ГЕНЕТИКА, 2021, том 57, № 4, с. 420–428

ГЕНЕТИКА ЖИВОТНЫХ

УДК 636.1.082:575(571.56)

ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ КЫРГЫЗСКОЙ ПОРОДЫ ЛОШАДЕЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ – РАСШИРЕННОЕ ГЕНОГЕОГРАФИЧЕСКОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

© 2021 г. Ж. Т. Исакова[1, *], М. А. Исаев[2], В. Н. Кипень[3], Л. В. Калинкова[4], К. А. Айтбаев[1], М. А. Арзыбаев[2], С. Б. Мукеева[1], Осмонкул кызы Мээрим[1], Н. М. Алдашева[1]

[1]*Институт молекулярной биологии и медицины, Бишкек, 720040 Кыргызстан*

[2]*Кыргызский национальный аграрный университет им. К.И. Скрябина, Бишкек, 720005 Кыргызстан*

[3]*Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, 220072 Республика Беларусь*

[4]*Всероссийский научно-исследовательский институт коневодства, Рязанская обл., п. Дивово, 391105 Россия*

**e-mail: jainagul@mail.ru*

Поступила в редакцию 29.04.2020 г.
После доработки 07.08.2020 г.
Принята к публикации 01.10.2020 г.

Современная порода кыргызских лошадей обнаруживает высокий уровень внутрипородной генетической вариабельности. В 17 STR-локусах идентифицировано 154 аллеля, в том числе 59 редких аллелей. Выявлены новые редкие аллели для 15 локусов – *AHT4*, *AHT5*, *ASB2*, *ASB17*, *ASB23*, *CA425*, *HMS1*, *HMS2*, *HMS3*, *HMS6*, *HMS7*, *HTG4*, *HTG6*, *HTG7*, *HTG10*. Наибольшее генетическое разнообразие среди четырех исследованных географически изолированных зон в Таласской, Ошской и Нарынской областях отмечено среди лошадей кыргызской породы из села Таш-Башат (Нарынская обл.): среднее количество выявленных аллелей было максимальным среди исследованных групп 8.294 ± 0.561, количество эффективных аллелей – 5.009 ± 0.416, индекс разнообразия Шеннона (I) – 1.745 ± 0.076 и ожидаемая гетерозиготность (H_e) – 0.773 ± 0.020.

Ключевые слова: кыргызская лошадь, ДНК, микросателлиты, генотипирование.

DOI: 10.31857/S0016675821040032

Кыргызская порода лошадей имеет многосторонний характер хозяйственного использования. Они широко используются в государственных, коллективных, фермерских, крестьянских, а также личных подсобных хозяйствах населения в качестве живой тягловой силы при выполнении разнообразных видов транспортных и сельскохозяйственных работ [1, 2].

Кыргызская лошадь отличается комбинированными продуктивными качествами и хорошей приспособленностью к условиям табунного содержания, что следует рассматривать как положительный фактор при организации мясного и молочного коневодства. Кочевой образ жизни, экстенсивное ведение табунного коневодства препятствовали созданию статной быстроаллюрной лошади. Особи данной породы не характеризуются большой резвостью, но отличается легкостью и хорошей координацией движений, исключительно выносливы и неприхотливы к кормам; они мало восприимчивы к резким переменам погоды, обладают хорошей дистанционностью при работе под седлом.

Перспективным направлением является продуктивное коневодство, которое подразделяется на мясное табунное и молочное. Молочное коневодство предусматривает получение кобыльего молока и производство из него высокоценного пищевого диетического и лечебного продукта – кумыса. Натуральный кумыс, приготовленный из кобыльего молока, является традиционным продуктом питания населения Кыргызстана. В современной медицине кумыс применяется не только для лечения туберкулеза легких, но и желудочно-кишечных, костных и ряда других заболеваний [2].

Племенные коневодческие хозяйства Кыргызстана занимаются разведением племенных лошадей для улучшения массового коневодства (рабочепользовательного и продуктивного) и спортивных лошадей для конно-спортивных организаций различного назначения (конноспортивные школы, секции и клубы, пункты верхового и экипажного проката и др.).

Рис. 1. Места отбора образцов: 1 – с. Копуро-Базар, Таласский р-н, Таласская обл.; 2 – с. Талды-Булак, Таласский р-н, Таласская обл.; 3 – с. Чон-Алай, Чон-Алайский р-н, Ошская обл.; 4 – с. Таш-Башат, Нарынский р-н, Нарынская обл.

В Кыргызстане планируется внедрить новые виды спорта для выхода на международную арену – конные пробеги. Вместе с тем, в силу ряда причин, многогранные резервы коневодства в увеличении производства сельскохозяйственной продукции используются не полностью, а коневодство отстает от мирового уровня. Национальная порода – кыргызская лошадь, пройдя через века, в XX и XXI столетиях оказалась на грани почти полного вырождения, про нее встречаются только отрывочные сведения в научной литературе, а сама же она рассеялась, смешавшись с разными породами. Для сохранения ценных особенностей генофонда кыргызской лошади необходимо проводить генетические исследования, а сохранение и дальнейшее совершенствование породы должно осуществляться под контролем изучения генетической ситуации как в породе в целом, так и в основных племенных хозяйствах, занимающихся разведением чистопородных лошадей.

В настоящее время наиболее эффективными генетическими маркерами для описания генетической структуры популяций разных видов животных, в частности лошадей, являются полиморфные микросателитные локусы ДНК (STR, Short Tandem Repeat), которые имеют кодоминантный характер наследования и служат незаменимым инструментом при исследовании генетических различий не только между животными, но и популяциями одной породы, а также между породами.

Цель исследования – провести расширенное геногеографическое исследование, а также дать оценку генетической структуры и генетического разнообразия кыргызской породы лошадей с использованием 17-ти микросателлитных маркеров.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Биологическим материалом для молекулярно-генетического исследования послужили образцы волос с луковицами, взятые у взрослого поголовья кыргызских лошадей (104 животных), разводимых в высокогорных экспериментальных зонах: в селах Копуро-Базар (№ 1) и Талды-Булак (№ 2) (Таласский р-н, Таласская обл.) – по 20 животных, в с. Чон-Алай (Чон-Алайский р-н, Ошская обл.) – 23 животных (№ 3) и в с. Таш-Башат (Нарынский р-н, Нарынская обл.) – 41 животное (№ 4). Места отбора образцов представлены на рис. 1.

Лошадей для молекулярно-генетического исследования отбирали по признакам экстерьера: рост, масть и фенотип. Для кыргызских лошадей характерны сравнительно большая голова, недлинная шея, низкая холка, прямая спина, спущенный, часто короткий круп, широкая и глубокая грудь и сухие ноги. Особо следует отметить высокую прочность копытного рога, позволяющего передвигаться по каменистому грунту даже с тяжелым грузом на спине. Масть кыргызских лошадей в большинстве случаев гнедая или серая, бывают пегие.

Образцы были генотипированы по 17 микросателлитным локусам, рекомендованным Международным обществом генетики животных (ISAG, International Society for Animal Genetics): *AHT4*,

AHT5, *ASB2*, *ASB17*, *ASB23*, *CA425*, *HMS1*, *HMS2*, *HMS3*, *HMS6*, *HMS7*, *HTG4*, *HTG6*, *HTG7*, *HTG10*, *LEX3*, *VHL20*. Для обозначения аллелей применялся международный алфавитный код [3]. Статистическую обработку данных проводили с использованием программ GenALEx v. 6.5 [4], STRUCTURE v. 2.3.4 [5] и POPHELPER v. 1.0.10 [6]. С использованием GenALEx 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) гетерозиготностей, значение информационного индекса Шеннона (I), коэффициент F_{IS} [7]. В программе STRUCTURE v. 2.3.4 по методу J.K. Pritchard с соавт. был рассчитан критерий Q, который характеризует принадлежность каждого отдельного животного к соответствующему кластеру. С использованием веб-приложения POPHELPER v. 1.0.10 произведена графическая интерпретация результатов, полученных в STRUCTURE v. 2.3.4.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Современная порода кыргызских лошадей обнаруживает высокий уровень внутрипородной генетической вариабельности – в 17-ти исследованных нами микросателлитных локусах было идентифицировано 154 аллеля, в том числе 59 редких аллелей (с частотой встречаемости менее 5.0%), что составляет 38.3% от общего количества выявленных аллелей: *L/M/N/P* для локуса *AHT4*, *I* – для *AHT5*, *B/C/I/P* – для *ASB2*, *D/H/J/K/L/P/Q/T/W* – для *ASB17*, *G/M* (21 динуклеотидный повтор)/*Q/R* – для *ASB23*, *F/G/H/I/K* – для *CA425*, *N/Q* – для *HMS1*, *J/M/O/P/R* – для *HMS2*, *G* (19 динуклеотидных повторов)/*L/S* – для *HMS3*, *N/Q* – для *HMS6*, *P/Q* – для *HMS7*, *J* (29 динуклеотидных повторов)/*N/P* – для *HTG4*, *M/N/P/R* (24 динуклеотидных повтора) – для *HTG6*, *L* (16 динуклеотидных повторов) – для *HTG7*, *N/P/Q/S/T* – для *HTG10*, *G/I/K/O* – для *LEX3*, *J* – для *VHL20* (табл. 1). Также выявлены 22 новых аллеля (14.3% от общего количества всех аллелей), не обнаруженных в нашем предыдущем исследовании [8]. Из них для 15 локусов – *AHT4*, *AHT5*, *ASB2*, *ASB17*, *ASB23*, *CA425*, *HMS1*, *HMS2*, *HMS3*, *HMS6*, *HMS7*, *HTG4*, *HTG6*, *HTG7*, *HTG10* – имеются новые редкие аллели с частотой встречаемости менее 5.0% (табл. 1).

Значение индекса Шеннона для данной породы составляет 1.749 ± 0.066, что указывает на среднюю сложность структуры сообщества исследованных кыргызских лошадей [2].

Для оценки генетической подразделенности исследуемых групп лошадей кыргызской породы в программе STRUCTURE v. 2.3.4 по методу J.K. Pritchard 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, проведенного в STRUCTURE v. 2.3.4 (проведена автоматическая сортировка на основании принадлежности конкретного образца к мажорному кластеру).

В исследовании был использован генетический материал лошадей из четырех географически изолированных высокогорных зон (рис. 1). Уже для K = 5 выделяется три четких кластера, и данная зависимость сохраняется вплоть до значения K = 10. Для всех образцов за пределами данных кластеров наблюдается общая однородность структуры, вклад каждого субкластера становится равноценным. На рис. 3 представлены результаты кластеризации для всех 104 образцов (расположены по порядку, без сортировки по значению Q) в пределах географических зон (K = 4).

Видно, что для каждой группы (№ 1–4 на рис. 3) имеются особенности: в пределах групп лошадей из с. Талды-Булак (Таласский р-н, Таласская обл.) – № 2 – имеются особи, относящиеся к одному субкластеру (цвет кластера соответствует Cluster 2 на рис. 3); некоторые особи кыргызской породы лошадей из с. Чон-Алай (Чон-Алайский р-н, Ошская обл.) – № 3, и с. Таш-Башат (Нарынский р-н, Нарынская обл.) – № 4 – также могут быть сгруппированы в один субкластер (цвет кластера соответствует Cluster 3 на рис. 3). Данный факт может быть следствием того, что изучаемые в рамках данного исследования субпопуляции лошадей имеют общих предков (например производителей из других табунов), возможно влияние иных факторов.

На основании анализа генетических дистанций F_{ST}, рассчитанных по алгоритму AMOVA для 16 STR-локусов (кроме LEX3), был построен график главных компонент (PCA, principal component analysis), отражающий взаимное сходство или различие исследованных групп лошадей (рис. 4).

Видно, что группа особей из с. Талды-Булак, № 2 (Таласский р-н, Таласская обл.) расположена наиболее удаленно от других исследуемых групп лошадей. Также, несмотря на географическую близость расположения сел Копуро-Базар, № 1 (Таласский р-н, Таласская обл.) и Талды-Булак, № 2 (Таласский р-н, Таласская обл.), наблюдается существенное различие по взаимному расположению их координат на графике главных компонент, на долю которых (первая и вторая компоненты) приходится 97.07% вариации признака. Причина подобных несовпадений в большей степени обусловлена различиями в частоте распространенности аллелей в исследованных STR-локусах, а также наличием в исследованных группах лошадей как

Таблица 1. Частоты распространенности аллелей в 17 микросателлитных локусах ДНК для лошадей кыргызской породы

Локус	Аллели									
	B	*C*	*D*	*F*	*G*	*H*	*I*	*J*	*K*	*L*
AHT4						0.202	0.058	0.149	0.144	**0.043***
AHT5							**0.005**	0.188	0.260	0.091
ASB2	**0.019**	**0.010**					**0.010**		0.159	
ASB17			**0.005**	**0.038**	0.096	**0.038**	0.091	**0.019**	**0.043**	**0.034**
ASB23					**0.010**		0.072	0.245	0.173	0.173
CA425				0.005	0.024	**0.005**	0.024	0.087	**0.014**	0.077
HMS1							0.063	0.346	0.067	0.053
HMS2						0.293	0.130	**0.014**	0.173	0.269
HMS3					**0.005**#		0.096			**0.005**
HMS6									0.053	0.101
HMS7								0.111	0.053	0.341
HTG4								**0.005**	0.163	0.115
HTG6					0.188		0.058	0.154		
HTG7									0.284	**0.005**
HTG10							0.063		0.077	0.072
LEX3				0.159	**0.005**	0.144	**0.038**		**0.029**	0.207
VHL20							0.135	**0.024**		0.067

Локус	Аллели									
	M	*N*	*O*	*P*	*Q*	*R*	*S*	*T*	*U*	*W*
AHT4	**0.019**	**0.024**	0.322	**0.038**						
AHT5	0.091	0.197	0.168							
ASB2	0.178	0.308	0.135	**0.024**	0.096	0.063				
ASB17	0.063	0.163	0.077	**0.010**	**0.034**	0.207	0.053	**0.024**		**0.005**
ASB23	**0.005**				**0.005**	**0.043**	0.149	**0.014**	0.125	
CA425	0.250	0.394	0.120							
HMS1	0.442	**0.014**			**0.014**					
HMS2	**0.048**		**0.014**	**0.010**		**0.048**				
HMS3	0.207	0.091	0.120	0.317	0.058	0.087	**0.014**			
HMS6	0.264	**0.024**	0.188	0.361	**0.010**					
HMS7	0.115	0.149	0.197	**0.005**	**0.029**					
HTG4	0.591	**0.034**	0.053	**0.038**						
HTG6	**0.034**	**0.005**	0.529	**0.029**		**0.005**				
HTG7	0.144	0.216	0.351							
HTG10	0.130	**0.019**	0.260	**0.034**	**0.048**	0.245	**0.048**	**0.005**		
LEX3	0.207	0.077	**0.048**	0.087						
VHL20	0.221	0.111	0.120	0.101	0.091	0.130				

Примечание. * – аллели с частотой распространенности <5.0% (редкий аллель); # – новые аллели, не представленные в https://strbase.nist.gov/horseSTRs.htm.

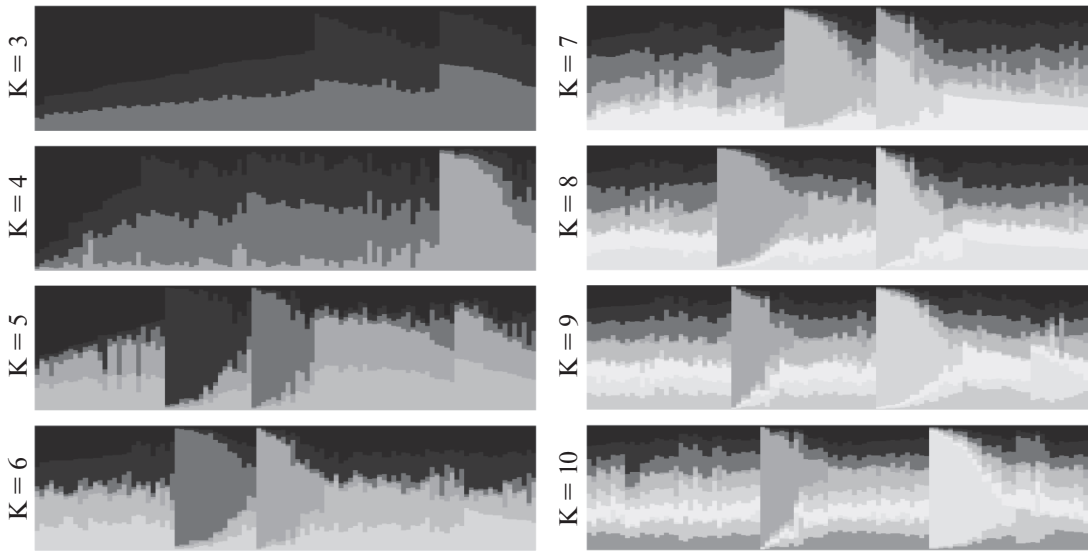

Рис. 2. Результаты анализа генетической структуры изучаемых четырех выборок кыргызской породы лошадей для наиболее вероятного числа кластеров (K) от 3 до 10 (ось *X* – ID животного, ось *Y* – доля членства в соответствующем кластере).

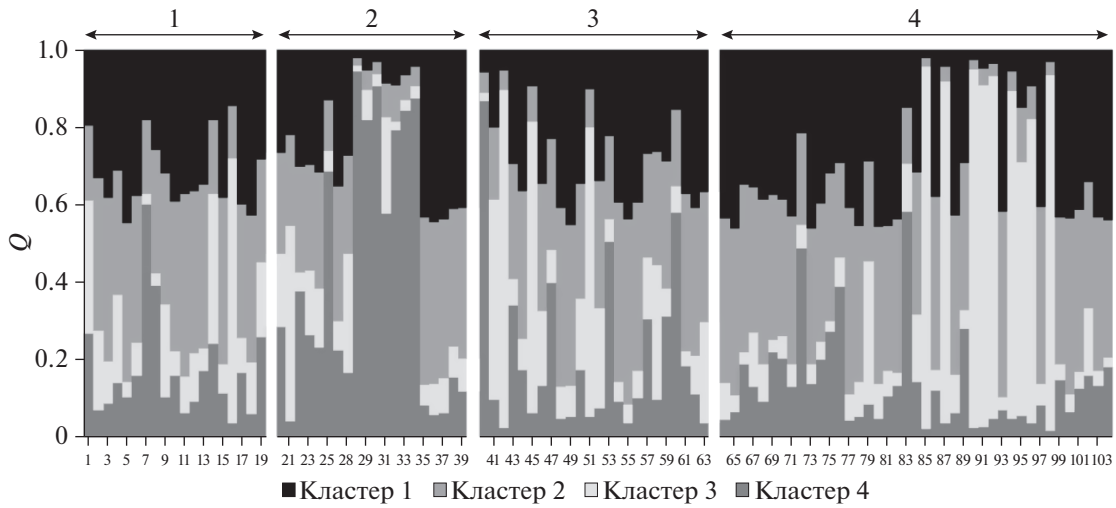

Рис. 3. Результаты анализа генетической структуры изучаемых четырех выборок кыргызской породы лошадей для K = 4 (четыре выборки): № 1 – с. Копуро-Базар, Таласский р-н, Таласская обл.; № 2 – с. Талды-Булак, Таласский р-н, Таласская обл.; № 3 – с. Чон-Алай, Чон-Алайский р-н, Ошская обл.; № 4 – с. Таш-Башат, Нарынский р-н, Нарынская обл. (ось *X* – ID животного, ось *Y* – доля членства в соответствующем кластере).

редких (частота распространенности менее 5%), так и приватных (встречаются только в одной из исследованных групп) аллелей – табл. 2 и 3 соответственно.

Наибольший накопленный суммарный процент редких аллелей определен для лошадей из с. Чон-Алай (Чон-Алайский р-н, Ошская обл.) – № 4. Минимальное значение данного параметра выявлено для особей из с. Талды-Булак (Таласский р-н, Таласская обл.) – № 2. STR-локус *ASB17* отличался наибольшим аллельным разнообразием среди всех исследованных групп. Также имелись и межгрупповые особенности: для локуса *HMS2* среди особей из группы № 3 (с. Чон-Алай, Чон-Алайский р-н, Ошская обл.) на долю редких аллелей пришлось 17.39%; для локусов *ABS17*, *HMS1*, *HTG4* и *HTG10* среди особей из группы № 4 (с. Таш-Башат, Нарынский р-н, Нарынская обл.) на долю редких аллелей пришлось 20.73, 15.85, 13.42 и 12.20% соответственно. Для данных групп – № 3 и 4 – имелись также особенности и в количестве выявленных приватных аллелей. Среди лошадей из с. Чон-Алай они опреде-

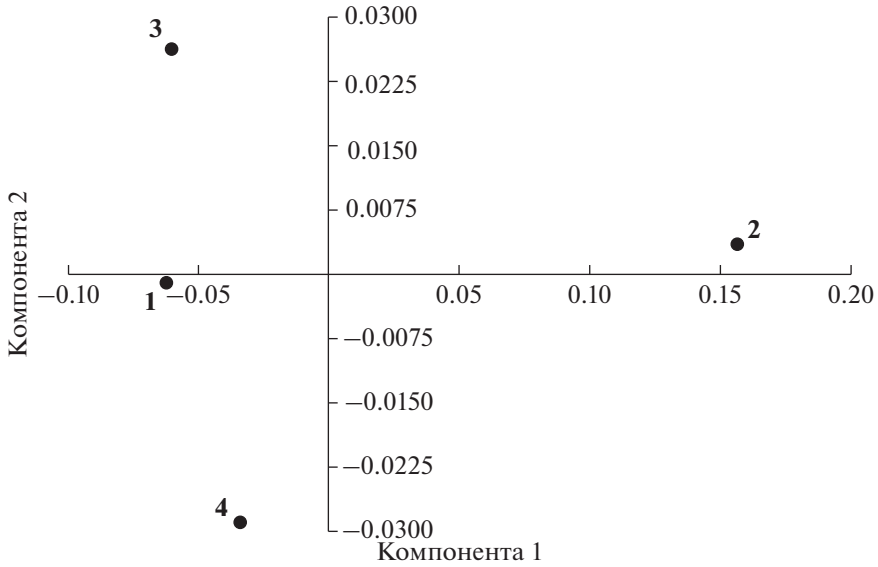

Рис. 4. Результаты анализа главных компонент (по совокупности 16 STR-локусов, кроме *LEX3*).

лены для четырех локусов – *ASB17*, *CA425*, *HMS6* и *HTG6* – причем для локуса *HMS6* аллель *Q* выявлен в 4.30%. Среди лошадей из с. Таш-Башат приватные аллели выявлены уже для восьми локусов – *AHT5*, *ASB23*, *CA425*, *HMS1*, *HMS3*, *HMS7*, *HTG4* и *HTG10*, – аллель *Q* для локуса *HMS7* был выявлен в 7.30% случаев.

Таблица 2. Суммарные частоты распространенности редких аллелей в исследованных группах лошадей кыргызской породы (в %)

Локус	Группа			
	1	2	3	4
AHT4	7.50	5.00	10.87	7.32
AHT5	–	–	–	6.10
ASB2	2.50	2.50	4.35	7.32
ASB17	10.00	5.00	30.44	20.73
ASB23	5.00	–	2.17	1.22
HMS1	–	2.50	21.74	10.98
HMS2	2.50	–	6.52	15.85
HMS3	2.50	–	17.39	2.44
HMS6	5.00	–	4.35	9.76
HTG4	2.50	–	6.52	3.66
HTG6	–	2.50	2.17	1.22
HTG7	2.50	2.50	2.17	13.42
HTG10	5.00	2.50	4.35	3.66
VHL20	2.50	–	–	–
Сумма*	55.00	30.00	126.09	124.40

* – накопленный суммарный процент редких аллелей.

Из 16 STR-локусов – *AHT4*, *AHT5*, *ASB2*, *ASB17*, *ASB23*, *HMS1*, *HMS2*, *HMS3*, *HMS6*, *HTG4*, *HTG6*, *HTG7*, *HTG10* и *VHL20* – расположенных на аутосомах, наибольшим потенциалом по дифференциации исследуемых групп лошадей кыргызской породы обладают те, для которых рассчитанные значения F_{ST} являются максимальными – табл. 4.

Набольшие рассчитанные значения F_{ST} показаны для STR-локусов *AHT4*, *ASB23* и *HMS7*, в целом значения F_{ST} для всех локусов невысокие и не превышают 0.1. Информация об аллельном разнообразии и частотах распространенности конкретных аллелей для перечисленных выше STR-локусов представлена в табл. 5.

Таким образом, в различных группах превалируют конкретные аллели: в группе № 2 для локуса *AHT4* в мажорном состоянии находятся аллели *H* и *O*, в то время как для остальных групп наибольшую распространенность получил только аллель *O*; для локуса *ASB23* в группе № 2 суммарная частота распространенности аллелей *L* (30.0%) и *S* (42.5%) составила 72.5%, в то время как для других групп аллель *S* встречался с частотой менее 20.0%, для групп № 1, 3, 4 превалировал аллель *J*; для локуса *HMS7* в группе № 2 мажорным (частота – более 30%) является аллель *O*, для групп же № 1, 3, 4 – аллель *L*. В целом для каждой группы имеются индивидуальные различия в профиле распределения частот распространенности аллелей по всем исследуемым STR-локусам.

Для анализа внутрипородной генетической подразделенности кыргызских лошадей, разводимых в четырех географически изолированных высокогорных зонах, необходимо также оценить

Таблица 3. Частоты распространенности приватных аллелей в исследованных группах лошадей кыргызской породы

Группа	STR-локус	Аллель	Частота, %
1	*ASB23*	*G*	5.00
	ASB23	*Q*	2.50
	HTG6	*N*	2.50
	HTG7	*L*	2.50
2	*ASB17*	*W*	2.50
	HMS2	*P*	5.00
3	*ASB17*	*D*	2.20
	CA425	*H*	2.20
	HMS6	*Q*	4.30
	HTG6	*R*	2.20
4	*AHT5*	*I*	1.20
	ASB23	*M*	1.20
	CA425	*F*	1.20
	HMS1	*Q*	3.70
	HMS3	*G*	1.20
	HMS3	*L*	1.20
	HMS7	*P*	1.20
	HMS7	*Q*	7.30
	HTG4	*J*	1.20
	HTG10	*T*	1.20

Таблица 4. Дифференцирующий потенциал 16 STR-локусов (результаты анализа locus-by-locus AMOVA)

Локус	F_{ST}*	*p*-уровень	Локус	F_{ST}	*p*-уровень
AHT4	**0.044**	**<0.001**	*HMS3*	0.020	<0.001
AHT5	0.020	<0.001	*HMS6*	0.014	<0.001
ASB2	0.031	<0.001	*HMS7*	**0.032**	**<0.001**
ASB17	0.029	<0.001	*HTG4*	0.022	<0.001
ASB23	**0.063**	**<0.001**	*HTG6*	0.028	<0.001
CA425	0.032	<0.001	*HTG7*	0.010	<0.001
HMS1	0.031	<0.001	*HTG10*	0.026	<0.001
HMS2	0.035	<0.001	*VHL20*	0.021	<0.001

F_{ST}, коэффициент инбридинга субпопуляций относительно всей популяции, указывает на редукцию гетерозиготности из-за ограничения потока генов (миграции) и генетического дрейфа между субпопуляциями; жирным выделены три STR-локуса с максимальными значениями F_{ST}.

значения показателей N_a, N_e, H_o, H_e, I и коэффициента F_{IS} – табл. 6.

При анализе показателей N_a, N_e, H_o, H_e, I и коэффициента F_{IS} выявлено, что наименьшим генетическим разнообразием среди четырех географически изолированных зон отличаются лошади

Таблица 5. Частоты распространенности аллелей для трех STR-локусов с наибольшим дифференцирующим потенциалом (по результатам F_{ST})

Локус/Аллели	Группа			
AHT4	1	2	3	4
H	12.50	37.50	10.87	20.73
I	2.50	5.00	10.87	4.88
J	22.50	2.50	19.57	14.63
K	17.50	2.50	21.74	14.63
L	2.50	5.00	2.17	6.10
M	5.00	–	4.35	–
N	2.50	–	4.35	2.44
O	35.00	47.50	19.57	30.49
P	–	–	6.52	6.10
ASB23	1	2	3	4
G	5.00	–	0.00	0.00
I	5.00	–	8.70	10.98
J	35.00	5.00	32.61	24.39
K	27.50	7.50	19.57	15.85
L	7.50	30.00	19.57	14.63
M	–	–	–	1.22
Q	2.50	–	–	–
R	2.50	5.00	2.17	6.10
S	5.00	42.50	6.52	10.98
T	–	–	–	–
U	10.00	10.00	10.87	15.85
HMS7	1	2	3	4
J	17.50	2.50	17.39	8.54
K	7.50	5.00	–	7.32
L	37.50	22.50	32.61	39.02
M	15.00	25.00	2.17	8.54
N	5.00	15.00	21.74	15.85
O	17.50	30.00	26.09	12.20
P	–	–	–	1.22
Q	–	–	–	7.32

кыргызской породы из с. Талды-Булак (Таласский р-н, Таласская обл.) – № 2: среднее количество выявленных аллелей N_a было минимальным среди исследованных групп – 6.059 ± 0.441, количество эффективных аллелей N_e – 3.898 ± 0.318, индекс разнообразия Шеннона I также оказался наименьшим среди рассчитанных – 1.475 ± 0.083, и ожидаемая гетерозиготность H_e также оказалась минимальной – 0.705 ± 0.029.

Наибольшее генетическое разнообразие было обнаружено среди лошадей кыргызской породы

Таблица 6. Генетическая характеристика четырех субпопуляций лошадей кыргызской породы по результатам генотипирования 17 STR-локусов

	Группа			
	1	2	3	4
N_a	7.059 ± 0.481	6.059 ± 0.441	7.471 ± 0.543	8.294 ± 0.561
N_e	4.556 ± 0.321	3.898 ± 0.318	4.837 ± 0.362	5.009 ± 0.416
I	1.643 ± 0.073	1.475 ± 0.083	1.695 ± 0.067	1.745 ± 0.076
$H_o^{\#}$	0.791 ± 0.023	0.759 ± 0.038	0.804 ± 0.020	0.765 ± 0.023
$H_e^{\#}$	0.756 ± 0.020	0.705 ± 0.029	0.773 ± 0.016	0.773 ± 0.020
$F_{IS}^{\#}$	–0.052 ± 0.031	–0.075 ± 0.030	–0.041 ± 0.016	0.009 ± 0.021

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, # – среднее для 16 STR-локусов (кроме LEX3).

из с. Таш-Башат (Нарынский р-н, Нарынская обл.), № 4: N_a – 8.294 ± 0.561, I – 1.745 ± 0.076.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Современная порода кыргызских лошадей обнаруживает высокий уровень внутрипородной генетической вариабельности. В 17 STR-локусах идентифицировано 154 аллеля, в том числе 59 редких аллелей. Выявлены новые аллели, не обнаруженные в нашем предыдущем исследовании [8], из них для 15 локусов – *AHT4*, *AHT5*, *ASB2*, *ASB17*, *ASB23*, *CA425*, *HMS1*, *HMS2*, *HMS3*, *HMS6*, *HMS7*, *HTG4*, *HTG6*, *HTG7*, *HTG10*, – имеются новые редкие.

При анализе показателей N_a, N_e, H_o, H_e, I и коэффициента F_{IS} выявлено, что наибольшее генетическое разнообразие среди четырех географически изолированных зон – с. Копуро-Базар (Таласский р-н, Таласская обл.), с. Талды-Булак (Таласский р-н, Таласская обл.), с. Чон-Алай (Чон-Алайский р-н, Ошская обл.) и с. Таш-Башат (Нарынский р-н, Нарынская обл.) – отмечено среди лошадей кыргызской породы из с. Таш-Башат: среднее количество выявленных аллелей N_a было максимальным среди исследованных групп 8.294 ± ± 0.561, количество эффективных аллелей N_e – 5.009 ± 0.416, индекс разнообразия Шеннона I – 1.745 ± 0.076 и ожидаемая гетерозиготность H_e – 0.773 ± 0.020.

Исследование было поддержано Федерацией органического движения “БИО-KG” Кыргызстана (договор № 9 от 6 ноября 2019 г).

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

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Абрамзон С.М.* Киргизы и их этногенетические и историко-культурные связи. Л.: Наука, 1971. 478 с.
2. *Рипар Ж.* Кыргызская лошадь: сохранение и использование, скачки на выносливость и экотуризм. Практическое указание / Под ред. Рипар Ж., Уатто С., Перез С., перевод Илиязова А. Бишкек: 2007. 32 с.
3. *Van De Goor L.H.P.* A proposal for standardization in forensic equine DNA typing: Allele nomenclature for 17 equine-specific STR loci // Anim. Genet. 2010. V. 41(2). P. 122–127. https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01975.x
4. *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. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460
5. *Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P.* Inference of population structure using multilocus genotype data // Genetics. 2000. V. 155(2). P. 945–959.
6. *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.
7. *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.
8. *Исакова Ж.Т., Токтосунов Б.И., Кипень В.Н. и др.* Генетический портрет кыргызской лошади // Коневодство и конный спорт. 2018. № 1. С. 21–23.

Genetic Diversity of the Kyrgyz Horse Breed Using Microsatellite Markers – Extended Genogeographic Study

Zh. T. Isakova[a, *], M. A. Isaev[b], V. N. Kipen[c], L. V. Kalinkova[d], K. A. Aitbaev[a], M. A. Arzybaev[b], S. B. Mukeeva[a], Osmoykul k. Meerim[a], and N. M. Aldasheva[a]

[a] *Institute of Molecular Biology and Medicine, Bishkek, 720040 Kyrgyzstan*

[b] *Kyrgyz National Agrarian University named after K.I. Skryabin, Bishkek, 720005 Kyrgyzstan*

[c] *Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, 220072 Republic of Belarus*

[d] *All-Russian Scientific Research Institute of Horse Breeding, Ryazan oblast, Divovo, 391105 Russia*

**e-mail: jainagul@mail.ru*

There is a high inter-breed genetic variability found in the contemporary Kyrgyz horses breed. One-hundred and fifty-four alleles, including rare 59 ones, in 17 STR loci were identified. We found new rare alleles for 15 loci, including *AHT4*, *AHT5*, *ASB2*, *ASB17*, *ASB23*, *CA425*, *HMS1*, *HMS2*, *HMS3*, *HMS6*, *HMS7*, *HTG4*, *HTG6*, *HTG7* and *HTG10*. The greatest genetic variability among four geographically separated zones in Talas, Osh and Naryn Provinces under study was found in horses of Kyrgyz breed from Tash-Bashat (Naryn Province) village with the largest mean count of alleles (8.294 ± 0.561), effective alleles (5.009 ± 0.416), Shennon biodiversity index (1.745 ± 0.076) and expected heterozygosity (0.773 ± 0.020).

Keywords: the Kyrgyz breed of horses, DNA, microsatellite markers, genotyping.