



**ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО НАУЧНЫХ ОРГАНИЗАЦИЙ
ФЕДЕРАЛЬНЫЙ НАУЧНЫЙ ЦЕНТР ЖИВОТНОВОДСТВА – ВИЖ
ИМЕНИ АКАДЕМИКА Л.К. ЭРНСТА
(ФГБНУ ФНЦ ВИЖ им. Л.К. ЭРНСТА)**

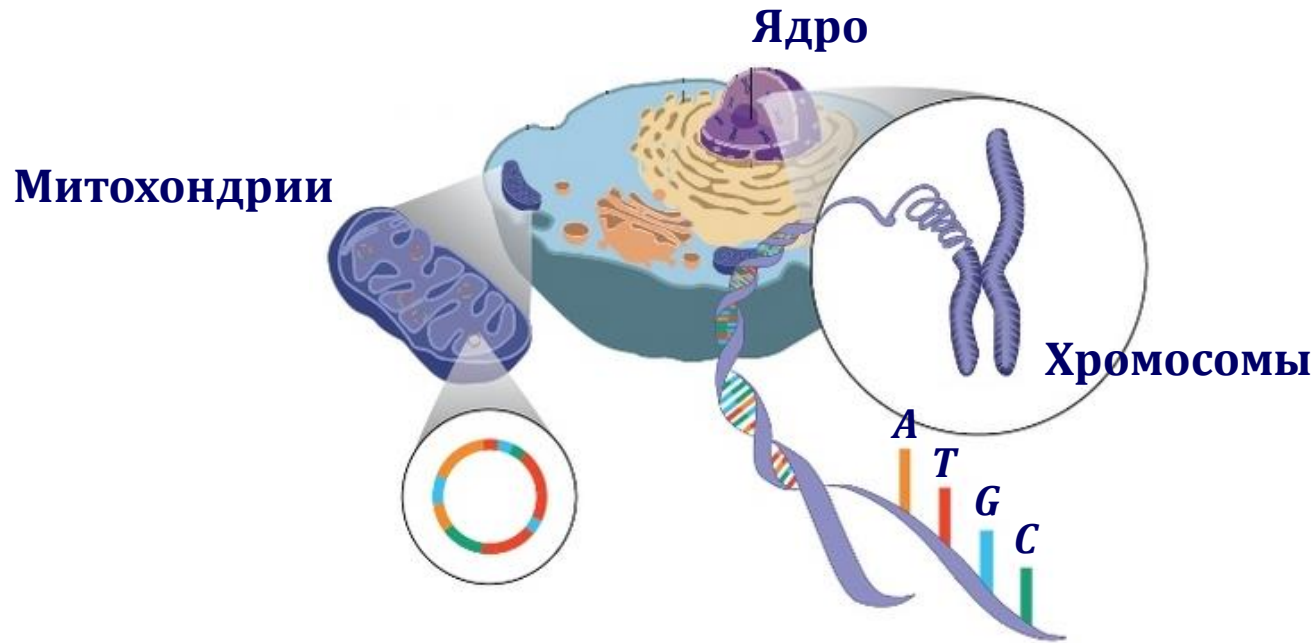
ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКОГО СХОДСТВА (РАЗЛИЧИЙ) ТАКСОНОВ ВИДОВ OVIS И CAPRA С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ДНК

**ЗИНОВЬЕВА Наталия Анатольевна,
доктор биологических наук, профессор, академик РАН,
директор
ДОЦЕВ Арсен Владимирович,
кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник**

Определение связи между таксонами

- ✓ Современная классификация использует **морфологические сходства (отличия) и историю эволюции** для соотнесения таксонов
- ✓ Гипотезы о истории эволюции и связи между отдельными видами (подвидами) выдвигают на основании **трех типов** данных:
 - анатомические
 - физиологические
 - молекулярные **(ДНК)**
- ✓ Виды, имеющие **больше сходства** по анатомическим, физиологическим и молекулярным характеристикам, имеют **более близкого общего** эволюционного предка

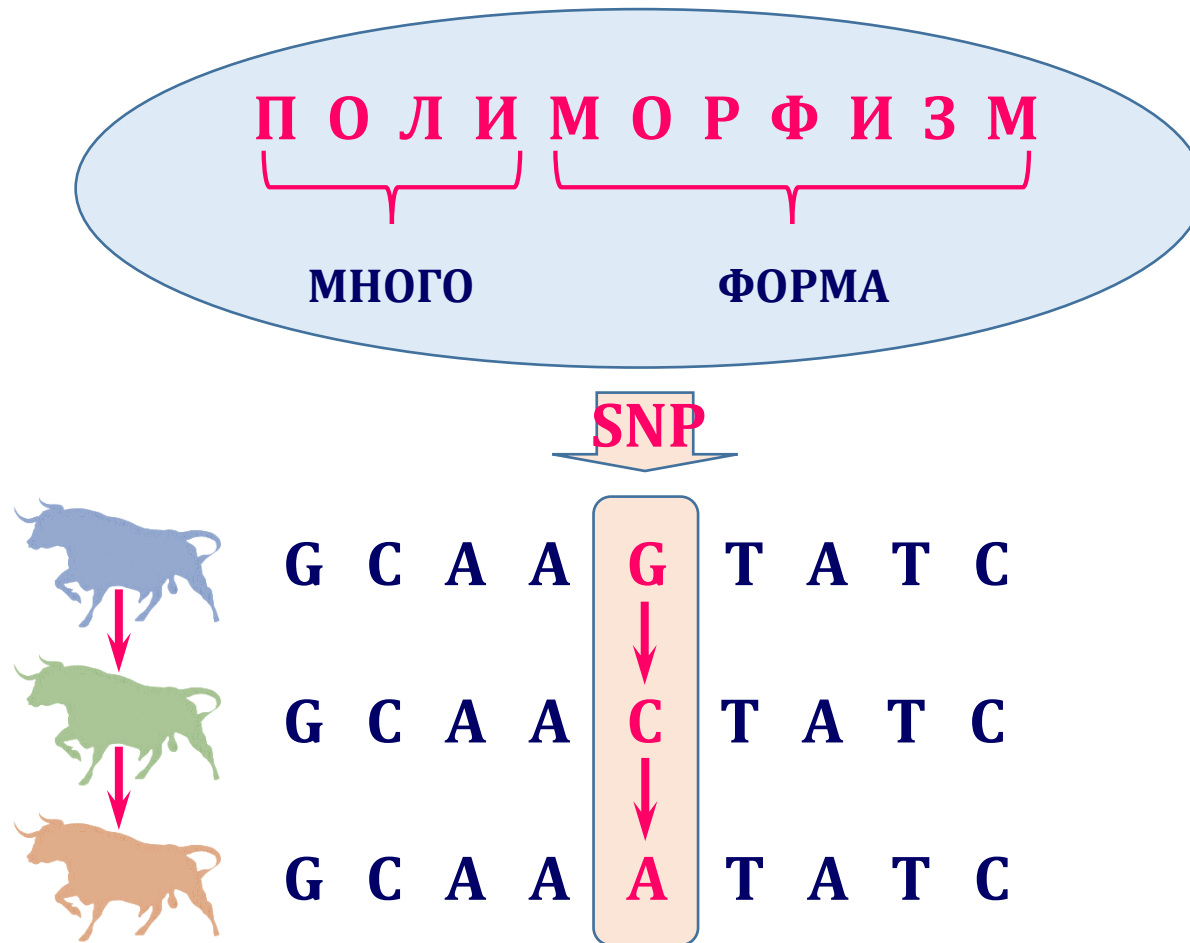
Молекулярные данные (полиморфизм ДНК)



	Ядерная ДНК	Митохондриальная ДНК
размер, нуклеотидов	$\sim 3,0 \cdot 10^9$	$\sim 1,7 \cdot 10^3$
кол-во генов	20000 - 30000	37
% кодирующей ДНК	93%	3%
наследование	от обоих родителей	по материнской линии
скорость мутирования	низкая	в 10 раз выше

Полиморфизмы единичных нуклеотидов (SNP)

SNP – позиции в геноме, в которых одни индивидуумы имеют один нуклеотид (например, G), а другие – отличающийся нуклеотид (например, C)



ДНК анализ для оценки сходства таксонов

- ✓ Сравнение последовательности ДНК животных позволяет определить **степень сходства (отличий)** между таксонами
- ✓ Чем **больше различия** в последовательности ДНК, тем **раньше таксоны генетически изолировались** друг от друга
- ✓ Изучение ДНК позволяет **уточнить классификацию**, а в ряде случаев, и **изменить классификацию**, составленную по анатомическим и физиологическим критериям
- ✓ **Точность оценки** сходства таксонов зависит от **количества SNP**, использованных для анализа

ДНК-чипы - высокопроизводительная диагностика SNP

Новый метод анализа SNP **диких** видов – использование ДНК-чипов, разработанных для **родственных** им **домашних** видов

Позволяет проводить одновременный анализ нескольких **десятков тысяч** и даже **сотен тысяч** SNP

Число полиморфных SNP*

<i>Ovis</i> (Ovine SNP50 BeadChip)		<i>Capra</i> (Goat SNP50 BeadChip)	
Овца домашняя	≈50 тыс.	Коза домашняя	≈50 тыс.
Муфлон европ.	>35 тыс.	Безоаровый козел	>43 тыс.
Муфлон азиат.	>29 тыс.	Тур	>6 тыс.
Уриал	>28 тыс.	Козерог	>4,5 тыс.
Архар	>11 тыс.		
Снежный баран	>1,2 тыс.		

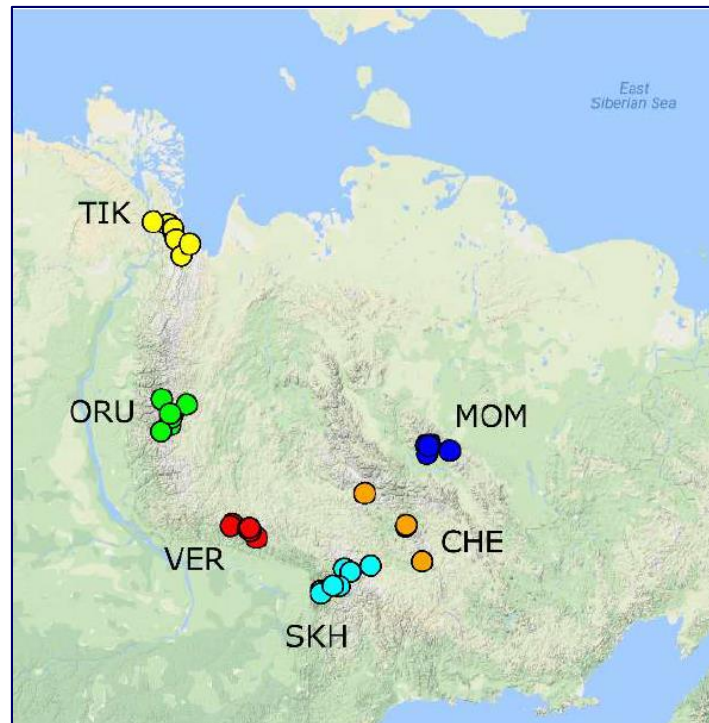
*Чем **больше** число полиморфных SNP, используемых в исследованиях, тем **выше** точность анализа

*Чем **меньше** полиморфных SNP у вида, тем он генетически **более** далек от вида, для которого разработан ДНК-чип

Создание ДНК-банков

При отборе образцов необходимо указание **точной локализации** (GPS координаты), **пола** и **возраста** животного

№ ВИЖ	Место отбора проб, координаты
5463	Момский хребет 66°19'34.09" N; 146°02'30.16" E
5904	Черского хребет 67°21'54.71" N; 138°33'42.03" E
5896	Сунтар-Хаята хр. 63°15'04.81" N; 139°29'52.41" E
5481	Верхоянский хребет 64°05'48.60" N; 134°02'55.78 E
5470	Орулган хребет 67°12'14.34" N; 128°51'47.07" E
5640	Хараулахский хребет (Тикси) 71°21'40.32" N; 128°33'11.93" E

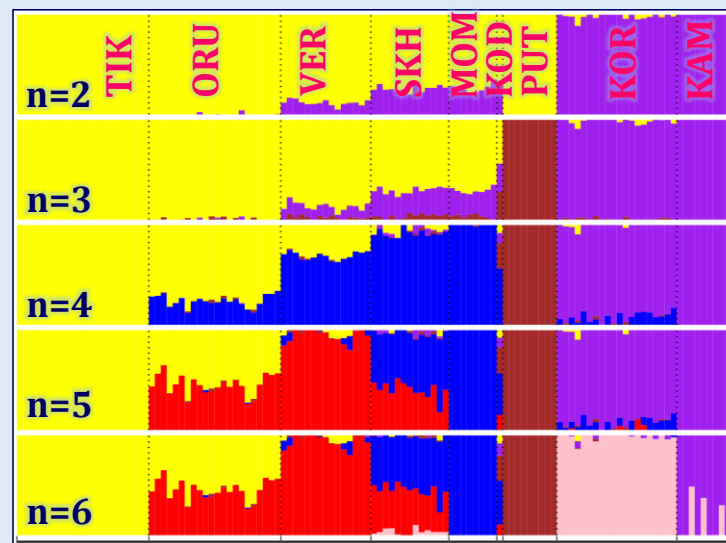
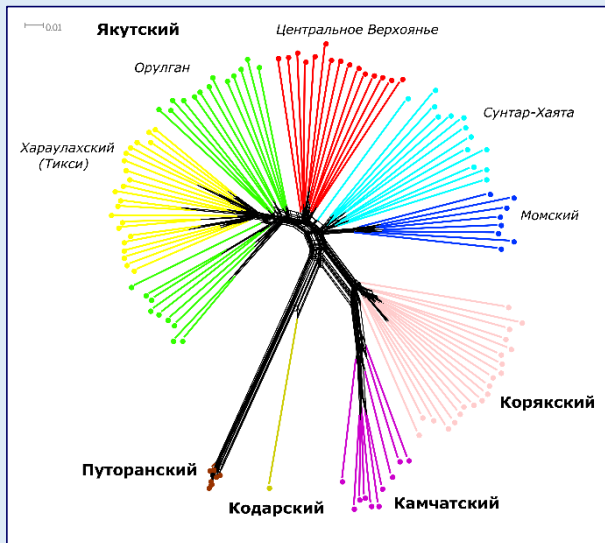


MOM – Момский хребет, **CHE** – хребет Черского, **SKH** – хребет Сунтар-Хаята, **VER** – Верхоянский хребет, **ORU** – хребет Орулган, **TIK** – Хараулахский хребет (Тикси)

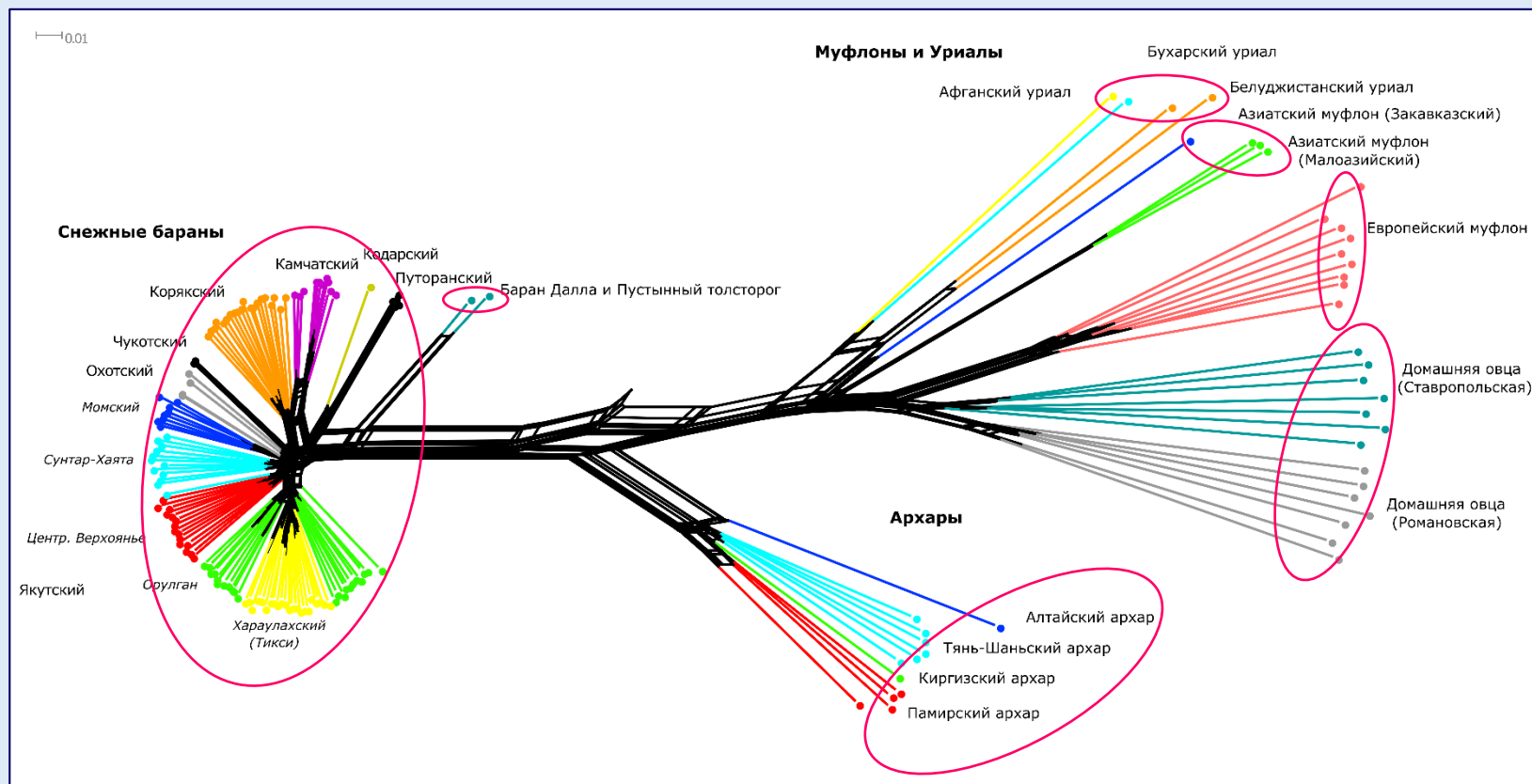
Таксономия снежного барана (*Ovis nivicola*)

Подвид	Латинское название	Чернявский Ф.Б. (2004)	Данилкин А.А. (2005)	Железнов-Чукотский Н.К. (2016)
Камчатский	<i>O.n. nivicola</i>	+	-	+
Корякский	<i>O.n. koriakorum</i>	+	-	+
Якутский	<i>O.n. lydekkeri</i>	+	-	+
Путоранский	<i>O.n. borealis</i>	+	-	+
Охотский	<i>O.n. alleni</i>	-	-	+
Кодарский	<i>O.n. kodarensis</i>	-	-	+
Чукотский	<i>O.n. tschuktschorum</i>	-	-	+

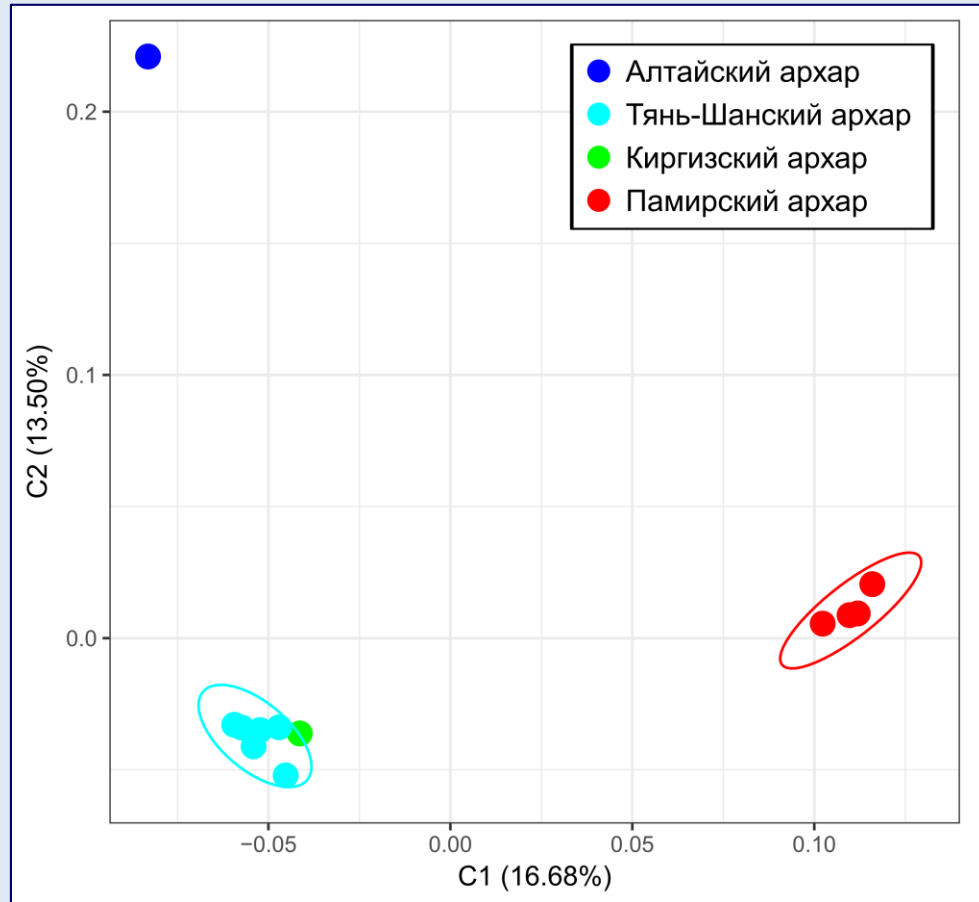
Характеристика внутривидовой структуры *Ovis nivicola* на основании анализа ДНК



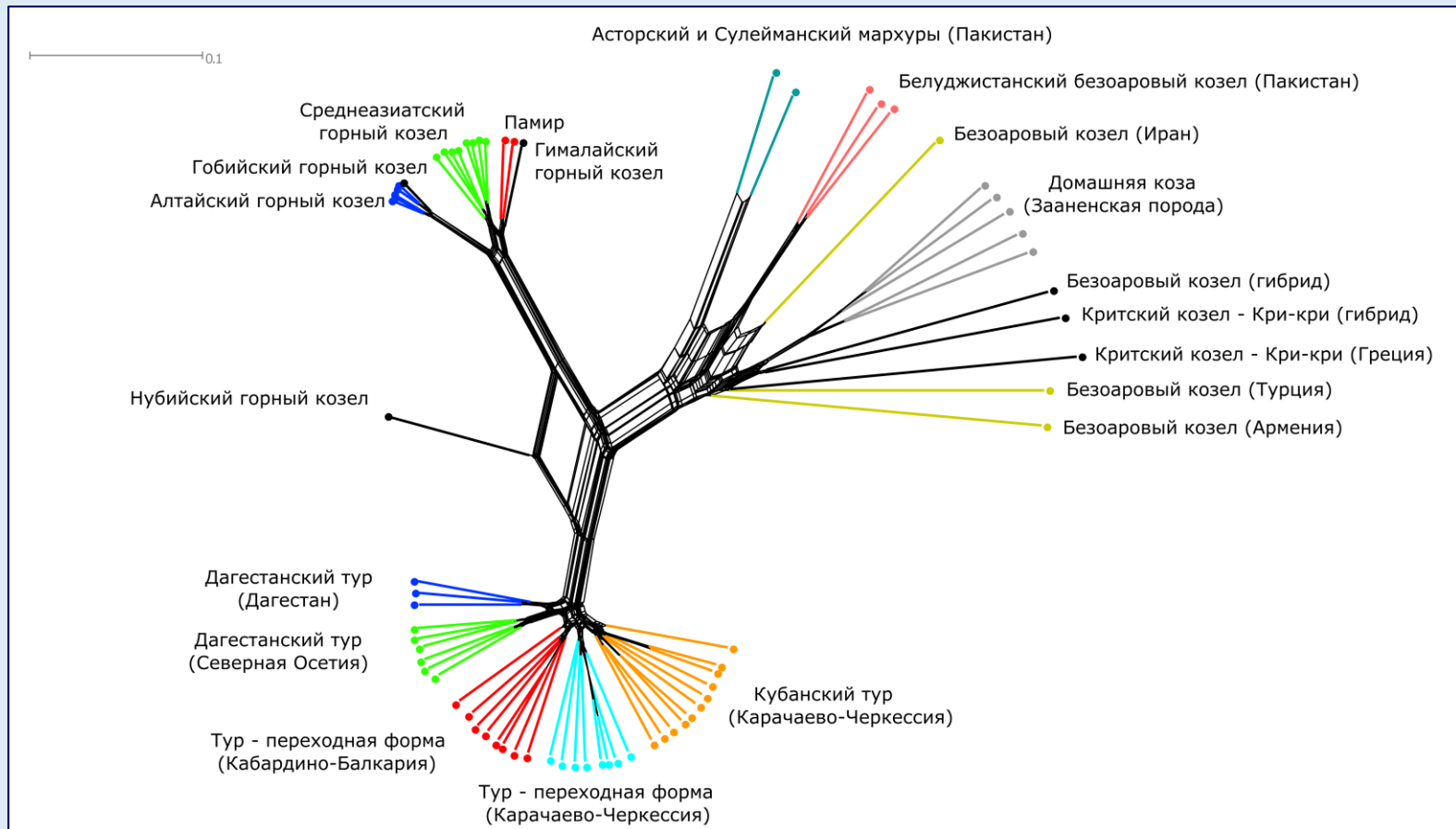
Видовая структура рода *Ovis* по данным ДНК-анализа с использованием Ovine SNP50 BeadChip



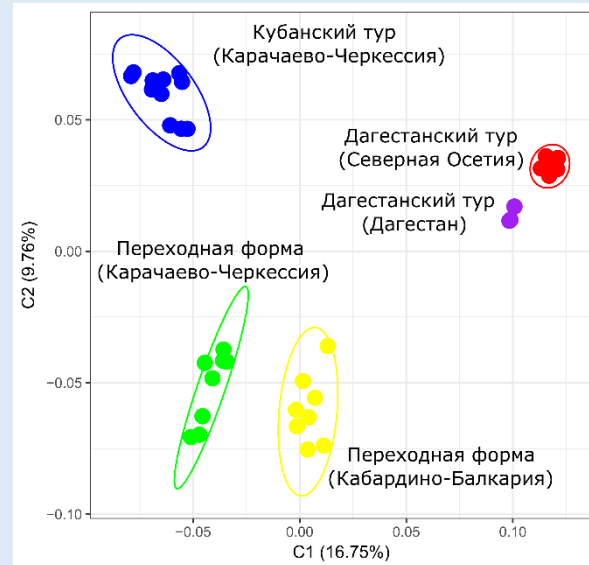
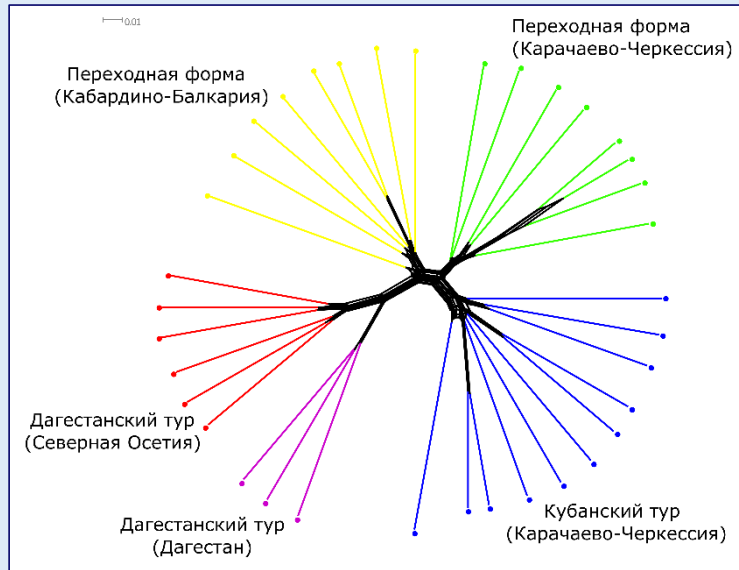
Внутривидовая структура архара (*Ovis ammon*)



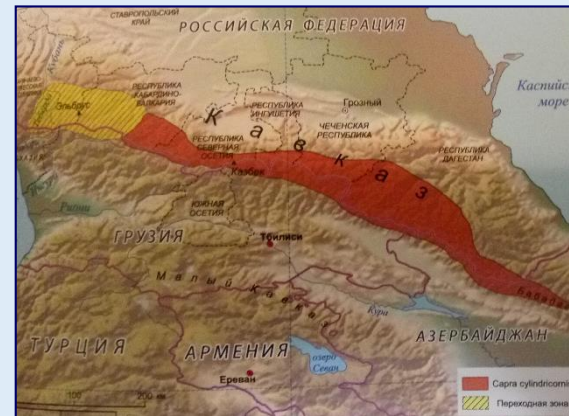
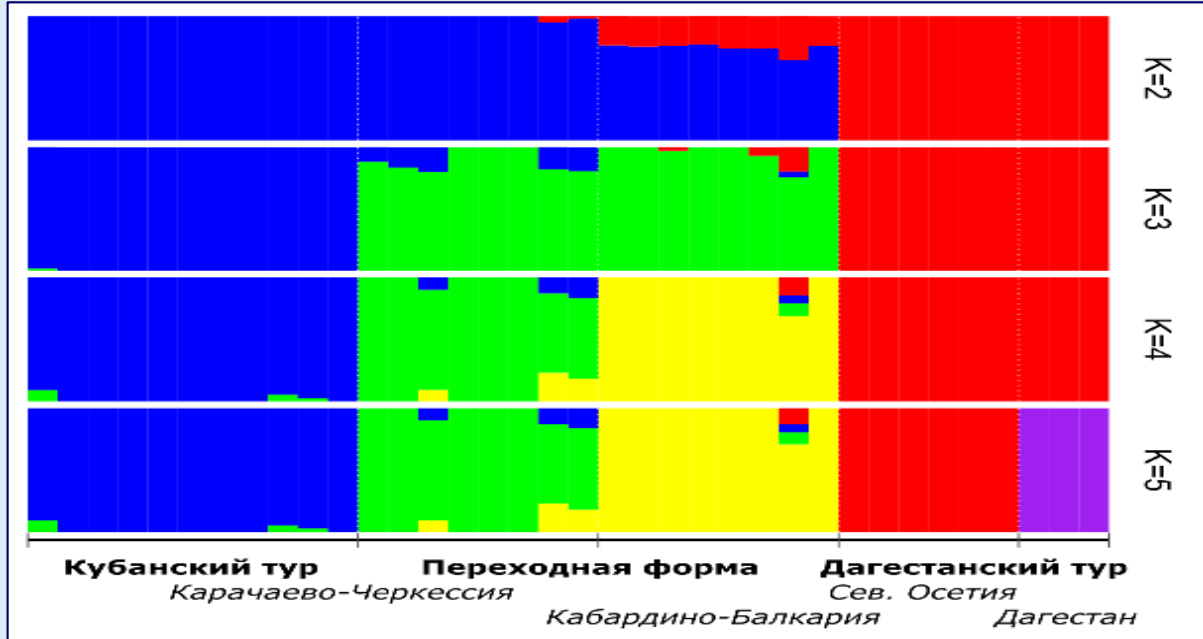
Видовая структура рода *Capra* по данным ДНК-анализа с использованием Goat SNP50 BeadChip



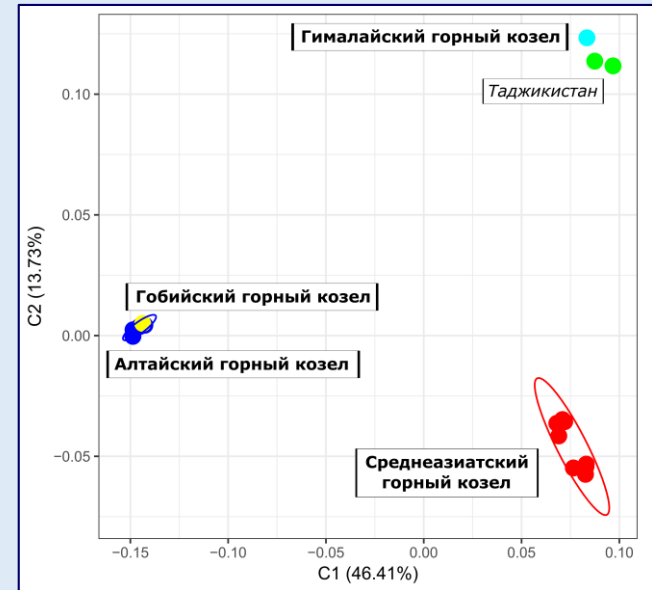
Внутривидовая дифференциация тура



Внутривидовая дифференциация тура



Внутривидовая дифференциация горных козлов



Выводы

- ✓ Развитие **ДНК-технологий** открывает новые возможности в определении степени сходства (различий) между таксонами
- ✓ Для проведения исследований необходимо создание **ДНК-банка** эталонных образцов животных известного происхождения с указанием **точной локализации**, возраста и пола животного описания его **морфологических** характеристик (живая масса, окраска и т.п.)
- ✓ Необходимо **восстановить информацию** о месте отбора ранее отобранных образцов
- ✓ Анализ эталонных образцов позволит уточнить **таксономическую структуру** видов
- ✓ ДНК-профили эталонных образцов могут быть использованы для **определения видовой (подвидовой) принадлежности** образцов с неизвестным (сомнительным) происхождением

**Образцы для исследований
предоставлены:**

Охлопков И.М., к.б.н., Институт биологических проблем
криолитозоны СО РАН (г. Якутск)

Сипко Т.П., к.б.н., Институт проблем экологии и эволюции
им. А.Н. Северцова (г. Москва)

Абилов А.И., д.б.н., ФГБНУ ФНЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста (МО)

Медведев Д.Г., к.б.н., Фонд «Снежный барс» (г. Иркутск)
Клуб горных охотников (г. Москва)

**Исследования выполнены при поддержке
Российского научного фонда,
проект 14-36-00039**