

**Разработка системы секвенирования полных митохондриальных геномов овец**

**Научный руководитель – Денискова Татьяна Евгеньевна**

***Кошкина Ольга Андреевна***

*Аспирант*

Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста, Лаборатория молекулярной генетики животных, поселок Дубровицы, Россия

*E-mail: olechka1808@list.ru*

Полный митохондриальный геном овец представляет собой кольцевую молекулу ДНК (мтДНК) размером » 16600 п.о., состоящую из 13 белок-кодирующих генов (*ND1-6*, *ND4L*, *COX1-3*, *CYTB*, *ATP6* и *ATP8*), 22 генов тРНК, 2 генов рРНК (12s и 16s) и контрольной области (D-петля) [2]. МтДНК кодирует ключевые белки, связанные с процессом окислительного фосфорилирования. Дефекты в мтДНК служат причиной тяжелых заболеваний, влияющих на выживаемость потомства [1]. Так же, важно отметить, что исследование митохондриальной ДНК является одним из высокоэффективных подходов к оценке генетического разнообразия. В настоящее время анализ мтДНК используется при диагностике митохондриальных заболеваний, изучении эволюционных процессов в животноводстве и в генеалогических исследованиях. Изучение полиморфизма мтДНК осуществляется на основе данных полногеномного анализа, полученных с помощью секвенирования. В связи с этим, целью работы стало изучение генетического полиморфизма у овец российских пород на основе исследования полной нуклеотидной последовательности мтДНК. Разработка и апробация системы проводилась на овцах романовской (n= 20), карачаевской (n= 15), куйбышевской (n=15), цыгайской (n=15) и русской длинношерстной (n=16) пород. Для определения температуры отжига фрагментов осуществлялась постановка ПЦР-градиента на амплификаторе T100 Thermal Cycler (Bio-Rad Laboratories Inc., США). Для очистки ПЦР продуктов из агарозных гелей использовали наборы реагентов «QIAquick Gel Extraction Kit» (Qiagen) и Monarch (New England Biolab). Нуклеотидную последовательность полной мтДНК определяли методом секвенирования на молекулярных кластерах с использованием флуоресцентно меченых зондов на секвенаторе MiSeq (Illumina, США). После выравнивания на основе полученных сиквенсов были построены филогенетические деревья, определено гаплотипическое и нуклеотидное разнообразие в изучаемой выборке овец. Анализируемые особи принадлежали к гаплогруппам А и В, что в целом соответствует данным, полученным Тарю с соавторами [3] на основе анализа полиморфизма D-петли у представителей восточно-европейских пород овец. Исследование будет продолжено на увеличенных выборках с привлечением более широкого спектра локальных пород овец, обитающих на территории России и стран СНГ.

*При выполнении исследований было использовано оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л. К. Эрнста. Работа проведена в рамках задания Министерства науки и высшего образования РФ (тема № 0445-2019-0024).*

**Источники и литература**

- 1) 1. Justin C. St. John, et al. Mitochondrial DNA transmission, replication and inheritance: a journey from the gamete through the embryo and into offspring and embryonic stem cells. // Human Reproduction Update. 2010 Vol. 16(5). P. 488–509.

- 2) 2. Qiao G., et al. The complete mitochondrial genome sequence and phylogenetic analysis of Alpine Merino sheep (*Ovis aries*). // *Mitochondrial DNA, Part B*. 2020. Resources vol. 5(1). P. 990-991.
- 3) 3. Tapio M., et al. Sheep mitochondrial DNA variation in European, Caucasian, and Central Asian areas. // *Mol Biol Evol*. 2006. Vol. 23(9). P. 1776-1783.