

«Сейфуллин окулары – 18(2): «XXI ғасыр ғылыми - трансформация дәуірі» халықаралық ғылыми - практикалық конференция материалдары = Материалы международной научно-практической конференции «Сейфуллинские чтения - 18(2): «Наука XXI века - эпоха трансформации». - 2022.- Т.І, Ч.ІІ.- С. 156-158.

## ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ПОРОД ОВЕЦ РАЗНЫХ ГЕНОТИПОВ

*Мухаметжарова И.Е., м. с-х.н.,  
Казахский агротехнический университет им. С.Сейфуллина, г. Астана*

Овцеводство является одной из основных отраслей животноводства. Овцеводство в Казахстане наиболее древняя, исторически сложившаяся и развитая отрасль животноводства [1].

Сохранение породного разнообразия одомашненных животных является важным для обеспечения устойчивого развития сельского хозяйства, решения глобальных проблем продовольственной безопасности. Для сохранения породы необходимо использовать современные подходы для оценки и поддержания внутривидового генетического разнообразия [5]. Одним из наиболее доступных и эффективных ДНК-маркеров для популяционно-генетических исследований является гипервариабельный участок контрольного региона митохондриальной ДНК (мтДНК). Это предоставляет возможность определить генетическое разнообразие, филогенетические отношения и т.п.

Некодирующей областью является контрольная область или D-петля. мтДНК животных наследуется строго по материнской линии и сильно варьируется в пределах одного вида, поэтому мтДНК является важным объектом для филогенетических исследований и анализа генетического разнообразия [2]. Секвенирование мтДНК было принято как наиболее эффективный подход для определения гаплогрупп мтДНК у овец [3].

Исследования, основанные главным образом на секвенировании мтДНК, показали, что в мире существует пять материнских линий для домашних овец (*Ovis aries*), и эти линии называются гаплогруппами А, В, С, D и E [4]. Данные сведения особенно актуальны для Центрально-азиатского региона, в связи с многовековым кочевым укладом жизни проживающих здесь людей. Полученные данные о генетической и генеалогической структуре овец могут являться информационной основой для дальнейшего изучения состояния отечественных пород овец и разработки стратегии сохранения генетического разнообразия популяций.

Исходя из этого, целью исследования было определение генетического разнообразия с использованием последовательности контрольного сегмента 539 пар оснований D-петли мтДНК и филогении популяций овец разных генотипов, разводимых в Казахстане.

В процессе исследования мы использовали мтДНК для выявления моделей генетического разнообразия среди шести пород овец разных генотипов, разводимых в Казахстане, в том числе Чуйского и Калшенгельского типов казахской мясошерстной полутонкорунной породы (МШК), Акжайыкской мясо-шерстной, Едильбайской, Казахской курдючной полугрубошерстной пород и Южно-казахского мериноса (ЮКМ). Образцы крови пород овец были собраны на базе племенных хозяйств с использованием вакуумных пробирок с антикоагулянтом ЭДТА (Тегито). Результаты будут полезны для дальнейшего использования ресурсов овец Казахстана.

Анализ исследуемого региона выявил 113 полиморфных участка, что привело к образованию 54 гаплотипов у 64 животных.

Статистический анализ генетического разнообразия в разрезе шести пород овец показал, что наибольшее количество гаплотипов (14 гаплотипов) было найдено у овец МШК (калшенгельский тип), где находились 17 животных 77 полиморфных участков, тогда как самое низкое количество гаплотипов было у овец породы Едильбай, где его 8 животных обладали 44 полиморфными участками, образующих 5 гаплотипа (Таблица 1).

**Таблица 1 - Генетическое разнообразие исследуемых пород овец**

Порода, тип	Регион разведения	Кол-во образцов	Кол-во гаплотипов	Нуклеотидное разнообразие	Гаплотипическое разнообразие	Кол-во полиморфных сайтов
МШК (Казахская мясошерстная полутонкорунная порода), «Чуйский тип»	Жамбылская обл.	10	10	0.039	1	61
МШК, «Калшенгельский тип»	Алматинская обл.	17	14	0.045	0.978	77
Акжайыкская мясошерстная	ЗКО	9	9	0.031	1	46
Едильбайская	ЗКО	8	5	0.029	0.786	44
Казахская курдючная полугрубошерстная	Карагандинская обл.	10	9	0.034	0.978	51
Южно-казахский меринос	Жамбылская обл.	10	10	0.047	1	75
Итого		64	54	0.039		113

Максимальное гаплотипическое разнообразие в шести изученных породах было 1,00 в породах МШК (чуйский тип), Акжайыкской мясо-шерстной и ЮКМ (со средним числом попарных различий  $K=23.911$ ; 19.000 и 28.044, соответственно). В связи с небольшим количеством изученных животных Едильбайской породы, разнообразие гаплотипов животных составило 0.786, где  $K = 17.143$ . В пределах всех тестируемых пород разнообразие гаплотипов и среднее число попарных различий составляли 0.993 и 21.029, соответственно. Результаты показали, что наибольшее нуклеотидное разнообразие среди шести тестируемых пород было в породе ЮКМ (0.047), а самое низкое - в Едильбайской, где оно было 0.029. Среди шести исследуемых пород овец общее нуклеотидное разнообразие было  $0.039 \pm 0.001$ .

Наименьшее генетическое расстояние наблюдалось между акжайыкской мясошерстной и казахской курдючной полугрубошерстной породой ( $K_{ху}$ : 16.956 и  $D_{ху}$ : 0.039), тогда как наибольшее расстояние наблюдалось между едильбайской и ЮКМ ( $K_{ху}$ : 24.600 и  $D_{ху}$ : 0.040).

### Список использованной литературы

1. Омбаев, А.М. Современное состояние и перспективы развития овцеводства Казахстана [Текст] / А.М. Омбаев, Б.И.Мусабаева, К.П. Хамзин // Овцы, козы, шерстяное дело. - 2013. - № 2. - С. 85.
2. Meadows, J.R. Five ovine mitochondrial lineages identified from sheep breeds of the near East [Text] / I. Cemal, O. Karaca, E. Gootwine, J.W. Kijas // Genetics. - 2007. - 175 (3). - P. 1371-1379.
3. Pedrosa, S. Evidence of three maternal lineages in near eastern sheep supporting multiple domestication events [Text] / M. Uzun, J.J. Arranz, B. Gutiérrez-Gil, F. San Primitivo, Y. Bayón // Proc. R. Soc. Lond. B Biol. Sci. - 2005. - 272 (1577). - P. 2211-2217.
4. Hiendleder, S. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies [Text] / B. Kaupe, R. Wassmuth, A. Janke // Proc. R Soc. Lond B Biol. Sci. - 2002. - 269. - P. 893-904.
5. Tapio, M. Sheep mitochondrial DNA variation in european, caucasian and central asian areas [Text] / N. Marzanov, M. Ozerov, M. Cinkulov, G. Gonzalez, T. Kiselyova, M. Murawski, H. Viinalas, J. Kantenen // Mol. Biol. Evol. - 2006. - 23(9). - P.1776-1783.