

**M. T. Kargayeva<sup>1</sup>, D. A. Baimukanov<sup>1</sup>, S. D. Nurbaev<sup>2</sup>,  
A. D. Baimukanov<sup>3</sup>, O. Alikhanov<sup>4</sup>, Zh. Yusupbayev<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>Kazakh National Agrarian University, Almaty, Kazakhstan;

<sup>2</sup>Seleksia Ortalygy LLP, Shymkent, Kazakhstan;

<sup>3</sup>Russian State Agrarian University -Moscow Agricultural Academy  
named after K. A. Timiryazev, Moscow, Russia;

<sup>4</sup>South Kazakhstan State University named after M. O. Auezov, Shymkent, Kazakhstan;

<sup>5</sup>International Humanitarian and Technical university, Shymkent, Kazakhstan.

E-mail: Makpal.11@list.ru

## IDENTIFICATION OF KAZAKH HORSES BY MICROSATELITE DNA USING MODERN ANALYTICAL METHODS

**Abstract.** Results of population and genetic structure on 17 microsatellite (MS) DNA loci of horses of the Aday breed bred in the Republic of Kazakhstan are presented. The number of the general population (samples) was 33 animals.

Modern Kazakhstan population of the Kazakh horses of the Aday offspring is characterized by the following population and genetic indicators: an average number of alleles (N) – 7.17, the average heterozygosity (expected He) – 0.8226, average heterozygosity (expected, Ho) – 0.9180, the individual index of fixing (Fis) – 0.1171. 122 alleles were identified, of them 122 informative alleles (with a frequency more than 0.01), private - 0 (with a frequency less than 0.01) and effective - 99.29.

**Key words:** Kazakh horse, Aday offspring, genetic variability, inbreeding, heterozygosity, microsatellites.

**Introduction.** The Aday offspring of the Kazakh horses type is distributed in Caspian Depression in the western Kazakhstan (Mangystau Region) [1,2,3].

Assessment of a genetic diversity is an integral part of selective and breeding work and the analysis of inter - and intrapopulation polymorphism of loci of DNA began to be performed taking into account regional placement of a domestic population of the Kazakh horses of the Aday offspring.

One of the most informative methods of such analysis is microsatellite (MS) typing which not only characterizes genetic structure of populations, breeds, herds, and evaluates degree of their genetic similarity, but also increases efficiency of selection by control of origin authenticity [4-6].

The aim of this work is an assessment of the current state of population and genetic structure of the Kazakh horses of the Aday offspring by polymorphism of microsatellite DNA loci.

**Materials and methods of research.** As material there were biological samples (hair follicles) of 33 animals from Taushyk LLP, Tupkaragan district of the Mangystau Region. Collecting biomaterials was carried out in 2019.

DNA extraction was carried out according to the protocol of the reagents' manufacturer (Invitrogen, Applied Biosystems, USA). Multiplex genotyping of horses was conducted by the Stock Marks Horse set (Applied Biosystems, USA) according to 17 loci recommended by the International Society for Animal Genetics (ISAG).

Identification of amplification products was executed using the genetic ABI Seq Studio analyzer (Applied Biosystems, USA) with a capillary electrophoresis. Interpretation of the received graphic results was carried out in the Gene Mapper 5.0 program.

For describing polymorphism, the following indicators were used: allele frequency, the average observed and expected heterozygosity as well as the average heterozygosity on loci, number of alleles in a locus, number of informative alleles (frequent, with more than 1% frequency), number private alleles (rare, with less than 1% frequency) in a locus, number of effective alleles and the individual index of fixing  $F_{is}$ .

All biometric calculations were carried out according to the standard technique of variation statistics [7-9]. For calculation of population and genetic indicators, statistics package [10] and Fortran Power Station v.2.0 software program complex in algorithmic language of proprietary development were used [11].

*Allelic profiles.* Alleles frequency of occurrence, a minimum, a maximum and an average number of alleles, alleles frequencies, a number of informative alleles, a number of effective alleles, private alleles number and frequencies of occurrence were determined.

Allele frequencies were calculated separately for each locus according to a formula:

$$p_i = \frac{N_p}{2N}, \quad (1)$$

where  $P_i$  – the  $i$ -th allele frequency of occurrence,  $N_p$  – quantity of the  $i$ -th allele, in sampling,  $2N$  – number of animals in sampling.

The number of informative alleles was calculated as number of alleles in population with a frequency of occurrence more than 1%.

The number of effective alleles, i.e. number of the alleles meeting with equal frequency in ideal population which is necessary for receiving the same degree of homozygosity or a genetic variety in real population, were calculated by a formula:

$$N_e = \frac{1}{1-H_e}, \quad (2)$$

where  $N_e$  – a number of effective alleles in population,  $H_e$  – an average expected heterozygosity degree.

The number of private alleles was calculated as number of alleles in population with a frequency of occurrence no more than 1%.

Average observed degree of heterozygosity ( $H_o$ ) was calculated for each locus as the ratio of number of heterozygotes to total number of the studied animals. For calculation of  $H_o$  of an individual it was found an arithmetic average  $H_o$  value on all studied 17 loci.

The average expected degree of heterozygosity ( $H_e$ ) was calculated for each locus, using the following formula:

$$H_e = 1 - \sum_i p_i^2, \quad (3)$$

where  $p_i$  – the frequency of occurrence of the  $i$ -th allele. For calculation of  $H_e$  of an individual it was found an arithmetic average  $H_e$  value on all studied 17 loci.

The individual index of fixing ( $F_{is}$ ) is a coefficient at individuals in relation to subpopulation, it serves as a measure of decrease in level of heterozygosity of an individual owing to nonrandom pairing in each subpopulation. For calculation a formula was used:

$$F_{is} = (H_e - H_o) / H_e, \quad (5)$$

**Results and discussion.** *All-breeds (population) differentiation.* Characteristic of Aday offspring of the Kazakh horse is presented in the context of population and genetic breed differentiation with the use of modern analytical methods of identification by microsatellite DNA. Modern analytical methods of identification are widely practiced in many biological investigations [12]. For a total characteristic and positioning of this breed the following results of genotyping of 17 microsatellite loci are given in table in details.

The revealed allelic options of MS loci of of the Aday offspring of the Kazakh Jabe horse (the number of samples - 33 animals)

MS Locus	N	Na	Npr	Ne	He	Ho	Fis
VHL20	9	9	0	7	0.8629	1	-0.15888
HTG4	7	7	0	5	0.7786	0.7878788	-0.01192
AHT4	7	7	0	5	0.7963	0.8181818	-0.02748
HMS7	4	4	0	4	0.7235	0.9393939	-0.2984
HTG6	8	8	0	8	0.8695	0.9090909	-0.04553
AHT5	8	8	0	6	0.8312	0.9090909	-0.09371
HMS6	7	7	0	6	0.8392	0.8787879	-0.04717
ASB23	8	8	0	6	0.8384	1	-0.19275
ASB2	7	7	0	6	0.8424	0.9090909	-0.07917
HTG10	9	9	0	7	0.8522	1	-0.17343
HTG7	8	8	0	5	0.8065	0.8787879	-0.08963
HMS3	7	7	0	6	0.8182	0.9090909	-0.11109
HMS2	6	6	0	6	0.8182	0.8484848	-0.03701
ASB17	8	8	0	7	0.8462	0.8484848	-0.0027
LEX3	6	6	0	5	0.7907	0.969697	-0.22638
HMS1	5	5	0	5	0.8121	1	-0.23138
CA425	8	8	0	7	0.8587	1	-0.16455
Total	122	122	0	99.289	13.9848	15.606061	-1.99118
Average value	7.1761	7.1764	0	5.8405	0.8226353	0.9180036	-0.11713

Note: N– number of alleles, Na – number of informative alleles ( $Na \geq 1\%$ ), Npr – number of private alleles ( $Npr < 0.1\%$ ), Ne – number of effective alleles, He – the average expected geterezigosity, Ho – the average observed geterezigosity, and Fis - the individual index of fixing.

In general, the carried-out analysis of an allele fond of this samples of the Aday offspring Kazakh horse type revealed the range of values distinctive only for Aday spawn. The most polymorphic for this offspring of the Kazakh horses of 17 MS loci are VHL 20, HTG10, HTG6, AHT5, ASB 23, HTG 7, ASB 17, Ca425 with 9 and 8 alleles respectively, least polymorphic are loci HMS7 and HMS1 (with 4 and 5 alleles). A genetic intra breeding variety (polymorphism) reflects existence of informative, effective alleles and presence of rare (private) alleles. In total 122 alleles were identified, among them informative - 122, effective – 99.23 and private – 0. The average allele number on all loci was 7.17, on all informative alleles – 7.17, on effective – 5.84 and on private – 0, it is specified in figure 1. The lack of private alleles demonstrates the consolidated status of the Kazakh horses of the Aday offspring.

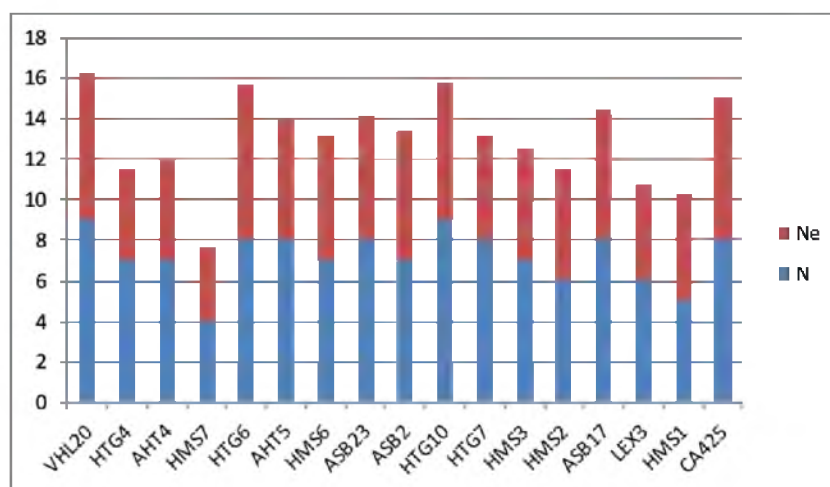


Figure 1 – A share of informative and effective alleles in 17 MS loci of the Kazakh horses type of the Aday offspring. The dark colour specifies a share of informative alleles, the light one - a share of effective alleles

Level of the average expected heterozygosity of horses in loci varies from 0.7235 (in HMS7 locus) to 0.8695 (in HTG6), the average value on all loci is 0.8226. This regularity is observed also in levels of average observed heterozygosity as it is specified in figure 2.

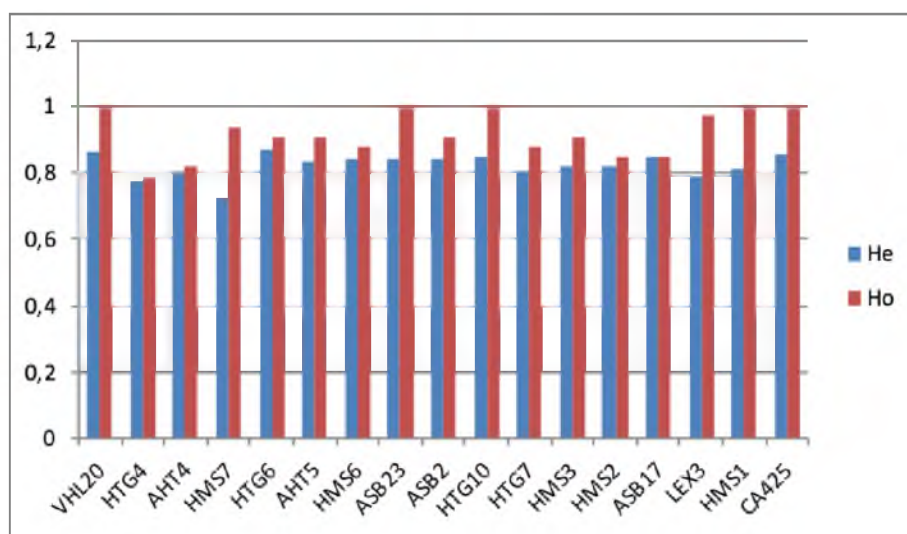


Figure 2 – A share of informative and effective alleles in 17 MS loci of the Kazakh horses of the Aday offspring. The dark colour specifies a share of informative alleles, the light one - a share of effective alleles

One of the indicators of population differentiation, Fis coefficient (the individual index of fixing), showed the surplus of heterozygotes in all loci as shown in figure 3.

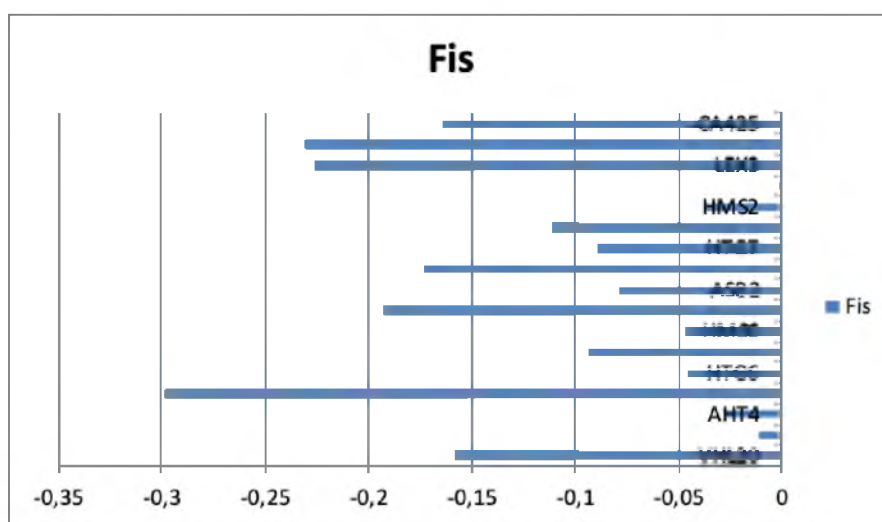


Figure 3 – Fis Coefficient (the individual index of fixing) of 17 MS loci of the Kazakh horses of the Aday offspring

**Conclusion.** The population and genetic structure of the Aday breed of horses shows differentiation of population in common. The total number of the alleles found in 17 microsatellite loci is 122, of them informative alleles - 122, effective alleles – 99.28 and private alleles - 0. Indicators of the level of the average expected heterozygosity vary from 0.7235 to 0.8695. As for Fis coefficient (the individual index of fixing), the surplus heterozygosity in all loci was found. The expected heterozygosity  $He = 0.8677$ , the observed heterozygosity  $Ho = 0.8600$ .

The analysis of the studied parameters of population and genetic structure of the Aday offspring of the Kazakh horses confirmed an existence of intrapopulation differentiation of animals in the conditions of the Mangyshlak peninsula.

М. Т. Каргаева<sup>1</sup>, Д. А. Баймұқанов<sup>1</sup>, С. Д. Нурбаев<sup>2</sup>,  
А. Д. Баймұқанов<sup>3</sup>, О. Алиханов<sup>4</sup>, Ж. Ш. Юсупбаев<sup>5</sup>

<sup>1</sup>«Қазақ ұлттық аграрлық университеті»

коммерциялық емес акционерлік қоғамы, Алматы, Қазақстан;

<sup>2</sup>«Селекция орталығы» ЖШС, Шымкент, Қазақстан;

<sup>3</sup>Ресей мемлекеттік аграрлық университеті – К. А. Тимирязов атындағы

Мәскеу ауылшаруашылық академиясы, Мәскеу, Ресей;

<sup>4</sup>М. О. Әуезов атындағы Оңтүстік Қазақстан мемлекеттік университеті, Шымкент, Қазақстан;

<sup>5</sup>Халықаралық гуманитарлық-техникалық университет, Шымкент, Қазақстан

### ҚАЗАҚ ЖЫЛҚЫЛАРЫН ҚАЗІРГІ ЗАМАНҒЫ АНАЛИТИКАЛЫҚ ТӘСІЛДЕРМЕН МИКРОСАТИЛЕТТІ ДНҚ БОЙЫНША ИДЕНТИФИКАЦИЯЛАУ

**Аннотация.** Генетикалық алуан түрлілікті бағалау селекциялық – асылдандыру жұмыстарының ажырамас бөлігі болып саналады және днқ локустарының аралық және ішкі популяциялық полиморфизмінің есебі отандық қазақ жылқылары адай тармағының жергілікті популяциясын ескеру отырып жүргізілді.

Бұл тәсілдердің мәліметті көп алуға мүмкіндік беретін талдауының бірі микросателлетті типтеу (МС) болып саналады. Бұл тәсіл популяция, түр, табынның генетикалық құрылымын сипаттап қана қоймай, олардың генетикалық ұқсастық дәрежесін бағалайды, сонымен қатар шығу-тегін бақылау арқылы селекция тиімділігін жоғарылатады.

Жұмыс мақсаты – микросателлитті ДНҚ локустарының полиморфизмі бойынша қазақ жылқылары адай тармағының популяциялық генетикалық құрылымының қазіргі жағдайын бағалау.

Биологиялық үлгілер (шаш қылы) 33 бас жануардан Маңғыстау облысы Түпқараған ауданының «Таушық шаруашылығы» ЖШС-нен алынды. Биоматериалдарды жинау 2019 жылы іске асты.

ДНҚ-ны бөліп алу реагенттер өндірушісі (Invitrogen, Applied Biosystems, АҚШ) нұсқаулығына сәйкес жүргізілді. Жылқыларды генетиптеуді Stock Marks Horse (Applied Biosystems, АҚШ) 17 локус жинағымен ауылшаруашылық жануарларының халықаралық генетиктер ISAG (International Society for Animal Genetics) нұсқаулығы негізінде іске асырды.

Амплификация өнімдерін идентификациялау ABI Seq Studio (Applied Biosystems, АҚШ) генетикалық анализаторда капиллярлы электрофорезді колдану негізінде жүзеге асырылды. Алынған графикалық нәтижелердің ажыратылуы GeneMapper 5.0. бағдарламасымен жүргізілді.

Қазақстан Республикасы аумағында өсірілетін адай жылқыларының 17 микросателлетті (МС) ДНҚ локусы бойынша популяциялық-генетикалық құрылым нәтижелері берілді. Жалпы популяция көлемі 33 басты құрады.

Жалпылай алғанда, қазақ жылқылары адай тармағының аталған аллелофонд жүргізілген талдауы тек адай тармағына тән мән спектрін анықтады. Қазақ жылқылары аталған тармағының полиморфтылығының көбісі 17 МС локустарынан VHL20, HTG10, HTG6, AHT5, ASB23, HTG7, ASB17, CA425с локустары сәйкесінше 9 және 8 аллелі, полиморфтылығы азы – HMS7 және HMS1 локустары ( 4 және 5 аллельден). Түрішілік генетикалық алуантүрлілік (полиморфтылық) ақпараттық, тиімді және сирек аллельдің бар екендігін байқатады. Жалпы 122 аллель идентификацияланды, ақпараттық – 122, тиімдісі – 99.23 және сирегі – 0. Барлық локустар бойынша аллельдердің орташа саны 7.17 құрады, барлық ақпараттық аллельдер – 7.17, тиімдісі – 5.84 және 1-суретте көрсетілгендей сирегі – 0. Сирек аллельдердің жоқтығы адай тармағы қазақ жылқылары статусының шоғырланғандығын айқындайды.

Локустар бойынша жылқылардың күтілетін орташа гетерозиготтылық дәрежесі 0.7235-ден (HMS7 локуста) 0.8695 (HTG6) дейін, барлық локустар бойынша орташа көрсеткіш 0.8226 көрсетті. Аталған заңдылық орташа гетерозиготтылық деңгейіне қатысты байқалады.

Адай жылқыларының популяциялық-генетикалық құрылымы жалпы популяция дифференциясын көрсетеді. 17 микросателлетті локустарда анықталған аллелдердің жалпы мөлшері 122, оның 122 ақпараттық, тиімдісі – 99.28 және сирегі – 0 аллель. Күтілетін гетерозиготтықтың орташа дәреже көрсеткіші – 0.7235-ден 0.86950 дейін. *Fis* коэффициенті бойынша (фиксацияның жекелеген индексі), барлық локустарда гетерозиготтардың көп мөлшері анықталды. Күтілетін гетерозиготтық –  $H_e = 0.8677$ , байқалатын гетерозиготтық –  $H_o = 0.8600$ .

Қазақ жылқысы адай тармағының популяционды-генетикалық зерттеу параметрлерін талдау Маңғышлақ түбегіндегі жануарларда популяцияішілік дифференцияның бар екендігін айқындайды.

Осылайша қазақ адай тармағы жылқысы келесідей популяциялық-генетикалық көрсеткіштер арқылы сипатталады: аллельдердің орташа саны – ( $N$ ) – 7.17, орташа гетерозиготтылық (күтілетін,  $H_e$ ) – 0.8226, орташа гетерозиготтылық (байқалатын,  $H_o$ ) – 0.9180, фиксацияның жекелеген индексі (*Fis*) – 0.1171.

122 аллель идентификацияланды, оның ақпараттық аллелдері – 122 (жілігі 0,01), сирегі – 0 (жілігі 0,01 төмен) және тиімдісі – 99.29.

**Түйін сөздер:** қазақ жылқысы, адай тармағы, генетикалық өзгергіштік, инбридинг, гетерозиготтық, микросателлиттер.

**М. Т. Каргаева<sup>1</sup>, Д. А. Баймуканов<sup>1</sup>, С. Д. Нурбаев<sup>2</sup>,  
А. Д. Баймуканов<sup>3</sup>, О. Алиханов<sup>4</sup>, Ж. Ш. Юсупбаев<sup>5</sup>**

<sup>1</sup>Некоммерческое акционерное общество «Казахский  
Национальный аграрный университет», Алматы, Казахстан;

<sup>2</sup>ТОО «Селекция орталығы», Шымкент, Казахстан;

<sup>3</sup>Российский государственный аграрный университет –  
Московская сельскохозяйственная академия им. К.А. Тимирязева, Москва, Россия;

<sup>4</sup>Южно-Казахстанский государственный университет им. М.О. Ауэзова, Шымкент, Казахстан;

<sup>5</sup>Международный гуманитарно – технический университет, Шымкент, Казахстан

### **ИДЕНТИФИКАЦИЯ КАЗАХСКИХ ЛОШАДЕЙ СОВРЕМЕННЫМИ АНАЛИТИЧЕСКИМИ МЕТОДАМИ ПО МИКРОСАТЕЛЛИТНЫМ ДНК**

**Аннотация.** Оценка генетического разнообразия является неотъемлемой частью селекционно-племенной работы и анализ меж- и внутривидового полиморфизма локусов ДНК стал проводиться с учетом регионального размещения отечественной популяции казахских лошадей адайского отродья.

Одним из наиболее информативных методов такого анализа является микросателлитное (МС) 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

Цель данной работы – оценка современного состояния популяционно-генетической структуры адайского отродья казахских лошадей по полиморфизму микросателлитных локусов ДНК.

Материалом служили биологические образцы (волосные луковицы) 33 голов животных из ТОО «Таушык» Тупкараганского района Мангистауской области. Сбор биоматериалов осуществлялся в 2019 году.

Выделение ДНК проводилось в соответствии с протоколом производителя реагентов (Invitrogen, Applied Biosystems, США). Мультиплексное генотипирование лошадей проводили набором Stock Marks Horse (Applied Biosystems, США) по 17 локусам, рекомендованным международным сообществом генетики сельскохозяйственных животных ISAG (International Society for Animal Genetics).

Идентификация продуктов амплификации выполнена на генетическом анализаторе ABISeqStudio (Applied Biosystems, США) с применением капиллярного электрофореза. Расшифровка полученных графических результатов проводилась в программе GeneMapper 5.0.

Представлены результаты популяционно-генетической структуры по 17 микросателлитным (МС) локусам ДНК лошадей адайской породы, разводимой в Республике Казахстан. Размер общей популяции (выборки) составил 33 голов.

В целом, проведенный анализ аллелофонда данной выборки адайского отродья казахской лошади выявил спектр значений, характерный только для адайского отродья. Наиболее полиморфными для данного отродья казахских лошадей из 17МС локусов являются локусы VHL20, HTG10, HTG6, AHT5, ASB23, HTG7, ASB17, CA425с 9 и 8 аллелями соответственно, наименее полиморфны локусы HMS7 и HMS1 (по 4 и по 5 аллелей). Генетическое внутривидовое разнообразие (полиморфность) отражает наличие информативных, эффективных аллелей и присутствие редких (приватных) аллелей. Всего было идентифицировано 122 аллелей, из них информативных – 122, эффективных – 99.23 и приватных – 0. Среднее число аллелей по всем локусам составило 7.17, по всем информативным аллелям – 7.17, по эффективным – 5.84 и по приватным – 0 как указано на рисунке 1. Отсутствие приватных аллелей свидетельствует о консолидированном статусе казахских лошадей адайского отродья.

Уровень средней ожидаемой гетерозиготности лошадей по локусам варьирует от 0.7235 (в локусе HMS7) до 0.8695 (HTG6), средний показатель по всем локусам составляет 0.8226. Данная закономерность наблюдается и для уровней средней наблюдаемой гетерозиготности.

Популяционно-генетическая структура адайской породы лошадей показывает дифференциацию популяции в целом. Общее количество аллелей, обнаруженных в 17 микросателлитных локусах, составило 122, из них информативные аллели – 122, эффективные аллели – 99.28 и приватные аллели – 0. Показатели уровня средней ожидаемой гетерозиготности варьируют от 0.7235 до 0.8695. По коэффициенту

*Fis* (индивидуальный индекс фиксации), был обнаружен избыток гетрезигот во всех локусах. Ожидаемая гетерезиготность  $He = 0.8677$ , наблюдаемая гетерезиготность  $Ho = 0.8600$ .

Анализ исследуемых параметров популяционно-генетической структуры адайского отродья казахских лошадей подтвердил наличие внутривидовой дифференциации животных в условиях полуострова Мангышлак.

Таким образом, современная казахстанская популяция казахских лошадей адайского отродья характеризуется следующими популяционно-генетическими показателями: среднее число аллелей ( $N$ ) – 7.17, средняя гетерозиготность (ожидаемая,  $He$ ) – 0.8226, средняя гетерозиготность (наблюдаемая,  $Ho$ ) – 0.9180, индекс фиксации индивидуальный ( $Fis$ ) – 0.1171. Было идентифицировано 122 аллелей, из них информативных аллелей 122 (с частотой более 0,01), частных – 0 (с частотой менее 0,01) и эффективных – 99.29.

**Ключевые слова:** казахская лошадь, адайское отродье, генетическая изменчивость, инбридинг, гетерозиготность, микросателлиты.

#### Information about authors:

Kargaeyeva Makpal, PhD student of the Department of technology for processing livestock product. Kazakh National Agrarian University, Almaty, Republic of Kazakhstan; Makpal.11@list.ru; <https://orcid.org/0000-0001-7955-6340>

Baimukanov Dastanbek Asylbekovich, Corresponding Member of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan, Doctor of Agricultural Sciences, Professor of the Department of Physiology, Morphology, and Biochemistry named after academician N.U. Bazanova, NJSC “Kazakh National Agrarian University”, Almaty, Kazakhstan; dbaimukanov@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0002-4684-7114>

Nurbayev Serik Doldashevich, Doctor of Biological Sciences, Professor, deputy director for science of the Selektzia Ortalygy LLP, Shymkent, Kazakhstan; sdnurbaev@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-3942-9683>

Baimukanov Aidar Dastanbekouly, Master student of the Faculty of Zootechnics and Biology of the Russian State Agrarian University - Moscow Agricultural Academy named after K.A. Timiryazev, Moscow, Russia; aidartaidar98@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0001-9669-864X>

Alikhanov Oralbek, Candidate of agricultural sciences, the Department of veterinary medicine, "South Kazakhstan State University named after M. O. Auezov", Shymkent, Kazakhstan; oralbekalihanov64@gmail.com; <https://orcid.org/0000-0003-2309-265X>

Yusupbayev Zhaxylyk, Candidate of agricultural sciences, International Humanitarian and Technical university, Shymkent, Kazakhstan; j-0165@mail.ru; <https://orcid.org/0000-0003-3400-2963>

#### REFERENCES

- [1] Akimbekov A.R., Baymukanov D.A., Yuldashbayev Yu.A., Dyomin V. A., Iskhan. K.Zh. (2018). Horse breeding (ISBN 978-5-906923-27-1). M. COURSE. INFRA-M. 400 p. (in Russ.).
- [2] Fedotov P.A. (1981). Horse breeding. M. Ear. 312 p. (in Russ.).
- [3] Nurshhev M.Zh. (2005). Horses of the Aralokaspiysky desert of Kazakhstan. Horse breeding and equestrian sport. M. N 3. P. 12-13. (in Russ.).
- [4] Hlestkina E.K. (2013) Molecular markers in genetic researches and in selection. Vavilovsky journal of genetics and selection. Vol. 17. N 4/2. P. 1044-1054 (in Russ.).
- [5] Sulimova G.E. (2004). DNA markers in genetic researches: types of markers, their properties and scopes. Achievements of modern biology. 2004. T. 124. P. 260-271 (in Russ.).
- [6] Peephole V.I., Gladyr E.A., Feofilov A.V., Bardukov N. V., Glazko T.T. (2013). ISSR-PCR markers and mobile genetic elements of agricultural species of mammals. Agricultural biology. N 2. P. 71-76 (in Russ.).
- [7] Hedrick P.W. (2005). Genetics of Populations (3rd Edition). Boston: Jones and Bartlett, MA, 737 p.
- [8] Weir B. (1990). Analysis of genetic data. North Carolina State University. P.399
- [9] Zhivotovsky L.A. (1991). Population biometrics. M. Science. 267 p. (in Russ.).
- [10] Statistical Package for the Social Sciences. V. 17. <http://www.spss.com>.
- [11] Nurbayev S.D., Ombayev A.M., Karatayeva M.B., Tugelbayeva A.K., Hamzina Zh.M., Kobikbayeva A.M. (2017). Copyright certificate. The automated workplace of the livestock specialist of the selector (the computer program. Entry in the register for No. 2122 of 8.09.2017 the Ministry of Justice of RK. (in Russ.).
- [12] Omarova A.B., Atte Von, Tulemissova Zh.K., Baikhozhaeva B.U., Ikombayev T.D. (2019) Identification of probiotic strains by modern analytical techniques // News of the National Academy of Sciences of the Republic of Kazakhstan. Series of Geology and Technical Sciences. ISSN 2224-5278. Vol. 3, N 435. (2019). P. 30-35. ISSN 2518-170X (Online), ISSN 2224-5278 (Print). <https://doi.org/10.32014/2019.2518-170X.64>