

ARTICLES

МОНГОЛ АДУУНЫ МИТОХОНДРИЙН ДНХ-ИЙН СУДАЛГАА

Б.Болор-Оюут¹, Б.Очирхуяг², Ж.Хулан^{2*}

¹ Ерөнхий болон Сорилын Биологийн Хүрээлэн, Шинжлэх ухааны Академи, Монгол улс
² Байгалийн Ухааны Салбар, Шинжлэх ухааны сургууль, Монгол Улсын Их Сургууль, Монгол улс

Хүлээн авсан: 2018.04.05; Хянасан: 2018.05.19; Хэвлэгдсэн: 2018.06.11

ХУРААНГУЙ

Энэхүү судалгааны ажлаар бид Монгол адууны генетикийн олон янз байдал, эхийн талын гарал үүслийн холбоог тодорхойлох зорилгоор митохондрийн ДНХ-ийн хяналтын хэсгийн дараалалд анализ хийв. Митохондрийн ДНХ-ийн хяналтын хэсэг нь мутацийн хэмжээ их, рекомбинаци бага явагддаг мөн эхийн талын холбоо хамаарлыг харуулдагаараа эволюци болон филогенетикийн судалгаанд өргөн ашиглагддаг. Бид Хөвсгөл аймгийн Дархад омог, Завхан аймгийн Тэс омог, Дундговь аймгийн Монгол омгийн адууны цусны 19 дээжийг цуглуулж ашиглав. Бидний судалгаагаар 16 гаплотип тодорхойлогдсон ба полиморф сайтын тоо 51 байв. Нуклеотидийн олон янз байдал 0.0212 байсан бол гаплотипийн олон янз байдал нь 0.9766 байлаа. Судалгаагаар илэрсэн 16 гаплотипээс адууны 5 (A, C, D, F, I) гаплогрупп тодорхойлогдов.

Түлхүүр үгс: митохондрийн ДНХ; Монгол адуу; Д-гогцоо; хяналтын хэсэг; адууны гаплотип;

ОРШИЛ

Адуу нь (*Equus caballus*) хүн төрөлхтөний анхлан гаршуулсан амьтдын тоонд зүй ёсоор ордог бөгөөд эх газар дээрх нийгмийн хөгжил, иргэншилд хоол тэжээл, тээвэрлэлт, цэргийн зориулалт гэх мэтээр өргөн хүрээнд ашигласаар иржээ [17]. Монгол адуу нь нүүдлийн мал аж ахуйн нөхцөлд уналга эдэлгээнд ашиглахад тохирсон, монгол орны эрс тэс уур амьсгалд сайн зохицсон, ихээхэн тэсвэр хатуужилтай, харьцангуй жижгэвтэр биетэй байдаг. Малын тоо толгойгоор дэлхийд

дээгүүрт ордог манай улсын хувьд таван хошуу малынхаа гарал үүсэл, популяцийн генетик тогтоцыг судлах нь амьтны үүлдэр хамгаалал болон популяцийн генетик олон янз байдлын менежментэд чухал хүчин зүйл болно. Манай оронд адууны генетикийн олон янз байдал, эхийн талын холбоо хамаарлыг тодорхойлсон судалгаа тун хомс байна.

Митохондрийн ДНХ-д үндэслэн генетик ялгаа болон филогенетикийн өргөн хэмжээний өгөгдлийг олж авах боломжтой

*corresponding author: khulan@num.edu.mn



The Author(s). 2018 Open access This article is distributed under the terms of the Creative Commons Attribution 4.0 International License (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided you give appropriate credit to the original author(s) and the source, provide a link to the Creative Commons license, and indicate if changes were made.

байдаг тул геномын энэ хэсэг нь популяцийн генетик болон эволюцийн судалгааны чухал объект болж буй билээ [5]. Адууны митохондрийн ДНХ нь ойролцоогоор 16600 хос нуклеотид хэмжээтэй 37 генийг агуулсан ба Д-гогцоо хэмээн нэрлэгдэх үл кодлох хэсэг нь 1192 хос нуклеотидаас тогтоно [16, 3, 4]. Д-гогцоо нь 2 хэт хувьсамтгай хэсэг (HV1, HV2 хэсэг), 4 хадгалагдсан дарааллын блок (conserved sequence block) болон TGTGCACC гэсэн 8 хос нуклеотид хэмжээтэй тандем дарааллыг агуулна [9]. Ishida болон бусад судлаачид Адууны (Equus) төрлийн амьтдын филогенетикийн холбоо хамаарлыг тооцоолох зорилгоор адууны митохондрийн ДНХ-ийн бүтэн дарааллыг олшруулан хэт хувьсамтгай хэсгийг тогтоожээ. Уг судлаачид нь зөөврийн РНХ-ийн хоёр талд байрлах пролин нийлэгжүүлэгч хэсэг болон төвийн

хадгалагдсан дарааллын блок (central conserved sequence block) хэсгийн хооронд орших хэт хувьсамтгай нэгдүгээр хэсэг нь нийт митохондрийн ДНХ-ийн хувьд хамгийн их мутацийг агуулсан хэсэг болохыг тогтоосон [10]. Гаплотип гэдэг нь эцэг эхийн аль нэгээс нь хамтдаа удамшдаг бүлэг генийг хэлнэ. Гаплогрупп гэдэг нь нийтлэг нэг өвгөөс удамшсан ижил бүлэг гаплотипийг хэлнэ.

Бид Монгол адууны генетикийн олон янз байдал, эхийн талын гарал үүслийн холбоог тодорхойлох зорилгоор үүлдэр, омог хэмээн хүлээн зөвшөөрөгдсөн Монгол адууны зарим омгуудаас цусны дээжийг цуглуулж мтДНХ-ийн хяналтын хэсгийн хэт хувьсамтгай 1-р хэсгийг олшруулан нуклеотидийн дарааллыг тогтоож генетик олон янз байдал болон гаплогруппыг тодорхойлов.

МАТЕРИАЛ, АРГА ЗҮЙ

Цусны дээжийг цуглуулах

Дархад омгийн адууны цусны дээжийг Хөвсгөл аймгийн Улаан Уул сумаас, Тэс омгийн адууны дээжийг Завхан аймгийн Баянхайрхан сумаас, Монгол омгийн (нутгийн малчдын нэрлэж заншсанаар Тайж угшлаас гаралтай Монгол омгийн адуу) адууны цусны дээжийг Дундговь аймгийн Луус сумаас EDTA бүхий хуруу шилэнд цуглуулж 40С-д хадгалсан.

ДНХ ялгах

Нийт 19 цусны дээжнээс геномын ДНХ-ийг СТАВ агуулсан задлагч буфер (СТАВ(10%), 5M NaCl, 0.5M EDTA (pH=8.0), 1M Tris-HCl (pH=8.0), β-mercaptoethanol) ашиглан фенол-хлороформын аргаар ялгав.

ПГУ явуулах болон дарааллыг тодорхойлох

ПГУ-д адууны митохондрийн ДНХ-ийн Д-гогцооны хяналтын 1162 х.н хэсэгт зохиогдсон AjasF- 5' CGA CAA CAA TTC ACC CTC AT 3', AjasR 5'GAA GAA GGG TTG ACA GAT TTA 3' дараалалтай

[17] хос праймерийг ашиглав. Урвалын холимгийг APEX Taq master mix-ийг ашиглан үйлдвэрлэгчийн протоколын дагуу хийж гүйцэтгэсэн. ПГУ-ыг (Thermo scientificTM, Arktik Thermal cycler) 940C-д 3 минут; 940C-д 30 секунд; 550C-д 30 секунд; 720C-д 90 секунд 35 удаа давтан; 720C-д 10 минутын горимоор тохируулан явуулав. Урвалын бүтээгдэхүүнийг (агароз гель) электрофорезийн арга зүйг ашиглан тодорхойлсон. Нуклеотидийн дарааллыг Sanger-ийн аргаар Солонгос улсын Macrogen Биотехнологийн компанид тогтоолгов.

Статистикийн анализ хийх

Судалгаанд 3 өөр омгийн 19 адууны митохондрийн ДНХ-ийн Д-гогцооны дарааллыг тодорхойлж MEGA v.6 программыг ашиглан нуклеотидийн дарааллыг харьцуулав. Гаплотипийн олон янз байдал, нуклеотидийн олон янз байдлал, полиморф сайт, гаплотипийн тоо зэргийг тооцохдоо DnaSP v.5.10 программ [15] болон Arlequin v3.1 [7] программуудыг

тус тус ашиглав.

Гаплогруппийг тодорхойлох

Гаплогруппийг тогтоохдоо филогенетикийн сүлжээний (*phylogenetic median-joining network*) загварыг ашиглав [11]. Уг филогенетикийн сүлжээний загвар нь Д-гогцооны 246 хос нуклеотид орчим хэмжээтэй богино хэсгийн нуклеотидийн

солигдолтын сайтын ялгаа дээр үндэслэгдэн хийгдсэн байдаг. Судалгаагаар илэрсэн гаплотипүүдийг Генбанкинд бүртгэгдсэн адууны ижил гаплотипүүдтэй (Хүснэгт 1) харьцуулан филогенетикийн модыг Neighbor-joining арга зүйг ашиглаж MEGA v.6 программ дээр Bootstrap утгыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

Хүснэгт 1. Филогенетикийн мод байгуулахад ашигласан адууны гаплотипийн Генбанкны бүртгэлийн дугаар

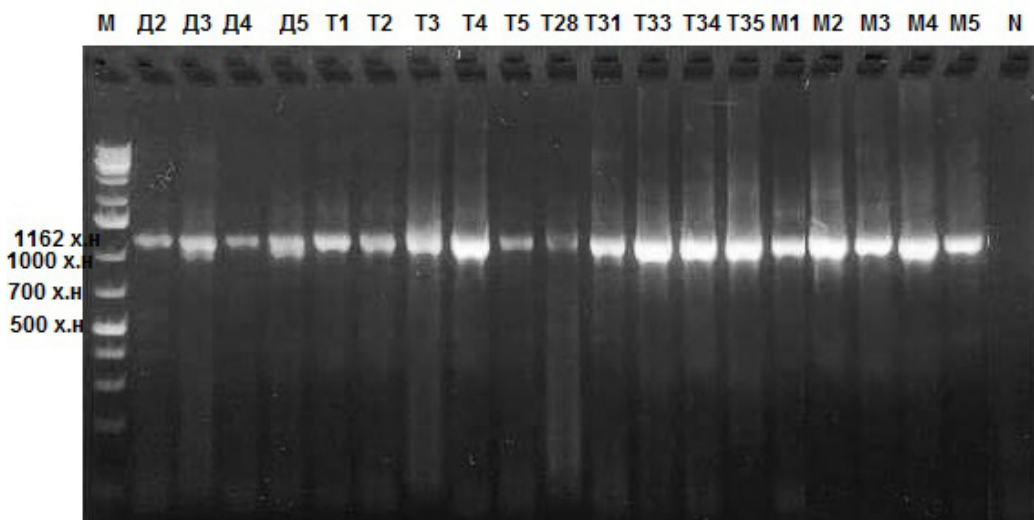
Гаплогрупп	Гаплогруппын тоо	Генбанкинд бүртгэгдсэн дугаар
A	3	AB329587, AB329588, AB329592
C	3	AB329604, AB329604, AB329608
D	3	AF064628, AF014416, AF072976,
F	2	AF014415, AF056071

ҮР ДҮН

Монгол адууны 3 омгийн митохондрийн ДНХ-н хяналтын хэсгийн генетик олон янз байдал

Адууны (*Equus caballus*) митохондрийн ДНХ-ийн Д-гогцооны 1162 хн хэсгийг

ПГУ –ын аргаар олшруулан(Зураг1) нуклеотидийн дарааллыг тогтоосон ба үүнээс MEGA v.6 программаар харьцуулалт хийж, 743 х.н бүтээгдэхүүнийг цаашид анализ хийхэд ашиглав.



Зураг 1. Адууны митохондрийн ДНХ-ийн хяналтын хэсгийн 1162 х.н хэмжээтэй ПГУ-н бүтээгдэхүүнийг агарозын гель электрофорезийн аргаар шалгасан дүн

Тайлбар: M-маркер, Дархад адуу- D2, D3, D4, D5, Тэс адуу- T1-T5 болон T28, T31, T33-T35, Тайж адуу- M1-M5, N- сөрөг хяналт

Митохондрийн ДНХ-ийн 743 х.н дараалал дахь азотлог сууриудын агууламжийг Arlequin v3.1.5 программаар тооцоход С: 26,80%, Т: 27,95%, А: 28,05%, G:17,19 гэсэн харьцаатай байлаа. Сээр нуруутаны митохондрийн ДНХ-ийн азотлог сууриудын агууламж нь голдуу А>С>Т>G гэсэн дараалалтай илэрдэг бол [2], бидний судалгаагаар А болон Т илүү

хэмжээтэйгээр илэрлээ.

Судалгаагаар 16 гаплотип тодорхойлогдсон бөгөөд хувьсамтгай сайтын тоо 51 байлаа. Энэ нь анализ хийсэн нийт митохондрийн ДНХ-ийн дарааллын 6.72%-ийг эзэлж байгаа юм. Харьцуулалт хийсэн 743 х.н нуклеотидийн дарааллыг Генбанкинд бүртгүүлж бүртгэлийн дугаар авсан. (Хүснэгт 2).

Хүснэгт 2. Гаплотипийг тодорхойлсон үр дүн болон генбанкны бүртгэлийн дугаар

Омог	Дээжний дугаар	Гаплотип	NCBI Ген банкны бүртгэлийн дугаар
Монгол омог	M1	H1	MN004384
	M2	H2	MN004385
	M3	H2	MN004386
	M4	H3	MN004387
	M5	H4	MN004388
Дархад омог	D2	H5	MN004389
	D3	H6	MN004390
	D4	H7	MN004391
	D5	H8	MN004392
Тэс омог	T1	H9	MN004393
	T2	H10	MN004394
	T3	H11	MN004395
	T4	H12	MN004396
	T5	H13	MN004397
	T28	H14	MN004398
	T31	H14	MN004399
	T33	H15	MN004400
	T34	H14	MN004401
	T35	H16	MN004402

Гаплотипийг DNAsp v5.0 программыг ашиглан тодорхойлоход адууны 19 дээжинд нийтлэг гаплотип 2 (H2, H14), давтагдашгүй гаплотип 14 илэрсэн ба H2 гаплотипэд mgl2, mgl5 дээжүүд, H14 гаплотипэд tes28, tes31, tes34 дээжүүд хамаарагдаж байв. Мөн H2, H3, H5, H6,

H14, H16 зэрэг гаплотипд харьяалагдах дээжнүүдийн митохондрийн ДНХ-ын 16064 нуклеотидийн байрлалд нэг инсерц илрэв (Зураг 2). Хувьсамтгай нуклеотидийн сайт болон гаплотипийг тодорхойлсон үр дүнг Зураг 2-т харуулав.

Зураг 2. Адууны 19 нуклеотидийн дарааллын митохондрийн ДНХ-ийн Д-гогцооны гаплогруппийн 50 полиморф сайтын зураглал

Н	Хувьсамтгай нуклеотидийн сайт																				Дээж																																
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20																																	
X79547	A	G	A	A	G	C	T	G	T	A	A	T	G	A	T	C	G	A	C	A	C	C	A	C	A	A	A	A	T	G	-	T	T	G	C	G	G	G	G	T	G	G	Хяналт										
H1																																															M1						
H2																																																	M2, M5				
H3																																																	M3				
H4																																																	M4				
H5																																																	D2				
H6																																																	D3				
H7																																																	D4				
H8																																																	D5				
H9																																																	T1				
H10																																																	T2				
H11																																																		T3			
H12																																																		T4			
H13																																																			T5		
H14																																																				T28,T31,T34	
H15																																																				T33	
H16																																																					T35

Хувьсамтгай сайтаас авч үзэхэд транзици мутаци 49, трансверс мутаци 1, инсерц 1 илрэв. Монгол орны 3 омгийн 19 адууны нуклеотидийн олон янз байдал 0.021251 ± 0.011090 , генетик олон янз

байдал 0.9766 ± 0.0267 байлаа. Омог тус бүрийн гаплогруппийн олон янз байдал, нуклеотидийн олон янз байдлыг хүснэгт 3-г үзүүлэв.

Хүснэгт 3. Монгол нутгийн адууны 3 омгийн генетик олон янз байдлыг тодорхойлсон үр дүн

Омог	N	H	P	Hd±SE	$\pi \pm SE$
Дархад	4	4	25	1.000 ± 0.1768	0.021534 ± 0.014616
Тэс	10	8	44	0.9333 ± 0.0773	0.022432 ± 0.012357
Монгол	5	4	26	0.9000 ± 0.1610	0.019412 ± 0.012116

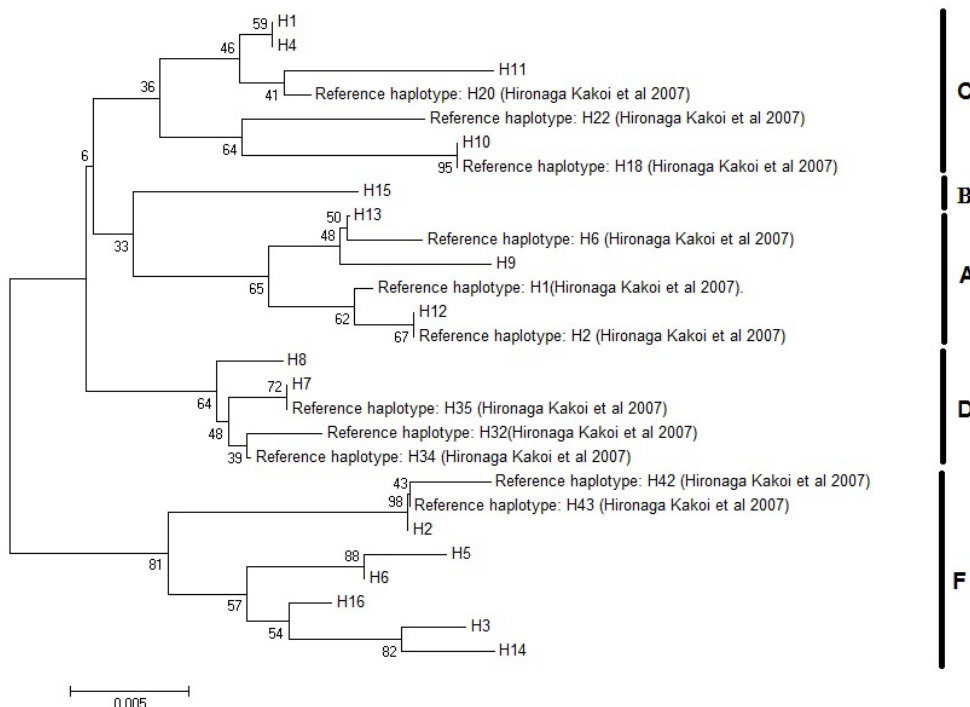
Тайлбар: N- Дээжний тоо; H-Гаплогруппийн тоо; P-Хувьсамтгай сайтын тоо; Hd-Гаплогруппийн олон янз байдал; π -Нуклеотидийн олон янз байдал; SE-Standart error

Адууны гаплогруппийг тодорхойлсон үр дүн

Jansen болон бусад судлаачдын бүтээсэн гаплогруппыг тодорхойлдог хамгийн парсимониум модны тусламжтайгаар адууны гаплогруппыг тодорхойлсон [11]. Уг судлаачдын тогтоосон филогенетикийн кластерт Зүүн Азийн адууг хамруулсан байсан тул

дээрхи судалгааг түшиглэн гаплогруппыг тогтоов. Үр дүнг бодитой эсэхийг шалгах үүднээс ижил төстэй судалгааны ажлаар гаплогрупп нь тодорхой болсон байсан гаплогруппдэй филогенетикийн мод зурав [12]. Филогенетикийн модыг MEGA v.6 программыг ашиглан Neighbor-joining аргаар Bootstrap-ыг 1000 репликациар тооцон байгуулав.

Зураг 3. Neighbor-joining арга зүйг ашиглан Bootstraptугыг 1000 репликациар тооцон байгуулсан филогенетикийн мод



Бидний судалгаагаар Монгол адууны 19 дээжинд 5 гаплогрупп тодорхойлогдлоо. Дээрх гаплогруппүүд нь Генбанкинд хадгалагдсан гаплогруппүүдтэй нэг кластер үүсгэж байгаа нь бидний тогтоосон гаплогрупп нь үнэн болохыг баталж байна. Гаплогрупп А нь адууны гаплогруппийн анхдагч групп [11] тул ихэнх адууны популяцид илэрдэг харин В болон D гаплогрупп нь Европын хойд хэсгийн адуунд тодорхойлогддог [1]. Бидний судалгаагаар гаплогрупп А 18.75%, гаплогрупп С 25%, гаплогрупп D 12.5%, гаплогрупп F 37.5%, гаплогрупп В 6.25%-иар тус тус илэрлээ. Achilli болон бусад судлаачид [1] нь өөрсдийн тогтоосон гаплогруппуудыг Jansen болон

бусад судлаачдын тогтоосон [11] кластер ангилалаар илрүүлсэн гаплогруппуудтэй харьцуулан үзсэн байдаг. Харин Kakoi болон бусад судлаачид [12] Япон адууны гарал үүслийн судалгаандаа Jansen болон бусад судлаачдын тогтоосон гаплогруппыг Генбанкинд бүртгүүлсэн байсан дарааллыг филогенетикийн мод байгуулахдаа авч ашиглав. Филогенетикийн модноос үзэхэд судалгаагаар илэрсэн кластерууд нь бусад судлаачдын [1, 11, 12] үр дүнтэй тохирсон буюу нэг кластерт хамаарагдаж байгаа нь харагдаж байна. Бидний тогтоосон гаплогруппүүд нь Монгол нутгийн 3 омгийн адуунуудад нийтлэг тархсан байгаа нь ажиглагдлаа.

ХЭЛЭЛЦҮҮЛЭГ

Jansen болон бусад судлаачид адууны гарал үүслийн холбоо хамаарлыг илтгэх 7 бүлэгт хамаарах 17 филогенетикийн кластерийг тогтоосон ба олон улсын судлаачид [6, 12, 17] адууны генетик олон янз байдлын судалгаанд гаплогрупп тодорхойлоход тэдний арга зүйг ашиглах нь түгээмэл байгаа билээ. Бид мөн Jansen болон бусад [11] судлаачдын тодорхойлсон нуклеотидийн солигдолтын сайтуудыг ашиглан Монгол адууны гаплогруппыг тодорхойлоход H1-H16 гэсэн 16 гаплотипоос 5 гаплогрупп (A, B, C, D, F) тодорхойлогдлоо.

Dawei болон бусад судлаачид [6] 2009 онд Хятад нутгийн эртний адууны гаплогруппыг Jansen ба бусад судлаачдын филогенетикийн загварыг ашиглан тодорхойлоход нийт 7 гаплогрупп тодорхойлогдсон ба нийтлэг илэрсэн нь A болон F гаплогруппууд байлаа. Эдгээр судлаачид 17 ялгаатай популяцийн 1053 адуунд өөрсдийн илрүүлсэн 7 гаплогруппын тархалтыг тодорхойлоход F гаплогрупп нь Зүүн Азийн зүүн хэсгээс баруунруу тархалт нь буурах хандлагатай байсанд үндэслэн F гаплогрупп нь зөвхөн Зүүн Азид байх эртний гаралтай гаплогрупп мөн гэж дүгнэжээ. Бидний судалгаагаар Монгол адуунд F гаплогрупп түгээмэл илэрсэн. Мөн эдгээр судлаачид Чезү адуунд A, B, C, F гэсэн 4 гаплогрупп түгээмэл илэрдэгийг тогтоожээ [6].

Zhang болон бусад судлаачид [17] Хятад адууны мтДНХ-ийн судалгааг хийх явцдаа Монгол үүлдрийн Хятад адуунд A, B, D, F, Чезү үүлдрийн Хятад адуунд A, B, C, F, Казак үүлдрийн адуунд A, B, C, D, F гэсэн гаплогруппуудыг илрүүлжээ. Манай судалгаагаар A, B, C, D, F гаплогрупп илэрсэнээс үзэхэд эдгээр гаплогруппууд нь Ази адуунд нийтлэг илэрдэг гаплогрупп

болон нь тодорхойлогдлоо.

Адууны митохондрийн ДНХ-ийн Д-гогцооны хэсэгт нийт 51 нуклеотидийн солигдол илэрсэнээс транзиц мутаци 49, трансверс мутаци 1, инсерц 1 илэрлээ. Үүнээс үзэхэд бусад судлаачдын судалж тогтоосны дагуу хөхтний митохондрийн эволюцид транзиц мутаци нийтлэг илэрдэг [14] гэдгийг дахин батлан харуулж байна.

Kakoi болон бусад судлаачид [12] Япон адууны митохондрийн ДНХ-н дарааллын генетик олон янз байдлыг үнэлэхдээ Монгол болон Европ адууны хадгалагдсан дараалалтай харьцуулжээ. Уг судалгаанд Монгол болон Европ адууны гаплотипийн олон янз байдал 0.50-0.96, генетик олон янз байдал 0.014-0.021 гэж тооцжээ. Харин бидний судалгааны үр дүнгээр 3 популяцийн 19 адууны генетик олон янз байдал 0.021251, гаплотип олон янз байдал 0.9766 байсан нь уг судалгааны дүнтэй тохирч байгаа юм. Мөн уг судалгаанд Монгол адуунд A,C,D гэсэн 3 гаплотип илэрч байгааг тодорхойлжээ. Эдгээрээс A гаплогрупп нь манай судалгааны H9, H12, H13 гаплотипүүдэд, C гаплогрупп нь H1, H4,H10,H11 гаплотипүүдэд D гаплогрупп нь H7, H8 гаплотипүүдэд илэрсэн.

Зарим судлаачид араб адууны митохондрийн ДНХ-ийн Д-гогцооны хэсэгт эхийн талын холбоо хамаарал болон генетик вариацийг тогтоох судалгаа хийх явцдаа Монгол адууны гаплотипийн олон янз байдал өндөр байдаг буюу ойролцоогоор 1.00 байна хэмээжээ [13]. 2017 оны мал тоо толгойн үзүүлэлтээр 3.939.400 адуу тоологдсон хэмээн Монцамэ агентлаг мэдээлсэн байдаг. Монгол адууны генетик олон янз байдал нь дээрх тоо толгойн статистиктай хамааралтай байх магадлалтай байна.

ДҮГНЭЛТ

Манай судалгаагаар Монгол адуунд А, В, С, D, F гэсэн 5 гаплогрупп илэрсэнээс F гаплогрупп нь хамгийн өндөр давтамжтай (47,8%) илэрсэн ба энэ гаплогрупп нь Зүүн Азийн гарал үүсэлтэй эртний гаплогрупп гэж тооцогддог. Уг үр дүнгээр Монгол адуунд F гаплогрупп зонхилдог гэдэг нь тодорхойлогдлоо.

Монгол адуунд Европ болон Дундад дорнод илэрдэг гаплогрупп илэрч байгааг

1276 он буюу Монголын Эзэнт Гүрний байлдан дагуулалтын үеийн түүхтэй холбоотой гэж үзэж байна.

Адууны гаплогруппыг тодорхойлоход Тэс, Дархад болон Тайж омгийн адуунд ижил гаплогрупп илэрч байгаа нь тэдгээрийн хооронд эхийн талын генетик мэдээллийн солилцоо явагдсан болохыг харуулж байна.

НОМ ЗҮЙ

1. Achilli. A., Olivieri. A., Soares. P., Lancioni. H., Hooshiar Kashani. B., Perego. U. A., Nergadze. S.G., Carossa. V., Santagostino. M., Capomaccio. S., Felicetti. M., Al-Achkar. W., Penedo. M. C., Verini-Supplizi. A., Houshmand. M., Woodward. S. R., Semino. O., Silvestrelli. M., Giulotto. E., Pereira. L., Bandelt. H. J., Torroni. A. (2012). Mitochondrial genomes from modern horses reveal the major haplogroups that underwent domestication. *Proceedings of the National Academy of Science USA*. 109:2449-2454.
2. Asakawa. S., Y. Kumazawa. T., Araki. H., Himeno. K., Miura. K. Watanabe. (1991). rand-specific nucleotide composition bias in echinoderm and vertebrate mitochondrial genomes. *Journal of Molecular Evolution*. 32:511-20.
3. Boore. J. L. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*. 27:8, 1767-1780.
4. Bowling. A. T., Valle. A. D., Bowling. M. (2000). A pedigree-based study of mitochondrial D-loop DNA sequence variation among Arabian horses. *Animal Genetics*. 31:1-7.
5. Brown. W.M ., George. M Jr., Wilson. A.C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Science USA*. 76:1967-1971.
6. Dawei. C .,Tang. Z .,Han. L .,Speller. C.F .,Yang. D.Y ., Ma. X., Cao. J., Zhu. H., Zhou. H. (2009). Ancient DNA provides new insights into the origin of the Chinese domestic horse. *Journal of Archaeological Science*. 36: 835–842.
7. Excoffier. L., Laval. G., Schneider. S. (2006). Arlequin ver3.1 An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis. <http://cmpg.unibe.ch/software/arlequin3>.
8. Gupta. A., Bhardwaj. A., Supriya., Sharma. P., Pal. Y., Mamta ., Kumar. S. (2015). Mitochondrial DNA- a Tool for Phylogenetic and Biodiversity Search in Equines. *Journal of Biodiversity and Endanger Species*. S1:006 DOI: 10.4172/2332-2543.S1-006.
9. Ishida. N., Hasegawa. T., Takeda. K., Sakagami. M., Onishi. A., Inumaru. S., Komatsu. M., Mukoyama. H. (1994). Polymorphic sequence in the D-loop region of equine mitochondrial DNA. *Animal Genetics*. 25:215-221.
10. Ishida. N., Oyunsuren. Ts., Mashima. S., Mukoyama. H., Saitou. N. (1995). Mitochondrial DNA sequences of various species of the Genus *Equus* with special reference to the phylogenetic relationship between Przewalskii's wild horse and domestic horse. *Journal of Molecular Evolution* 41:180-188.

11. Jansen. T., Forster. P., Levine. M. A., Oelke. H., Hurler. M., Renfrew. C., Weber. J., Olek. K. (2002). Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. *Proceedings of the National Academy of Science USA*. 99:10905-10910.
12. Kakoi. H., Tozaki. H., Gawahara. H. (2007). Molecular analysis using Mitochondrial DNA and Microsatellites to infer the formation process of Japanese native horse populations. *Biochemical Genetics*, 45: 3/4, DOI: 10.1007/s10528-007-9083-0.
13. Khanshour. A.M, Cothran E.G. (2013). Maternal phylogenetic relationships and genetic variation among Arabian horse populations using whole mitochondrial DNA D-loop sequencing. *BMC Genetics*, 14:83 <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/14/83>.
14. Kim. K. I., Yang. Y. H., Lee. S. S., Park. C., Ma. R., Bouzat. J. L., Lewin. H. A. (1999). Phylogenetic relationships of Cheju horses to other horse breeds as determined by mtDNA D-loop sequence polymorphism. *Animal Genetics*. 30:102-108.
15. Rozas. J., Sanchez-DelBarrio. J. C., Messeguer. X., Rozas. R. (2003). DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics* 19:2496-2497.
16. Wolstenholme. D. R. (1992). Genetic novelties in mitochondrial genomes of multicellular animals. *Current Opinion of Genetics&Development*. 2:918-925.
17. Zhang. T., Lu. H., Chen. C., Jiang. H., Wu. S. (2012). Genetic Diversity of mtDNA D-loop and Maternal Origin of Three Chinese Native Horse Breeds. *Animal Science*. 25:7, 921-926.

MITOCHONDRIAL DNA STUDY OF MONGOLIAN EQUUS CABALLUS

Bolor-Oyut B.¹, Ochirkhuyag B.², Khulan J.^{2}*

¹ *Institute of General and Experimental Biology, Mongolian Academy of Sciences, Mongolia*

² *Department of Biology, School of Arts and Sciences, National University of Mongolia, Mongolia*

**Corresponding author, email: khulan@num.edu.mn*

Abstract: In order to assess the genetic diversity and maternal lineages of Mongolian native horse populations, we examined using mitochondrial DNA control region sequence analyses. The control region of mitochondrial DNA is widely used for population and evolutionary studies because of its high level of sequence variation, in addition to a lack of recombination and maternal inheritance. To determine genetic diversity and maternal inheritance, we collected 19 blood samples of Darhad horses from Khuvsgul, Tes horses from Zavkhan and Taj horses from Dundgobi, Mongolia.

In this study, 16 haplotypes and 51 polymorphic sites were detected. Haplotype diversity was 0.9766 and nucleotide diversity was 0.0212 in Mongolian native horses. Finally, 5 horse haplogroups (A, C, D, F, I) were identified in 16 haplotypes in this study.

Keywords: mitochondrial DNA; Mongolian horse; D-loop; control region; horse haplotype;