

УДК: 636.32/.38

ОСОБЕННОСТИ ФЕНОТИПИЧЕСКОЙ И ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОРОДЫ КЫРГЫЗСКОГО ГОРНОГО МЕРИНОСА В ПЛЕМЕННЫХ ЗАВОДАХ КЫРГЫЗСКОЙ РЕСПУБЛИКИ

**Чортонбаев Тыргоот Жумадиевич (0000-0001-9820-2337)¹,
Жолборсов Улукбек Курбанбекович (0000-0003-1696-9951)¹,
Исакова Жайнагуль Толоновна (0000-0002-3681-6939)²,
Бектуров Амантур (0000-0003-4149-1527)¹**

¹Кыргызский национальный аграрный университет им. К.И. Скрябина, г.Бишкек, Кыргызская Республика

²Кыргызский научно-исследовательский институт молекулярной биологии и медицины, г.Бишкек, Кыргызская Республика

***Аннотация:** Целью данного исследования было проведение фенотипической характеристики и изучение генетического разнообразия трех популяций овец породы кыргызский горный меринос в государственных племенных заводах имени М.Н. Луцихина, «Оргочор» и «Катта-Талдык». Исследования популяций внутри одной породы с помощью микросателлитных маркеров позволяют оценить их генетическое разнообразие, родственные взаимоотношения и перспективы их использования для улучшения породы. Генотипирование по 12 микросателлитным маркерам показало лучшие показатели разнообразия, включая среднее наблюдаемое (N_a) и эффективное (N_e) число аллелей, а также наблюдаемую (H_O) и ожидаемую гетерозиготность (H_e). Таким образом, результаты настоящего исследования могут послужить для их дальнейшего использования в селекционно-племенных программах по улучшению и сохранению генетического разнообразия отечественной тонкорунной породы овец кыргызский горный меринос.*

***Ключевые слова:** овцы, фенотип, генотип, изменчивость, микросателлитный анализ, полиморфизм, аллель, локус, генетическое разнообразие*

КЫРГЫЗ РЕСПУБЛИКАСЫНЫН АСЫЛ ТУКУМ ЗАВОДДОРУНДАГЫ КЫРГЫЗ ТОО МЕРИНОС ПОРОДАСЫНЫН ФЕНОТИПТИК ЖАНА ГЕНЕТИКАЛЫК ТУЗУЛУШУНУН ӨЗГӨЧӨЛҮКТӨРҮ

**Чортонбаев Тыргоот Жумадиевич (0000-0001-9820-2337)¹,
Жолборсов Улукбек Курбанбекович (0000-0003-1696-9951)¹,
Исакова Жайнагуль Толоновна (0000-0002-3681-6939)²,
Бектуров Амантур (0000-0003-4149-1527)¹**

¹ К.И. Скрябин атындагы Кыргыз улуттук агрардык университети Бишкек ш., Кыргыз Республикасы

² Кыргыз молекулярдык биология жана медицина илим-изилдөө институту, Бишкек ш., Кыргыз Республикасы

Аннотация: Бул изилдөөнүн максаты М.Н.Луцихин атындагы, "Оргоchor" жана "Катта-Талдык" мамлекеттик асыл тукум заводдорунда кыргыз тоо меринос породасындагы койлордун үч популяциясынын фенотиптик мүнөздөмөсүн жүргүзүү жана генетикалык ар түрдүүлүгүн изилдөө болгон. Микросателлиттик маркерлер менен бир тектин ичиндеги популяцияларды изилдөө алардын генетикалык ар түрдүүлүгүн, тукум катнашын жана келечекте тукумду жакшыртуу үчүн колдонулат. 12 микросателлиттик маркерлер боюнча генотиптөө аллелдердин орточо байкалуучу (N_a) жана натыйжалуу (N_e) санын, ошондой эле байкалуучу (H_O) жана күтүлүүчү гетерозиготалуулукту (H_e) кошуп алганда, ар түрдүүлүктүн мыкты көрсөткүчтөрүн көрсөттү. Ошентип, бул изилдөөнүн жыйынтыктары кыргыз тоо меринос койлорунун ата мекендик уяң уяң тукумундагы генетикалык ар түрдүүлүктү жакшыртуу жана сактоо боюнча селекциялык-асыл тукум программаларында аларды андан ары пайдалануу үчүн кызмат кылышы мүмкүн.

Өзөктүү сөздөр: кой, фенотип, генотип, вариация, микросателлиттик талдоо, полиморфизм, аллель, локус, генетикалык ар түрдүүлүк

FEATURES OF THE PHENOTYPIC AND GENETIC STRUCTURE OF THE KYRGYZ MOUNTAIN MERINO BREED IN BREEDING PLANTS OF THE KYRGYZ REPUBLIC

Chortonbayev Tyrgoot Zhumadievich (0000-0001-9820-2337)¹,
Zholborsov Ulukbek Kurbanbekovich (0000-0003-1696-9951)¹,
Isakova Zhainagul Tolonovna (0000-0002-3681-6939)²,
Bekturov Amantur (0000-0003-4149-1527)¹

¹ Kyrgyz National Agrarian University named after K.I. Scriabin, Bishkek, Kyrgyz Republic

² Kyrgyz Scientific Research Institute of Molecular Biology and Medicine, Bishkek, Kyrgyz Republic

Annotation: The aim of this study was to conduct a phenotypic characterization and study the genetic diversity of three populations of Kyrgyz Mountain Merino sheep in the state breeding farms named after M.N. Lushchikhin, Orgochor and Katta-Taldyk. Studies of populations within one breed using microsatellite markers allow us to assess their genetic diversity, family relationships and prospects for their use to improve the breed. Genotyping for 12 microsatellite markers showed the best diversity indices, including the average observed (N_a) and effective (N_e) number of alleles, as well as the observed (H_O) and expected heterozygosity (H_e). Thus, the results of this study can serve for their further use in selection and breeding programs to improve and preserve the genetic diversity of the domestic fine-wool sheep breed Kyrgyz Mountain Merino.

Keyword: sheep, phenotype, genotype, variability, microsatellite analysis, polymorphism, allele, locus, genetic diversity

1. Введение

Эффективность работы племенной службы Кыргызской Республики сегодня, возможна созданием молекулярно-

генетической лабораторий по геномной диагностики для определения породности и раннего прогнозирования продуктивности животных (<https://agro.gov.kg>), а

также за счет внедрения молекулярной биотехнологии. Исследования генома сельскохозяйственных животных за рубежом проводятся в широких масштабах, тогда как кыргызские породы остаются малоизученными.

Интенсификация животноводства настоятельно требует дальнейшего развития теоретических основ и совершенствования организационных форм селекции сельскохозяйственных животных за счёт привлечения новых методов оценки генотипов животных. К числу таких методов относится использование ДНК-технологий. Это позволит перевести селекционный процесс на принципиально новый уровень. Естественно, что такой метод оценки животных ускорит темпы улучшения разводимого животного, позволяя формировать ремонтное стадо из потенциально высокопродуктивных животных, оценённых в молодом возрасте, что существенно снизит затраты на отбор и последующую оценку выбираемого племенного поголовья.

Селекция сельскохозяйственных животных основывалась на материалах учёта фенотипических показателей улучшаемых животных, таких как настриг, тонина, густота шерсти, живой вес, плодовитость, удои, содержание жира и белка. Использование молекулярно-генетических методов исследований для интенсификации селекционно-племенной работы в овцеводстве, позволит перевести селекционный процесс на принципиально новый уровень. Животноводство связано с отбором на основе показателей продуктивности животных. В отсутствие молекулярного знания, селекционеры вполне эффективно использовали традиционные способы разведения животных. Отбор животных только по фенотипу, то есть по продуктивности, экстерьеру и т.д. Гены нам не видны, поэтому вклад генов или факторов окружающей среды трудно оценить визуально. Поскольку в разведении животных желательнее, чтобы потомство получало бы хорошие гены от родителей,

должны быть инструменты для обнаружения и определения уровня наследуемости.

Современная молекулярная биология к настоящему времени накопила беспрецедентно огромные объёмы экспериментальных данных. Эти данные могут быть эффективно использованы на различных этапах молекулярно-генетических исследований.

Обобщение и анализ данных научной литературы показывают, что в настоящее время для изучения и решения вопросов, связанных с определением породной принадлежности, генетического разнообразия пород, их генетического сходства, анализ селекционных признаков и ассоциации с продуктивностью животных активно используются микросателлитные локусы (STR, Short Tandem Repeat) (Velado-Alonso E., 2021) - (Saravanan K.A., 2021).

Использование современных подходов необходимо для оценки и поддержания внутривидового генетического разнообразия, для сохранения породы и корректировки в селекционно-племенных программах по совершенствованию племенных качеств сельскохозяйственных животных. Поэтому, знания внутривидового разнообразия в структуре ДНК, прогноза эффекта селекции являются весьма актуальными для исследования.

Новизна и значимость проводимых исследований заключается в том, что впервые в Кыргызстане делаются шаги на пути к геномному анализу. Геномная технология селекции животных широко применяется в ведущих странах мира: США, Канаде и государствах ЕС. В республиках Средней Азии стран СНГ уже проводятся работы по использованию геномной технологии селекции с.-х. животных. Геномные индексы племенной ценности животных в различных странах отличаются приоритетами направлений селекции.

Таким образом, цель данного исследования - изучить особенности фенотипической и генетической структуры породы кыргызский

горный меринос, в зависимости от зоны их разведения, основываясь на анализах характеризующихся данными фенотипом и продуктивности в процессе их хозяйственного использования и на особенностях генетической структуры породы овец кыргызский горный меринос с использованием микросателлитных маркеров ДНК. При этом нами были исследованы изменчивости микросателлитов, оценка разнообразия и степени генетической дифференциации у тонкорунной породы овец кыргызский горный меринос разводимых в государственных племенных заводах Кыргызской Республики.

2. Материалы и методы исследования

Исследование проводились на поголовье овец тонкорунной породы кыргызский горный меринос в государственных племенных заводах (ГПЗ) имени М.Н. Луцихина, «Оргочор» и «Катта-Талдык».

Преобладающим методом наших научных исследований явился эксперимент, охватывающий начальные этапы работы с последующим переходом на лабораторные исследования. Для анализа фенотипических данных применялась вариационно-статистический метод. Определялась (X) – средняя арифметическая, как основной параметр, характеризующий совокупность изучаемого признака. Чтобы достаточно правильно отражать свойства генеральной совокупности вычислялась ошибка средней арифметической (S_x). При исследовании методом биометрических показателей использовалась среднее квадратичное отклонение (δ) и коэффициент вариации (C_v), которые зависят от величины средней арифметической даёт ясное представление о динамике закономерностях. Для определения достоверности разности между двух выборочных совокупностей полученной выборочной средней арифметической вычисляли критерий достоверности (t) с уровнем вероятности (P)

(Яковенко А.М. 2013), (Лакин Г.Ф., 1990).

Образцы ДНК выделены из крови 109 животных, разводимых в племенных заводах - "Оргочор" $n=29$, "Катта-Талдык" $n=35$ и им. М.Н. Луцихина $n=45$.

Выделение ДНК проводилось общепринятым методом фенол-хлороформной экстракции. Образцы были генотипированы по 12-ти микросателлитным локусам, рекомендованным Международным обществом генетики животных [10] (ISAG, International Society for Animal Genetics): McM042, INRA006, McM527, ETH152, CSRD247, OarFCB20, INRA172, INRA063, MAF065, MAF214, INRA005, INRA023, – и AMEL. Генотипирование проводилось с использованием набора реагентов для мультиплексного анализа COrDIS Sheep (<https://gordiz.ru>).

Анализ результатов ПЦР проводился методом капиллярного электрофореза с использованием автоматического генетического анализатора с лазериндуцированной флуоресцентной детекцией ABI 3500 (ThermoFisher, США). В наборе COrDIS Sheep используется 5 флуоресцентных красителей, характеризующихся разными длинами волн эмиссии для возможности одновременной детекции в разных каналах флуоресценции. Праймеры мечены четырьмя флуоресцентными красителями, детектируемыми в каналах Blue, Green, Yellow и Red. Стандарт длины S550 мечен пятым, флуоресцентным красителем и детектируется в отдельном канале Orange одновременно с продуктами ПЦР.

Статистическую обработку данных проводили с использованием программ GenAIEx v.6.5 (Peakall R., 2012)-(Hammer Q., 2001). С использованием GenAIEx v.6.5 были рассчитаны следующие показатели: среднее число аллелей на локус (N_a), эффективное число аллелей (N_e), уровни ожидаемой (H_e) и наблюдаемой (H_o) гетерозиготности, значение информационного индекса Шеннона (I), коэффициент FIS (Excoffier L. 1992.).

В программе STRUCTURE v.2.3.4 по методу Pritchard J.K. с соавт. был рассчитан критерий Q, который характеризует принадлежность каждого отдельного животного к соответствующему кластеру. С использованием веб-приложения POPHELPER v1.0.10 произведена графическая интерпретация результатов, полученных в STRUCTURE v.2.3.4.

3. Результаты исследования

С целью повышения генетического разнообразия, как резерв изменчивости для создания географически адаптированных популяций овец (Лакин Г.Ф., 1990) в пределах каждой породы сельскохозяйственных животных селекционерами дифференцируются внутрипородные (производственные, зональные) типы, различающиеся между собой. В популяции овец породы кыргызский горный меринос, создан три внутрипородных зональных типов (таласский, иссыккульский и

южнокыргызский) разводимые в различных природно-климатических условиях (Селионова, М. И. 2018).

Полная совокупность свойств живого организма, его фенотип вырабатывается в результате взаимодействия генотипа, биоресурсного потенциала и среды, определяющееся адаптивным потенциалом как генетически определённой нормой реагирования на факторы среды. Исходя из того, что ответ организма особи на влияние условий внешней среды находится под контролем данного потенциала, то реакция генетического потенциала непосредственно взаимосвязана с адаптивным потенциалом (Бектуров, А. Б. 2019), (Aboul Naga, A.M., 2021). В селекции, в частности, специальный адаптивный потенциал отражается на развитии свойств организма животного, особенно, на показателях продуктивных качеств.

Изменения живой массы показывают индивидуальные особенности роста,

Таблица 1 - Живая масса овец государственных племенных заводов, кг

Племенные заводы	n	$X \pm S_x$	C_v
Взрослые бараны			
им. М.Н. Луцихина	20	88,50±1,24	6,10
«Оргочор»	20	89,55±0,97	4,72
«Катта-Талдык»	20	84,07±1,13	5,88
Овцематки			
им. М.Н. Луцихина	30	57,35±0,34	3,25
«Оргочор»	30	58,20±0,31	4,98
«Катта-Талдык»	30	56,05±0,49	4,75

развития скороспелости и находятся в определённой связи с шёрстной, мясной, молочной и другими видами продуктивности овец, а также с уровнем обменных процессов и эффективностью использования корма.

По живой массе (табл. 1) среди животных имеются существенные различия. Разница между баранами ГПЗ «Оргочор» и ГПЗ «Катта-Талдык» составляет 5,48 кг с достоверной разницей,

($P < 0,01$), между баранами ГПЗ им. Луцихина и ГПЗ «Катта-Талдык» - 4,4 кг с достоверной разницей ($P < 0,05$). Между овцематками наблюдается аналогичная разница и составила, соответственно - 2,15 кг ($P < 0,01$) и 1,3 кг ($P < 0,05$). В остальных случаях достоверной разницы не отмечается. Степень изменчивости (C_v) живой массы у баранов относительно высокие и это свидетельствует о том, что генетические вариации все еще существует

внутри породы, которая дает возможность улучшению живой массы, как основного селекционного признака овец.

Фенотипическую идентификацию экстерьерно-конституциональных качеств овец государственных племенных заводов

проводился взятием шести основных промеров туловища, таких как, высота в холке, косая длина туловища, ширина груди, глубина груди, обхват груди за лопатками, обхват пясти. На основании промеров создан экстерьерный профиль овцематок



Диаграмма 1. Экстерьерный профиль овцематок

(диаграмма 1) в сравнительном аспекте с овцематками австралийских мериносов, завезенных в республики, для улучшения продуктивных качеств тонкорунных пород овец.

Экстерьерный профиль овцематок свидетельствуют о том, что по экстерьеру животные породы кыргызский горный меринос имеют хорошо развитые широтные

промеры, при среднем росте в высоту и достаточно развиты конечности при незначительных различиях между типами.

Одним из основных технологических показателей овечьей шерсти является её тонина или средний диаметр. Показатель тонины шерсти является важной характеристикой для породы овец и определяющим свойством её прирительной способности: высокие номера

Таблица 2 - Характеристика шерсти по тонине и уравнированность, мкм

Племенные заводы	n	$X \pm S_x$	σ	$C_v, \%$	min-max
Бараны-производители					
им. М.Н. Лушихина	16	22,21±0,50	1,38	6,21	17,6-24,6
«Оргочор»	16	23,46±0,27	1,04	4,41	21,5-24,9
«Катта-Талдык»	15	23,55±0,44	1,63	6,93	19,9-25,2
АвМ		20,70			

Овцематки					
им. М.Н. Луцихина	10	22,38±0,87	2,39	10,69	17,5-24,3
«Оргочор»	10	23,54±0,52	1,56	6,64	17,7-24,6
«Катта-Талдык»	10	23,43±0,94	2,83	12,06	17,8-26,7
АвМ		21,70			

шерстяной пряжи можно выработать из более тонкой шерсти. Для повышения ее конкурентоспособности целесообразно ориентироваться на производство тонкой шерсти 70 и 64 качеств [19]. В результате проведенных

Таблица 3. Характеристика генетической дифференциации породы овец кыргызский горный меринос по STR-локусам

Популяция в ГПЗ	STR-локус	Na	Ne	I	Ho	He	F _{IS}
им. М.Н. Луцихина	McM042	7	4,485	1,683	0,667	0,777	0,142
	INRA006	7	3,057	1,349	0,711	0,673	-0,057
	McM527	7	3,936	1,606	0,644	0,746	0,136
	ETH152	5	2,989	1,295	0,667	0,665	-0,002
	CSRD247	14	5,586	2,049	0,800	0,821	0,026
	OarFCB20	10	4,759	1,841	0,844	0,790	-0,069
	INRA172	6	1,994	1,049	0,489	0,499	0,019
	INRA063	11	5,400	1,955	0,822	0,815	-0,009
	MAF065	6	3,004	1,235	0,622	0,667	0,067
	MAF214	8	2,868	1,309	0,511	0,651	0,215
	INRA005	11	5,745	2,038	0,800	0,826	0,031
	INRA023	10	5,991	2,023	0,733	0,833	0,120
«Оргочор»	McM042	6	3,894	1,507	0,759	0,743	-0,021
	INRA006	6	2,596	1,206	0,552	0,615	0,103
	McM527	6	4,792	1,653	0,793	0,791	-0,002
	ETH152	4	2,993	1,174	0,724	0,666	-0,088
	CSRD247	13	7,476	2,237	0,759	0,866	0,124
	OarFCB20	11	5,986	2,066	0,862	0,833	-0,035
	INRA172	9	2,870	1,479	0,759	0,652	-0,164
	INRA063	10	5,800	1,974	0,793	0,828	0,042
	MAF065	5	3,042	1,236	0,724	0,671	-0,079
	MAF214	8	2,518	1,351	0,586	0,603	0,028
	INRA005	9	5,160	1,854	0,931	0,806	-0,155
	INRA023	9	5,443	1,874	0,759	0,816	0,071

«Катта-Талдык»	McM042	6	3,365	1,426	0,686	0,703	0,024
	INRA006	7	3,690	1,507	0,686	0,729	0,059
	McM527	5	4,210	1,509	0,714	0,762	0,063
	ETH152	5	3,662	1,393	0,743	0,727	-0,022
	CSRD247	9	3,870	1,662	0,857	0,742	-0,156
	OarFCB20	13	6,020	2,153	0,857	0,834	-0,028
	INRA172	8	4,367	1,755	0,800	0,771	-0,038
	INRA063	10	4,291	1,804	0,800	0,767	-0,043
	MAF065	7	4,003	1,525	0,714	0,750	0,048
	MAF214	8	3,793	1,568	0,743	0,736	-0,009
	INRA005	12	7,585	2,227	0,800	0,868	0,079
	INRA023	11	6,551	2,087	0,771	0,847	0,090

Примечание. - N_a (среднее количество выявленных аллелей на локусе) – показатель, который позволяет оценить аллельное разнообразие в популяции, основываясь на общем числе выявленных вариантов

- N_e (количество эффективных аллелей) – показатель, который характеризует распространенность аллелей, которые теоретически необходимы для достижения той же ожидаемой гетерозиготности, что и в изучаемой популяции; позволяет определить разнообразие с учетом частоты встречаемости аллелей по конкретному локусу

- I (индекс разнообразия Шеннона) – количественная мера, которая отражает, сколько различных типов (например, субпопуляций) имеются в наборе данных (популяции); индекс позволяет произвести статистическую оценку изучаемых выборок и оценить значимость различий между уровнями разнообразия

- H_o (наблюдаемая гетерозиготность) – показатель изменчивости (полиморфности) популяции, который описывает долю гетерозиготных генотипов в эксперименте

- H_e (ожидаемая гетерозиготность) – показатель, который описывает долю гетерозиготных генотипов, ожидаемых в равновесии Харди-Вайнберга

- F_{IS} (индивидуальный индекс фиксации) – позволяет оценить степень родственного спаривания особей в субпопуляции, отражает отклонения генотипических частот с точки зрения недостатка или избытка гетерозигот

исследований нами изучена генетическая дифференциация по STR-локусам. Характеристика генетической дифференциации породы овец кыргызский горный меринос по STR-локусам представлена в таб. 3.

Наиболее полиморфными (табл. 3) по ГПЗ им. М.Н. Лущикина и по ГПЗ «Оргочор» был локус CSRD247 ($N_a = 14$) и локус CSRD247 ($N_a = 13$), а по ГПЗ «Катта-Талдык» OarFCB20 ($N_a = 13$). Наименьшее количество STR-маркеров присутствовало по локусу ETH152 ($N_a = 4$) у овец ГПЗ

«Оргочор» и по локусам MAF06,5 McM527 и ETH152 ($N_a = 5$) у овец ГПЗ им. М.Н. Лущикина и «Катта-Талдык». Число эффективных аллелей было минимальным по локусу INRA172 ($N_e = 1,994$) у овец ГПЗ им. М.Н. Лущикина, у овец ГПЗ «Оргочор» - MAF214 ($N_e = 2,518$) и у овец ГПЗ «Катта-Талдык» - ($N_e = 3,662$), а максимальным – по INRA023 ($N_e = 5,991$), по CSRD247 ($N_e = 7,476$) и INRA005 ($N_e = 7,585$) соответственно. Наибольшее генетическое разнообразие наблюдалось по локусу CSRD247 ($I = 2,049$) у овец ГПЗ им. М.Н.

Лущикина, ($I = 2,237$) у ГПЗ «Оргочор» и по ETH152 ($I = 2,227$) у ГПЗ «Катта-Талдык», а наименьшее — по INRA172 ($I = 1,049$), ETH152 ($I = 1,174$) и ETH152 ($I = 1,393$), соответственно.

В исследуемых популяциях овец наблюдаемая гетерозиготность (H_o) варьировала от 0,489 (локус INRA172 ГПЗ им. М.Н. Лущикина) до 0,931 (локус INRA005 ГПЗ «Оргочор»). Ожидаемая гетерозиготность у овец была максимальной

по локусу INRA005 ($H_e = 0,868$ ГПЗ «Катта-Талдык»), а минимальная — по INRA172 ($H_e = 0,499$ ГПЗ им. М.Н. Лущикина).

Анализ соответствия наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности показал, что у овец выраженный избыток гетерозигот просматривается по локусу INRA172 ($F_{is} = -0,164$ ГПЗ «Оргочор»), а дефицит — по MAF214 ($F_{is} = 0,215$ ГПЗ им. М.Н. Лущикина).

Данные анализа генетической

Таблица 4. Параметры генетической изменчивости микросателлитных локусов у породы кыргызский горный меринос ($n = 109$)

Популяции	n	Na	Ne	Ho	He
им. М.Н. Лущикина	45	8,500±0,774	4,151±0,392	0,693±0,033	0,730±0,029
«Оргочор»	29	8,000±0,769	1,634±0,105	0,750±0,030	0,741±0,027
«Катта-Талдык»	35	8,417±0,763	1,718±0,084	0,764±0,017	0,770±0,015

изменчивости популяций породы кыргызский горный меринос трёх государственных племенных заводов Кыргызской Республики представлены в табл. 4.

Все микросателлитные локусы оказались высокополиморфными и в целом содержали 243 аллелей. Среднее число аллелей на локус составляло по ГПЗ им. М.Н. Лущикина 8,500, по ГПЗ «Оргочор» 8,000 и по ГПЗ «Катта-Талдык» 8,417; эффективное

Таблица 5. Приватные аллели в рамках анализа трех выборок.

Популяция в ГПЗ	Локус	Аллели	Частота
им. М.Н. Лущикина	INRA006	114	0,011
	INRA006	124	0,078
	McM527	158	0,044
	ETH152	200	0,022
	CSRD247	235	0,022
	CSRD247	241	0,011
	INRA063	167	0,056
	INRA063	197	0,011
	MAF214	221	0,011
	INRA005	139	0,011
«Оргочор»	INRA006	120	0,017
	CSRD247	211	0,017
	CSRD247	243	0,052
	INRA172	156	0,069
	INRA172	158	0,017
	MAF214	223	0,017
	INRA023	208	0,069

«Катта-Талдык»	INRA006	126	0,014
	ETH152	198	0,029
	OarFCB20	77	0,029
	OarFCB20	83	0,014
	INRA063	187	0,014
	INRA063	195	0,014
	MAF214	269	0,043
	INRA005	147	0,057
	INRA023	210	0,014

Приватные, т. е. уникальные аллели, характерные только для данной популяции животных, были обнаружены в 10 локусах ГПЗ им. М.Н. Луцихина, в 7 локусах ГПЗ «Оргочор» и в 9 локусах ГПЗ «Катта-Талдык». Частота повторяемости в ГПЗ им. М.Н. Луцихина варьирует от 0,011 (INRA006, CSRD247, INRA063, MAF214, INRA005) до 0,078 (INRA006), в ГПЗ «Оргочор» от 0,017 (INRA006, CSRD247) до 0,069 (INRA172, INRA023) и в ГПЗ «Катта-Талдык» от 0,014 (INRA006, OarFCB20, INRA063, INRA063, INRA023) до 0,057 (INRA005).

число аллелей на локус, соответственно - 4,151, 1,634 и 1,718; наблюдаемая гетерозиготность, соответственно - 0,693, 0,750 и 0,764, достоверно не отличалась от ожидаемой, соответственно 0,730, и 0,770.

4. Дискуссия

Таким образом, стремительное развитие молекулярной генетики позволило открыть маркеры, пригодные для получения широкого спектра объективной информации как индивидуальной о каждом животном, так и в популяционном, и породном аспектах (Криворучко, А. Ю. 2024), (Селионова М.И., 2018).

Количество аллелей в различных маркерных локусах служит мерой генетической изменчивости, оказывающей непосредственное влияние на дифференциацию пород внутри вида. Число эффективных аллелей в локусах позволяет судить о генетическом полиморфизме. Чем больше количество аллелей в локусе, тем выше степень генетического разнообразия (Hoban S, 2022).

Анализ частоты встречаемости уникальных аллелей, характерных для каждой отдельной породы (Криворучко, А. Ю. 2024), у породы кыргызский горный меринос выявили 26 уникальных аллелей.

Данные исследования показали

достаточно высокое генетическое разнообразие овец породы кыргызский горный меринос трёх государственных племенных заводов. Среднее число аллелей на 12 микросателлитных локусов по ГПЗ им. М.Н. Луцихина составило от 5 до 14, по ГПЗ «Оргочор» от 6 до 13 и по ГПЗ «Катта-Талдык» от 5 до 13.

Известно, что случайно выбранных из популяции 25–30 особей достаточно для надежной оценки частот аллелей, ожидаемой гетерозиготности и генетических расстояний (Айтназаров, Р. Б. 2021), (Hale M.L., 2012).

По мнению отдельных исследователей, задача по сохранению биоразнообразия заключается в поддержании разнообразия аллелей, имеющихся в настоящее время у вида (породы), а также в поддержании нормального накопления и потенциального сохранения вновь возникающих мутантных аллелей – источника постоянной эволюции животных и их усовершенствования (Hale M.L., 2012).

5. Выводы.

Исследование показывает, что порода овец кыргызский горный меринос обладает высокой генетической изменчивостью. Популяция овец государственных

племенных овец характеризуются достаточным количеством гетерозигот, что указывает на высокое генетическое разнообразие. Сравнительная оценка полиморфизма 12 микросателлитных локусов показала генетическое сходство трёх популяций овец, разводимых в разных климатических зонах, но в тоже время имелись и характерные различия, выразившиеся в наличии уникальных аллелей. В анализируемых популяциях идентифицировано 26 уникальных аллелей: 10 аллелей – у овец ГПЗ им. М.Н. Луцкихина; 7 аллеля – у овец ГПЗ «Оргочор и 9 – у ГПЗ «Катта-Талдык».

Результаты этого исследования могут быть использованы при составлении селекционных программ и планов по сохранению генетических ресурсов местных пород овец для поддержания адекватного уровня биоразнообразия в овцеводстве.

6. Использование литературы

1. Государственная программа «Устойчивое развитие животноводства в Кыргызской Республике на 2024 – 2028 годы» <https://agro.gov.kg/ru/10731/>
2. Velado-Alonso E., Gómez-Sal A., Bernués A., Martín-Collado D. Disentangling the Multidimensional Relationship between Livestock Breeds and Ecosystem Services // *Animals*. 2021. Vol. 11(9). <https://doi.org/10.3390/ani11092548>
3. Sheikh F.A., Arnav M., Sona C., Nazir A.G. Analysis of selection signatures reveals important insights into the adaptability of high-altitude Indian sheep breed Changthangi // *Gene*. 2021. Vol. 799. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2021.145809>.
4. Elisha G. Invited review: Opportunities for genetic improvement toward higher prolificacy in sheep // *Small Ruminant Research*. 2020. Vol. 186. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2020.106090>.
5. Sudarshan M., Samita S., Arun K., Sharma R.C., Gowane G.R. Genotype × environment interaction affects sire ranking for live weights in Avikalin sheep // *Small Ruminant Research*. 2020. Vol. 186. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2020.106092>.
6. Marina H., Pelayo R., Suárez-Vega A., Gutiérrez-Gil B., Esteban-Blanco C., Arranz J.J. Genome-wide association studies (GWAS) and post-GWAS analyses for technological traits in Assaf and Churra dairy breeds // *Journal of Dairy Science*. 2021. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20510>.
7. Saravanan K.A., Manjit Panigrahi, Harshit Kumar, Bharat Bhushan, Triveni Dutt, B.P. Mishra Genome-wide analysis of genetic diversity and selection signatures in three Indian sheep breeds // *Livestock Science*. - 2021. - Vol. 243. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104367>.
8. Яковенко А.М. Биометрические методы анализа качественных и количественных признаков в зоотехнии [Текст] / А.М.Яковенко, Т.И. Антоненко, М.И. Селионова // - Ставрополь: Агрус, 2013. – 91 с.
9. Лакин Г.Ф. Биометрия: Учеб. пособие для биол. спец. вузов. М. : Высшая школа, 1990. 352 с. https://elibrary.ru/author_items.asp?authorid=974178&pubrole=100&show_refs=1&show_option=0
10. ISAG, International Society for Animal Genetics. <https://www.isag.us/>
11. ООО «ГОРДИЗ», РФ. <https://gordiz.ru/>
12. Peakall R., Peter E. Smouse. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update // *Bioinformatics*. 2012. V.28. P. 2537-2539. STRUCTURE v.2.3.4 <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
13. Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 2000 Jun;155(2):945-59. PMID: 10835412; PMCID: PMC1461096. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
14. Hammer Q., Harper A.T., Ryan P.D. Past: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis // *Palaeontologia Electronica*. 2001. V.4. P. 1-9. https://palaeo-electronica.org/2001_1/past/

past.pdf

15. Excoffier L. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among dna haplotypes: Application to human mitochondrial dna restriction data // *Genetics*. 1992. V.131. P. 479-491 <https://doi.org/10.1093/genetics/131.2.479>
16. Селионова, М. И. Особенности микросателлитного профиля овец, разводимых в условиях Кыргызстана / М. И. Селионова, Е. М. Луцихина, Л. Н. Чижова // *Сельскохозяйственный журнал*. – 2018. – № 1(11). – С. 84-90. DOI 10.25930/0372-3054-2018-1-11-98-106. https://elibrary.ru/download/elibrary_41207844_27386910.pdf
17. Бектуров, А. Б. Новое селекционное достижение в тонкорунном овцеводстве Кыргызстана / Т. Д. Чортонбаев, Е. М. Луцихина, Д. В. Чебодаев // *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*. – 2019. – № 4(78). – С. 221-223. https://elibrary.ru/download/elibrary_41218448_96595284.pdf
18. Aboul Naga, A.M., Abdel Khalek T.M., Mona Osman, A.R., Elbeltagy, E.S., Abdel-Aal, Abou-Ammo, F.F., El-Shafie, M.H. Physiological and genetic adaptation of desert sheep and goats to heat stress in the arid areas of Egypt // *Small Ruminant Research*. 2021. Vol. 203. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2021.106499>.
19. Тимошенко, Н. К. О сертификации и качестве шерсти / Н. Т. Разгонов, И. А. Баженова [и др.] // *Овцы, козы, шерстяное дело*. – 2019. – № 1. – С. 28-31. https://elibrary.ru/download/elibrary_37103111_83576486.pdf
20. Криворучко, А. Ю. Использование микросателлитных локусов для генетической идентификации овец шерстного направления продуктивности в Ставропольском крае / А. В. Скокова, Л. Н. Скорых [и др.] // *Животноводство и кормопроизводство*. – 2024. – Т. 107, № 2. – С. 71-84. – DOI 10.33284/2658-3135-107-2-71
21. Селионова М.И., Луцихина Е.М., Чижова Л.Н. Особенности микросателлитного профиля овец, разводимых в условиях Кыргызстана // *Сельскохозяйственный журнал*. 2018. № 1(11). С. 84-90. doi: 10.25930/0372-3054-2018-1-11-98-106
22. Hoban S, Archer FI, Bertola LD, Bragg JG, Breed MF, Bruford MW, Hunter ME, et al. Global genetic diversity status and trends: towards a suite of Essential Biodiversity Variables (EBVs) for genetic composition. *Biological Reviews*. 2022;97(4):1511-1538. <https://doi.org/10.1111/brv.12852>
23. Криворучко, А. Ю. Использование микросателлитных локусов для генетической идентификации овец шерстного направления продуктивности в Ставропольском крае / А. В. Скокова, Л. Н. Скорых [и др.] // *Животноводство и кормопроизводство*. – 2024. – Т. 107, № 2. – С. 71-84. – DOI 10.33284/2658-3135-107-2-71. https://elibrary.ru/download/elibrary_67981182_29316384.pdf
24. Айтназаров, Р. Б. Оценка генетического разнообразия и филогенетических отношений чернопестрого скота Новосибирской области с использованием микросателлитных маркеров / Р. Б. Айтназаров, Т. М. Мишакова, Н. С. Юдин // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. – 2021. – Т. 25, № 8. – С. 831-838. <https://doi.org/10.18699/VJ21.096>
25. Hale M.L., Burg T.M., Steeves T.E. Sampling for microsatellite-based population genetic studies: 25 to 30 individuals per population is enough to accurately estimate allele frequencies. *PLoS One*. 2012; 7(9):e45170. DOI <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0045170>
26. Айтназаров, Р. Б. Оценка генетического разнообразия и филогенетических отношений чернопестрого скота Новосибирской области с использованием микросателлитных маркеров / Р. Б. Айтназаров, Т. М. Мишакова, Н. С. Юдин // *Вавиловский журнал генетики и селекции*. – 2021. – Т. 25, № 8. – С. 831-838. – DOI 10.18699/VJ21.096. https://elibrary.ru/download/elibrary_47494716_83091714.pdf