



## Монгол адууны генетик олон янз байдлыг ДНХ-маркер ашиглан үнэлэх судалгаа

Ц.Ариунтуул<sup>1</sup>, О.Баатарцогт<sup>2</sup>, Ц.Цэндсүрэн<sup>1,2</sup>, Т.Сайполда<sup>2\*</sup>,

1-Биологийн хүрээлэн, ШУА

2- Мал аж ахуй, биотехнологийн сургууль, ХААИС

\*Холбоо баригч зохиогч: [t.saipolda@mul.s.edu.mn](mailto:t.saipolda@mul.s.edu.mn)

### ХУРААНГУЙ

Монгол болон Галшар үүлдэр, Тэс, Дархад омгийн болон Шил адууны популяцийн генетик олон янз байдлыг мультилокусын ДНХ-ийн ACC- ба GAG-ISSR маркерын полиморфизмоор төлөөлүүлэн судлав. Монгол үүлдрийн адуунд ACC-ISSR-DNA маркерын 14 фрагмент, Дархад омгийн адуунд 15 фрагмент, Шил адуунд 21 фрагмент, Тэс омгийн адуунд 23 фрагмент ба Галшар үүлдрийн адуунд 29 фрагмент байв. Полиморф фрагментын хувь нь хамгийн их буюу 91,3% Тэс адууны популяцид, хамгийн бага буюу 46,7% Дархад омгийн адууны популяцид байгааг тогтоов. GAG-ISSR-DNA маркерын 12 фрагмент Монгол үүлдрийн адуунд, Дархад омгийн адуунд 14 фрагмент, Шил адуунд 14 фрагмент, Тэс омгийн адуунд 18 фрагмент ба Галшар үүлдрийн адуунд 24 фрагмент байв. Полиморф фрагментын хувь нь хамгийн их буюу 64,2% Шил адууны популяцид, хамгийн бага буюу 25% Монгол үүлдрийн адууны популяцид байгааг тогтоов. Тэс адуу нь Монгол, Галшар үүлдэр, Дархад ба Шил адууны популяциас сүргийн генетик тогтоцоороо нилээд холдсон байгаа нь ажиглагдав.

**ТҮЛХҮҮР ҮГ:** Монгол адуу, генетик олон янз байдал, ДНХ-ISSR маркерын полиморфизм

### ОРШИЛ

Монгол адуу нь манай орны байгаль цаг уурын нөхцөлд дасан зохицсон сүрэглэн бэлчээрлэдэг маллагааны онцлогтой юм. Орчин үед нутгийн үүлдрийн малын популяцид генетик олон төрөл хэлбэрийг судалснаар үржил селекцийн ажлын үр ашгийг дээшлүүлэхийн зэрэгцээ экологийн эмзэг байдлыг даван туулах, янз бүрийн өвчин үүсгэгчид тэсвэртэй байх зэрэг биологийн үнэт шинж чанарыг нөхцөлдүүлж байдаг генетик нөөцийг үнэлэх ач холбогдолтой. Орчин үед малын популяцийн генетик тогтоцийн судалгааг молекул генетикийн түвшинд өргөн ашиглаж тухайн үүлдрийн малын генетик нөөцийг тодорхойлох болсон байна [1].

Япон ба Азийн орнуудын адууны үүлдүүдийг ДНХ-микросателлитийн анализд түшиглэн судалж монгол адууны генетик олон янз байдлын түвшин өндөр байгааг болон японы адуу Солонгосын хойгоор дамжин ирсэн монгол адуунаас гаралтай болохыг тогтоожээ [2]. Монгол болон хойд Европын орнуудын адууны үүлдүүдийн хоорондын филогенез холбоог

судалж эдгээр адуу нь генетикийн хувьд ойр байгааг ажигласан байна [3]. Байгалийн янз бүрийн бүсэд байгаа монгол адууны популяцийг ОХУ-ын Алтай Саяаны нутгийн адууны популяциудтай харьцуулан ДНХ-ISSR-DNA маркераар төлөөлүүлэн судалж говийн монгол адууны генетик тогтоц нилээд өвөрмөц байгааг илрүүлсэн байна [4].

Монголын газарзүйн янз бүрийн бүсэд байгаа адууны популяцийн генетик тогтцыг молекул генетикийн түвшинд харьцуулан судалснаар тухайн популяцийн генетик тогтцын экологи-генетикийн үнэлгээг хийх боломжтой юм.

Монгол адууны генетик олон янз байдал, геногеограф ба генетикийн нөөцийн цогц судалгааг хийснээр шинжлэх ухааны шинэ мэдлэг хуримтлуулах ач холбогдолтой юм.

Бид Монгол адууны таван популяцийн генетик олон янз байдлын судалгааг мультилокусын ДНХ-ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) маркерын полиморфизмоор төлөөлүүлэн судлав.

## СУДАЛГААНЫ МАТЕРИАЛ, АРГА ЗҮЙ

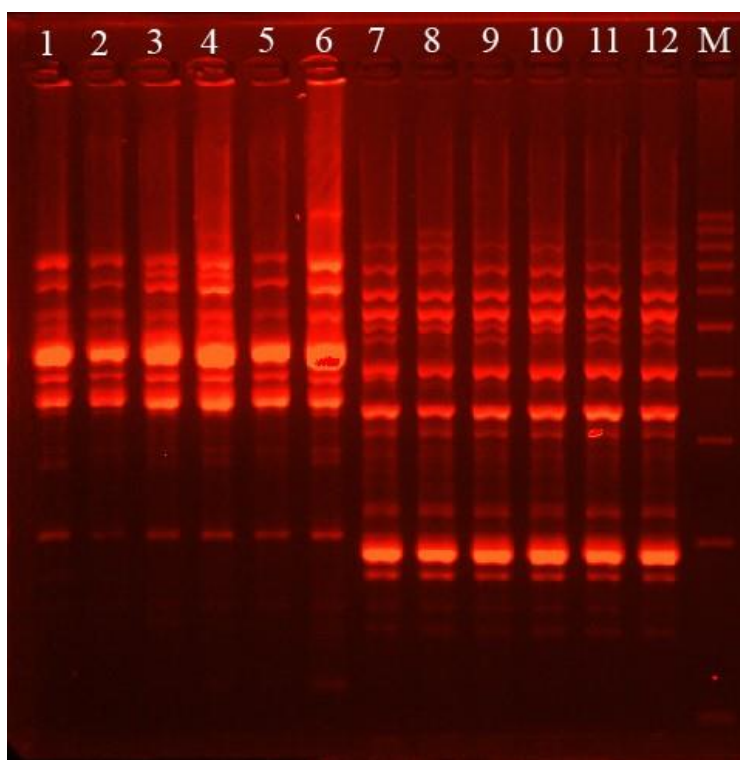
Судалгаанд Дундговь аймгийн Өндөршил сумын 60 адууг, Хөвсгөл аймгийн Цагааннуур сумын Дархад үүлдрийн 48 адуу, Хөвсгөл аймгийн Тосонцэнгэл сумын Монгол үүлдрийн 51 адуу, Увс аймгийн Тэс сумын 50 адуу, Хэнтий аймгийн Галшар сумын 55 адууг хамруулав.

Адууны цуснаас ДНХ-г ExtraGene™ Prep китийн (IsoGene, Moscow) аргаар ялгав. Ген олшруулах PCR-н урвалыг GenePak PCR Core китийн урвалжаар явуулж, ACC-, GAG-ISSR маркерийг (ACC)<sub>6</sub>G, (GAG)<sub>6</sub>C праймераар тус, тус нийлэгжүүлэв. Амплификацийн горим: эхний

денатураци - 2 мин 95°C, денатураци 30 сек 95°C, праймер суух 30 сек 55°C, нийлэгжил 2 мин 72°C. Төгсгөлийн нийлэгжил 10 мин 72°C. Мөчлөгийн тоо - 37.

Судалгаанд хамрагдсан адууны популяцийн генетик тогтцын жишил судалгааг Причардын STRUCTURE V2.3.4. (Pritchard *et al.*, 2000) программыг ашиглан хийв.

1-р зураг дээр адууны ACC-ISSR-DNA (1-6) ба GAG-ISSR-DNA маркерын (7-12) янз бүрийн фрагментийг 2%-н агарозын гель электрофорезийн аргаар ялгасан дүнг харуулав.



1-р зураг. Адууны ACC- ба GAG-ISSR-DNA-маркерын гель электрофореграмм

## СУДАЛГААНЫ ҮР ДҮН

Бид Монгол болон Галшар үүлдэр, Тэс, Дархад омог, Шил адууны популяцийн генетик тогтцын судалгааг ISSR-DNA маркерын полиморфизмоор төлөөлүүлэн судалгаа явуулав. Адууны дээрхи үүлдэр, омгийн популяцийн ACC- ба GAG-ISSR-

DNA маркерын полиморфизмыг судалсан дүнг 1, 2-р хүснэгтэд харууллаа.

Адууны таван популяцийн ACC-ISSR-DNA маркерын полиморфизмыг судалсан дүнг 1-р хүснэгтэд харуулав.

## Хүснэгт 1

## Монгол адууны үүлдэр, омгийн ACC-ISSR-DNA маркерын полиморфизм

№	ДНХ-Фрагментын хэмжээ		Давтамж				
	№	Хэмжээ, х.н	Монгол (n=51)	Дархад (n=48)	Шил (n=50)	Тэс (n=48)	Галшар (n=48)
1	A1	2500-2300	-	-	-	0.042	0.17
2	A2	2100-2000	-	-	-	0.458	0.425
3	A3	1900-1800	-	-	0.111	-	0.234
4	A6	1550-1500	-	-	0.6	0.188	0.043
5	A7	1450-1400	0.390	-	0.222	0.771	0.829
6	A8	1350-1300	0.196	-	0.067	0.646	0.064
7	A9	1290-1240	-	0.427	1	0.125	0.064
8	A10	1230-1180	-	-	-	0.292	0.957
9	A11	1170-1120	1	0.711	-	0.27	-
10	A12	1110-1060	-	-	0.933	0.146	0.128
11	A13	1050-1000	0.314	0.371	1	-	0.617
12	A14	990-940	0.010	-	-	-	0.128
13	A15	930-880	0.406	0.323	1	-	0.489
14	A16	870-820	0.802	1	-	1	0.489
15	A17	810-760	-	-	1	-	0.702
16	A18	750-720	1	1	0.289	0.25	-
17	A19	710-680	-	-	1	0.5	1
18	A20	670-640	0.860	1	1	0.646	0.447
19	A21	630-600	-	-	0.378	0.375	0.404
20	A22	590-560	-	-	-	0.938	0.822
21	A23	550-530	1	1	0.933	0.958	0.893
22	A24	520-500	1	1	-	-	0.021
23	A25	490-470	-	-	-	-	0.021
24	A27	430-410	1	1	-	1	1
25	A28	400-380	-	-	1	0.02	-
26	A29	370-360	-	-	-	-	0.042
27	A30	350-340	-	1	0.156	0.126	0.064
28	A31	330-320	1	0.856	-	0.833	0.936
29	A32	310-300	-	-	1	0.042	-
30	A33	290-280	-	0.405	0.133	0.5	0.298
31	A34	270-260	-	0.196	0.8	-	0.106
32	A35	250-240	-	-	0.467	-	0.064
33	A36	230-220	1	1	0.8	0.958	0.15

1-р хүснэгтээс харахад ACC-ISSR-DNA маркерын 14 фрагмент Монгол үүлдрийн популяцид, 15 фрагмент Дархад омгийн адууны популяцид, 21 фрагмент Шил адууны популяцид, 23 фрагмент Тэс омгийн адууны популяцид ба 29 фрагмент Галшар үүлдрийн адууны популяцид илэрсэн байна.

ACC-ISSR-DNA маркерын полиморф фрагментын хувь нь Монгол үүлдрийн адууны популяцид 50%, Дархад омгийн адуунд 46.7%, Шил адуунд 61.9%, Тэс омгийн адуунд 91.3% ба Галшар үүлдрийн адуунд 86.2% байв.

Хоёрдугаар хүснэгтэд Монгол адууны таван популяцийн GAG-ISSR-DNA маркерын полиморфизмыг судалсан дүнг харуулав. Үүнээс харахад GAG-ISSR-DNA маркерын 12 фрагмент Монгол үүлдрийн адууны популяцид, 14 фрагмент Дархад омгийн адууны популяцид, 14 фрагмент Шил адууны популяцид, 18 фрагмент Тэс омгийн адууны популяцид ба 24 фрагмент Галшар үүлдрийн адууны популяцид илэрсэн байна.

GAG-ISSR-DNA маркерын полиморф фрагментын хувь нь Монгол үүлдрийн популяцид 25%, Дархад омгийн адуунд 35.7%, Шил адуунд 64.2%, Тэс омгийн адуунд 55.6% ба Галшар үүлдрийн адуунд 33.33% байв.

## Хүснэгт 2

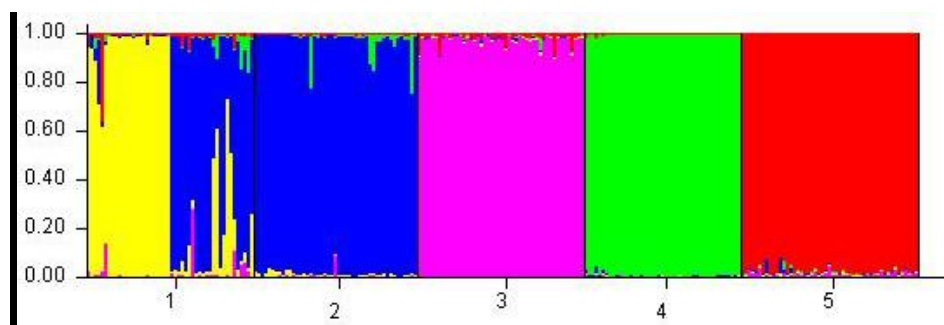
## Монгол адууны үүлдэр, омгийн GAG-ISSR-DNA маркерын полиморфизм

№	ДНХ-Фрагментын хэмжээ		Давтамж				
	№	Хэмжээ, х.н	Монгол (n=51)	Дархад (n=48)	Шил (n=50)	Тэс (n=48)	Галшар (n=48)
1	G3	1900-1800	-	-	-	-	0.063
2	G4	1750-1700	1	0.856	-	-	-
3	G5	1650-1600	-	-	-	0.729	0.979
4	G6	1550-1500	-	-	-	0.083	0.208
5	G7	1450-1400	1	1	0.889	0.688	1
6	G8	1350-1300	-	-	0.111	-	-
7	G10	1230-1180	1	1	0.133	-	0.104
8	G11	1170-1120	-	-	-	-	1
9	G12	1110-1060	1	0.7500	-	0.708	0.188
10	G13	1050-1000	1	0.8557	0.089	1	1
11	G14	990-940	-	-	0.022	-	0.646
12	G15	930-880	-	-	-	-	0.167
13	G16	870-820	0.0712	-	1	-	0.292
14	G17	810-760	0.515	1	0.044	1	1
15	G18	750-720	-	0.0758	1	-	-
16	G19	710-680	-	-	-	1	1
17	G20	670-640	1	1	1	0.5	-
18	G21	630-600	0.358	1	-	1	1
19	G22	590-560	1	1	1	0.813	1
20	G23	550-500	-	-	0.756	-	-
21	G24	520-500	1	1	-	1	1
22	G25	490-470	-	0.1220	0.356	-	-
23	G26	460-440	-	-	-	1	1
24	G28	400-380	1	1	0.333	1	1
25	G29	370-360	-	-	1	0.75	1
26	G30	350-340	-	1	-	-	-
27	G31	330-320	-	-	-	0.917	-
28	G32	310-300	-	-	-	1	1
29	G33	290-280	-	-	-	-	1
30	G37	210-200	-	-	-	0.708	-
31	G38	180-160	-	-	-	0.229	1

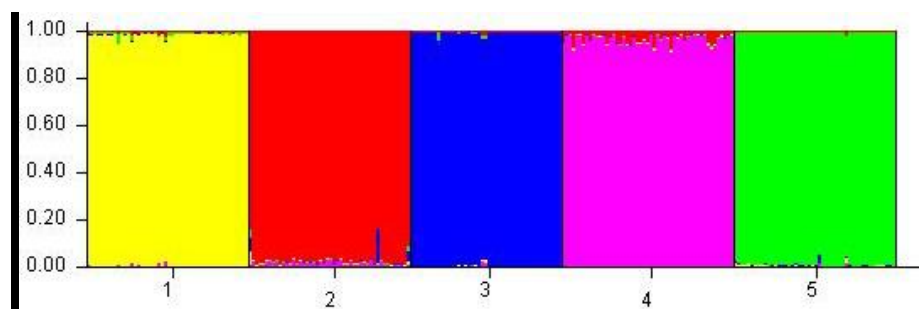
Адууны таван популяцийн ACC- ба GAG-ISSR-DNA маркераар төлөөлүүлэн илэрхийлсэн генетик тогтцыг Причардын STRUCTURE V2.3.4 программаар боловсруулан 5 кластерт хуваагдаж байгаагаар нь жишин үзсэн дүнг 2,3-р зургаар харуулав.

2-р зурагт ACC-ISSR-DNA маркераар төлөөлүүлэн 1. Тэс омгийн адуу, 2. Галшар үүлдрийн адуу, 3. Дархад омгийн адуу, 4. Шил адуу ба 5. Монгол үүлдрийн адууны популяцийн генетик тогтцыг, гуравдугаар зураг дээр GAG-ISSR-DNA маркераар төлөөлүүлэн 1. Тэс омгийн адуу, 2. Дархад омгийн адуу, 3. Шил адуу, 4. Монгол үүлдрийн адуу, 5. Галшар үүлдрийн адууны популяцийн генетик тогтцыг харуулсан болно.

Хоёрдугаар зургаас харахад адууны таван популяциас Галшар үүлдэр, Дархад, Шил, Монгол үүлдрийн адууны популяциуд нь генетик тогтцоороо статистикийн хувьд бодитой ялгаатай байгаа нь ажиглагдаж байна. Харин Тэс омгийн адууны генетик тогтоц нь бусад адууны популяциудаас илтэд ялгарч чадахгүй байгаа нь харагдаж байна. Гуравдугаар зургаас харахад судалгаанд хамрагдсан адууны таван популяци нь генетик тогтцоороо статистикийн хувьд бодитой ялгаатай байгаа нь ажиглагдаж байна. Гуравдугаар хүснэгтээс харахад ACC-ISSR-DNA маркер таван адуунд хувьслын түвшингээрээ GAG-ISSR-DNA маркертай харьцуулахад их байгаа нь ажиглагдав.



Зураг 2. ACC-ISSR-DNA-маркераар төлөөлүүлэн илэрхийлсэн адууны таван популяцийн сүргийн генетик тогтоц



Зураг 3. GAG-ISSR-DNA-маркераар төлөөлүүлэн илэрхийлсэн адууны таван популяцийн сүргийн генетик тогтоц

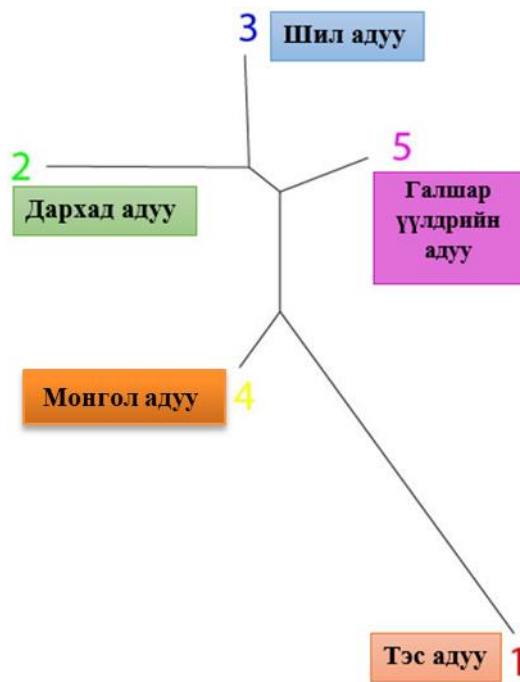
Хүснэгт 3

ACC-ба GAG-ISSR маркерын хувьсалын түвшин ( $F_{st}$ )

№	Судалгаанд хамрагдсан адуу	ACC-ISSR маркерын $F$ статистикийн үзүүлэлт	GAG-ISSR маркерын $F$ статистикийн үзүүлэлт
1	Галшар үүлдэр	0.6458	0.8950
2	Монгол үүлдэр	0.6247	0.7353
3	Тэс омог	0.7599	0.9199
4	Дархад омог	0.4093	0.8245
5	Шил адуу	0.8006	0.8481

Монгол, Галшар үүлдэр, Дархад, Тэс омог ба Шил адууны популяциудын филогенетикийн холбоог тодорхойлсон дүнг 4-р зурагт харуулав.

Уг зурагнаас харахад Тэс адуу нь бусад 4 популяцийн адуунаас сүргийн генетик тогтоцоороо харьцангуй холдсон байгаа нь харагдаж байна.



4-р зураг. Адууны таван популяцийн сүргийн филогенетик зураглал

## ШҮҮН ХЭЛЭЛЦЭХҮЙ

Малын генетикийн судалгааг бөөмийн геномын мультилокусын ISSR-PCR (Inter Simple Sequence Repeat-polymerase chain reaction)-DNA маркерын полиморфизмыг ашиглан хийх нь мэдээллийн агууламж ихтэй ба үнэтэй тоног төхөөрөмж шаардлагагүй учир популяцийн генетик тогтоцын судалгаанд түгээмэл ашигладаг байна [5]. Адууны генетик олон янз байдлын судалгааг явуулахад ACC- ба GAG-ISSR-DNA-маркер хамгийн тохиромжтойг тогтоожээ [6].

Монгол, Галшар үүлдрийн болон Тэс, Дархад омог, Шил адууны популяцийн генетик тогтоцын судалгааг ACC- ба GAG-ISSR-DNA маркерын полиморфизмоор төлөөлүүлэн тодорхойлоход эдгээр маркерын янз бүрийн фрагментүүдийн илэрлээрээ болон хувьсал ихтэй байгаа нь бусад судлаачдын монгол адууны молекул генетикийн судалгаатай дүйж байна [2, 7]. Геномдоо ховор аллель бүхий, тэсвэрлэг чадвар сайтай ба нутаглаж байгаа газрынхаа нөхцөлд гойд сайн

зохицсон нутгийн үүлдрийн адууг судлах нь чухал юм. Шил адууны популяцид GAG-ISSR-DNA маркерын ховор нэг фрагмент байгаа нь ажиглагдлаа. Тэс омгийн адууны популяцид полиморфизмын түвшин ихтэй 5 фрагмент байгаагийн зэрэгцээ хамгийн олон полиморф фрагмент тохиолдож байгаа ба (1-р хүснэгт) энэ адуу бусад адуунаас популяцийн генетик тогтоцоороо харьцангуй холдсон нь (4-р зураг) энэ адууны экологийн онцлогтой холбоотой байх магадлалтай.

Монголын янз бүрийн экологийн нөхцөлд байгаа Монгол ба Галшар үүлдрийн болон Тэс, Дархад омог, Шил адууны популяцийн генетик тогтоцыг ACC- ба GAG-ISSR-DNA маркерын полиморфизмын тусламжтайгаар судалсанаар ACC-ISSR-DNA маркер нь популяци доторхи, GAG-ISSR-DNA маркер нь популяци хоорондын хувьслыг үнэлэхэд илүү тохиромжтойг тогтоов (3-р хүснэгт).

## ДҮГНЭЛТ

1. Монгол үүлдрийн адуунд ACC-ISSR-DNA маркерын 14 фрагмент, Галшар үүлдрийн адуунд 29 фрагмент, Дархад омгийн адуунд 15 фрагмент, Тэс омгийн адуунд 23 фрагмент, Шил адуунд 21 фрагмент байгааг тогтоов. Полиморф фрагментын хувь нь хамгийн их буюу 91,3% Тэс омгийн адууны популяцид,
2. Монгол үүлдрийн адуунд GAG-ISSR-DNA маркерын 12 фрагмент, Галшар үүлдрийн адуунд 24 фрагмент, Тэс омгийн адуунд 18 фрагмент, Дархад омгийн адуунд 14 фрагмент, Шил адуунд 14 фрагмент байна. Полиморф фрагментын хувь нь хамгийн их

буюу 64,2% Шил адууны популяцид, хамгийн бага буюу 25% Монгол үүлдрийн адууны популяцид байгаа нь илрэв.

3. Монгол адууны таван популяци тус бүрийн доторхи генетик олон янз байдлыг ACC-ISSR-DNA маркераар, популяцийн хоорондын генетикийн ялгааг GAG-ISSR-DNA

маркераар төлөөлүүлэн судлах нь илүү тохиромжтой гэж үзэв.

4. Тэс омгийн адуу нь Монгол, Галшар үүлдэр, Дархад омог болон Шил адууны популяциас сүргийн генетик тогтоцоороо нилээд холдсон байгаа нь ажиглагдав.

#### АШИГЛАСАН БҮТЭЭЛИЙН ЖАГСААЛТ

1. Michael Cieslak, Melanie Pruvost, Norbert Benecke, Michael Hofreiter, Arturo Morales, Monika Reissmann, Arne Ludwig. (2010) Origin and History of Mitochondrial DNA Lineages in Domestic Horses. PLoS ONE December | Volume 5 | Issue 12
2. Tozaki, T., Takezaki, N., Hasegawa, T., Ishida, N., Kurosawa, M., Tomita, M., Saitou, N. and Mukoyama, H. (2003) Microsatellite Variation in Japanese and Asian Horses and Their Phylogenetic Relationship Using a European Horse Outgroup. Journal of Heredity 94(5):374–380
3. Bjornstad G., Nilsen N.O., Roed K.H. (2003) Genetic relationship between Mongolian and Norwegian horses. Anim. Genet. 34:55-58
4. Ю.А. Столповский, Ц. Цэндсүрэн, Н.В. Кол, В.Н. Воронкова, Г.Е. Сулимова. (2013) Генофонды домашних животных Монголии. Москва х.183-193
5. Городная А.В., Глазко В.И. (2003) ISSR-PCR в дифференциации генофондов пород КРС Цитология и генетика. №1
6. Voronkova V.N., Tsendsuren T., Sulimova G.E. (2011) Comparative analysis of informative value of ISSR-markers in context of estimation of genetic diversity of horse breeds. Russian journal of genetics. T. 47. № 8. С.1131-1134.
7. Столповский Ю. А., (2010) Популяционно-генетические основы сохранения ресурсов генофондов domestцированных видов животных. Автореферат докторс.диссер.
8. Sevastianova A. A., A. A. Alimov (2017) Evaluation of polymorphism loci associated with viral diseases in spangled Orloff chicken breed Russian Journal of Genetics 53(10):1119-1125
9. Niskanen M, Mannermaa K, Wutke S and Aspi J. (2019) Genetic variability and history of a native Finnish horse breed Laura Kvist1\* Genet. Sel. Evol. p 51:3
10. Pritchard J.K., Stephens, Peter Donnelly P. (2000) Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data Genetics V 155, p 945-959.

## **Genetic diversity analyse in Mongolian horse populations using ISSR- DNA markers**

**Ariuntuul Ts.<sup>1</sup>, Baatartsogt O.<sup>2</sup>, Tsendsuren Ts.<sup>1,2</sup> and Saipolda T.<sup>2\*</sup>**

1-Institute of Biology, Mongolian Academy of Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia

2-School of Animal Science and Biotechnology, Mongolian University of Life Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia

\*Corresponding author: t.saipolda@muls.edu.mn

### **ABSTRACT**

Genetic diversity of Mongolian horse populations from different geographical areas were studied using genetic polymorphism of the ACC- and GAG-ISSR- DNA marker types. In the horse breed Mongolian were distributed 14 fragments, in Darkhad horse 15 fragments, in horse populations Shil 21 fragments, Tes 23 fragments and in Galshar horse population 29 fragments of ACC-ISSR marker and in Mongolian horse 12 fragments, in Darkhad horse 14 fragments, Shil horse 14 fragments, Galshar horse 24 fragments and in horse population Tes 18 fragments of GAG-ISSR marker.

Comparative analyses of genetic structures in horse breeds Mongolian, Darkhad and Shil on the ACC- and GAG-ISSR marker polymorphism indicated statistically significant genetic differences of these horse populations.

**KEYWORD:** Mongolian horse, genetic diversity, polymorphism ISSR-DNA