

Перевод на английский язык <https://vavilov.elpub.ru/jour>

Геногеографическое исследование киргизского горного меринуса с использованием микросателлитных маркеров

А.Б. Бектуров¹, Ж.Т. Исакова²✉, В.Н. Кипень³, Т.Д. Чортонбаев¹, С.Б. Мукеева², С.К. Осмоналиев⁴, К.А. Айтбаев²

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

² Научно-исследовательский институт молекулярной биологии и медицины, Бишкек, Кыргызская Республика

³ Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь

⁴ Кыргызский научно-исследовательский институт животноводства и пастбищ, Сокулук, Кыргызская Республика

✉ jainagul@mail.ru

Аннотация. Проведено геногеографическое изучение породы овец киргизский горный меринос (КГМ). Проанализированы образцы ДНК 109 овец данной породы, разводимых в трех государственных племенных заводах (ГПЗ) в Республике Кыргызстан: ГПЗ «Оргочор» (Иссык-Кульская область), ГПЗ «Катта-Талдык» (Ошская область) и ГПЗ им. М.Н. Луцкихина (Таласская область). В 12 исследованных микросателлитных маркерах (*McM042*, *INRA006*, *McM527*, *ETH152*, *CSRD247*, *OarFCB20*, *INRA172*, *INRA063*, *MAF065*, *MAF214*, *INRA005*, *INRA023*) идентифицировано 126 аллелей. Число аллелей в каждом локусе варьировало от 6 до 16 при среднем значении 10.500 ± 0.957 аллелей на локус. Определено 67 редких аллелей (с частотой встречаемости менее 5.0 %), что составляет 53.2 % от общего количества выявленных аллелей. Наибольшее количество редких аллелей установлено для STR-маркеров *CSRD247*, *INRA023*, *INRA005*, *INRA006*, *MAF214* и *OarFCB20*. Для каждой группы имеются индивидуальные различия в профиле распределения частот аллелей по всем исследуемым STR-локусам, наиболее значимые из которых следующие: в группах TALAS и OSH для локуса *McM042* в мажорном состоянии находится аллель 87 (35.6 и 45.7 % соответственно), в то время как для группы ISSYK-KUL наибольшую распространенность получил аллель 95 (36.2 %); для локуса *INRA172* во всех группах мажорным аллелем был 154, однако в сравнении с группой TALAS его распространенность была меньше в 1.25 (ISSYK-KUL) и 1.66 (OSH) раза – 55.2 и 41.4 % соответственно, а аллели 156 и 158 встречались только в группе ISSYK-KUL; для локуса *ETH152* частота встречаемости аллеля 186 в группе TALAS составила 51.1 %, для групп ISSYK-KUL и OSH значительную распространенность приобретает аллель 190 – 34.5 и 34.3 % соответственно. При оценке генетической подразделенности исследуемых выборок КГМ (при K от 3 до 10) показана однородность структуры – вклад каждого субкластера равноценный. При анализе AMOVA обнаружено, что выборки расположены равноудаленно. Таким образом, генетическое разнообразие овец породы КГМ среди трех государственных племенных заводов Кыргызской Республики достаточно высокое и сопоставимое между собой.

Ключевые слова: киргизский горный меринос; генотипирование; STR-маркеры.

Для цитирования: Бектуров А.Б., Исакова Ж.Т., Кипень В.Н., Чортонбаев Т.Д., Мукеева С.Б., Осмоналиев С.К., Айтбаев К.А. Геногеографическое исследование киргизского горного меринуса с использованием микросателлитных маркеров. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2023;27(2):162-168. DOI 10.18699/VJGB-23-22

A genogeographic study of the Kyrgyz mountain merino via microsatellite markers

A.B. Bekturov¹, Zh.T. Isakova²✉, V.N. Kipen³, T.Dzh. Chortonbaev¹, S.B. Mukееva², S.K. Osmonaliev⁴, K.A. Aitbaev²

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

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

³ Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

⁴ Kyrgyz Research Institute of Animal Husbandry and Pastures, Sokuluk District, Kyrgyz Republic

✉ jainagul@mail.ru

Abstract. The aim was to ascertain the genetic and geographical structure of the Kyrgyz mountain merino (KMM). We analyzed DNA samples of 109 Kyrgyz mountain merino specimens, bred in three state breeding factories (STB), including “Orgochor” in the Issykul Province, “Katta-Taldyk” in the Osh Province and STB named after Luschikhin in the Talas Province. We identified 126 alleles in 12 microsatellite markers (*McM042*, *INRA006*, *McM527*, *ETH152*, *CSRD247*, *OarFCB20*, *INRA172*, *INRA063*, *MAF065*, *MAF214*, *INRA005*, *INRA023*). There were 6 to 16 alleles in each locus (mean 10.500 ± 0.957 alleles per locus). We identified 67 rare alleles (prevalence less than 5.0 %), which made up 53.2 % of all alleles found. The greatest number of rare alleles was found in STR-markers of *CSRD247*, *INRA023*, *INRA005*, *INRA006*, *MAF214* and *OarFCB20*. For each group, there were individual differences in the distribution of allele frequencies across all the STR loci studied. The most significant of them were as follows: with regard to the *McM042* locus, allele 87 was major in the TALAS and OSH groups (35.6 and 45.7 %, respectively), whereas allele 95 was major in the

ISSYK-KUL group (36.2 %); allele 154 was major in all groups with regard to the *INRA172* locus, but it was 1.25 times less prevalent in the ISSYK-KUL and 1.66 times less prevalent in the OSH groups compared to TALAS (55.2 and 41.4 %, respectively), whereas alleles 156 and 158 were found only in the ISSYK-KUL group. Considering the *ETH152* locus, 186 allele prevalence in the TALAS group was 51.1 %, but allele 190 was also markedly prevalent in the ISSYK-KUL and OSH groups, 34.5 and 34.3 %, respectively. The genetic division of the studied groups of KMM (with K from 3 to 10) was homogeneous – the contribution of each subcluster was equivalent. The AMOVA analysis revealed that the groups are located equidistantly. To conclude, the genetic diversity of the Kyrgyz mountain merino in three state breeding factories of the Kyrgyz Republic was high and comparable with each other.

Key words: Kyrgyz mountain merino; genotyping; STR markers.

For citation: Bekturov A.B., Isakova Zh.T., Kipen V.N., Chortonbaev T.Dzh., Mukееva S.B., Osmonaliev S.K., Aitbaev K.A. A genogeographic study of the Kyrgyz mountain merino via microsatellite markers. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selektzii* = *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2023;27(2):162-168. DOI 10.18699/VJGB-23-22

Введение

Животные породы овец киргизский горный меринос (КГМ) распространены во всех регионах Кыргызской Республики, отличающихся по природно-климатическим условиям. С целью совершенствования племенных и продуктивных качеств овец КГМ созданы внутривидовые (зональные) типы овец (Бектуров и др., 2017).

Киргизский горный меринос создан в период 1990–2006 гг. на базе киргизской тонкорунной породы с использованием баранов породы австралийский меринос и утвержден в 2006 г. Генетическая структура породы включает 5 заводских типов и 24 заводские линии. Шерсть овец КГМ отличается высокими технологическими свойствами. Овцы этой породы характеризуются высокими мясными свойствами.

Каждая порода или тип животных имеет характерную неоднородность по морфологическим, продуктивным, технологическим качествам. Для решения селекционно-племенных задач, связанных с определением принадлежности к породе или к определенному типу в породе, могут быть использованы микросателлитные локусы (short tandem repeat, STR) (Денискова и др., 2018; Исакова и др., 2019, 2021; Носова и др., 2020; Харзинова, Зиновьева, 2020; Лемеш и др., 2021).

Для оценки состояния и сохранения ценных особенностей генофонда КГМ необходимо проводить геногеографические исследования. Сохранение и дальнейшее совершенствование породы должны осуществляться под контролем изучения генетической динамики как в породе в целом, так и в основных племенных хозяйствах, занимающихся разведением КГМ. Ранее нами было показано, что для местных пород сельскохозяйственных животных (в частности, для киргизской лошади) характерны высокие значения генетического разнообразия, но в то же время существует локальная дифференцировка, и для ряда высокогорных экспериментальных зон различия носят значимый характер (Исакова и др., 2021). В связи с этим проведение аналогичных по структуре исследований является актуальной задачей.

Информация, полученная при молекулярно-генетическом анализе, будет дополнять морфометрическую характеристику баранов-производителей, ремонтных баранов и овцематок, что позволит селекционерам разрабатывать новые и модифицировать существующие алгоритмы и схемы селекции для поддержания внутривидового генетического разнообразия КГМ, а также сохранить генетическую

идентичность данной породы. В перспективе планируется проведение ряда мероприятий по совершенствованию племенных качеств овец породы КГМ.

Цель настоящей работы – геногеографическое исследование породы овец киргизский горный меринос.

Материалы и методы

Биологическим материалом для молекулярно-генетического исследования послужили образцы крови овец породы киргизский горный меринос (КГМ), взятые у взрослых голов – 109 животных, разводимых в трех государственных племенных заводах (ГПЗ): ГПЗ «Оргочор» (с. Оргочор, Джеты-Огузский район, Иссык-Кульская область) – 29 животных (выборка ISSYK-KUL), ГПЗ «Катта-Талдык» (с. Баш-Булак, Карасуйский район, Ошская область) – 35 животных (выборка OSH), ГПЗ им. М.Н. Луцкихина (с. Джоон-Тюбе, Кара-Бурунский район, Таласская область) – 45 животных (выборка TALAS). Места отбора образцов представлены на рис. 1.

Выделение ДНК проводили методом фенол-хлороформной экстракции (Sambrook, Russell, 2001). Образцы были генотипированы по 12 микросателлитным маркерам (рекомендованным Международным обществом генетики животных (ISAG, International Society for Animal Genetics): *McM042*, *INRA006*, *McM527*, *ETH152*, *CSR247*, *OarFCB20*, *INRA172*, *INRA063*, *MAF065*, *MAF214*, *INRA005*, *INRA023*) и пол-специфичному локусу *AMEL*.

Генотипирование осуществляли с помощью набора реагентов для мультиплексного анализа COrDIS Sheep (ООО «ГОРДИЗ», РФ) согласно рекомендациям производителя. Для корректного определения генотипа у исследуемых животных (физического размера ампликона в п. н.) был использован образец с контрольным генотипом, включенный в набор COrDIS Sheep. Результаты ПЦР анализировали методом капиллярного высокоразрешающего электрофореза с применением автоматического генетического анализатора Applied Biosystems 3500 (ThermoFisher, США).

Статистическую обработку данных выполняли с помощью программ GenAIEx v. 6.503 (Peakall, Smouse, 2012), STRUCTURE v. 2.3.4 (Pritchard et al., 2000), Past v. 4.03 (Hammer et al., 2001).

С использованием программы GenAIEx v. 6.503 были рассчитаны среднее число аллелей на локус (N_a), эффективное число аллелей (N_e), уровни ожидаемой (H_e) и наблюдаемой (H_o) гетерозиготности, коэффициент F_{IS}



Рис. 1. Места отбора образцов: 1 – ГПЗ «Оргочор» (с. Оргочор, Джеты-Огузский район, Иссык-Кульская область); 2 – ГПЗ «Катта-Талдык» (с. Баш-Булак, Карасуйский район, Ошская область); 3 – ГПЗ им. М.Н. Луцихина (с. Джоон-Тюбе, Кара-Буринский район, Таласская область).

(Excoffier, 1992). Программа STRUCTURE v. 2.3.4 позволила рассчитать критерий Q , характеризующий принадлежность каждого отдельного животного к соответствующему кластеру (Pritchard et al., 2000). С помощью веб-приложения POPHELPER v. 1.0.10 (Francis, 2016) произведена графическая интерпретация результатов, полученных в STRUCTURE v. 2.3.4.

Анализ популяционно-генетических параметров, степени генетической дифференциации на основании матриц попарных значений F_{ST} осуществляли в программном обеспечении GenAlEx 6.503 (Peakall, Smouse, 2012) с последующей визуализацией в программе Past v. 4.03 (Hammer et al., 2001).

Генетическую структуру исследуемых выборок овец породы КГМ оценивали с помощью анализа главных компонент (principal component analysis, PCA) посредством кластеризации в программе STRUCTURE v. 2.3.4 (Pritchard et al., 2000) с использованием смешанной модели (число предполагаемых кластеров K – от 3 до 10; длина burn-in периода – 50К; модель марковских цепей Монте-Карло – 5К). Для каждого значения K выполняли по 10 итераций. С использованием веб-приложения POPHELPER v. 1.0.10 определяли оптимальное число кластеров (ΔK) по методу, предложенному в работе (Evanno et al., 2005).

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Результаты и обсуждение

Современная порода овец КГМ обнаруживает высокий уровень внутривидовой генетической вариабельности: в 12 исследованных микросателлитных маркерах идентифицировано 126 аллелей. Число аллелей в каждом локусе варьировало от 6 до 16 при среднем значении 10.500 ± 0.957 аллелей на локус. Определено 67 редких аллелей (с частотой встречаемости менее 5.0 %), что составляет 53.2 % от общего количества выявленных аллелей. Наибольшее количество редких аллелей обнаружено для STR-маркеров *CSRD247*, *INRA023*, *INRA005*, *INRA006*, *MAF214* и *OarFCB20*.

Для анализа внутривидовой генетической подразделенности КГМ, разводимых в трех географически изолированных зонах, оценивали значения показателей N_a , N_e , H_o , H_e , I и коэффициента F_{IS} (табл. 1).

Среднее количество аллелей на локус N_a варьировало от 8.000 до 8.500 при среднем значении 8.306 ± 2.595 , максимальное значение было отмечено для выборки TALAS из ГПЗ им. М.Н. Луцихина. В то же время количество эффективных аллелей N_e было максимальным для выборки OSH из ГПЗ «Катта-Талдык». Значение индекса Шеннона, отражающего сложность структуры сообщества, в среднем по трем выборкам составило 1.657 ± 0.333 и также было максимальным для выборки OSH из ГПЗ «Катта-Талдык». Наблюдаемая гетерозиготность H_o – показатель изменчивости (полиморфности) популяции, который описывает долю гетерозиготных генотипов в эксперименте, находился в диапазоне 0.693–0.764. Ожидаемая гетерозиготность H_e – показатель, который описывает долю гетерозиготных генотипов, ожидаемых в равновесии Харди–Вайнберга, варьировал от 0.730 до 0.770. Максимальные показатели H_o и H_e были рассчитаны для выборки OSH из ГПЗ «Катта-Талдык». Именно для этой группы КГМ среднее значение индекса F_{IS} было наиболее нейтральным (0.006) и свидетельствовало о сбалансированной распространенности гетерозиготных генотипов, т. е. уровень родственного спаривания особей в субпопуляции был наименее существенным в сравнении с двумя другими группами. В целом при сравнении показателей

Таблица 1. Генетико-популяционная характеристика трех независимых выборок для КГМ на основании анализа 12 STR-маркеров

Выборка		N_a	N_e	I	H_o	H_e	F_{IS}
TALAS	Среднее	8.500	4.151	1.619	0.693	0.730	0.052
	Стандартное отклонение	0.774	0.392	0.104	0.033	0.029	0.025
ISSYK-KUL	Среднее	8.000	4.381	1.634	0.750	0.741	-0.015
	Стандартное отклонение	0.769	0.468	0.105	0.030	0.027	0.027
OSH	Среднее	8.417	4.617	1.718	0.764	0.770	0.006
	Стандартное отклонение	0.763	0.387	0.084	0.017	0.015	0.020

Примечание. N_a – среднее количество выявленных аллелей на локус; N_e – количество эффективных аллелей; I – индекс разнообразия Шеннона; H_o – наблюдаемая гетерозиготность; H_e – ожидаемая гетерозиготность; F_{IS} – индивидуальный индекс фиксации.

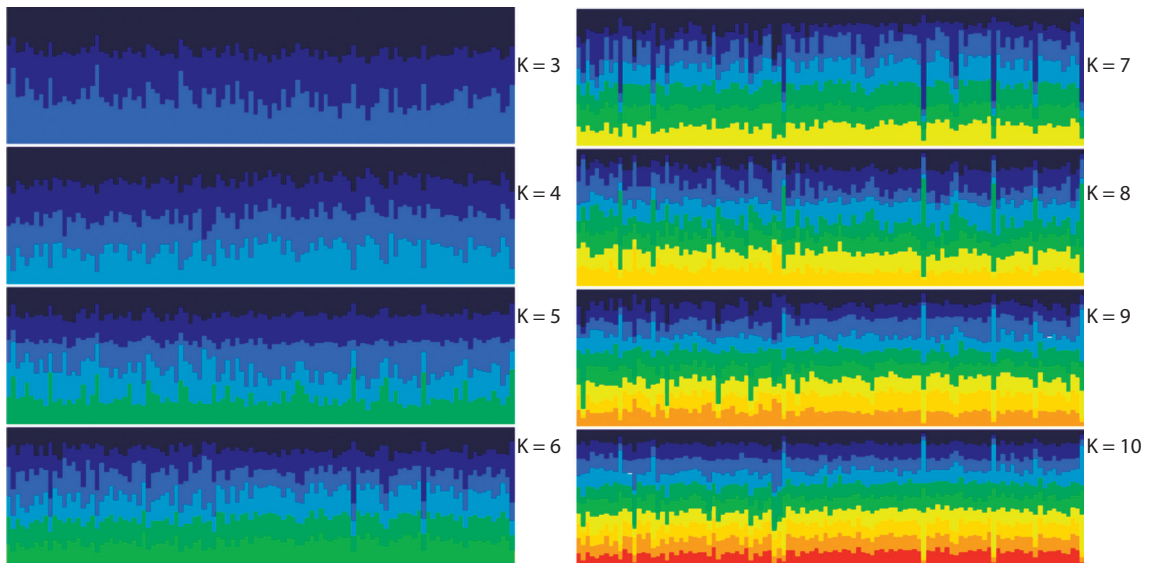


Рис. 2. Результаты анализа генетической структуры изучаемых выборок КГМ для наиболее вероятного числа кластеров (K) от 3 до 10.

Ось X – ID животного; ось Y – доля в соответствующем кластере; значения Q рассчитаны по методу (Pritchard et al., 2000).

N_a , N_e , H_o , H_e , I и коэффициента F_{IS} для трех исследуемых выборок статистически значимых различий не выявлено (на основании использования t -критерия Стьюдента).

Для оценки генетической подразделенности исследуемых выборок КГМ с помощью программы STRUCTURE v. 2.3.4 был проведен расчет критерия Q , который характеризует принадлежность каждого отдельного животного к соответствующей группе. Значение Q , равное 75 % или выше, подтверждает членство особи в своем кластере. На рис. 2 графически представлены (с использованием веб-приложения POPHELPER v. 1.0.10 (<http://pophelper.com/>)) результаты анализа, выполненного в STRUCTURE v. 2.3.4 (проведена автоматическая сортировка на основании принадлежности конкретного образца к мажорному кластеру).

В исследовании использован генетический материал овец породы КГМ из трех географически изолированных зон (см. рис. 1). Для всех выборок в пределах кластеров $K = (3-10)$ наблюдается общая однородность структуры, вклад каждого субкластера является равноценным. Парное сравнение средних значений коэффициента Q для трех выборок при $K = 2$ с использованием однофакторного дисперсионного анализа показало отсутствие статистически значимых различий: для пары TALAS/ISSYK-KUL – $F = 0.112$, $p = 0.739$; для пары ISSYK-KUL/OSH – $F = 0.023$, $p = 0.881$; для пары TALAS/OSH – $F = 0.267$, $p = 0.607$. Этот факт может быть следствием того, что изучаемые в рамках данного исследования субпопуляции КГМ имеют общих предков (например, баранов-производителей), возможно влияние иных факторов.

На основании анализа генетических дистанций F_{ST} , рассчитанных по алгоритму AMOVA для 12 STR-маркеров, построен график PCA, отражающий взаимное сходство/различие исследованных выборок (рис. 3).

Информация, представленная на рис. 2 и 3, позволяет заключить, что исследуемые выборки КГМ различаются

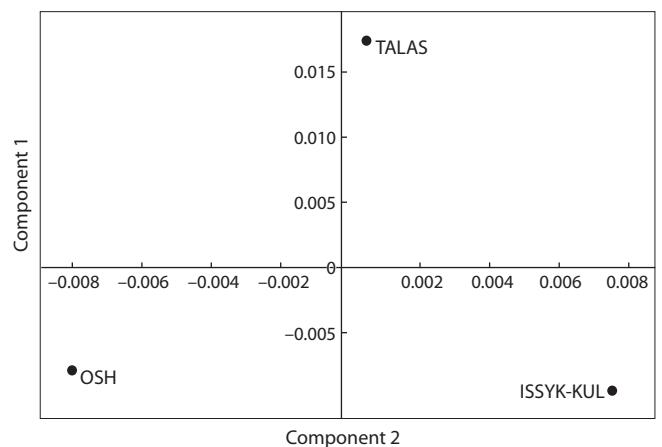


Рис. 3. Результаты анализа главных компонент (по совокупности 12 STR-маркеров).

между собой незначительно. И все же для каждой выборки имеются особенности, обусловленные различиями в частоте распространенности аллелей в исследованных STR-локусах, а также наличием редких и частных (встречаются только в одной из исследованных групп) аллелей (табл. 2 и 3 соответственно).

Среди особей из ГПЗ им. М.Н. Луцхина для STR-маркеров *CSRD247*, *INRA005* и *INRA023* (выборка TALAS) на долю редких аллелей пришлось 18,9, 12,2 и 10,0 % соответственно; среди особей из ГПЗ «Оргочор» (выборка ISSYK-KUL) высокий процент распространенности редких аллелей был показан для STR-маркеров *CSRD247* и *MAF214*: 12,1 и 10,3 % соответственно; а среди особей из ГПЗ «Катта-Талдык» (выборка OSH) – для *CSRD247* (15,7 %), *MAF214* (15,7 %) и *OarFCB20* (14,3 %).

В целом для каждой группы имеются индивидуальные различия в профиле распределения частот аллелей по

Таблица 2. Суммарная частота распространённости редких аллелей (частота распространённости менее 5 %) в исследованных выборках КГМ, в %

STR-маркер	Выборка		
	TALAS	ISSYK-KUL	OSH
<i>CSRD247</i>	18.9 (209/215/217/225/229/233/235/237/241)	12.1 (211/217/225/233/237)	15.7 (209/215/223/225/229)
<i>ETH152</i>	2.2 (200)	3.4 (192)	2.9 (198)
<i>INRA005</i>	12.2 (113/131/139/141)	8.6 (113/137/145)	11.4 (129/133/141/143)
<i>INRA006</i>	3.3 (114/118/134)	3.4 (120/134)	2.9 (118/126)
<i>INRA023</i>	10.0 (212/214/218)	3.4 (206/214)	5.7 (192/210/212)
<i>INRA063</i>	7.8 (173/179/197/199)	8.6 (189/199/201)	10.0 (187/195/199/201)
<i>INRA172</i>	3.3 (166/168)	8.6 (144/15/162/166)	1.4 (168)
<i>MAF065</i>	4.4 (131/135/137)	5.2 (123/135)	5.7 (123/131/137)
<i>MAF214</i>	7.8 (183/221/225/255/261)	10.3 (183/223/225/255)	15.7 (183/225/255/261/269)
<i>McM042</i>	8.9 (99/103)	3.4 (103)	7.1 (81/97)
<i>McM527</i>	2.2 (158/176)	3.4 (176)	–
<i>OarFCB20</i>	8.9 (95/103/111/113)	6.9 (107/111/113)	14.3 (77/83/95/103/107/113)

Таблица 3. Частота распространённости частных аллелей в исследованных выборках КГМ

Выборка	STR-маркер	Аллель	Частота, %
TALAS	<i>INRA006</i>	114	1.1
TALAS	<i>INRA006</i>	124	7.8
TALAS	<i>McM527</i>	158	4.4
TALAS	<i>ETH152</i>	200	2.2
TALAS	<i>CSRD247</i>	235	2.2
TALAS	<i>CSRD247</i>	241	1.1
TALAS	<i>INRA063</i>	167	5.6
TALAS	<i>INRA063</i>	197	1.1
TALAS	<i>MAF214</i>	221	1.1
TALAS	<i>INRA005</i>	139	1.1
ISSYK-KUL	<i>INRA006</i>	120	1.7
ISSYK-KUL	<i>CSRD247</i>	211	1.7
ISSYK-KUL	<i>CSRD247</i>	243	5.2
ISSYK-KUL	<i>INRA172</i>	156	6.9
ISSYK-KUL	<i>INRA172</i>	158	1.7
ISSYK-KUL	<i>MAF214</i>	223	1.7
ISSYK-KUL	<i>INRA023</i>	208	6.9
OSH	<i>INRA006</i>	126	1.4
OSH	<i>ETH152</i>	198	2.9
OSH	<i>OarFCB20</i>	77	2.9
OSH	<i>OarFCB20</i>	83	1.4
OSH	<i>INRA063</i>	187	1.4
OSH	<i>INRA063</i>	195	1.4
OSH	<i>MAF214</i>	269	4.3
OSH	<i>INRA005</i>	147	5.7
OSH	<i>INRA023</i>	210	1.4

всем исследуемым STR-локусам, наиболее значимые из которых следующие: в группах TALAS и OSH – для локуса *McM042* в мажорном состоянии находится аллель 87 (35.6 и 45.7 % соответственно), в то время как для группы ISSYK-KUL наибольшую распространённость получил аллель 95 (36.2 %); для локуса *INRA172* во всех группах мажорным аллелем был 154, однако в сравнении с группой TALAS его распространённость была меньше в 1.25 (ISSYK-KUL) и 1.66 (OSH) раза – 55.2 и 41.4 % соответственно, а аллели 156 и 158 встречались только в группе ISSYK-KUL; для локуса *ETH152* частота встречаемости аллеля 186 в группе TALAS составила 51.1 %, для групп ISSYK-KUL и OSH значительную распространённость приобретает еще аллель 190 – 34.5 и 34.3 % соответственно.

Для исследуемых выборок имелись особенности также в количестве выявленных частных аллелей. Среди овец из ГПЗ им. М.Н. Луцихина (TALAS) они определены для семи локусов (суммарно 10 аллелей): *INRA006*, *McM527*, *ETH152*, *CSRD247*, *INRA063*, *MAF214* и *INRA005*, причём для локуса *INRA006* аллель 124 выявлен в 7.8 %. Для овец из ГПЗ «Оргочор» (ISSYK-KUL) определены семь частных аллелей в пяти STR-маркерах, наиболее распространённые – *INRA172* (аллель 156, частота – 6.9 %) и *INRA023* (208, 6.9 %); для особей из ГПЗ «Катта-Талдык» (OSH) – *INRA005* (147, 5.7 %).

Наибольшие рассчитанные значения F_{ST} показаны для локусов *McM042*, *INRA172* и *ETH152*, хотя в целом значения F_{ST} для всех локусов не были высокими и не превышали 0.05 ($p < 0.001$).

Нами также проведен сравнительный анализ параметров N_a и H_e для КГМ и овец тонкорунных пород, разводимых в Казахстане (Dossybayev et al., 2019), России (Денискова и др., 2016), Пакистане (Ahmed et al., 2014) и Польше Szumiec et al., 2018) (табл. 4).

Установлено, что для КГМ среднее значение параметра N_a (в контексте исследуемых в настоящей работе STR-маркеров) было максимальным в сравнении с ре-

Таблица 4. Генетическая характеристика выборок овец тонкорунных пород по результатам генотипирования STR-локусов

Порода (n)	STR	N_a	H_o	Литературный источник
Пакистан				
Каил (47)	11	5.27 ± 1.49	0.766 ± 0.248	Ahmed et al., 2014
Россия				
Грозненская (30)	11	9.00 ± 1.14	0.540 ± 0.089	Денискова и др., 2016
Ставропольская (32)		9.20 ± 0.92	0.575 ± 0.061	
Манычский меринос (30)		8.20 ± 0.90	0.647 ± 0.055	
Советский меринос (23)		8.00 ± 0.75	0.651 ± 0.060	
Сальская (30)		8.50 ± 0.92	0.512 ± 0.089	
Волгоградская (30)		8.90 ± 1.22	0.525 ± 0.082	
Дагестанская горная (30)		9.00 ± 1.07	0.560 ± 0.079	
Забайкальская тонкорунная (30)		8.90 ± 0.77	0.891 ± 0.018	
Кулундинская (30)		7.20 ± 0.98	0.489 ± 0.095	
Польша				
Старопольский меринос (93)	11	7.18 ± 1.94	0.663 ± 0.167	Szumiec et al., 2018
Олкуска (88)		5.64 ± 1.29	0.689 ± 0.138	
Великопольская (100)		7.82 ± 2.23	0.710 ± 0.065	
Казахстан				
Казахский архарский меринос (15)	12	7.08 ± 0.64	0.678 ± 0.051	Dossybayev et al., 2019
Казахская тонкошерстная (15)		7.92 ± 0.56	0.744 ± 0.048	
Кыргызстан				
Киргизский горный меринос (109)	12	10.50 ± 0.96	0.731 ± 0.023	Данное исследование

зультатами других исследователей. Рассчитанный показатель H_o также оказался одним из самых больших и был сопоставим со значениями, полученными для пород Великопольская (Польша), Олкуска (Польша), Каил (Пакистан) и Казахская тонкошерстная (Казахстан) (Ahmed et al., 2014; Szumiec et al., 2018; Dossybayev et al., 2019). Высокие показатели генетического разнообразия КГМ напрямую связаны с многоступенчатыми селекционными процессами, которым подверглась эта порода на протяжении конца XX–начала XXI вв.

Заключение

Таким образом, при анализе совокупности данных выявлено, что генетическое разнообразие овец породы КГМ среди трех государственных племенных заводов Республики Кыргызстан достаточно высокое и сопоставимое между собой. Выделить какую-либо группу, для которой наблюдалось бы качественно иное (высокое или низкое) генетическое разнообразие по сравнению с остальными двумя группами, не представляется возможным.

Тем не менее нельзя отрицать факт, что для овец породы киргизский горный меринос из ГПЗ им. М.Н. Луцихина все же отмечался незначительный сдвиг в сторону процессов инбридинга: $F_{IS} = 0.052 \pm 0.025$ (максимальные индивидуальные значения этого показателя характерны

для STR-маркеров: *INRA023* – 0.120, *McM527* – 0.136, *McM042* – 0.142 и *MAF214* – 0.215). Можно полагать, что сдвиг указанных маркеров в положительную зону (недостаток гетерозигот) произошел из-за целенаправленного отбора особей по хозяйственно ценным характеристикам шерсти, т.е. стал результатом ассоциации данных STR-маркеров с локусами количественных признаков QTL (quantitative trait loci). Однако наличие или отсутствие этой связи можно оценить лишь в рамках дополнительного исследования.

Косвенным подтверждением протекания процессов инбридинга в данном племенном заводе может быть факт наличия среди овец КГМ, отобранных для молекулярно-генетического анализа, шести пар особей, которые с высокой вероятностью являются по отношению друг к другу (в пределах пар) близкими родственниками, – для них в каждом из 12 STR-маркеров имелись совпадающие аллели. В связи с этим в дальнейшем предполагается оценить интенсивность процессов инбридинга более детально. Среди особей из ГПЗ «Оргочор» и ГПЗ «Катта-Талдык» также обнаружены четыре аналогичные пары, – возможно, что относительно недавно имело место проведение селекционных мероприятий по обмену баранов-производителей или ремонтных баранов между данными предприятиями.

Список литературы / References

- Бектуров А.Б., Чортонбаев Т.Д., Чебодаев Д.В. Тяньшанский тип овец породы кыргызский горный меринос и их продуктивность. *Вестн. Алт. гос. аграр. ун-та*. 2017;5(151):100-103.
[Bekturov A.B., Chortonbaev T.D., Chebodayev D.V. Tien Shan type of Kyrgyz mountain merino sheep and their performance. *Vestnik Altayskogo Gosudarstvennogo Agrarnogo Universiteta = Bulletin of the Altai State Agrarian University*. 2017;5(151):100-103. (in Russian)]
- Денискова Т.Е., Доцев А.В., Охлопков И.М., Багиров В.А., Крамаренко А.С., Брем Г., Зиновьева Н.А. Характеристика генетической структуры снежного барана (*Ovis nivicola lydekkeri*) Верхоянской горной страны. *Генетика*. 2018;54(3):342-348. DOI 10.7868/S0016675818030074.
[Deniskova T.E., Dotsev A.V., Okhlopov I.M., Bagirov V.A., Brem G., Zinovieva N.A., Kramarenko A.S. Characterization of the genetic structure of snow sheep (*Ovis nivicola lydekkeri*) of the Verkhoyansk mountain chain. *Russ. J. Genet.* 2018;54(3):328-334. DOI 10.1134/S1022795418030031.]
- Денискова Т.Е., Селионова М.И., Гладырь Е.А., Доцев А.В., Бобрышова Г.Т., Костюнина О.В., Брем Г., Зиновьева Н.А. Изменчивость микросателлитов в породах овец, разводимых в России. *С.-х. биология*. 2016;51(6):801-810. DOI 10.15389/agrobiology.2016.6.801rus.
[Deniskova T.E., Selionova M.I., Gladyr E.A., Dotsev A.V., Bobryshova G.T., Kostyunina O.V., Brem G., Zinovieva N.A. Variability of microsatellites in sheep breeds raised in Russia. *Selskokhozyaystvennaya Biologiya = Agricultural Biology*. 2016;51(6):801-810. DOI 10.15389/agrobiology.2016.6.801rus. (in Russian)]
- Исакова Ж.Т., Исаев М.А., Кипень В.Н., Калинин Л.В., Айтбаев К.А., Арзыбаев М.А., Мукеева С.Б., Осмонкул кызы Мээрим, Алдашева Н.М. Оценка генетического разнообразия кыргызской породы лошадей с использованием микросателлитных маркеров – расширенное географическое исследование. *Генетика*. 2021;57(4):420-428. DOI 10.31857/S0016675821040032.
[Isakova Zh.T., Isaev M.A., Kipen V.N., Kalinkova L.V., Aitbaev K.A., Arzybaev M.A., Mukееva S.B., Osmoykul k. Meerim, Aldasheva N.M. Genetic diversity of the Kyrgyz horse breed using microsatellite markers – extended genogeographic study. *Russ. J. Genet.* 2021;57(4):438-445. DOI 10.1134/S1022795421040037.]
- Исакова Ж.Т., Токтосунов Б.И., Кипень В.Н., Калинин Л.В., Талайбекова Э.Т., Алдашева Н.М., Абдурасулов А.Х. Филогенетический анализ для кыргызской породы лошадей по 17 микросателлитным маркерам. *Генетика*. 2019;55(1):94-99. DOI 10.1134/S0016675819010077.
[Isakova Zh.T., Toktosunov B.I., Kipen V.N., Kalinkova L.V., Talai-bekova E.T., Aldasheva N.M., Abdurasulov A.H. Phylogenetic analysis of Kyrgyz Horse using 17 microsatellite markers. *Russ. J. Genet.* 2019;55:100-104. <https://doi.org/10.1134/S1022795419010071>.]
- Лемеш В.А., Агеев В.Ю., Носонова А.Ю., Кипень В.Н., Царь А.И., Сергеева Т.А., Савичева Е.А. Генетическая структура популяции карпа (*Cyprinus carpio carpio*), выращиваемого в аквакультуре в Республике Беларусь. *Докл. Нац. акад. наук Беларуси*. 2021;65(1):68-75. DOI 10.29235/1561-8323-2021-65-1-68-75.
[Lemesh V.A., Ageets V.Yu., Nosonova A.Yu., Kipen V.N., Tsar N.I., Sergeeva T.A., Savicheva E.A. Genetic structure of the carp population (*Cyprinus carpio carpio*) grown in aquaculture in the Republic of Belarus. *Doklady Natsionalnoj Akademii Nauk Belarusi = Reports of the National Academy of Sciences of Belarus*. 2021;65(1):68-75. DOI 10.29235/1561-8323-2021-65-1-68-75. (in Russian)]
- Носова А.Ю., Кипень В.Н., Царь А.И., Лемеш В.А. Дифференциация гибридного потомства белого (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) и пестрого (*H. nobilis* Rich.) толстолобиков на основании полиморфизма микросателлитных локусов. *Генетика*. 2020;56(3):313-320. DOI 10.31857/S0016675820030121.
[Nosova A.Yu., Kipen V.N., Tsar A.I., Lemesh V.A. Differentiation of hybrid progeny of Silver Carp (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) and Bighead Carp (*H. nobilis* Rich.) based on microsatellite polymorphism. *Russ. J. Genet.* 2020;56:317-323. <https://doi.org/10.1134/S1022795420030126>.]
- Харзинова В.Р., Зиновьева Н.А. Паттерн генетического разнообразия у локальных и коммерческих пород свиней на основе анализа микросателлитов. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2020;24(7):747-754. DOI 10.18699/VJ20.669.
[Kharzinova V.R., Zinovieva N.A. The pattern of genetic diversity of different breeds of pigs based on microsatellite analysis. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2020;24(7):747-754. DOI 10.18699/VJ20.669. (in Russian)]
- Ahmed Z., Babar M.E., Hussain T., Awan F.I. Genetic diversity analysis of Kail sheep by using microsatellite markers. *J. Anim. Plant Sci.* 2014;24(5):1329-1333.
- Dossybayev K., Orazymbetova Z., Mussayeva A., Saitou N., Zhapbasov R., Makhatov B., Bekmanov B. Genetic diversity of different breeds of Kazakh sheep using microsatellite analysis. *Arch. Anim. Breed.* 2019;62(1):305-312. DOI 10.5194/aab-62-305-2019.
- Evanno G., Regnaut S., Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* 2005;14(8):2611-2620. DOI 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x.
- Excoffier L. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*. 1992;131(2):479-491. DOI 10.1093/genetics/131.2.479.
- Francis R.M. POPHELPER: An R package and web app to analyse and visualise population structure. *Mol. Ecol. Resour.* 2016;17(1):27-32. DOI 10.1111/1755-0998.12509.
- Hammer Q., Harper A.T., Ryan P.D. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontol. Electron.* 2001;4(1):1-9.
- Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.503: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*. 2012;28:2537-2539. DOI 10.1093/bioinformatics/bts460.
- Pritchard J.K., 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.
- Sambrook J., Russell D.W. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 3rd ed. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.
- Szumiec A., Radko A., Koseniuk A., Rubis D., Bugno-Poniewierska M. Application of 11 STR markers for the evaluation of genetic variation in sheep. *ICAR Tech. Ser.* 2018;23:141-145.

Благодарности. Исследование выполнено при финансовой поддержке Министерства образования и науки Кыргызской Республики в рамках научного проекта «Использование молекулярно-генетических методов исследований и создание информационных ресурсов для интенсификации селекции овец в Кыргызской Республике».

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила в редакцию 02.03.2022. После доработки 08.07.2022. Принята к публикации 22.08.2022.