

**NEWS**

OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

**SERIES OF AGRICULTURAL SCIENCES**

ISSN 2224-526X

Volume 6, Number 30 (2015), 18 – 22

**DESCRIPTION OF ALLELOFUND OF CATTLE  
OF ZHETYSUSKY TYPE OF SANTA GERTRUDIS BREED  
BY MICROSATELLITE DNA**

**S. D. Nurbayev, A. M. Ombayev, T. N. Karymsakov, M. B. Karataeva, A. B. Bagdat**

Kazakh Research Institute of Livestock and fodder production, Almaty, Kazakhstan

**Key words:** cattle, a breed of santa gertrudis, allele, microsatellite, polymorphism, genotyping.

**Abstract.** This paper presents the results of genetic testing on 11 microsatellite loci DNA cattle breed santa gertrudis. The modern population of santa gertrudis breed genetic diversity has the following indicators: an average of 12.27 alleles, heterozygosity - 0.8704, 0.0019 random inbreeding. 135 alleles were identified, of which typical alleles 121 (89.63%) and private 14 (10.37%).

УДК 636.28

**ОПИСАНИЕ АЛЛЕЛОФОНДА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА  
ЖЕТЫСУСКОГО ТИПА ПОРОДЫ САНТА-ГЕРТРУДА  
ПО МИКРОСАТЕЛИТНЫМ ДНК**

**С. Д. Нурбаев, А. М. Омбаев, Т. Н. Карымсаков, М. Б. Карапаева, А. Б. Багдат**

Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства, Алматы, Казахстан

**Ключевые слова:** крупный рогатый скот, порода санта-гертруда, аллель, микросателлиты, полиморфизм, генотипирование.

**Аннотация.** В работе представлены результаты генетического тестирования по 11 микросателлитным локусам ДНК крупного рогатого скота жетысусского типа породы санта-гертруда. Современная популяция породы санта-гертруда имеет генетическое разнообразие по следующим показателям: среднее число аллелей 12,27, гетерозиготность – 0,8704, случайный инбридинг 0,0019. Было идентифицировано 135 аллелей, из них типичных аллелей 121 (89,63%) и приватных 14 (10,37%).

**Введение.** Санта-гертруда создана в США в 1940 г. путем воспроизводственного скрещивания шортгорнских коров с зебу. Животные породы санта-гертруда имеют 3/8 генотипа зебу (браман, полученный от скрещивания индийского зебу с местным лонггорнским скотом) и 5/8 генотипа шортгорнов. Порода создавалась в течение 30 лет. Работа по созданию породы начата была в 1910 г. На создание породы большое влияние оказал бык-производитель из ранчо Ричарда Кинга по кличке Манка, 1920 г. рождения, сложного происхождения: 13/32 генотипа браман и 19/32 шортгорнов, который в 12-месячном возрасте имел живую массу 500 кг. От него получено 150 инбрейдных сыновей и внуков, которые хорошо передавали по наследству желательный мясной тип. Эффективное использование этих быков позволило в Соединенных Штатах Америки создать породу санта-гертруда [1].

В СССР порода санта-гертруда была завезена впервые в 1956 году и широкое распространение получила в Алматинской области Республики Казахстан. Путем использования метода воспроизводственного скрещивания быков-производителей породы санта-гертруда со скотом

местной популяции и дальнейшими разведением помесей 7/8 и 13/16 в «себе» был создан зональный внутрипородный тип мясного скота «Жетысу» породы санта-гертура.

В настоящее время численность зарегистрированного племенного скота зонального типа «Жетысу» более 20,0 голов, что указывает на необходимость повышения поголовья данной популяции при чистопородном разведении с одновременным исключением близкородственного спаривания.

В этой связи оценка генетического разнообразия стала неотъемлемой частью селекционно-племенной работы. Анализ меж и внутрипородного полиморфизма локусов ДНК проводится в большинстве пород и популяций животных с учетом континентального и регионального размещения.

Одним из наиболее информативных методов такого анализа является микросателлитное генотипирование, которое не только характеризует генетическую структуру популяций, пород, стад, и оценивает степень их генетического сходства, но и повышает эффективность селекции путем контроля за достоверностью происхождения [2,3,4].

Цель работы: оценка современного состояния аллелефонда жетысусского типа породы санта-гертура крупного рогатого скота Казахстана по полиморфизму микросателлитных локусов ДНК.

### Материалы и методы

Материалом служили *биологические образцы (волосяные луковицы) 426 голов животных из 8 хозяйств*. Выделение ДНК проводилось в соответствии с протоколом производителя реагентов. Генотипирование крупного рогатого скота проводили набором StockMarks Cattle по 11 локусам (таблица 1).

Таблица 1 – Специфичные локусы для генотипирования крупного рогатого скота

Локусы	Хромосомная локализация	Повторение последовательности	Повторение праймеров	Длина ампликонов
TGLA227	D18S1	(TG)n	F:GGAATTCCAAATCTGTTAATTGCT R:ACAGACAGAAACTCAATGAAAGCA	76-104
BM2113	D2S26	(CA) n	F:GCTGCCCTCACCAAATACCC R:CATTCTGAGAGAACAGCAACACC	124-146
TGLA53	D16S3	(TG) n CG(TG) n (TA) n	F:GCTTCAGAAATGTTGCATTCA R:TCTTCACATGATATTACAGCAGA	151-187
ETH10	D5S3	(AC) n	F:GTTCAAGGACTGGCCCTGCTAACAA R:CCTCCAGCCCACTTCTTCTCTC	206-222
SPS115	D15	(CA) n TA(CA) n	F:AAAGTGACACAACAGCTTCACCAG R:AACCGAGTGTCTTAGTTGGCTGTG	247-261
TGLA126	D20S1	(TG) n	F:CTAATTAGAATGAGAGAGGGCTTCT R:TTGGTCCTCTATTCTCTGAATATTCC	111-127
TGLA122	D21S6	(AC) n (AT) n	F:AATCACAGGCAAATAAGTACATAC R:CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC	136-182
INRA23	D3S10	(AC) n	F:GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC R:TAACATACAGGGTGTAGATGAACTC	201-225
ETH3	D19S2	(GT) n AC(GT) n	F:GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG R:ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	100-128
ETH225	D9S2	(TG) n CG(YG)(CA) n	F:GTACACCTTGCCACTATTTCCT R:ACATGACAGCCAGCTGCTACT	139-157
BM1824	D1S34	(GT) n	F:GAGCAAGGTGTTTTCCAATC R:CTATCTCCAATGCTCCTTG	176-188

Идентификация продуктов амплификации выполнена на генетическом анализаторе ABI Prism 310 (Applied Biosystems, США) с применением капиллярного электрофореза и лазерной детекции. Расшифровка полученных графических результатов проводилась в программе GeneMapper 4.0. Для характеристики полиморфизма использовали следующие показатели: частоту аллелей и частоту

генотипов, наблюдаемую и ожидаемую гетерозиготность с учетом закона Харди–Вайнберга, а также среднюю гетерозиготность по локусам, среднее число аллелей в локусе и случайный инбридинг.

Все биометрические расчеты проводили согласно [5,6,7]. Для расчета популяционно-генетических показателей использовали статистический пакет [8] и программный комплекс собственной разработки (Нурбаев С.Д.) на алгоритмическом языке Fortran PowerStation v.1.0.

### Результаты и их обсуждение

Представлена характеристика жетысусского типа породы санта-гертруды КРС в контексте внутри породной дифференциации. Для общей характеристики и позиционирования данной породы предложены следующие результаты генотипирования 11 локусов, которые приведены в таблице 2 более подробно.

Таблица 2 – Выявленные аллельные варианты у популяции крупного рогатого скота породы санта-гертруды (размер выборки 426 голов)

Локус	Число аллелей	Типичные аллели	Приватные аллели	Гетерозиготность He
TGLA227	15	15	0	0,9012
BM2113	14	12	2	0,8993
TGLA53	19	16	3	0,8873
ETH10	8	8	0	0,8452
SPS115	8	8	0	0,8622
TGLA126	9	9	0	0,8782
TGLA122	24	15	9	0,9217
INRA23	13	13	0	0,8925
ETH3	11	11	0	0,7997
ETH225	7	7	0	0,842
BM1824	7	7	0	0,8454
Среднее значение	12,27	11	1,27	0,8687

В целом проведенный анализ аллелофонда данной выборки крупного рогатого скота выявил спектр значений, характерный для жетысусского типа породы КРС санта-гертруды. Наиболее информативным для данной популяции из 11 микросателлитных локусов являются локусы TGLA227, BM2113, TGLA53, TGLA122 с 15,14,19 и 24 аллелями соответственно, наименьшее значение имеют локусы ETH225 и BM1824 (по 7) (рисунок 1).

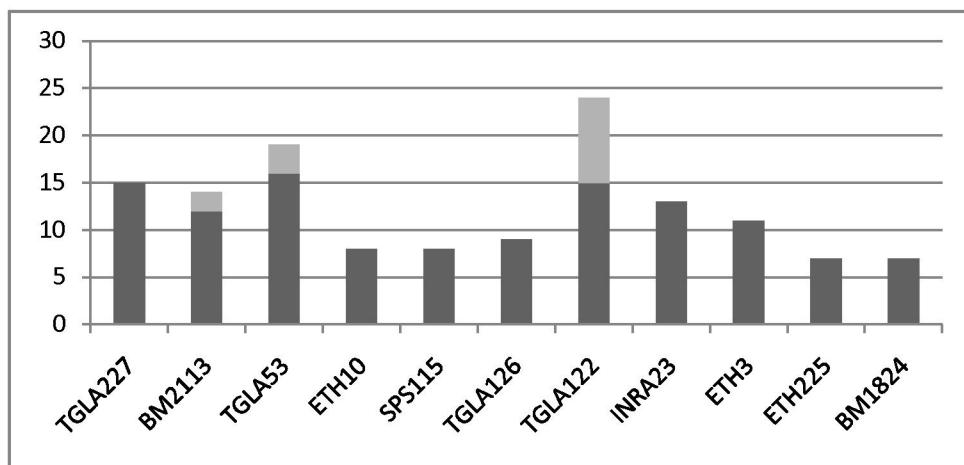


Рисунок 1 – Доля типичных и приватных аллелей в 11 локусах жетысусского типа породы санта-гертруды.

Темным тоном указана доля типичных аллелей, светлым - доля приватных аллелей

Генетическое внутрипородное разнообразие (полиморфность) отражает наличие типичных аллелей и присутствие редких (приватных) аллелей. Всего было идентифицировано 135 аллелей, из них типичных 121 (89,63%) и приватных – 14 (10,37%). Среднее число аллелей по всем локусам составило 12,27, по всем типичным аллелям 11 и по приватным – 1,27.

Уровень ожидаемой гетерозиготности КРС по локусам варьирует от 0,7997 (в локусе ETH3) до 0,9217 (TGLA122), средний показатель по всем локусам составляет 0,8704, при случайному инбридинге – 0,0019 (рисунок 2).

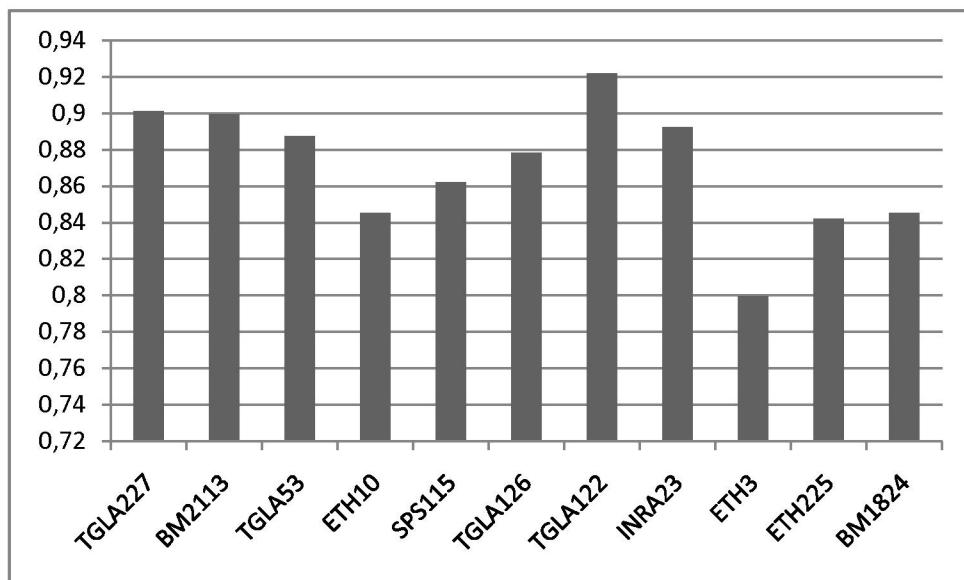


Рисунок 2 – Гетерозиготность 11 локусов жетысусского типа породы санта-гертруда

Согласно проведенному мониторингу КРС жетысусского типа породы санта-гертруда современная казахстанская популяция имеет внутрипородное генетическое разнообразие. В локусах BM2113 (2 аллель), TGLA53 (3 аллель) и TGLA122 (9 аллель) обнаружены редкие аллели, характерные только для данной породы.

**Выводы.** В отличие от других пород внутрипородная структура жетысусского типа породы санта-гертруда различается в аллельном спектре INRA23, ETH3, SPS115, ETH225, BM2113 (отчет отдела генетики сельскохозяйственных животных КазНИИЖиК).

Анализ исследуемых популяционно-генетических структур жетысусского типа породы КРС санта-гертруда подтвердил наличие дифференцированных групп животных в различных субпопуляциях (хозяйствах).

## ЛИТЕРАТУРА

- [1] Ружевский А.Б., Рубан Ю.Д., Бердник П.П. Породы крупного рогатого скота. – М., 1980. – 232-235с.
- [2] Пак Д.Н., Крупный рогатый скот Казахстана. – Алма-Ата, 1967. – 3 с.
- [3] Хлесткина Е.К Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции // Вавиловский журнал генетики и селекции. - 2013. - Т. 17, №4/2. - С. 1044-1054.
- [4] Сулимова Г.Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения // Успехи современной биологии. - 2004. - Т. 124. - С. 260-271.
- [5] Глазко В.И., Гладыш Е.А., Феофилов А.В., Бардуков Н. В., Глазко Т.Т. ISSR-PCR маркеры и мобильные генетические элементы сельскохозяйственных видов млекопитающих // Сельскохозяйственная биология. - 2013. - №2. - С. 71-76.
- [6] Хедрик Ф. Генетика популяций. М: Техносфера, 2013.,592 с.
- [7] Вейр. Б. Анализ генетических данных. М.: Мир, 1995., 399 с.
- [8] Животовский Л.А. Популяционная биометрия.М.: Наука, 1991., 267 с.
- [9] Статистический пакет SPSS Statistics v.17, <http://www.spss.com>

**REFERENCES**

- [1] Ruzhevsky A.B., Ruban Y.D., Berdnik P.P. Breeds of cattle. M., 1980, 232-235p. (in Russ.).
- [2] Park D.N. Cattle Kazakhstan. A., 1967, 3p. (in Russ.).
- [3] Khlestkina E.K. Molecular markers in genetic studies and in selection // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. - 2013. - V. 17, №4 / 2. - p. 1044-1054. (in Russ.).
- [4] Sulimova G.E. DNA-markers in genetic issledova-niyah: marker types, their properties and applications // Success of modern biology. - 2004. - V. 124. - p. 260-271. (in Russ.).
- [5] Glazko V.I., Gladyr E.A., Feofilov A.V., Bardukov N.V., Glazko T.T. ISSR-PCR markers and mobile genetic elements of agricultural species of mammals // Agricultural biology. - 2013. - №2. - p. 71-76. (in Russ.).
- [6] Hedrick F. Genetics of populations. M: Technosphere, 2013, 592 p. (in Russ.).
- [7] Weir. B. Analysis of genetic data. M.: Mir, 1995, 399 p. (in Russ.).
- [8] Zhivotovsky LA Population biometrics. M.: Nauka, 1991, 267 p. (in Russ.).
- [9] The statistical package SPSS Statistics v.17, <http://www.spss.com>. (in Russ.).

**САНТА-ГЕРТРУДА ТҮҚЫМЫНЫң ИРІ ҚАРА МАЛЫНЫң МИКРОСАТТЕЛИТТИ  
ДНҚ БОЙЫНША АЛЛЕЛОФОНД СИПАТТАМАСЫ**

**С. Д. Нұрбаев, А. М. Омбаев, Т. Н. Қарымсаков, М. Б. Қаратасева, А. Б. Бағдат**

Қазақ мал азығын өндіру және жайылым ғылыми-зерттеу институты, Алматы, Қазақстан

**Тірек сөздер:** ірі қара мал, санта-гертрудада түқымы, аллель, микросателиттер, полиморфизм, генотиптеу.

**Аннотация.** Мақалада ірі қара малдың санта-гертрудада түқымының жетісу типінің 11 микросателитті ДНҚ локустары бойынша генетикалық тестілеудің нәтижелері көрсетілген. Қазіргі заманғы санта-гертрудада түқымының популяциясы мынандай генетикалық көрсеткіштерге ие: аллельдердің орташа мөлшері 12,27, гетерезиготалығы – 0,8704, кездесең инбридинг 0,0019. 135 аллель сәйкестендірілді, оның ішінде сәйкес аллельдер саны 121 (89,63%) және жеке аллельдер 14 (10,37%) болды.

*Поступила 25.11.2015г.*