

Сәкен Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университетінің Ғылым жаршысы: пәнаралық = Вестник науки Казахского агротехнического исследовательского университета имени Сакена Сейфуллина: междисциплинарный. – Астана: С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті, 2025. - № 2 (125). - Р. 172-183. - ISSN 2710-3757, ISSN 2079-939X

10.51452/kazatu.2025.2(125).1913

УДК 631.523.5

Обзорная статья

Генетическое разнообразие и структура национальных пород собак

Абылкасымова Г.М. , Толебаева А.Д. , Мить Н.В. ,
Сейсенбаева А.С. , Жаксылыкова А.А. 

РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК, Алматы, Казахстан

Автор-корреспондент: Абылкасымова Г.М.: Gulyam05@mail.ru

Соавторы: (1: АТ) tolebaeva_anara@mail.ru; (2: НМ) nata-mit@yandex.ru

(3: АС) S_akerke@mail.ru; (4: АЖ) Asel_zhaksylykov@mail.ru

Получено: 11-04-2025 **Принято:** 02-06-2025 **Опубликовано:** 30-06-2025

Аннотация

Генетическое разнообразие является ключевым фактором, обеспечивающим здоровье, адаптивный потенциал и выживаемость любых популяций. Высокое генетическое разнообразие создаёт основу для устойчивого развития популяций, в том числе домашних животных. В данной работе проведён обзор генетических исследований структуры популяций различных национальных пород собак, рассмотрены основные закономерности и факторы, влияющие на уровень генетического разнообразия. В обзоре приведены данные, полученные с применением современных методов генетического анализа, включая оценку наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности, а также расчёт коэффициентов инбридинга, что позволяет детально оценить степень генетической вариативности в популяциях. В работе также проведён сравнительный анализ генетической структуры казахских национальных пород собак тазы и тобет с другими известными породами.

Рассматриваются проблемы, связанные с ограниченным генофондом, возникающие в результате исторической изоляции, селекционных практик и сокращения численности пород, что приводит к повышенному риску наследственных заболеваний и снижению адаптивности.

Обсуждаются стратегии по расширению генофонда через контролируемое скрещивание, инбридинг и сохранение редких генетических линий, предлагаются подходы и рекомендации для эффективного и устойчивого разведения пород.

Результаты генетических исследований важны для сохранения биологического разнообразия, и могут быть использованы в ветеринарии и в племенном деле. Они вносят существенный вклад в разработку эффективных программ сохранения и разведения пород, поскольку позволяют повысить устойчивость к внешним стрессовым факторам, снизить вероятность возникновения генетических дефектов и обеспечить долгосрочное сохранение уникальных генетических ресурсов национальных пород собак.

Ключевые слова: генетическое разнообразие; инбридинг; национальные породы собак; селекция; сохранение пород.

Введение

Собаки (*Canis lupus familiaris*) – одни из самых разнообразных и широко распространённых домашних животных. За долгие годы, прошедшие с момента их одомашнивания человеком, выведено множество пород и разновидностей собак. В разных регионах мира под влиянием природно-климатических и социально-экономических факторов сложились свои породы собак, прошедшие длительный отбор, приспособленные к условиям содержания, отличающиеся определенными рабочими качествами [1, 2, 3].

Результатом многовековой селекции являются национальные породы собак, имеющие свои характерные особенности, сформированные на основе искусственного отбора по желаемым признакам, а также уникальные генетические характеристики, которые определяют их внешний вид, физические признаки, поведение, предрасположенность к различным заболеваниям.

Важной составляющей генетической характеристики породы является генетическое разнообразие. Генетическое разнообразие можно охарактеризовать как вариации в генетическом материале различных популяций. Однако, высокая частота инбридинга, применяемого для сохранения породных признаков, приводит к уменьшению генетического разнообразия и накоплению в популяции генетического груза. Важно отметить, что ограничение генетического фонда может привести к повышению вероятности наследственных заболеваний и ухудшению адаптивных способностей собак, что создаёт угрозы для их здоровья. Изучение генетической структуры популяций позволяет понять, какие породы находятся под наибольшей угрозой, и какие меры необходимо предпринять для сохранения их здоровья и жизнеспособности. Предлагаемый обзор посвящён анализу генетического разнообразия различных национальных пород собак, в том числе казахских национальных пород собак Тазы и Тобет, а также возможностям их сохранения и устойчивого разведения.

Генетическое разнообразие

Генетическое разнообразие представляет собой важный компонент генетической характеристики популяции, группы популяций или вида. Это понятие включает в себе совокупность генетических маркеров породы и играет ключевую роль в обеспечении выживаемости, адаптации и эволюции.

Генетическое разнообразие является основой здоровья и устойчивости любых популяций, включая домашних животных. Высокое генетическое разнообразие в популяции способствует улучшению работы иммунной системы, повышает устойчивость к болезням и способность адаптироваться к изменяющимся условиям окружающей среды. С каждым десятилетием растёт внимание к вопросам сохранения генетического разнообразия у собак, особенно среди пород с ограниченным генофондом, что может угрожать их долгосрочной жизнеспособности и здоровью.

Генетическое разнообразие национальных пород собак определяется рядом факторов, включая их историческое происхождение, численность популяции, методы разведения и степень изоляции от других пород. В общем, генетическое разнообразие может быть, как относительно высоким, так и низким в зависимости от условий.

Факторы, влияющие на генетическое разнообразие и генетическую структуру пород собак

Структура популяций домашних собак также обусловлена множеством факторов, которые влияют на их генетическое разнообразие. Рассмотрим ключевые из них, включая географическое распределение, исторические и культурные особенности, человеческое вмешательство, размер популяции, генетический дрейф, миграцию и экосистемные адаптации.

Одним из факторов, оказывающих существенное влияние на генетическое разнообразие, является географическая изоляция. Географическая изоляция препятствует обмену генетическим материалом с другими популяциями, что способствует образованию локальных генетических линий [4]. В условиях географической изоляции популяции собак развиваются независимо друг от друга, что приводит к накоплению уникальных генетических признаков. Например, такие породы собак, как хаски и маламуты, развивались в суровых климатических условиях Сибири и других северных регионов, что привело к возникновению уникальной генетической структуры, приспособленной к низким температурам и высокому физическому напряжению [4].

В противоположность изоляции, миграция и скрещивание между популяциями могут значительно увеличить генетическое разнообразие. Когда разные популяции собак, ранее изолированные, начинают обмениваться генами, это ведёт к увеличению гетерозиготности и появлению новых генетических признаков. Скрещивание домашних собак с дикими волками также может внести новые генетические вариации, что способствует укреплению здоровья популяции и её устойчивости к болезням [5]. Одним из самых значительных факторов, оказывающих влияние на генетическое разнообразие собак, является человеческая селекция. В процессе разведения собак акцент часто делается на определённые физические и поведенческие характеристики, что ограничивает генетическое разнообразие и может вести к инбридингу.

Например, немецкие овчарки, несмотря на свои выдающиеся рабочие качества, подверглись селекции, которая привела к снижению генетического разнообразия и увеличению частоты генетических заболеваний, таких как дисплазия тазобедренного сустава [6]. Селекция с фокусом на стандарты породы, без учёта генетической изменчивости, может быть вредной для здоровья популяции в долгосрочной перспективе [6].

Размер популяции является ещё одним фактором, оказывающим существенное влияние на её генетическую структуру. Размер популяции напрямую связан с уровнем генетического разнообразия. Малая популяция подвергается большему риску случайных изменений частот аллелей, что может существенно повлиять на её структуру. Эти процессы особенно важны для редких пород, таких как чихуахуа, где ограниченное число основателей и интенсивная селекция приводят к сужению генетической базы. Малые популяции могут столкнуться с проблемой потери уникальных генетических признаков, что делает их уязвимыми к генетическим заболеваниям [7].

На генетическое разнообразие породы также может влиять широко известное явление генетического дрейфа - колебания частот аллелей в ряду поколений в популяциях с ограниченной численностью. Этот процесс чаще всего наблюдается в изолированных популяциях, где определённые генетические линии могут исчезать, что ведёт к утрате генетического разнообразия. Генетический дрейф является наиболее значимым для малых популяций. Например, для породы басенджи, которая образовалась из ограниченного числа основателей, генетический дрейф сыграл значительную роль в формировании её современной генетической структуры. Это подчёркивает важность управления популяциями и сохранения генетического разнообразия для предотвращения генетических потерь. Генетический дрейф проявляется в случае, если в популяции имеется небольшое число особей в ряду поколений. В небольшой популяции, подвергающейся генетическому дрейфу на протяжении нескольких поколений, вероятность исчезновения генетического разнообразия намного больше, чем в популяции, подвергшейся генетическому бутылочному горлышку, поскольку после прохождения бутылочного горлышка популяция может обновиться [8, 9].

Существенными факторами в формировании генетической структуры популяций являются экологические условия и адаптация к ним. Породы собак, развивавшиеся в экстремальных условиях, например, тибетский мастиф, имеют уникальные генетические характеристики, которые позволяли им адаптироваться к жизни в высокогорных районах. Адаптация к различным климатическим условиям, в том числе повышенной физической активности, тесно связана с генетическими изменениями в популяции. Эти особенности определяют, какие аллели будут доминировать в популяции, и как она будет эволюционировать в долгосрочной перспективе [10]. Важную роль в формировании генетической структуры популяции играют также исторические и культурные факторы. Разведение собак всегда было тесно связано с человеческими потребностями. Это влияло на выбор характеристик для каждой породы, что могло ограничить генетическое разнообразие. Например, в России разведение борзых было направлено на совершенствование охотничьих качеств, что привело к существенному сужению генетического пула. Отбор по предпочтительнее для человека признакам способствовал сохранению ряда генетических особенностей, но также ограничивал возможности для генетической диверсификации [11]. Таким образом, исторические и культурные предпочтения также имеют большое значение для формирования генетической структуры [11].

Методы, используемые для оценки генетического разнообразия и структуры популяций

Для оценки генетического разнообразия и структуры популяций собак используются различные молекулярно-генетические методы. Наиболее популярными и эффективными методами являются анализ микросателлитов и SNP-маркеров (однонуклеотидных полиморфизмов). Эти методы позволяют исследовать вариации в ДНК и дают точную информацию о генетическом разнообразии и структуре популяций.

Метод микросателлитов является наиболее распространённым подходом для оценки генетического разнообразия [12]. Микросателлиты – это участки ДНК, которые состоят из повторяющихся коротких (2-6 пар оснований) последовательностей нуклеотидов. Эти участки являются высоко полиморфными, что делает их наиболее подходящими маркерами для

исследования генетического разнообразия. Количество повторов в микросателлитах может различаться у разных особей, что позволяет различать популяции и устанавливать степень их генетического различия. Например, в исследовании, проведённом на популяции домашних собак, было использовано более 20 микросателлитных маркеров для оценки генетического разнообразия и структуры. Результаты показали значительное различие в генетическом разнообразии между различными породами и национальными популяциями собак. Также, анализ микросателлитов показал, что породы с меньшим числом особей (например, чихуахуа и басенджи) имели меньшее генетическое разнообразие, чем более многочисленные породы (например, лабрадор или немецкая овчарка) [6]. Анализ микросателлитов включает несколько этапов. На первом этапе проводят выделение ДНК из биологического материала (крови, ткани, клетки). Далее используют метод полимеразной цепной реакции (ПЦР). Затем проводят амплификацию микросателлитных маркеров и анализируют количество повторов в каждой популяции с помощью флуоресцентной маркировки и генотипирования. Полученные данные используют для расчёта индексов генетического разнообразия (например, ожидаемое и наблюдаемое разнообразие, коэффициенты дифференциации) [13, 14].

Анализ SNP-маркеров является другим распространённым методом изучения генетической структуры популяций. SNP-маркеры (однонуклеотидные полиморфизмы) представляют собой самые распространённые генетические вариации в ДНК. Они отражают изменения в одном нуклеотиде, что делает их удобными для массового анализа. SNP анализ позволяет получить подробную информацию о генетических различиях на уровне отдельных нуклеотидов, что делает этот метод очень мощным для исследования не только генетического разнообразия, но и генетической структуры популяций. Анализ STR-маркеров даёт ценную информацию о генетическом разнообразии различных видов и пород животных [15]. Так, в исследовании Savolainen с соавторами [5], проведённом на основе данных геномного анализа, были использованы SNP-маркеры для оценки генетической структуры домашних собак. Это исследование выявило значительное разделение между популяциями собак, даже если они были в одной породе, из-за различий в географическом происхождении. Миграция и смешение различных популяций, согласно результатам SNP-анализа, влияли на генетическую структуру популяций собак, увеличивая генетическое разнообразие [5]. В отличие от микросателлитного анализа, для SNP-анализа используется технологии секвенирования нового поколения (NGS) или массивы для генотипирования, которые могут выявить огромное количество однонуклеотидных полиморфизмов по всей геномной области. Например, для оценки генетической структуры популяций собак в одном из исследований было секвенировано более 10 000 SNP-маркеров, что позволило точно классифицировать популяции и определить степень их генетической изоляции и миграции.

Каждый из приведённых методов имеет свои преимущества и недостатки. К преимуществам метода микросателлитов относят высокую степень полиморфизма микросателлитных участков, что позволяет выявлять различия между популяциями, даже если они имеют схожие внешние признаки. В свою очередь, SNP-маркеры позволяют получить более детализированную информацию о генетических различиях, имея большую репрезентативность и стабильность при исследовании больших популяций. К недостаткам микросателлитного анализа можно отнести необходимость проведения довольно сложных лабораторных процедур для амплификации и генотипирования. К недостаткам SNP-анализа относится высокая стоимость анализа, поскольку для секвенирования и генотипирования необходимо применение высокотехнологичного оборудования.

Таким образом, анализ микросателлитов и SNP-маркеров является основным инструментом для оценки генетического разнообразия и структуры популяций собак. Оба метода позволяют получить важную информацию о генетической изоляции, уровне разнообразия и происхождении разных популяций собак. Например, анализ микросателлитов помогает выявить различия между породами и географическими популяциями, в то время как SNP-анализ даёт более глубокое понимание структуры генома и механизмов эволюции домашних собак. Эти методы могут использоваться как в научных исследованиях, так и в практическом селекционном разведении для повышения качества и устойчивости пород.

Исследования структуры различных национальных пород собак

Национальные породы собак развивались в определенных регионах, и их генетическое разнообразие формировалось под влиянием местных условий и предпочтений человека. Каждая порода имеет свои уникальные черты, которые связаны с интересами местных сообществ и целями использования. В этом разделе мы проанализировали исследования, посвященные изучению генетической структуры 14 популярных национальных пород собак.

В таблице 1 приведены основные генетические характеристики популяций, такие как степень гетерозиготности H_O и H_E и коэффициент инбридинга популяции (FIS).

Таблица 1 – Степень гетерозиготности и коэффициент инбридинга у разных пород собак

Название породы (ссылка на исследование)	Маркер	Количество исследованное	Уровень генетического разнообразия
Немецкая овчарка Польша [16]	STR	260	$H_O=0.5451$ $H_E=0.5541$ $Fis=0.0171$
Мальтийская болонка Польша [16]	STR	81	$H_O=0.6855$ $H_E=0.6771$ $Fis=-0.0127$
Ирландский волкодав Польша [16]	STR	86	$H_O=0.4911$ $H_E=0.4743$ $Fis=-0.0373$
Йоркширский терьер Польша [16]	STR	77	$H_O=0.6623$ $H_E=0.6981$ $Fis=0.0533$
Бивер-йоркширский терьер Польша [16]	STR	131	$H_O=0.6608$ $H_E=0.6581$ $Fis=-0.0041$
Золотистый ретривер Польша [16]	STR	48	$H_O=0.5922$ $H_E=0.5620$ $Fis=-0.0490$
Лабрадор-ретривер Польша [16]	STR	103	$H_O=0.5954$ $H_E=0.5886$ $Fis=0.0088$
Французский бульдог Польша [16]	STR	117	$H_O=0.6077$ $H_E=0.6177$ $Fis=0.0173$
Маннарская собака Sicily (Italy) [17]	STR	12	$H_O=0.337$ $H_E=0.339$ $Fis=0.003$
Неаполитанский мастифф Sicily (Italy) [17]	STR	12	$H_O=0.263$ $H_E=0.260$ $Fis=-0.013$
Кавказская овчарка Sicily (Italy) [17]	STR	12	$H_O=0.316$ $H_E=0.256$ $Fis=-0.141$
Польская борзая. Польша [18]	21 STR	235	$H_O=0.656$ $H_E=0.644$ $Fis=-0.018$

Продолжение таблицы 1

Тазы. Казахстан [19]	19 STR	109	$H_o = 0,748$ $H_e = 0,769$ $Fis = (-0,05 \pm 0,02)$
Тобет. Казахстан [20]	19STR	300	$H_o = 0,780$ $H_e = 0,810$ $Fis = -0,001$

Как видно из таблицы 1, генетическая структура и характеристики популяций у разных пород собак значительно различаются. Так, среди исследованных пород собак наибольшая гетерозиготность была зафиксирована у мальтийской болонки, йоркширского терьера и бивер-йоркширского терьера. В то же время, самые низкие показатели гетерозиготности отмечены у неаполитанского мастифа, кавказской овчарки, маннарской собаки и ирландского волкодава. Коэффициент инбридинга (FIS) варьировал от - 0,018 (польская борзая) до 0,053 (йоркширский терьер), что указывает на существенные различия в степени генетического разнообразия и уровня инбридинга среди пород [16]. Довольно высокогенетическое разнообразие обнаружено у маннарской собаки, при этом уровень генетического разнообразия соответствует ожидаемым значениям, что говорит о сбалансированной популяции. Коэффициент инбридинга для этой породы очень близок к нулю, что подтверждает низкий уровень родственного скрещивания [17]. Таким образом, довольно высокий уровень гетерозиготности маннарской собаки указывает на хорошее генетическое разнообразие, и вместе с практически нулевым коэффициентом инбридинга делает породу генетически устойчивой. Это особенно заметно в сравнении с кавказской овчаркой, у которой коэффициент инбридинга $Fis = -0.141$, что указывает на более сильное генетическое смешение. Отрицательное значение коэффициента инбридинга может свидетельствовать об избытке гетерозиготности в популяции, что может быть связано с процессами, такими как естественный или искусственный отбор, миграция или скрещивание особей из разных популяций.

У неаполитанского мастифа значения H_o и H_e почти идентичны: 0.263 и 0.260 соответственно, а коэффициент инбридинга $Fis = -0.003$. Это говорит о сбалансированном распределении генетического разнообразия без выраженного избытка или недостатка инбридинга.

Таким образом, для пород маннары и неаполитанского мастифа показатели генетического разнообразия достаточно сбалансированы, в то время как овчарка кавказская демонстрирует явный избыток гетерозиготности.

Исследование польской борзой показало низкий уровень инбридинга в популяции. Средний коэффициент инбридинга (FIS) для 21 STR-локуса имел отрицательное значение (-0,018), что свидетельствует об отсутствии выраженного инбридинга и систематическом избегании спаривания между родственными особями. Гетерозиготность (H_o и H_e) у этой породы также сохраняется на относительно высоком уровне. H_o составляет 0,37, H_e – 0,38, а по отдельным локусам H_o варьирует в диапазоне 0,43–0,82. Средняя наблюдаемая гетерозиготность всех STR-локусов достигает 66%. Таким образом, популяция польской борзой демонстрирует генетическое разнообразие и низкую степень инбридинга, что подтверждается отрицательными значениями FIS и сравнительно высокой гетерозиготностью. Положительные значения FIS были получены для девяти локусов в диапазоне от 0,005 для REN247M23 до 0,07 для INU005 и FH2054 [18].

Группой казахстанских учёных были проведены исследования генетической структуры казахских национальных пород тазы и тобет.

На основе микросателлитного анализа 19 STR локусов были определены гаплотипы и рассчитаны основные показатели генетической изменчивости как для всей популяции тазы, так и для отдельных субпопуляций [19, 20]. Все изученные локусы оказались полиморфными, с количеством аллелей от 3 до 12 на каждом локусе.

Среднее значение коэффициента полиморфизма PIC составило $0,74 \pm 0,09$ для общей популяции. Среднее количество аллелей на локус равнялось 9,778, что является довольно высоким показателем и свидетельствует о достаточной генетической изменчивости породы тазы [20].

Следует отметить, что значение N_a у тазы выше, чем соответствующий показатель у многих других пород собак, таких как немецкая овчарка, мальтийская болонка, йоркширского терьера ($N_a=3,3-3,5$ для тех же локусов) [16]. Отрицательное значение F_{IS} ($-0,05\pm 0,02$) свидетельствует о низком уровне инбридинга и является положительным фактором для здоровья популяции. Таким образом, порода тазы показывает довольно высокий уровень гетерозиготности, что говорит о разнообразии аллелей и, соответственно, о возможности адаптации породы к изменяющимся условиям среды [19].

Аналогичные исследования были проведены для казахской национальной породы тобет. Результаты микросателлитного анализа показали высокий уровень полиморфизма PIC, который составил не менее 60% для всех исследованных локусов [20]. Среднее значение коэффициента полиморфизма PIC составило $0,743\pm 0,084$ и было сопоставимо с аналогичным показателем для корейского джиндо (0,88), и выше значений, полученных для французского бульдога и татарнской овчарки (0,5602 и 0,6598 соответственно) [16, 23]. Среднее эффективное число аллелей N_e составило $5,47\pm 0,32$ [24]. Это ниже, чем у тибетского мастифа ($N_a=7,7$) [25], но выше, чем у французского бульдога ($N_e=2,6$) и английского бульдога ($N_e=2,7$) [25]. Наблюдаемая гетерозиготность составила 78%, что выше, чем значения этого показателя, наблюдаемые у тибетского мастифа, французского бульдога ($H_o=0,69-0,76$ и 0,61 соответственно) и ряда других пород. Низкий коэффициент инбридинга ($F_{is}=0,03$) указывает на минимальный инбридинг в породе казахский тобет. В результате секвенирования полного генома двух собак породы тобет была продемонстрирована сложная генетическая структура породы, включающая 7 различных кластеров, что больше, чем известно для других пород. Все 7 генетических кластеров присутствовали во всех четырёх популяциях из разных регионов Казахстана [24]. Филогенетическое дерево, построенное на основе последовательностей митохондриальной D-петли, показало общее генетическое происхождение с породой турецкий акбаш и среднеазиатской овчаркой. Наличие гаплотипа A18 у казахского тобета подтверждает гипотезу о древнем происхождении породы, поскольку гаплогруппа A является наиболее древней и предположительно была введена в популяции собак на ранних стадиях одомашнивания и сыграла решающую роль в эволюции различных пород собак [25, 26, 27].

В целом, полученные результаты свидетельствуют о высоком уровне генетического разнообразия в популяции тобетов, что является благоприятным фактором для долгосрочного поддержания породы и обеспечивают важную генетическую основу для продолжающихся усилий по улучшению казахской национальной породы тобет.

Заключение

В заключении можно отметить, что генетическое разнообразие и структура национальных пород собак являются результатом сложного взаимодействия множества биологических, исторических и экологических факторов. Географическая изоляция, исторические условия, масштаб и особенности человеческого вмешательства, размер популяций, генетический дрейф, миграция, а также экосистемные адаптации – все эти аспекты в совокупности определяют, как поддержание, так и уменьшение генетической вариабельности в популяциях. Изменения в генетическом составе напрямую влияют на здоровье, жизнеспособность и адаптивный потенциал пород, что, в свою очередь, сказывается на их выживаемости в условиях изменяющейся окружающей среды. Полученные данные имеют важное практическое значение для различных областей. Так, в племенном деле понимание генетической структуры помогает селекционерам правильно подбирать особей для скрещивания, что способствует снижению риска наследственных заболеваний и улучшению общего генетического здоровья потомства. Для пород, находящихся под угрозой исчезновения, генетические исследования являются основой для разработки программ по их сохранению и восстановлению, позволяющих сохранить редкие генофонды и обеспечить устойчивость популяций в долгосрочной перспективе. Кроме того, генетическая информация позволяет ученым разрабатывать стратегии по повышению устойчивости к болезням и адаптивным качествам пород. Это особенно актуально в условиях глобальных изменений, когда экосистемы претерпевают существенные модификации, а угрозы со стороны патогенов и неблагоприятных климатических условий становятся всё более заметными. Современные

генетические методы дают возможность не только анализировать текущую генетическую структуру, но и прогнозировать будущие изменения, что позволяет своевременно принимать меры по сохранению и укреплению генетического разнообразия.

Таким образом, исследование генетической структуры и разнообразия национальных собак имеет значение не только для глубокого понимания процессов эволюции и адаптации, но и для практических задач в области ветеринарии, племенного дела. Комплексный подход, объединяющий генетические исследования, экологический анализ и практику селекции, создаёт основу для разработки эффективных стратегий по сохранению биологического разнообразия и поддержанию здоровья популяций собак. Это, в свою очередь, способствует не только сохранению уникальных пород, но и поддержанию баланса в экосистемах, что имеет большое значение для устойчивого развития сельского хозяйства и охраны природы в целом.

Вклад авторов

ГА, АТ и НМ: концептуализировали и провели всесторонний поиск литературы, проанализировали собранные данные и подготовили рукопись. АС и АЖ: провели окончательную редакцию и вычитку рукописи. Все авторы прочитали, просмотрели и одобрили окончательную редакцию рукописи.

Информация о финансировании

Работа выполнена в рамках ПЦФ №BR21881977, 2023-2025, номер госрегистрации 0123PK01136 Комитета науки Министерства науки и высшего образования Республики Казахстан.

Список литературы

- 1 Wayne, RK, von Holdt, BM. (2012). Evolutionary genomics of dog domestication. *Mamm Genome*, 23(1-2), 3-18. DOI: 10.1007/s00335-011-9386-7.
- 2 Larson, G., Karlsson, EK, Perri, A., Webster, MT, Ho, SY, Peters, J., Stahl, PW, Piper, PJ, Lingaas, F., Fredholm, M., Comstock, KE, Modiano, JF, Schelling, C., Agoulnik, AI, Leegwater, PA, Dobney, K., Vigne, JD, Vilà, C., Andersson, L., Lindblad-Toh, K. (2012). Rethinking dog domestication by integrating genetics, archeology, and biogeography. *Proc Natl AcadSci USA*, 109(23), 8878-83. DOI: 10.1073/pnas.1203005109.
- 3 Pedersen, NC, Liu, H., Leonard, A., Griffioen, L. (2015). A search for genetic diversity among Italian Greyhounds from Continental Europe and the USA and the effect of inbreeding on susceptibility to autoimmune disease. *Canine Genet Epidemiol.*, 30: 2, 17. DOI: 10.1186/s40575-015-0030-9.
- 4 Lindblad-Toh, K., et al. (2005). Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog. *Nature*, 438(7069), 803-19. DOI: 10.1038/nature04338.
- 5 Savolainen, P., Zhang, YP, Luo, J., Lundeberg, J., Leitner, T. (2002). Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science*, 298(5598), 1610-3. DOI: 10.1126/science.1073906.
- 6 Bannasch, D., et al. (2010). Canine genetic diversity and its relation to breed standards. *Animal Genetics*, 41(1), 60-64.
- 7 Sutter, NB, Bustamante, CD, Chase, K., Gray, MM, Zhao, K., Zhu, L., Padhukasahasram, B., Karlins, E., Davis, S., Jones, PG, Quignon, P., Johnson, GS, Parker, HG, Fretwell, N., Mosher, DS, Lawler, DF, Satyaraj, E., Nordborg, M., Lark, KG, Wayne, RK, Ostrander, EA. (2007). A single IGF1 allele is a major determinant of small size in dogs. *Science*, 316(5821), 112-5. DOI: 10.1126/science.1137045.
- 8 Oliveira, HR, Tomás, D., Silva, M., Lopes, S., Viegas, W., Veloso, MM. (2016). Genetic diversity and population structure in Vicia faba L. landraces and wild related species assessed by nuclear SSRs. *PloS one*, 11(5), e0154801.
- 9 Fadhil, M., Zülkadir, U., Aytengin, İ. (2018). Genetic Diversity in Farm Animals. *Elixir Horm. Signal.*, 50032-50037.
- 10 Vonholdt, BM, Pollinger, JP, Lohmueller, KE, Han, E., Parker, HG, Quignon, P., Degenhardt, JD, Boyko, AR, Earl, DA, Auton, A., Reynolds, A., Bryc K., Brisbin, A., Knowles, JC, Mosher, DS,

Spady, TC, Elkahouloun, A., Geffen, E., Pilot, M., Jedrzejewski, W., Greco, C., Randi, E., Bannasch, D., Wilton, A., Shearman, J., Musiani, M., Cargill, M., Jones, PG, Qian, Z., Huang, W., Ding, ZL, Zhang, YP, Bustamante, CD, Ostrander, EA, Novembre, J., Wayne, RK. (2010). Genome-wide SNP and haplotype analyses reveal a rich history underlying dog domestication. *Nature*, 464(7290), 898-902. DOI: 10.1038/nature08837.

11 Knierim, U., et al. (2003). Genetic structure and differentiation in the domestic dog: Evidence for spatial and temporal variation. *Molecular Ecology*, 12(6), 1765-1777.

12 Olschewsky, A., Hinrichs, D. (2021). An Overview of the Use of Genotyping Techniques for Assessing Genetic Diversity in Local Farm Animal Breeds. *Animals (Basel)*, 11(7), 2016. DOI: 10.3390/ani11072016.

13 Koskinen, MT. (2003). Individual assignment using microsatellite DNA reveals unambiguous breed identification in the domestic dog. *Anim Genet.*, 297-301. DOI: 10.1046/j.1365-2052.2003.01005.x

14 Gagliardi, R., Llambí, S., García, C., Arruga, MV. (2011). Microsatellite characterization of Cimarron Uruguayo dogs. *Genet Mol Biol.*, 34(1), 165-8. DOI: 10.1590/S1415-47572010005000101.

15 Li, Z., Wang, Z., Chen, Z., et al. (2023). Systematically identifying genetic signatures including novel SNP-clusters, nonsense variants, frame-shift INDELs, and long STR expansions that potentially link to unknown phenotypes existing in dog breeds. *BMC Genomics*, 24, 302. DOI:10.1186/s12864-023-09390-6/.

16 Radko, A., Podbielska, A. (2021). Microsatellite DNA Analysis of Genetic Diversity and Parentage Testing in the Popular Dog Breeds in Poland. *Genes.*, 485. DOI:10.3390/genes12040485.

17 Luigi, L., Bionda, A Cortellari, M., Negro, A., Crepaldi, P.(2021). From phenotypical to genomic characterisation of the mannara dog: an italian shepherd canine resource. *Italian Journal of Animal Science; Bologna*, 20(1), 1431-1443. DOI:10.1080/1828051X.2021.1972852

18 Goleman, M., Balicki, I., Radko, A., Rozempolska-Rucińska, I., Zięba, G. (2021). Pedigree and Molecular Analyses in the Assessment of Genetic Variability of the Polish Greyhound. *Animals*, 11, 353. DOI:10.1080/1828051X.2021.1972852.

19 Перфильева, АВ, Беспалова, КБ, Кузовлева, ЕБ, Беспалов, СВ, Бегманова, МО, Абылкасымова, ГМ, Сейсенбаева, АС, Вишнякова, ОВ. (2024). Оценка генофонда собак породы тазы с использованием микросателлитного анализа. *Вестник Евразийского национального университета имени Л.Н. Гумилева. Серия Биологические наук*, 2, 58-68. DOI: 10.32523/2616-7034-2024-147-2-58-68.

20 Перфильева, АВ, Беспалова, КБ, Бегманова, МО, Кузовлева, ЕБ. (2024). Оценка генетического разнообразия собак казахской национальной породы Тобет южного региона Казахстана. *3i: intellect, idea, innovation*, 1, 58-67. DOI:10.52269/22266070_2024_1_58.

21 Perfilyeva, A., Bepalova, K., Bepalov, S., Begmanova, M., Kuzovleva, Y., Zhaniyazov, Zh., Vishnyakova, O., Nazarenko, I., Perfilyeva, Y., Khamdiyeva, O., Bekmanov, B. (2023). Kazakh national dog breed Tazy: *What do we know?* *PLOS ONE*, IF3.7. DOI: 10.1371/journal.pone.0282041.

22 Radko, A., Podbielska, A. (2021). Microsatellite DNA Analysis of Genetic Diversity and Parentage Testing in the Popular Dog Breeds in Poland. *Genes*, 12(4), 485. DOI:10.3390/genes12040485.

23 Radko, A., Rubiś, D., Szumiec, A. (2017). Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog. *Indian Journal of Animal Research*, 46, 254-256. DOI:10.1080/09712119.2017.1292912.

24 Perfilyeva, A., Bepalova, K., Kuzovleva, Y., et al. (2024). Genetic diversity and origin of Kazakh Tobet Dogs. *Sci Rep*, 14, 23137. DOI:10.1038/s41598-024-74061-9.

25 Ye, J., Ren, D., Xie, A., et al. (2009). Microsatellite-based Genetic Diversity and Evolutionary Relationships of Six Dog Breeds. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 1102-1106. DOI: 10.5713/ajas.2009.80493.

26 Thai, QK, Nguyen, TT, Pham, HT. (2023). mtDNA haplotype network analysis: Exploring genetic relationships and diversity in dog haplogroups. *GSC Biol. Pharm. Sci.*, 24. DOI: 10.30574/gscbps.2023.24.1.0284.

27 Pedersen, NC, Pooch, AS, Liu, H. (2016). A genetic assessment of the English bulldog. *Canine Genet Epidemiol*, 3, 6. DOI:10.1186/s40575-016-0036-y.

References

- 1 Wayne, RK, von Holdt, BM. (2012). Evolutionary genomics of dog domestication. *Mamm Genome*, 23(1-2), 3-18. DOI: 10.1007/s00335-011-9386-7.
- 2 Larson, G., Karlsson, EK, Perri, A., Webster, MT, Ho, SY, Peters, J., Stahl, PW, Piper, PJ, Lingaas, F., Fredholm, M., Comstock, KE, Modiano, JF, Schelling, C., AgoulNIK, AI, Leegwater, PA, Dobney, K., Vigne, JD, Vilà, C., Andersson, L., Lindblad-Toh, K. (2012). Rethinking dog domestication by integrating genetics, archeology, and biogeography. *Proc Natl Acad Sci USA*, 109(23), 8878-83. DOI: 10.1073/pnas.1203005109.
- 3 Pedersen, NC, Liu, H., Leonard, A., Griffioen, L. (2015). A search for genetic diversity among Italian Greyhounds from Continental Europe and the USA and the effect of inbreeding on susceptibility to autoimmune disease. *Canine Genet Epidemiol*, 30: 2, 17. DOI: 10.1186/s40575-015-0030-9.
- 4 Lindblad-Toh, K., et al. (2005). Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog. *Nature*, 438(7069), 803-19. DOI: 10.1038/nature04338.
- 5 Savolainen, P., Zhang, YP, Luo, J., Lundeberg, J., Leitner, T. (2002). Genetic evidence for an East Asian origin of domestic dogs. *Science*, 298(5598), 1610-3. DOI: 10.1126/science.1073906.
- 6 Bannasch, D., et al. (2010). Canine genetic diversity and its relation to breed standards. *Animal Genetics*, 41(1), 60-64.
- 7 Sutter, NB, Bustamante, CD, Chase, K., Gray, MM, Zhao, K., Zhu, L., Padhukasahasram, B., Karlins, E., Davis, S., Jones, PG, Quignon, P., Johnson, GS, Parker, HG, Fretwell, N., Mosher, DS, Lawler, DF, Satyaraj, E., Nordborg, M., Lark, KG, Wayne, RK, Ostrander, EA. (2007). A single IGF1 allele is a major determinant of small size in dogs. *Science*, 316(5821), 112-5. DOI: 10.1126/science.1137045.
- 8 Oliveira, HR, Tomás, D., Silva, M., Lopes, S., Viegas, W., Veloso, MM. (2016). Genetic diversity and population structure in Vicia faba L. landraces and wild related species assessed by nuclear SSRs. *PloSone*, 11(5), e0154801.
- 9 Fadhil, M., Zülkadir, U., Aytekin, İ. (2018). Genetic Diversity in Farm Animals. *Elixir Horm. Signal*, 50032-50037.
- 10 Vonholdt, BM, Pollinger, JP, Lohmueller, KE, Han, E., Parker, HG, Quignon, P., Degenhardt, JD, Boyko, AR, Earl, DA, Auton, A., Reynolds, A., Bryc, K., Brisbin, A., Knowles, JC, Mosher, DS, Spady, TC, Elkahoul, A., Geffen, E., Pilot, M., Jedrzejewski, W., Greco, C., Randi, E., Bannasch, D., Wilton, A., Shearman, J., Musiani, M., Cargill, M., Jones, PG, Qian, Z., Huang, W., Ding, ZL, Zhang, YP, Bustamante, CD, Ostrander, EA, Novembre, J., Wayne, RK. (2010). Genome-wide SNP and haplotype analyses reveal a rich history underlying dog domestication. *Nature*, 464(7290), 898-902. DOI: 10.1038/nature08837.
- 11 Knierim, U., et al. (2003). Genetic structure and differentiation in the domestic dog: Evidence for spatial and temporal variation. *Molecular Ecology*, 12(6), 1765-1777.
- 12 Olschewsky, A., Hinrichs, D. (2021). An Overview of the Use of Genotyping Techniques for Assessing Genetic Diversity in Local Farm Animal Breeds. *Animals (Basel)*, 11(7), 2016. DOI: 10.3390/ani11072016.
- 13 Koskinen, MT. (2003). Individual assignment using microsatellite DNA reveals unambiguous breed identification in the domestic dog. *Anim Genet.*, 34(4), 297-301. DOI: 10.1046/j.1365-2052.2003.01005.x
- 14 Gagliardi, R., Llambí, S., García, C., Arruga, MV. (2011). Microsatellite characterization of Cimarron Uruguayo dogs. *Genet Mol Biol.*, 34(1), 165-8. DOI: 10.1590/S1415-47572010005000101.
- 15 Li, Z., Wang, Z., Chen, Z., et al. (2023). Systematically identifying genetic signatures including novel SNP-clusters, nonsense variants, frame-shift INDELs, and long STR expansions that potentially link to unknown phenotypes existing in dog breeds. *BMC Genomics*, 24, 302. DOI:10.1186/s12864-023-09390-6/.
- 16 Radko, A., Podbielska, A. (2021). Microsatellite DNA Analysis of Genetic Diversity and Parentage Testing in the Popular Dog Breeds in Poland. *Genes*, 12, 485. DOI:10.3390/genes12040485.

- 17 Luigi, L., Bionda, A., Cortellari, M., Negro, A., Crepaldi, P. (2021). From phenotypical to genomic characterisation of the mannara dog: an italian shepherd canine resource. *Italian Journal of Animal Science; Bologna*, 20(1), 1431-1443. DOI:10.1080/1828051X.2021.1972852.
- 18 Goleman, M., Balicki, I., Radko, A., Rozempolska-Rucińska, I., Zięba, G. (2021). Pedigree and Molecular Analyses in the Assessment of Genetic Variability of the Polish Greyhound. *Animals*, 11, 353. DOI:10.1080/1828051X.2021.1972852.
- 19 Perfilova, AV, Bepalova, KB, Kuzovleva, EB, Bepalov, SV, Begmanova, MO, Abylkassymova, GM, Seisenbaeva, AS, Vishnyakova, OV. (2024). Assessment of the gene pool of dogs of the Taza breed using microsatellite analysis. Bulletin of the L.N. Gumilyov Eurasian National University. *Biological Sciences series*, 2(147), 58-68. DOI: 10.32523/2616-7034-2024-147-2-58-68.
- 20 Perfilova, AV, Bepalova, KB, Begmanova, MO, Kuzovleva, EB. (2024). Assessment of the genetic diversity of dogs of the Kazakh national Tobet breed in the southern region of Kazakhstan. *3i: intellect, idea, innovation*, 1, 58-67. DOI:10.52269/22266070_2024_1_58.
- 21 Perfilova, A., Bepalova, K., Bepalov, S., Begmanova, M., Kuzovleva, Y., Zhaniyazov, Zh., Vishnyakova, O., Nazarenko, I., Perfilova, Y., Khamdiyeva, O., Bekmanov, B. (2023). Kazakh national dog breed Tazy: *What do we know?* *PLOS ONE*, IF3.7. DOI: 10.1371/journal.pone.0282041.
- 22 Radko, A., Podbielska, A. (2021). Microsatellite DNA Analysis of Genetic Diversity and Parentage Testing in the Popular Dog Breeds in Poland. *Genes*, 12(4), 485. DOI:10.3390/genes12040485.
- 23 Radko, A., Rubiś, D., Szumiec, A. (2017). Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog. *Indian Journal of Animal Research*, 46, 254-256. DOI:10.1080/09712119.2017.1292912.
- 24 Perfilova, A., Bepalova, K., Kuzovleva, Y., et al. (2024). Genetic diversity and origin of Kazakh Tobet Dogs. *Sci Rep*, 14, 23137. DOI:10.1038/s41598-024-74061-9.
- 25 Ye, J., Ren, D., Xie, A., et al. (2009). Microsatellite-based Genetic Diversity and Evolutionary Relationships of Six Dog Breeds. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 1102-1106. DOI:10.5713/ajas.2009.80493.
- 26 Thai, QK, Nguyen, TT, Pham, HT. (2023). mtDNA haplotype network analysis: Exploring genetic relationships and diversity in dog haplogroups. *GSC Biol. Pharm. Sci.*, 24. DOI:10.30574/gscbps.2023.24.1.0284.
- 27 Pedersen, NC, Pooch, AS, Liu, H. (2016). A genetic assessment of the English bulldog. *Canine Genet Epidemiol*, 3, 6. DOI:10.1186/s40575-016-0036-y.

Ұлттық ит тұқымдарының генетикалық әртүрлілігі және құрылымы

Абылкасымова Г.М., Толебаева А.Д., Мить Н.В., Сейсенбаева А.С., Жаксылыкова А.А.

Түйін

Генетикалық әртүрлілік кез-келген популяцияның бейімделу әлеуетін, денсаулығын және өмір сүруін қамтамасыз ететін негізгі фактор болып табылады. Генетикалық әртүрліліктің жоғарғы деңгейі популяциялардың, соның ішінде үй жануарларының тұрақты дамуына негіз бола алады. Бұл жұмыста әртүрлі ұлттық ит тұқымдарының популяциялық құрылымының генетикалық зерттеулері қарастырылған және генетикалық әртүрлілік деңгейіне әсер ететін негізгі заңдылықтар мен факторлар қарастырылған. Шолуда генетикалық талдаудың заманауи әдістерін қолдану арқылы алынған мәліметтер, соның ішінде байқалатын және күтілетін гетерозиготалықты бағалау, сондай-ақ популяциялардағы генетикалық өзгергіштік дәрежесін егжей-тегжейлі бағалауға мүмкіндік беретін инбридинг коэффициенттерін есептеу берілген. Сондай-ақ, жұмыста қазақтың ұлттық тазы және төбет ит тұқымдарының басқа белгілі тұқымдармен генетикалық құрылымына салыстырмалы талдау жасалды. Тұқым қуалайтын аурулардың қаупінің жоғарылауына және бейімделудің төмендеуіне әкелетін тарихи оқшаулану, селекциялық тәжірибе және тұқымдар санының азаюының нәтижесінде туындайтын генофондтың

шектеулену мәселелері қарастырылады. Бақыланатын шағылыстырулар, инбридинг және сирек кездесетін генетикалық линияларды сақтау арқылы генофондты кеңейту стратегиялары талқыланып, тиімді және тұрақты селекцияға арналған тәсілдер мен ұсыныстар ұсынылады. Генетикалық зерттеулердің нәтижелері биологиялық әртүрлілікті сақтау үшін өте маңызды және оларды ветеринария мен селекцияда қолдануға болады. Бұл нәтижелер тұқымды тиімді өсіру мен сақтау бағдарламаларын әзірлеуге елеулі үлес қосады, себебі олар сыртқы стресс факторларына төзімділікті арттыруға, генетикалық ақаулардың ықтималдығын азайтуға және ұлттық ит тұқымдарының бірегей генетикалық ресурстарын ұзақ мерзімді сақтауға мүмкіндік береді.

Кілт сөздер: генетикалық әртүрлілік; инбридинг; ұлттық ит тұқымдары; селекция; тұқымды сақтау.

Genetic diversity and structure of national dog breeds

Gulnur M. Abylkasymova, Anar D. Tolebaeva, Natalya V. Mit, Akerke S. Seisembaeva,
Assel A. Zhaxsylyskova

Abstract

Genetic diversity is a key factor in ensuring the health, adaptive potential, and survival of any population. High genetic diversity provides the foundation for the sustainable development of populations, including domestic animals. This paper reviews genetic studies of the population structure of various national dog breeds, focusing on the main patterns and factors affecting the level of genetic diversity. The review presents data obtained using modern genetic analysis methods, including the assessment of observed and expected heterozygosity, as well as the calculation of inbreeding coefficients, which allows for a detailed assessment of the degree of genetic variability in populations. The paper also provides a comparative analysis of the genetic structure of the Kazakh national dog breeds Tazy and Tobet with other well-known breeds. The problems associated with a limited gene pool that arise as a result of historical isolation, breeding practices and a reduction in the number of breeds, which leads to an increased risk of hereditary diseases and reduced adaptability, are considered. Strategies for expanding the gene pool through controlled crossbreeding, avoiding inbreeding, and preserving rare genetic lines are discussed, and approaches and recommendations for effective and sustainable breeding are proposed. The results of genetic research are important for the conservation of biological diversity and can be applied in both veterinary medicine and breeding. They make a significant contribution to the development of effective breeding and conservation programs, allowing for increased resistance to external stress factors, a reduced likelihood of genetic defects, and long-term preservation of the unique genetic resources of national dog breeds.

Keywords: genetic diversity; inbreeding; national dog breeds; breeding; breed conservation.