

## Оценка генетических ресурсов локальных пород овец Республики Таджикистан на основе использования STR-маркеров

Научный руководитель – Зиновьева Наталия Анатольевна

Денискова Т.Е.<sup>1</sup>, Соловьева А.Д.<sup>2</sup>

1 - Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста, Лаборатория молекулярной генетики животных, Генетика, поселок Дубровицы, Россия, E-mail: horarka@yandex.ru; 2 - Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста, Лаборатория молекулярной генетики животных, Генетика, поселок Дубровицы, Россия, E-mail: anastasiya93@mail.ru

Домашние овцы обладают высоким уровнем биологической пластичности, которая позволяет им успешно адаптироваться и показывать высокий уровень продуктивности в таких природно-климатических зонах, где разведение крупного рогатого скота затруднено. ДНК-характеристика локальных пород овец является актуальной задачей современной генетики, создает научный фундамент для разработки программ по их рациональному использованию и консервации, а также обеспечивает резервный источник генетического разнообразия в условиях непредсказуемо меняющегося климата.

Преобладающий горный рельеф и социально-культурные особенности Республики Таджикистан способствовали развитию овцеводства и созданию большого числа разнообразных локальных пород овец. Овцы самой крупной породы в мире - гиссарской - чрезвычайно популярны не только в Таджикистане (более 50% от всех овец), но и в других странах с выраженной системой горного агропасторализма. Гиссарская порода характеризуется древним происхождением и непревзойденной мясосальной продуктивностью. Таджикская порода овец является комбинированной, производящей как мясо и сало, так и шерсть высокого качества для ковровой индустрии. Кроме того, продолжается наращивание массива памирских тонкорунных овец.

В настоящей работе мы представляем результаты молекулярно-генетического исследования выборок из трех представленных пород овец, включающие характеристику современного состояния аллелофонда, оценку уровня генетического разнообразия и их генетических взаимосвязей. В качестве ДНК-маркеров нами были использованы 11 микросателлитных локусов, длины фрагментов которых были получены с помощью генетического анализатора ABI 3130xl. Статистическая обработка была проведена в программах GenAIEх 6.503, PAST и Structure 2.3.4.

Среднее число аллелей на локус варьировало от 3,4 у памирских до 7,73 у таджикских овец, соответственно. В отношении эффективного числа аллелей и количества информативных аллелей были отмечены те же тенденции. Таджикские овцы характеризовались наибольшим уровнем генетического разнообразия среди изучаемых пород ( $H_o=0,675$  против  $H_o=0,562$  и  $0,409$  у гиссарских и памирских овец, соответственно). Умеренный инбридинг был зафиксирован во всех выборках ( $F_{is}=0,104$ ;  $0,302$  и  $0,182$  у таджикских, памирских и гиссарских, соответственно). Кластерный анализ ( $k=3$ ) выявил высокие уровни принадлежности овец к своей группе (более 96,7% для всех пород). Структура филогенетического дерева, построенного по методу UPGMA, согласовалась с происхождением пород: гиссарские и таджикские овцы ( $F_{st}=0,123$ ) объединялись в один кластер, а памирские формировали независимую ветвь ( $F_{st}=0,189$  и  $0,239$  с таджикскими и гиссарскими, соответственно). При выполнении исследований было использовано оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФНЦ ВИЖ им. Л.

*К. Эрнста. Работа проведена в рамках выполнения фундаментальных научных исследований Министерства науки и высшего образования РФ по теме 0445-2019-0026, № 6 (АААА-А18-118021590138-1).*