

REPORTS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES
OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

ISSN 2224-5227

Volume 6, Number 304 (2015), 144 – 148

CHARACTERISTICS OF THE GENOFOND OF CATTLE OF ABERDEEN-ANGUS BREED BY MICROSATELLITE DNA

Nurbayev S.D., Ombayev A.M., Karymsakov T.N., Karataeva M.B., Khamzina Zh.M.

sdnurbayev@mail.ru, givotnovodstvo@mail.ru, moldirkar@mail.ru, zh_hamzyna@mail.ru

Kazakh Research Institute of Livestock and fodder production

Key words: cattle, Aberdeen-Angus breed, allele, microsatellite, polymorphism, genotyping.

Abstract. This article presents the results of genetic testing on 11 microsatellite locus of DNA of cattle Aberdeen-Angus breed. The modern population of Aberdeen-Angus breed has genetic diversity on the following parameters: the average number of alleles is 12.27, heterozygosity – 0.8758, random inbreeding – 0.0022. 135 alleles were identified, from them typical alleles – 124 (91.85%) and private – 11 (8.15%).

УДК 636.28

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОФОНДА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА АБЕРДИН-АНГУССКОЙ ПОРОДЫ ПО МИКРОСАТТЕЛИТНЫМ ДНК

Нурбаев С.Д., Омбаев А.М., Карымсаков Т.Н., Каратаева М.Б., Хамзина Ж.М.

Казахский научно-исследовательский институт животноводства и кормопроизводства

Ключевые слова: крупный рогатый скот, Абердин-Ангусская порода, аллель, микросателлиты, полиморфизм, генотипирование.

Аннотация. В данной работе представлены результаты генетического тестирования по 11 микросателлитным локусам ДНК крупного рогатого скота абердин-ангусской породы. Современная популяция абердин-ангусской породы имеет генетическое разнообразие по следующим показателям: среднее число аллелей 12,27, гетерозиготность – 0,8758, случайный инбридинг 0,0022. Было идентифицировано 135 аллелей, из них типичных аллелей 124 (91,85%) и приватных 11 (8,15%).

Введение

Абердин-ангусская порода крупного рогатого скота (КРС) была выведена в 19 веке в Шотландии путем скрещивания лучших особей черного комолого скота из графств Абердин и Ангус. В 1878 году в США появилось первое чистопородное стадо абердинов-ангусов [1]. Эту породу скота разводят в Австралии, Новой Зеландии, Аргентине, Канаде, США, Шотландии, России, Казахстане, на Украине и в Беларуси.

В настоящее время 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 типирование, 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 генофонда абердин-ангусской породы крупного рогатого скота Казахстана по полиморфизму микросателлитных локусов ДНК.

Материалы и методы

Материалом служили биологические образцы (волосные луковицы) 224 голов животных из 11 хозяйств различных регионов Казахстана.

Выделение ДНК проводилось в соответствии с протоколом производителя реагентов. Генотипирование крупного рогатого скота проводили набором StockMarksCattle по 11 локусам (см. табл.1).

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.

Таблица 1. Специфичные локусы для генотипирования крупного рогатого скота

Локусы	Хромосомная локализация	Повторение последовательности	Повторение праймеров	Длина ампликонов
TGLA227	D18S1	(TG)n	F:GGAATTCCAAATCTGTAAATTTGCT R:ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	76-104
BM2113	D2S26	(CA)n	F:GCTGCCTTCTACCAAATACCC R:CATTCTGAGAGAAGCAACACC	124-146
TGLA53	D16S3	(TG) n CG(TG) n (TA) n	F:GCTTTCAGAAATGTTTGCATTCA R:TCTTCACATGATATTACAGCAGA	151-187
ETH10	D5S3	(AC)n	F:GTTCCAGGACTGGCCCTGCTAACA R:CCTCCAGCCCACTTCTCTTCTC	206-222
SPS115	D15	(CA) n TA(CA) n	F:AAAGTGACACAACAGCTTCACCAG R:AACCGAGTGTCTTAGTTTGGCTGTG	247-261
TGLA126	D20S1	(TG) n	F:CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT R:TTGGTCTCTATTCTCTGAATATCC	111-127
TGLA122	D21S6	(AC) n (AT) n	F:AATCACAGGCAAATAAGTACATAC R:CCCTCTCCAGGTAAATCAGC	136-182
INRA23	D3S10	(AC) n	F:GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC R:TAACCTACAGGGTGTAGATGAACTC	201-225
ETH3	D19S2	(GT) n AC(GT) n	F:GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG R:ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	100-128
ETH225	D9S2	(TG) n CG(YG)(CA) n	F:GTACACCTTGCCACTATTTCTCT R:ACATGACAGCCAGCTGCTACT	139-157
BM1824	D1S34	(GT) n	F:GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC R:CTATCTCCAACCTGCTTCCTTG	176-188

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 FortranPowerStation v.1.0.

Результаты и обсуждение

Представлена характеристика абердин-ангусской породы 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 абердин-ангусской породы (размер

выборки 224 голов).

Локус	Число аллелей	Типичные аллели	Приватные аллели	Гетерезиготность He
TGLA227	15	15	0	0,9004
BM2113	14	13	1	0,9064
TGLA53	19	17	2	0,8827
ETH10	8	8	0	0,8489
SPS115	8	8	0	0,8615
TGLA126	9	9	0	0,8805
TGLA122	24	16	8	0,9198
INRA23	13	13	0	0,9011
ETH3	11	11	0	0,8483
ETH225	7	7	0	0,8394
BM1824	7	7	0	0,8448
Среднее значение	12,27	11,27	1	0,8757

В целом, проведенный анализ аллелофонда данной выборки крупного рогатого скота выявил спектр значений, характерный для абердин-ангусской породы КРС. 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) (см. рис.1).

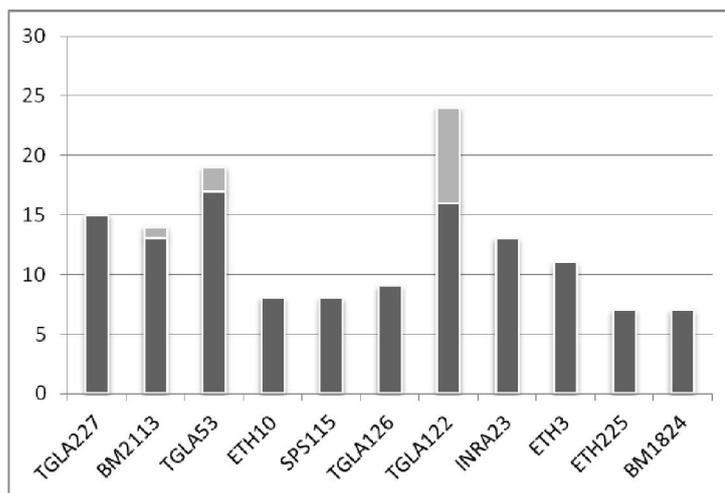


Рис.1 Доля типичных и приватных аллелей в 11 локусах абердино-ангусской породы. Темным тоном указана доля типичных аллелей, светлым - доля приватных аллелей.

Генетическое внутривидовое разнообразие (полиморфность) отражает наличие типичных аллелей и присутствие редких (приватных) аллелей. Всего было идентифицировано 135 аллелей, из них типичных 124 (91,85%) и приватных – 11 (8,15%). Среднее число аллелей по всем локусам составило 12,27, по всем типичным аллелям 11,27 и по приватным - 1.

Уровень ожидаемой гетерозиготности КРС по локусам варьирует от 0,8394 (в локусе ETH225) до 0,9198 (TGLA122), средний показатель по всем локусам составляет 0,8757, при случайном инбридинге - 0,0022 (см. рис.2).

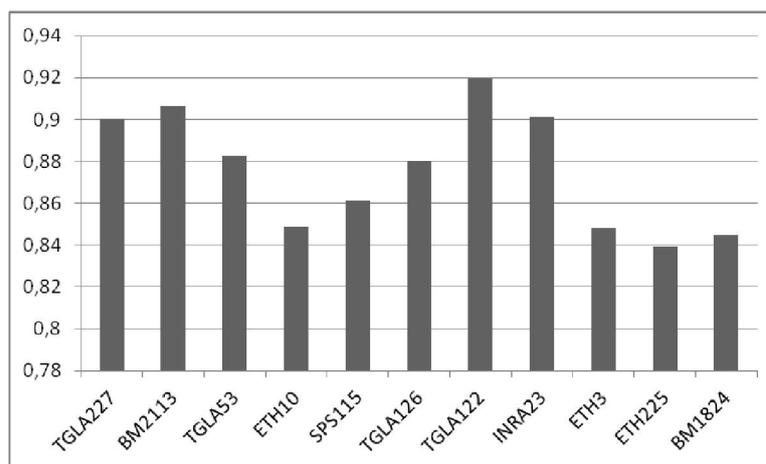


Рис.2 Гетерозиготность 11 локусов абердин-ангусской породы

Согласно проведенному мониторингу КРС абердин-ангусской породы современная казахстанская популяция имеет внутривидовое генетическое разнообразие. В локусах BM2113 (1 аллель), TGLA53 (2 аллель) и TGLA122 (8 аллель) обнаружены редкие аллели, характерные только для данной породы.

Выводы

1. В отличие от других пород внутривидовая структура абердин-ангусов различается в аллельном спектре INRA23, ETH3, ETH225, BM1824 (отчет отдела генетики сельскохозяйственных животных КазНИИЖиК).

2. Анализ исследуемых популяционно-генетических структур абердин-ангусской породы КРС подтвердил наличие дифференцированных групп животных различных регионах Казахстана.

ЛИТЕРАТУРА

- [1] Гарригус У. П., Животноводство США, пер. с английского, М., 1957; Скотоводство. Крупный рогатый скот, т. 1, М., 1961.
- [2] Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции // Вавиловский журнал генетики и селекции. - 2013. - Т. 17, №4/2. - С. 1044-1054.
- [3] Сулимова Г.Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения // Успехи современной биологии. - 2004. - Т. 124. - С. 260-271.
- [4] Глазко В.И., Гладырь 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.
- [5] Хедрик Ф. Генетика популяций. М.: Техносфера, 2013., 592 с.
- [6] Вейр Б. Анализ генетических данных. М.: Мир, 1995., 399 с.
- [7] Животовский Л.А. Популяционная биометрия. М.: Наука, 1991., 267 с.
- [8] Статистический пакет SPSS Statistics v.17, <http://www.spss.com>

REFERENCES

- [1] Harrygus W.P. Livestock of the United States. Tran. from English, M., 1957; Cattle breeding. Vol. 1, Moscow, 1961. (in Russ.).
- [2] 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.).
- [3] Sulimova G.E. DNA-markers in genetic research: marker types, their properties and applications // Successes of modern biology. - 2004. - V. 124. - p. 260-271. (in Russ.).
- [4] 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.).
- [5] Hedrick F. Genetics populatsiy. M.: Technosphere, 2013, 592 p. (in Russ.).
- [6] Weir B. Analysis of genetic data. M.: Mir, 1995. 399 p. (in Russ.).
- [7] Zhivotovsky L.A. Population biometrics. M.: Nauka, 1991, 267 p. (in Russ.).
- [8] The statistical package SPSS Statistics v.17, <http://www.spss.com>. (in Russ.).

АБЕРДИН-АНГУС ТҰҚЫМДЫ ІРІ ҚАРА МАЛДЫҢ МИКРОСАТЕЛИТТІ ДНҚ БОЙЫНША ТЕКТІК ҚОРЫ СИПАТТАМАСЫ

Нурбаев С.Д., Омбаев А.М., Карымсаков Т.Н., Каратаева М.Б., Хамзина Ж.М.

Мал шаруашылығы мен азық өндіру қазақ ғылыми-зерттеу институты

Түйін сөздер: ірі қара мал, абердин-ангусс тұқымы, аллель, микросателиттер, полиморфизм, генотиптеу.

Аннотация. Мақалада ірі қара малдың абердин-ангуссы тұқымының 11 микросателитті ДНҚ локустары бойынша генетикалық тестілеудің нәтижелері көрсетілген. Қазіргі заманғы абердин-ангусс тұқымының популяциясы мынандай генетикалық көрсеткіштерге ие: аллельдердің орташа мөлшері 12,27, гетерезиготалығы – 0,8758, кез-келген инбридинг 0,0022. 135 аллель идентификацияланды, оның ішінде сәйкесінше 124 (91,85%) және жеке аллельдер 11(8,15%) болды.

Сведения об авторах:

Нурбаев Серик Долдашевич – заведующий отделом генетики сельскохозяйственных животных, доктор биологических наук, профессор, sdnurbaev@mail.ru

Омбаев Абдирахман Молданазарұлы – генеральный директор, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, почетный член НАН РК, иностранный член РАН, givotnovodstvo@mail.ru

Карымсаков Талгат Николаевич – заместитель генерального директора по науке и животноводству, кандидат сельскохозяйственных наук, givotnovodstvo@mail.ru

Каратаева МолдирБалабековна – старший научный сотрудник отдела генетики сельскохозяйственных животных, moldirkar@mail.ru.

ХамзинаЖанылсыңМендиғұловна – младший научный сотрудник отдела генетики сельскохозяйственных животных, zh_hamzyuna@mail.ru.