мтДНК в исследовании орловской рысистой породы лошадей

Мысина В.А., Былино О.В., Мысин М.А.

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

Анализ изменчивости митохондриальной ДНК (мтДНК) в настоящее время широко используется при проведении молекулярно-генетических исследований в области филогении и эволюции [1], в анализе популяционной структуры и филогеографии вида. Орловская рысистая порода лошадей, с которой началось становление коннозаводства в России, находится сейчас в сложном состоянии, поскольку имеет ограниченный генофонд, поэтому исследование филогенетической структуры этой породы является сегодня важным вопросом в деле сохранения и развития конкретной культурной популяции лошадей. В исследовании участвовали конные заводы и хозяйства орловского направления Российской Федерации (сбор материала был в 2011-2012 гг.). Конные заводы – Хреновской, Чесменский, Новотомниковский, Завиваловский, Пермский, Алтайский, Шадринский, Кемеровский. Хозяйства – Лаг Сервис + и Серп. После выделения ДНК из биоматериала собранного с заводов и хозяйств была составлена оптимизированная по численности выборка из 96 образцов ДНК (охватывает производящий состав породы). После этого участок D-петли (control region 15469-16660 п.н.) мтДНК протяженностью 510 п.н. (15343-15852 п.н. согласно RefSeq NC_001640.1 INSDC X79547.1) был амплифицирован с праймерами CGCACATTACCCTGGTCTTG (forward) и GAACCAGATGCCAGGTATAG (reverse) [2] и секвенирован. Полученная после секвенирования последовательность ДНК составила 430 п.н. для каждой лошади. Данные последовательности были выровнены и проанализированы. Мы обнаружили, что в орловской рысистой породе лошадей имеется 32 гаплотипа из которых 17 гаплотипов оказались уникальными. Нужно отметить, что наличие 32 гаплотипов в заводской породе лошадей, которая имеет сегодня ограниченный генофонд, свидетельствует о существенном генетическом разнообразии в породе. Тем не менее, остаётся неясным в каком направлении изменяется численность уникальных гаплотипов в породе. Либо она уменьшается (отрицательный отбор против редких гаплотипов в популяции), что свидетельствует об обеднении породы. Либо увеличивается, что способствует сохранению разнообразия в породе. Изучение географического распространения орловского рысака на основе анализа филогенетического дерева, показало, что в кладах с большой численностью лошадей присутствуют в основном животные с разных заводов (разные регионы России), что говорит о высокой миграции внутри популяции, что для малочисленной заводской породы хорошо. Также проведённый анализ филогенетической структуры популяции позволил получить данные, представляющие интерес для историко-географического развития породы. Сравнение консенсусной последовательности (GCTCTAGCTCCACCATCAACACCCAAAGCTGAAATTCTACTTAAACTATTC
CTTGATTTCTTCCCCTAAACGACAACAATTCACCCTCATGTGCTATGTCAGTATCAGATTATACCC
CCACATAACACCATACCCACCTGACATGCAATATCTTATGAATGGCCTATGTACATCGTGCATTAAATTG
TTTGCCCCATGAATAATAAGCATGTACATAATATCATTTATCTTACATAAGTACATTATATTATTGATCGT
GCATACCCCATCCAAGTCAAATCATTTCCAGTCAACACGCATATCACAACCCATGTTCCACGAGCTTAATC
ACCAAGCCGCGGGAAATCAGCAACCCTCTCAACTACGTGTCCCAATCCTCGCTCCGGGCCCATCCAAA
CGTGGGGGTTTCTACAATGAAACTATACCT), полученной в результате секвенирования 96 образцов мтДНК орловской рысистой породы лошадей с представленными в базе NCBI последовательностями мтДНК других пород лошадей показало 98 % сходство орловской рысистой породы лошадей с американским рысаком; 98 % - с английской чистокровной и с арабской; 97% - с датской; с мекленбурской породой в базе данные не найдены. Такой высокий % сходства мтДНК орловского рысака с мтДНК – американской, английской, арабской, датской породами лошадей (с которыми орловская рысистая порода имела соприкосновение) свидетельствует о том, что генетические различия (по мтДНК) между этими породами и орловской рысистой породой малы. Это лишний раз подтверждает исторические данные, согласно которым возраст существования этих пород лошадей с точки зрения эволюции очень мал. Более того все эти породы относят к одному подвиду Equus ferus caballus. Таким образом, изучив современную филогению орловской рысистой породы лошадей с помощью мтДНК, можно сказать, что применённая к ней методика исследования интересна (в том числе и для других заводских пород лошадей), прежде всего, с точки зрения селекции (с позиции обнаружения уникальных гаплотипов в породе имеющей ограниченный генофонд) и географического распространения породы.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ (проект № 11-04-01515-а). Литература: 1. Horai et al., 1995. Proc.Nat.Acad.Sci. US., 92, 532-536; 2. Xu, X. and U. Amasson, 1994. Gene,148, 657-662.