

При втором укосе, после отрастания трав наибольшая урожайность характерна для среднеспелых травосмесей 90 ц/га, однако они не достигли сенокосной спелости, наименьшая урожайность характерна для раннеспелых травосмесей – 54 ц/га. Позднеспелые травосмеси не отрасли после скашивания.

В фазе имитации выпаса наблюдалась следующая ситуация: при всех трех укосах позднеспелые травосмеси из-за засушливых погодных условий не смогли отрасти после скашивания, при втором и третьем укосах показатели урожайности среднеспелых травосмесей от 32 до 70 ц/га были выше, чем у раннеспелых: от 31 до 45 ц/га, только при первом укосе урожайность раннеспелых травосмесей 38 ц/га была выше, чем у среднеспелых травосмесей – 26 ц/га.

Выводы. Таким образом, кормовые сортовые злаковые и бобовые травы на втором году жизни показали свою эффективность и в полной мере могут применяться для зеленого конвейера в теплый период времени или при заготовке сена на зимний период при стойловом содержании животных. Наилучших показателей урожайности в фазе колошения и бутонизации и цветения достигли позднеспелые травосмеси, а наименьшие – во всех фазах уборки оказались у раннеспелых травосмесей.

Список литературы

1. Байкалова Л. П. Возделывание злаково-бобовых травосмесей как оптимизация урожайности среднесрочных сенокосов /Л. П. Байкалова, Е. В. Кожухова // Вестник КрасГАУ. 2013. – № 5. – С. 68–74.
2. Гребенников В. Г. Роль многолетних бобовых трав в составе травосмесей в повышении белковой продуктивности растительных кормов /В. Г. Гребенников, И. А. Шипилов, О. В.

Хонина //Эффективное животноводство. 2018. – № 6. – С. 24–28.

3. Дридигер В. К. Особенности создания травосеяния многолетних трав на Ставрополье /В. К. Дридигер//Кормопроизводство. 2011. – № 7. – С. 15–18.

4. Егорова О. В. Поливидовые посевы многолетних трав на орошаемых землях Предгорного района Ставропольского края /О. В. Егорова //Научный журнал Российского НИИ проблем мелиорации. 2011 - № 1(01). – С. 7–13.

5. Кулинцев В. В, Годунова Е. И, Желнакова Л. И. и др. Система земледелия нового поколения Ставропольского края. – М.: Ставрополь: АГРУС, 2013. – 520 с.

6. Лапенко Н. Г. Пути повышения экономической эффективности кормопроизводства в Ставропольском крае в условиях интеграции / Н. Г. Лапенко, Л. Р. Оганян // Кормопроизводство, продуктивность, долголетие и благополучие животных. Материалы междунар. науч.-практ. конф. Новосибирск, 2018. – С. 170–174.

7. Павлючик Е. Н. Роль многолетних трав в создании устойчивой кормовой базы при конвейерном использовании / Е. Н. Павлючик, А. Д. Капсамун, Н. Н. Иванова, В. А. Тюлин, О. С. Силина // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2019. – С. 238–246.

8. С 65 Сорты и гибриды сельскохозяйственных культур селекции ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ»: каталог / В. В. Кулинцев, В. В. Чумакова, А. Б. Володин и др. – 11-е изд., доп. – Ставрополь: 2021. – 196 с.

9. Хонина О. В. Многолетние бобовые и злаковые травы в системе устойчивого кормопроизводства на юге России // Многофункциональное адаптивное кормопроизводство. Сборник научных трудов. Москва, 2020. С. 82–86.

DOI: 10.48612/sbornik-2022-1-74

УДК 636.32/.38:575.162:577.2

ГАПЛОТИПИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ РОССИЙСКИХ ПОРОД ОВЕЦ

Кошкина Ольга Андреевна, аспирант

Денискова Татьяна Евгеньевна, канд. биол. наук

Дотцев Арсен Владимирович, канд. биол. наук

Зиновьева Наталия Анатольевна, профессор, д-р биол. наук, академик РАН

ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л. К. Эрнста», пос. Дубровицы, Российская Федерация

Одним из эффективных подходов к оценке генетического разнообразия сельскохозяйственных животных является исследование полиморфизма митохондриальной ДНК. За рубежом ведутся активные работы по секвенированию полных митохондриальных геномов овец, в то время как российские породы остаются без должного внимания. В настоящей работе был проведен анализ полной последовательности митохондриального гена CytB. Все исследуемые породы овец характеризовались высоким гаплотипическим ($Hd = 0,500-1,000$) и нуклеотидным ($\pi = 0,00088-0,00789$) разнообразием. Всего было идентифицировано 31 гаплотип и выявлены четыре гаплогруппы овец (A, B, C и D). Полученные результаты исследования дают представление о понимании происхождения и миграции российских пород овец.

Ключевые слова: домашние овцы; митохондриальная ДНК; ген цитохрома b; гаплотипы; гаплогруппы

HAPLOTYPIC DIVERSITY OF RUSSIAN SHEEP BREEDS

Koshkina Olga Andreevna, PhD student

Deniskova Tatiana Evgenyevna, PhD Biol. Sci.

Dotsev Arsen Vladimirovich, PhD Biol. Sci.

Zinovieva Natalya Anatolievna, prof., Dr. Biol. Sci., member of the Russian Academy of Science
*Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst,
pos. Dubrovitsy, Russian Federation*

Effective approach to assess the genetic diversity of farm animals is mitochondrial DNA polymorphism analysis. The sequencing of complete mitochondrial genomes of sheep is carried out abroad, while Russian breeds remain without proper attention. In the present work, we analyzed the complete sequence of the CytB mitochondrial gene. All studied sheep breeds were characterized by high haplotypic ($Hd = 0.500-1.000$) and nucleotide ($\pi = 0.00088-0.00789$) diversity. In total we identified 31 haplotypes and four sheep haplogroups (A, B, C, and D). The study results provide insight into the understanding of the origin and migration of Russian sheep breeds.

Key words: domestic sheep; mitochondrial DNA; cytochrome b gene; haplotypes; haplogroups.

Овцеводство – одна из активно развивающихся отраслей животноводства. Овцы обеспечивают человека не только продуктами питания (молоко и мясо), но и сырьем для легкой промышленности (шерсть), что способствует широкому распространению овец по всему миру.

В связи с возможными изменениями условий среды, появлением новых заболеваний, изменением спроса рынка, важно сохранение генетических ресурсов домашних животных [5]. Для характеристики генофонда существующих пород в настоящее время используются разнообразные ДНК-маркеры, такие как однонуклеотидные полиморфизмы (SNPs) [3], микросателлиты [1], исследование полиморфизма митохондриальной ДНК [2]. Изучение митохондриальной ДНК позволяет раскрыть генетические связи между породами, а также проследить эволюционные собы-

тия на протяжении всего процесса одомашнивания. Наиболее информативным регионом митохондриальной ДНК для исследования филогении сельскохозяйственных животных является ген цитохрома b (CytB). За рубежом ведутся активные работы по изучению мтДНК овец [9], в то время как российские породы остаются малоисследованными.

В нашей работе был проведен анализ полиморфизма митохондриального гена CytB у российских пород овец различного происхождения. Целью работы стало исследование генетического разнообразия и определение гаплотипической изменчивости и гаплогрупповой принадлежности 18 российских пород овец на основе полных последовательностей митохондриального гена CytB.

Методика исследований. Исследование проводилось на образцах ткани двадцати пород овец, взятых из биоколлекции «Банк

генетического материала домашних и диких видов животных и птицы» (Минобрнауки РФ №498808). В состав выборки вошли девять грубошерстных пород: ANDB – андийская (n=4), BUBI – буубей (n=4), EDLB – эдильбаевская (n=4), KLMY – калмыцкая (n=4), KRCV – карачаевская (n=6), LZGN – лезгинская (n=4), RMNV – романовская (n=4), TSHN – тушинская (n=4); восемь тонкорунных пород: DGMT – дагестанская горная (n=4), GRZY – грозненская (n=4), KLND – кулундинская (n=4), MNM – маньчжурский меринос (n=4), SLSK – сальская (n=4), STVP – ставропольская (n=4), VLGD – волгоградская (n=4); и четыре полутонкорунных: ALTM – горноалтайская (n=4), NCCS – северокавказская (n=4), RSLH – русская длинношерстная (n=3).

ДНК из ткани выделяли с использованием набора ДНК-Экстран-2 (ООО «Синтол», Россия) согласно стандартному протоколу производителя. Последовательности полных митохондриальных геномов исследуемых пород овец получили посредством технологии секвенирования следующего поколения (next generation sequencing, NGS) на приборе MiSeq («Illumina, Inc.», США). Последовательности гена CytB были восстановлены из полных последовательностей митохондриальной ДНК

после ее выравнивания, выполненного с использованием MUSCLE алгоритма в программе MEGA 7.0.26.

Построение медианной сети выполняли в программе PopART 1.7. Для построения байесовского филогенетического дерева использовали программное обеспечение MrBayes 3.2.7 с последующей визуализацией в FigTree 1.4.3. В качестве аутгруппы была взята последовательность гена CytB снежного барана (*Ovis nivicola*) (Gene Bank accession number NC_039431.1) [4]. Параметры генетического разнообразия были рассчитаны в программе DnaSP 6.12.01: число полиморфных сайтов (S), среднее число нуклеотидных различий (K), число гаплотипов (H), гаплотипическое разнообразие (Hd), нуклеотидное разнообразие (π).

Результаты исследований и их обсуждение. Индексы генетического разнообразия в популяциях 18 российских пород овец, рассчитанные на основе анализа нуклеотидной последовательности митохондриального гена CytB представлены в таблице 1 и на рисунках 1а и 1б. Всего в исследуемой выборке животных было идентифицировано 31 гаплотип (табл. 1).

Таблица 1 – Индексы генетического разнообразия в популяциях 18 российских пород овец (*Ovis aries*), рассчитанные на основе анализа нуклеотидной последовательности митохондриального гена CytB

Породы	n	S	K	H
ALTM	4	6	3,333	3
ANDB	4	5	3,000	3
BUBI	4	3	2,000	2
DGMT	4	14	7,333	3
EDLB	4	6	3,333	4
GRZY	4	2	1,000	3
KLMY	4	8	4,167	4
KLND	4	5	2,500	4
KRCV	6	14	5,067	5
LZGN	4	15	9,000	4
MNCM	4	5	2,500	4
NCCS	4	0	0,000	1
RMNV	4	3	1,500	3
RSLH	3	4	2,667	3
SLSK	4	5	2,500	3
STVP	4	16	8,333	4
TSHN	4	2	1,000	2
VLGD	4	16	8,333	4
Всего	73	56	4,163	31

Группа северокавказских мясошерстных овец была представлена только одним гаплогруппой

типом. Наибольшее гаплотипическое разнообразие ($H_d = 1,000$) наблюдалось у эдильбаевской, калмыцкой, кулундийской, лезгинской, ставропольской и волгоградской пород, а также в породе маньчжурский меринос. Тушинская порода характеризовалась наименьшим разнообразием гаплотипов ($H_d = 0,500$). Самые низкие значения нуклеотидного разно-

образия и наименьшее среднее число нуклеотидных различий были определены в породах грозненская и тушинская ($\pi = 0,00088$, $K = 1,000$). Наивысшими значениями этих показателей характеризовалась лезгинская порода ($\pi = 0,00789$, $K = 9,000$).



Рисунок 1а – Гаплотипическое разнообразие в популяциях 18 российских пород овец (*Ovis aries*)

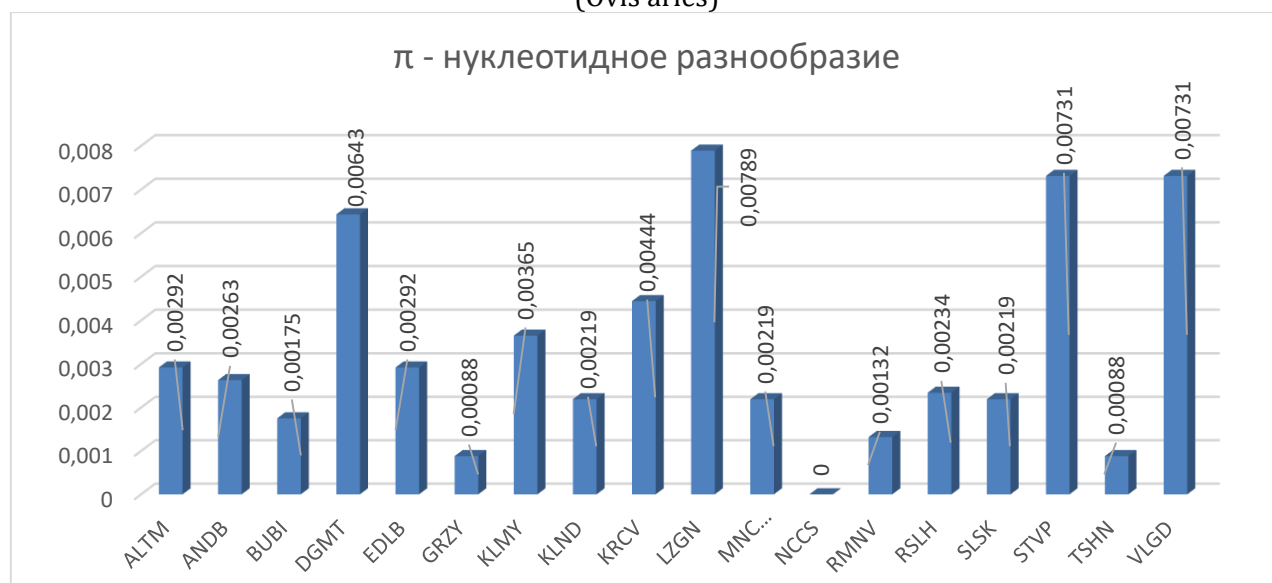


Рисунок 1б – Нуклеотидное разнообразие в популяциях 18 российских пород овец (*Ovis aries*)

Все породы домашних овец (*Ovis aries*) характеризовались высоким генетическим разнообразием (рис. 2), за исключением северокавказской мясошерстной породы, чьи особи принадлежали к одной гаплогруппе В и были представлены одним гаплотипом. Порода бубей (Нар А), грозненская (Нар В),

сальская (Нар В) и русская длинношерстная (Нар В) также соотносились лишь к одной гаплогруппе, но в отличие от северокавказской мясошерстной, они характеризовались более высоким нуклеотидным разнообразием и формировали различные гаплотипы внутри одной гаплогруппы. Российские породы овец

сформировали четыре кластера, соответствующие гаплогруппам А, В, С и D. Наиболее многочисленными оказались гаплогруппы А и В. Девять нуклеотидных замен отличали овец гаплогруппы С от гаплогруппы А. Одно жи-

вотное волгоградской породы, отличающееся от овец гаплогрупп А и С восьмью нуклеотидными заменами, формировало отдельный кластер – гаплогруппу D.

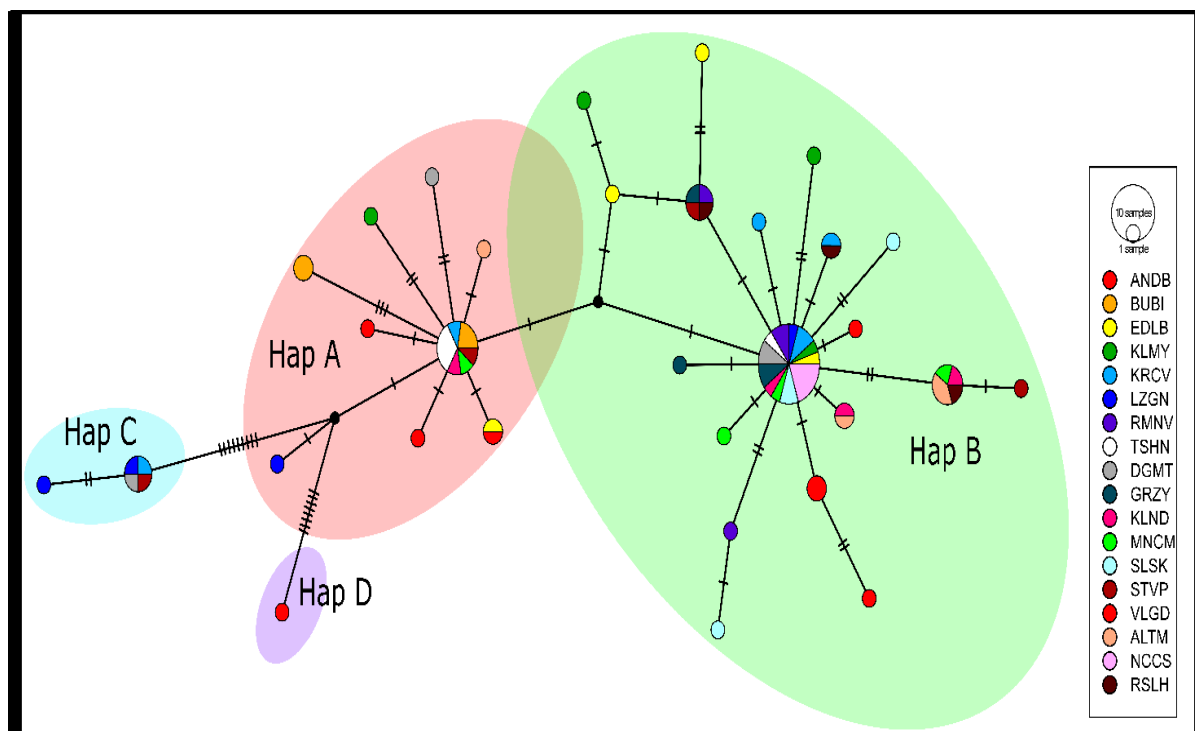


Рисунок 2 – Медианная сеть, характеризующая связи гаплотипов, идентифицированных у представителей 18 российских пород домашних овец (*Ovis aries*) на основе анализа нуклеотидной последовательности митохондриального гена *CytB*

Анализ байесовского филогенетического дерева (рис. 2) позволяет сделать аналогичные выводы. Изучаемые породы овец сформировали четыре кластера, соответствующие гаплогруппам А, В, С и D. Наиболее обширной стала гаплогруппа В. Гаплогруппы С и D образовали отдельные кластеры от гаплогруппы А. Гаплогруппа D представлена только одним животным волгоградской породы.

Проделанная нами работа позволила получить новые знания о генетическом разнообразии российских пород овец. Полученные данные схожи с результатами других исследований. Гаплотипическое разнообразие в российских популяциях овец ($H_d = 0,500-1,000$) оказалось несколько выше, чем в индийских ($H_d = 0,067-0,649$) [6], но близко к

значениям у тибетских овец ($H_d = 0,464-1,000$) [7]. Разнообразие нуклеотидов ($\pi = 0,00088-0,00789$) также было схоже со значениями, полученными у тибетских овец ($\pi = 0,00100-0,00600$) [7]. В нашем исследовании наиболее распространёнными оказались гаплогруппы В и А (европейское и азиатское происхождение), что соответствует результатам, полученным ранее Meadows J.R. с соавт. [8]. Среди локальных российских пород было выявлено небольшое число особей гаплогруппы С, как и в предыдущих исследованиях [8]. Присутствие овец гаплогруппы D на территории Российской Федерации, также подтверждено в более ранней работе Тарю М. с соавт. [9].

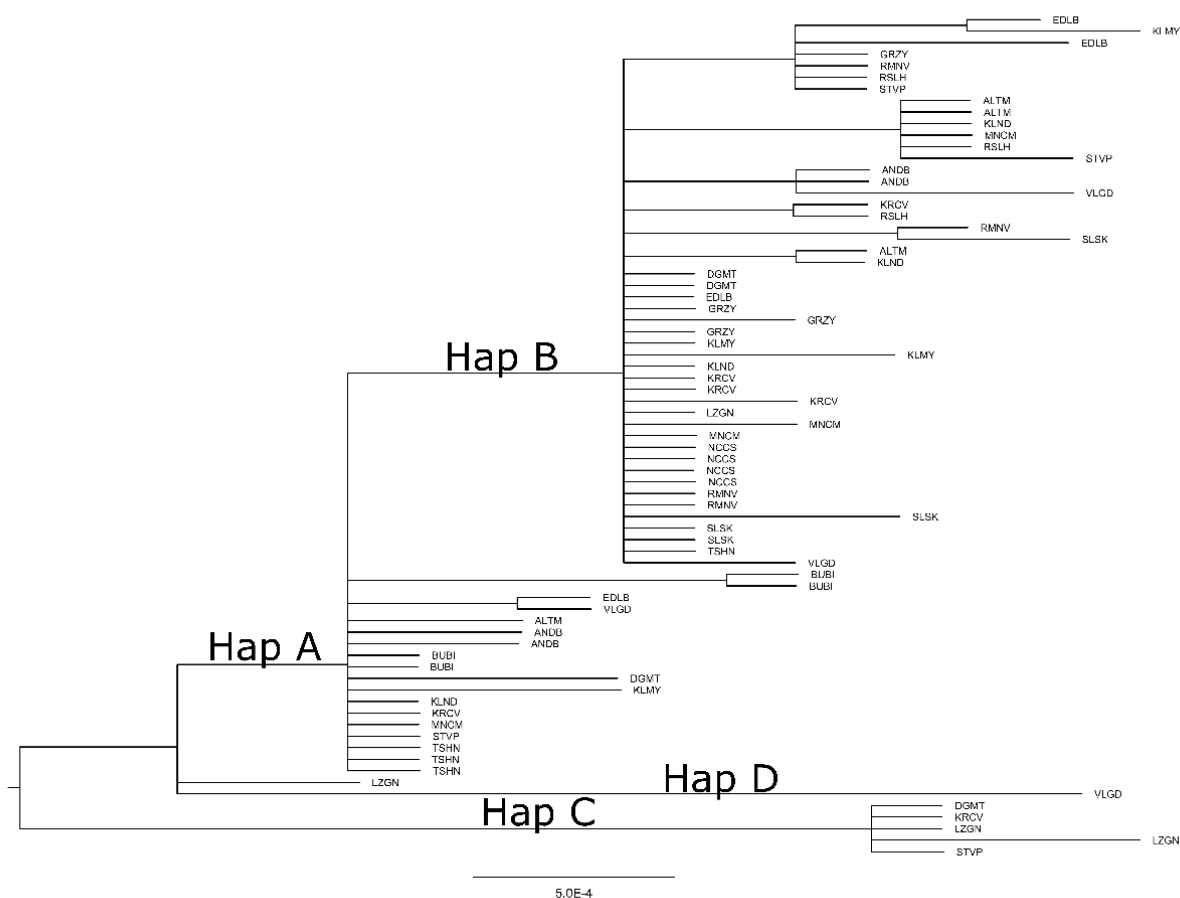


Рисунок 3 – Байесовское филогенетическое дерево, отражающее генетические связи представителей 18 российских пород домашних овец (*Ovis aries*) на основе анализа полных последовательностей митохондриального гена *CytB*

Выводы. На основании вышеизложенного, можно сделать вывод о том, что российские породы овец характеризуются высоким генетическим разнообразием. Широкий ареал исследуемых животных позволил обнаружить четыре гаплогруппы (А, В, С и D). Преобладание гаплогрупп В и А, частично указывает на миграцию домашних овец на территории Российской Федерации в двух направлениях.

Список литературы

1. Денискова Т. Е. Изменчивость микросателлитов в породах овец, разводимых в России / Т. Е. Денискова, М. И. Селионова, Е. А. Гладырь, А. В. Доцев, Г. Т. Бобрышова, О. В. Костюнина, Г. Брем, Н. А. Зиновьева // *Сельскохозяйственная биология*. 2016. – Т.51. – №6. – С.801–810.
2. Сулимова Г. Е. Мониторинг генофондов популяций животных в связи с задачами се-

лекции и изучения филогении. / Г. Е. Сулимова, Ю. А. Столповский, М. Н. Рузина, И. А. Захаров-Гезехус // В сб.: Биоразнообразие и динамика генофондов. – М. 2008. – С.211–214.

3. Deniskova T. E. PSX-18 High-density genomic description of Russian native sheep breed of the Republic of Tyva / T. E. Deniskova, A. S. Abelmanova, A. V. Dotsev, Ch. S. Sambu-Khoo, H. Reyer, M. I. Selionova, M. S. Fornara, K. Wimmers, G. Brem, N. A. Zinovieva // *Journal of Animal Science*. 2020. – Т.98. – No 4. – P.453–454.

4. Dotsev A. V. The first complete mitochondrial genomes of snow sheep (*Ovis nivicola*) and thin-horn sheep (*Ovis dalli*) and their phylogenetic implications for the genus *Ovis* / A. V. Dotsev, E. Kunz, A. V. Shakhin, S. N. Petrov, O. V. Kostyunina, I. M. Okhlopkov, T. E. Deniskova, M. Barbato, V. A. Bagirov, D. G. Medvedev, S. Krebs, G. Brem, I. Medugorac, N. A. Zinovieva // *Mitochondrial DNA Part B*. 2019. – Т.4. – No 1. – P.1332–

1333.

5. FAO. The state of food and agriculture: climate change, agriculture, and food security. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, 2016.

6. Kamalakkannan R. Evidence for independent domestication of sheep mtDNA lineage A in India and introduction of lineage B through Arabian sea route / R. Kamalakkannan, S. Kumar, K. Bhavana, V.R. Prabhu, C.B. Machado, H.S. Singha, D. Sureshgopi, V. Vijay, M. Nagarajan // Scientific reports. 2021. – Т.11. – No 1. – P.19733.

7. Liu J. Phylogeography and phylogenetic evolution in Tibetan sheep based on MT-CYB se-

quences / J. Liu, Z. Lu, C. Yuan, F. Wang, B. Yang // Animals. 2020. – Т.10. – No 7. – P.117.

8. Meadows J.R. Haplogroup relationships between domestic and wild sheep resolved using a mitogenome panel / J.R. Meadows, S. Hiendleder, J.W. Kijas // Heredity. 2011. – Т.106. – No 4. – P.700–706.

9. Tapio M. Sheep mitochondrial DNA variation in European, Caucasian, and Central Asian areas / M. Tapio, N. Marzanov, M. Ozerov, M. Cinkulov, G. Gonzarenko, T. Kiselyova, M. Murawski, H. Viinalass, J. Kantanen // Molecular Biology and Evolution. 2006. – Т.23. – No 9. – P.1776–1783.

DOI: 10.48612/sbornik-2022-1-75

УДК: 619:578.828.11:636.2

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ВИРУСА ЛЕЙКОЗА У КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА СЕРОЛОГИЧЕСКИМ МЕТОДОМ

Кужебаева Улболсын Жангазиевна¹, докторант

Канатбаев Серик Ганиевич², д-р биол. наук

Кайленова Айзада Талгатовна², магистрант

¹НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана»,
г. Уральск, Республика Казахстан

²ЧВПОУ «Западно-Казахстанский инновационно-технологический университет»,
г. Уральск, Республика Казахстан

В работе представлены данные по инфицированности вирусом лейкоза крупного рогатого скота (BLV). Всего было исследовано в РИД 287 голов крупного рогатого скота, процент инфицированности составил 32,06 %. Процент инфицированности мясного скота составил 4,76 %, что на 22,54 % ниже чем у молочного скота. Это можно связать с тем, что молочный скот наиболее подверженным к инфицированности BLV. Исследование крупного рогатого скота на наличие антител к вирусу лейкоза методом серологической диагностики (РИД) необходимо для дальнейшего проведения оздоровительных мероприятий в хозяйстве.

Ключевые слова: лейкоз крупного рогатого скота; диагностика; реакция иммунодиффузии; инфицированность; антитела.

SEROLOGICAL DETECTION OF BOVINE LEUKEMIA VIRUS IN CATTLE

Kuzhebayeva Ulbolsyn Zhangazievna¹, doctoral student

Kanatbayev Serik Ganievich², Dr. Biol. Sci.

Kailenova Aizada Talgatovna², master's student

¹NPJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian-Technical University», Uralsk, Republic of Kazakhstan

²PHPEI «West Kazakhstan University of Innovation and Technology», Uralsk, Republic of Kazakhstan

The paper presents data on infection with bovine leukemia virus (BLV). A total of 287 cattle