K, Kersten P, Geßner J, Eroglu O, Firidin S, Ciorpac M, Suci R. Validation of 12 species-specific, tetrasomic microsatellite loci from the Russian sturgeon, *Acipenser gueldenstaedtii*, for genetic broodstock management. *Aquaculture International*. 2018;26:1365-1376. doi: 10.1007/s10499-018-0290-y

19. Kohlmann K, Kersten P, Geßner J, Onara D, Taflan E, Radu S. New microsatellite multiplex PCR sets for genetic studies of the sterlet sturgeon, *Acipenser ruthenus*. *Environmental Biotechnology*. 2017;13:11-17. doi: 10.14799/ebms285

20. Markwith SH, Stewart DJ, Dyer JL. TETRASAT: A program for the population analysis of allotetraploid microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*. 2006;6:586-589.

21. Meuwissen TH, Hayes BJ, Goddard ME. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker map. *Genetics*. 2001;157(4):1819-1829. doi: 10.1093/genetics/157.4.1819

22. Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 2000;155(2):945-959. doi: 10.1093/genetics/155.2.945

23. R Core Team. [Internet] R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Austria, Vienna, 2024. Available from: <https://www.R-project.org/> (accessed 22.09.2024)

24. Ruban GI, Mugue NS. [Internet] *Acipenser baerii*. The IUCN Red List of Threatened Species. 2022: e.T244A156718817. Available from: <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2022-1.RLTS.T244A156718817.en> (accessed 10.09.2024)

25. Webster MS, Reichart L. Use of microsatellites for parentage and kinship analyses in animals. *Methods in Enzymology*. 2005;395:222-238. doi: 10.1016/S0076-6879(05)95014-3

26. Zane L, Patarnello T, Ludwig A, et al. Isolation and characterization of microsatellites in the Adriatic sturgeon (*Acipenser naccarii*). *Molecular Ecology Notes*. 2002;2(4):586-588. doi: 10.1046/j.1471-8286.2002.00328.x.

27. Zhu S, Guo T, Yuan C, Liu J, et al. Evaluation of Bayesian alphabet and GBLUP based on different marker density for genomic prediction in Alpine Merino sheep. *G3 Genes/Genomes/Genetics*. 2021;11(11). doi: 10.1093/g3journal/jkab206

References

1. Barmintseva AE. Phylogeography and intraspecific genetic polymorphism of the Siberian sturgeon *Acipenser baerii* Brandt, 1869 in nature and aquaculture. [dissertation] Moscow; 2018:145 p.

2. Akopyan NA, Kharzinova VR, Chydym SM et al. Genetic analysis of mitochondrial and nuclear DNA of Kemerovo pigs. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2019;4(102):132-137. doi: 10.33284/2658-3135-102-4-132

3. Dodokhov VV. Polymorphism of DNA microsatellite loci in domestic reindeer of the Even breed. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(3):70-78. doi: 10.33284/2658-3135-107-3-70
4. Malyutin VC, Ruban GI. On the history of fish husbandry of siberian sturgeon *Acipenser baerii* from the Lena river for acclimatization and commercial cultivation. *Journal of Ichthyology*. 2009;49(3):389-395.
5. Bardukov NV, Nikipelova AK, Nikipelov VI, Belous AA, Zinovieva NA. Methodological recommendations for molecular genetic expertise of pedigree material of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) bred in commercial aquaculture. *Dubrovitsy: FSBSI FRC AH named after L.K. Ernst*; 2024:32 p.
6. Muge NS, Barmintseva AE. Genomic research for sturgeon conservation: analysis of the inheritance of polyploid loci and the development of a marker panel to identify sturgeon hybrids and their products. *Russian Foundation for Basic Research Journal*. 2020;2(106):78-87. doi: 10.22204/2410-4639-2020-106-02-78-87
7. Otradnov PI, Rudiyanov DM, Belous AA. Validation of breeding value estimates for duroc pigs by feeding behavior traits. *Pigbreeding*. 2023;5:22-26. doi: 10.37925/0039-713X-2023-5-22-26
8. Abdel'manova AS, Fornara MS, Bardukov NV, et al. Whole genome study of single nucleotide polymorphisms' associations with withers height in local and transboundary breeds in Russia. *Selskokhozyaystvennaya biologiya [Agricultural Biology]*. 2021;56(6):1111-1122. doi: 10.15389/agrobiology.2021.6.1099eng
9. Bardukov NV, Nikipelova AK, Belous AA, Zinovieva NA. Development of multiplex panel of microsatellites for genetic studies of Siberian sturgeon (*Acipenser baerii*) bred in commercial aquaculture. *Selskokhozyaystvennaya biologiya [Agricultural biology]*. 2023;58(6):1057-1067. doi: 10.15389/agrobiology.2023.6.1057eng
10. Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, Legarra A, et al. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Science*. 2010;93(2):743-752. doi: 10.3168/jds.2009-2730
11. Bronzi P, Rosenthal H, Gessner J. Global sturgeon aquaculture production: an overview. *Journal of Applied Ichthyology*. 2011;27:169-175. doi: 10.1111/j.1439-0426.2011.01757.x
12. Clark LV, Jasieniuk M. POLYSAT: an R package for polyploid microsatellite analysis. *Molecular Ecology Resources*. 2011;11(3):562-566. doi: 10.1111/j.1755-0998.2011.02985.x
13. Cui X, Li C, Qin S, Huang Z, Gan B, Jiang Z, Huang X, Yang X, Li Q, Xiang X, Chen J, Zhao Y, Rong J. High-throughput sequencing-based microsatellite genotyping for polyploids to resolve allele dosage uncertainty and improve analyses of genetic diversity, structure and differentiation: A case study of the hexaploidy *Camellia oleifera*. *Molecular Ecology Resources*. 2022;22(1):199-211. doi: 10.1111/1755-0998.13469
14. Edwards A, Civitello A, Hammond HA, Caskey CT. DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats. *American Journal of Human Genetics*. 1991;49(4):746-75.
15. Georgescu SE, Canareica O, Popa G, Dudu A, Costache M. Characterization of five microsatellites in the Siberian sturgeon *Acipenser baerii* from aquaculture. *Journal of Animal Science and Biotechnology*. 2013;46(1):95-98.
16. Hardy OJ, Vekemans X. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*. 2002;2:618-620. doi: 10.1046/j.1471-8286.2002.00305.x
17. Havelka M, Hulak M, Bailie DA, Prodohl PA, Flajshans M. Extensive genome duplications in sturgeons: New evidence from microsatellite data. *Journal of Applied Ichthyology*. 2013;29:704-708. doi: 10.1111/jai.12224
18. Kohlmann K, Kersten P, Geßner J, Eroglu O, Firidin S, Ciorpac M, Suci R. Validation of 12 species-specific, tetrasomic microsatellite loci from the Russian sturgeon,

Acipenser gueldenstaedtii, for genetic broodstock management. Aquaculture International. 2018;26:1365-1376. doi: 10.1007/s10499-018-0290-y

19. Kohlmann K, Kersten P, Geßner J, Onara D, Taflan E, Radu S. New microsatellite multiplex PCR sets for genetic studies of the sterlet sturgeon, *Acipenser ruthenus*. Environmental Biotechnology. 2017;13:11-17. doi: 10.14799/ebms285

20. Markwith SH, Stewart DJ, Dyer JL. TETRASAT: A program for the population analysis of allotetraploid microsatellite data. Molecular Ecology Notes. 2006;6:586-589.

21. Meuwissen TH, Hayes BJ, Goddard ME. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker map. Genetics. 2001;157(4):1819-1829. doi: 10.1093/genetics/157.4.1819

22. Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics. 2000;155(2):945-959. doi: 10.1093/genetics/155.2.945

23. R Core Team. [Internet] R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Austria, Vienna, 2024. Available from: <https://www.R-project.org/> (accessed 22.09.2024)

24. Ruban GI, Mugue NS. [Internet] *Acipenser baerii*. The IUCN Red List of Threatened Species. 2022: e.T244A156718817. Available from: <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2022-1.RLTS.T244A156718817.en> (accessed 10.09.2024)

25. Webster MS, Reichart L. Use of microsatellites for parentage and kinship analyses in animals. Methods in Enzymology. 2005;395:222-238. doi: 10.1016/S0076-6879(05)95014-3

26. Zane L, Patarnello T, Ludwig A, et al. Isolation and characterization of microsatellites in the Adriatic sturgeon (*Acipenser naccarii*). Molecular Ecology Notes. 2002;2(4):586-588. doi: 10.1046/j.1471-8286.2002.00328.x.

27. Zhu S, Guo T, Yuan C, Liu J, et al. Evaluation of Bayesian alphabet and GBLUP based on different marker density for genomic prediction in Alpine Merino sheep. G3 Genes/Genomes/Genetics. 2021;11(11). doi: 10.1093/g3journal/jkab206

Информация об авторах:

Николай Владимирович Бардуков, научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, 60, тел.: +79850404028.

Амина Кумаровна Никипелова, младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, 60, тел.: +79850404028.

Петр Ильич Отраднов, младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, 60, тел.: +79850404028.

Владислав Игоревич Никипелов, младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, 60, тел.: +79850404028.

Анна Александровна Белоус, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская обл., г.о. Подольск, пос. Дубровицы, 60, тел.: +79850404028.

Information about the authors:

Nikolai V Bardukov, Researcher, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Moscow region, Podolsk, Dubrovitsy, 60, 142132, tel.: +79850404028.

Amina K Nikipelova, Junior Researcher, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Moscow region, Podolsk, Dubrovitsy, 60, 142132, tel.: +79850404028.

Petr I Otradnov, Junior Researcher, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Moscow region, Podolsk, Dubrovitsy, 60, 142132, tel.: +79850404028

Vladislav I Nikipelov, Junior Researcher, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Moscow region, Podolsk, Dubrovitsy, 60, 142132, tel.: +79850404028.

Anna A Belous, Cand. Sci. (Biology), Senior Researcher, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Moscow region, Podolsk, Dubrovitsy, 60, 142132, tel.: +79850404028.

Статья поступила в редакцию 11.10.2024; одобрена после рецензирования 21.11.2024; принята к публикации 16.12.2024.

The article was submitted 11.10.2024; approved after reviewing 21.11.2024; accepted for publication 16.12.2024.