

NEWS

OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF THE REPUBLIC OF KAZAKHSTAN

SERIES OF AGRICULTURAL SCIENCES

ISSN 2224-526X

Volume 6, Number 42 (2017), 52 – 57

**K. Zh. Dossybaev^{1,2}, Z. S. Orasimbetova¹, M. D. Tulekey^{1,3},
A. S. Mussayeva¹, B. O. Bekmanov^{1,3}, B. M. Makhatov²**

¹Institute of general genetics and cytology, Almaty, Kazakhstan,

²Kazakh national agrarian university, Almaty, Kazakhstan

³Al-Farabi Kazakh national university, Almaty, Kazakhstan.

E-mail: kairat1987_11@mail.ru

STUDY OF KAZAKH FINE-WOOL SHEEP BREEDS WITH DNA-MARKERS

Abstract. This work was devoted to molecular-genetic analysis of sheep of Kazakh fine-wool breed using STR-markers. 12 STR markers recommended by the International Society of Animal Genetics (ISAG) (*CSRD247*, *D5S2*, *INRA005*, *INRA006*, *INRA023*, *INRA063*, *INRA172*, *MAF065*, *MAF214*, *McM042*, *McM527*, *OarFCB20*) were used in the work. As a result of the research, the following indicators were obtained: on average, the level of polymorphism per one locus is 7.917; the effective number of alleles is 4.90; the Shannon index was 1.7; observed and expected heterozygosity of 0.744 and 0.770; the value was PIC 0,739. The results of this study confirm the high information content of the used markers for the estimation of genetic diversity in the sheep of the studied populations of the Kazakh fine-wool breed.

Key words: kazakh sheep fine-wool, DNA-markers, STR-markers.

ӘОЖ 575.174.015.3: 636.082.12

**Қ. Ж. Досыбаев^{1,2}, З. С. Оразымбетова¹, М. Д. Тулекей^{1,3},
А. С. Мұсаева¹, Б. О. Бекманов^{1,3}, Б. М. Махатов²**

¹ҚР БҒМ ҒК «Жалпы генетика және цитология институты», Алматы, Қазақстан,

²Қазақ ұлттық аграрлық университеті, Алматы, Қазақстан,

³Әл-Фараби атындағы Қазақ ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан

ҚАЗАҚТЫҢ БИЯЗЫ ЖҮНДІ ҚОЙ ТҰҚЫМЫН ДНҚ-МАРКЕЛЕР НЕГІЗІНДЕ ЗЕРТТЕУ

Аннотация. Бұл жұмыс қазақтың биязы жүнді қой тұқымын STR-маркерлер арқылы молекулалық-генетикалық талдауға арналған. Зерттеуге «Халықаралық жануарлар генетикасы қоғамы» (ISAG) ұсынған 12 STR-маркерлер қолданылды (*CSRD247*, *D5S2*, *INRA005*, *INRA006*, *INRA023*, *INRA063*, *INRA172*, *MAF065*, *MAF214*, *McM042*, *McM527*, *OarFCB20*). Нәтижесінде орташа есеппен бір локустағы полиморфизм деңгейі 7,917; аллельдердің эффективті саны 4,90; Шеннон индексі 1,7; байқалатын және күтілетін гетерозиготалар 0,744 және 0,770; PIC-көрсеткіші 0,739 мәндеріне тең болатыны көрсетілді. Қазақтың биязы жүнді қой тұқымының әртүрлілігін сипаттауда аталған маркелердің генетикалық ақпараттылығы жоғары екендігін зерттеу барысында алған нәтижелермен дәлелденді.

Түйін сөздер: қазақтың биязы жүнді қой тұқымы, ДНҚ-маркерлер, STR-маркерлер.

Қазақтың биязы жүнді қой тұқымы Қазақстанда ет және жүн өнімдерін өндіру бағытында өсіріледі және 1931–1946 жылдар аралығында шығарылған етті-жүнді бағыттағы алғашқы отандық қой тұқымы болып есептеледі. Бұл тұқым жергілікті қазақтың құйрықты қойаналықтарын ағылшынның *прекос* тұқымымен шағылыстыру нәтижесінде алынған. Негізінен Қазақстанның

оңтүстік-шығысындағы табиғи-климаттық жағдайларға жақсы бейімделген қой тұқымы ретінде сипатталады [1-3]. Дене бітімі берікәрі ірі және сүйегі мықты жетілген болып келеді. Аталық қойлар мүйізді және мүйізсіз, орта есеппен тірі салмағы 100-120 кг, қырқылған жүн түсімі 8-12 кг, жуылған жүн шығымы 55-60%, жүнінің ұзындығы 9-12 см, жүнінің жіңішкелігі 60-тан 70-ке дейінгі аралықта болады. Ал, аналықтарысәйкесінше, тірі салмағы 55-75 кг, қырқылған жүн түсімі 4-5,5кг, жуылған жүн шығымы 50-55%, жүнінің ұзындығы 8-10 см және төлдегіштігі 120-140% тең болады [3-5].

Қазіргі таңда асыл тұқымды мал шаруашылығындағы селекциялық жұмыстарды жылдамдату және олардың генетикалық потенциалын жоғарылатуда әртүрлі генетикалық маркерлер кеңінен қолданылады. Оның ішінде микросателлитті маркерлер (*STR* (*Simple Tandem Repeats*)) өте маңызды. Бұл маркерлер генетикалық әртүрлілікті зерттеуде жиі қолданылады, яғни олар геномда кеңінен таралған, полиморфизм деңгейі жоғары, кодминантты тұқымқуалайды және талдау жасауға қолайлы [6]. Мал шаруашылығында жетістікке жетудің бір жолы ол популяциядағы даралардың гетерогенді болуына байланысты [7]. Сондықтан, мал өсіру саласында генетикалық гетерогендікті бақылауда ұстау және оны сақтау өте маңызды. Бұл бағыттағы зерттеу жұмыстары микросателлитті талдаулар арқылы жүргізіледі [8-12]. Қазақстандағы мал шаруашылығы саласында мұндай зерттеулер әлі де болса жеткіліксіз және кеңінен қолданысқа енгізілмеген. Осыған орай жергілікті мал тұқымдарына *STR*-маркелері арқылы генетикалық тұрғыдан сипаттама беру өте маңызды болып табылады. Бұл зерттеу жұмысында *STR*-маркелері арқылы қазақтың биязы жүнді қой тұқымы популяциясына молекулалы-генетикалық сипаттама берілді.

Зерттеу материалдары мен әдістері. Зерттеу нысанасы ретінде Алматы облысы, Жамбыл ауданы, «Р-Құрты» шаруа қожалығында өсірілетін, жынысы әртүрлі 15 басқазақтың биязы жүнді қой тұқымының қан үлгілері алынды. ДНҚ молекуласын бөліп алу мақсатында құрамында ЭДТА реагенті бар пробиркаларға қан үлгілері жиналды. Геномдық ДНҚ молекуласын бөліп алу *QIAamp DNA MiniKit* (*Qiagen*, АҚШ) арнайы реагенттер жиынтығыкөмегімен шығарушы фирманың нұсқаулығымен жүзеге асырылды. Бөлінген ДНҚ молекуласының биофотометр (*Biophotometer plus*, *Eppendorf*, Германия)құралындаконцентрациясы және агарозды гель-электрофорез арқылы сапасы анықталды.

Қазіргі таңда *STR*-маркелері көмегімен зерттеулер жүргізу барысында «Халықаралық жануарлар генетикасы қоғамы» (*The International Society for Animal Genetics, ISAG*) бекіткен арнайы панельдер жиынтығын, мысалы, ірі қара үшін 11, жылқы үшін 17 маркерлерді пайдаланады. Алайда, қойлар мен ешкілерді зерттеуде қолданылатын *STR*-маркелерінің арнайы жиынтығы коммерциялық бағытта әлі құрастырылмаған. Сонда да болса *ISAG* қоғамы бірнеше рет зерттеулер және тексерулер жүргізу арқылы қойларды зерттеугеақпараттылығы жоғары 13 *STR*-маркелерін ұсынады және оның біреуі жынысты анықтауға, ал 12 маркер қой тұқымдарын сипаттауға қолданылады. Біздің зерттеуге алған қой тұқымдарының жынысы белгілі болғандықтан микросателлитті талдауда *ISAG* ұсынған 12 маркер алынды (кесте).

Қойларды сипаттауға арналған *ISAG* ұсынған *STR*-маркелер

№	Локустар	Орналасқан хромосомасы	NCBI нөмірі	Аллельдер өлшемі	Жабысу, °C	Бояғыш түсі
1	<i>CSRD247</i>	14	–	211-264	63°C	HEX
2	<i>D5S2</i>	5	–	188-202	55°C	FAM
3	<i>INRA005</i>	10	X63793	117-155	55°C	HEX
4	<i>INRA006</i>	3	–	109 - 123	55°C	FAM
5	<i>INRA023</i>	3	X67830	198-223	55°C	TET
6	<i>INRA063</i>	14	X71507	168-206	52°C	FAM
7	<i>INRA172</i>	–	X74205	136-171	52°C	HEX
8	<i>MAF065</i>	15	M67437	118-140	52°C	HEX
9	<i>MAF214</i>	16	M88160	175-267	65°C	TET
10	<i>McM042</i>	9	L34281	81-107	52°C	FAM
11	<i>McM527</i>	5	L34277	165-184	52°C	HEX
12	<i>OarFCB20</i>	2	L20004	85-118	52°C	TET

Полимеразды тізбекті реакция (ПТР) арнайы *PCR Master Mix (Thermo Scientific, АҚШ)* жиынтығын пайдаланып, стандартты реакция жағдайында және праймерлердің жабысу температурасына сәйкес жүзеге асырылды (кесте). Амплификация өнімдері *Quantum-ST5 (VilberLourmat, Франция)* гелекұжаттау жүйесінің көмегімен өңделді. ПТР өнімдерін генотиптеу *ABI Prism 310 (Applied Biosystems, АҚШ)* генетикалық талдау аппаратында жүзеге асырылды. Нәтижесінде алынған аллельдердің өлшемдері *GeneMapper* бағдарламасы арқылы анықталды.

Әрбір локустағы аллельдер саны (*Na*) және полиморфизмнің ақпараттық көрсеткіші *PIC (polymorphism information content) The Excel Microsatellite Toolkit* бағдарламасы арқылы [13], аллельдердің тиімді (эффektivті) саны (*Ne*) [14], Шеннонның ақпараттық көрсеткіші (индексі) (*I*) [14], байқалатын (*Ho*) және күтілетін (*He*) гетерозиготалар деңгейі [15] *Microsoft Excel* базасындағы арнайы *GenAlEx 6.5* [16] бағдарламасы арқылы есептелді.

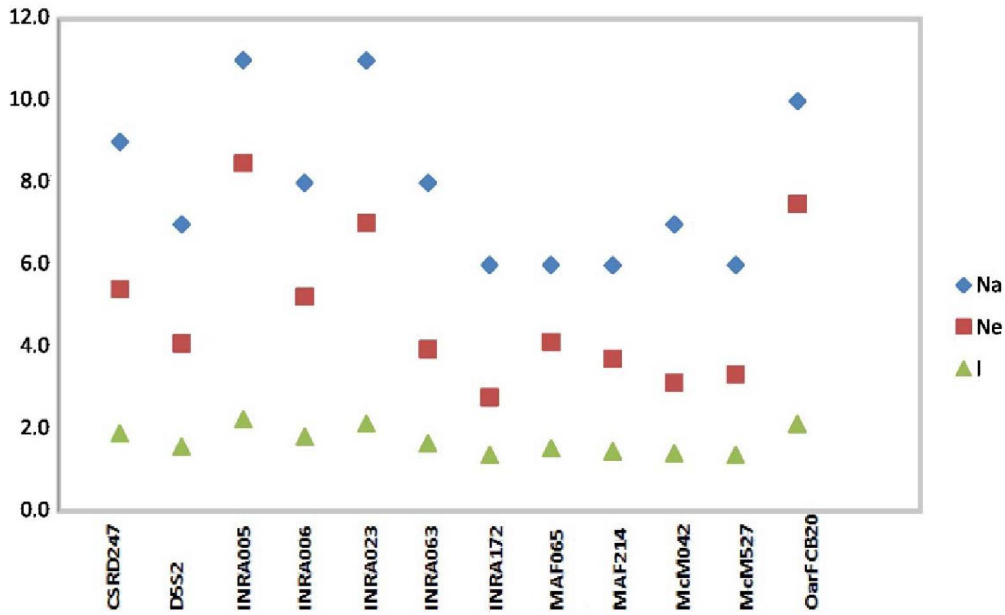
Зерттеу нәтижелері мен талқылаулар. Көптеген ғылыми әдебиеттерде полиморфизм деңгейінің жоғары болуы тұқымшылдық генетикалық әртүрлілікті және олардың келесі ұрпақта сақталуы қиындығын сипаттайды. Кей жағдайларда ұзақ уақыт бойы бір бағытта жүргізілген іріктеу салдарынан генетикалық әртүрлілік деңгейі төмендеп және белгілі бір түрге жататын тұқымда жекелеген аллельдердің жоғалу қаупі байқалуы мүмкін. Алайда, өнімділік қасиеті жоғары мал табындарында бастапқы дараларға қарағанда, салыстырмалы түрде гетерозиготалығын және полиморфизм деңгейін жоғарылату қолға алынуда. Сонымен бірге, нақты бір тұқымда зерттелетін барлық маркерлер бойынша аллельдердің орташа санын анықтау, тұқымшылдық генетикалық әртүрлілікті сақтауда маңызды рөл атқарады.

Бұл жұмыста қазақтың биязы жүнді қой тұқымына молекулалық-генетикалық сипаттама беру барысында қолданылған микросателлитті маркерлердегі ең төменгі полиморфизм деңгейі *INRA172*, *MAF065*, *MAF214* және *McM527* локустарында байқалған болса, ең жоғарғы көрсеткіш *INRA005*, *INRA023* локустарында анықталды. Аталған көрсеткіштердің әр локустағы орташа шамасы $7,917 \pm 0,557$ мәніне тең болды.

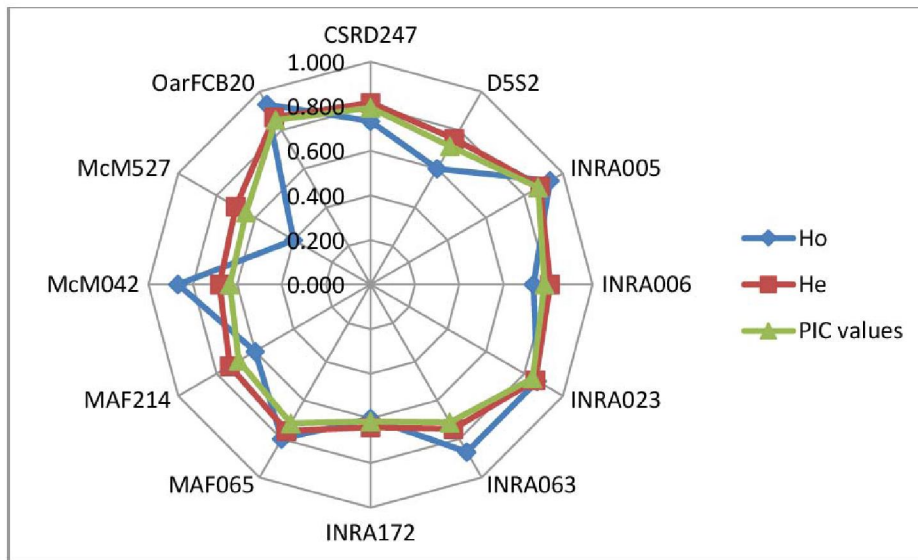
Аллельдердің эфektivті саны – полиморфты локустар үлесінен әр локусқа шаққандағы аллельдер санынан және аллельдер жиілігінің тепе-теңдігінен туындайтын функция болып табылады. Бұл көрсеткіш генетикалық әртүрліліктің өлшемі болып саналады. Аллельдердің эфektivті саны зерттелетін малдардың кері гомозиготалық шамасын бағалайды және де аллельдер жиілігі бірдей болғанда нақты гетерозиготалыққа тең болатын аллельдер санын көрсетеді [14, 17]. Бұл зерттеудегі аллельдердің эфektivті санының бір локустағы орташа көрсеткіші $4,90 \pm 0,538$ мәніне тең болды. Аллельдердің эфektivті саны мен Шеннон индексі бойынша ең жоғары көрсеткіш *INRA005* локусында болса, ал ең төменгі көрсеткіш *INRA172* локусында байқалды. Зерттелген популяцияда барлық маркерлер бойынша аллельдер саны, аллельдердің тиімді (эфektivті) саны және Шеннон индексі 1 суретте көрсетілген (1-сурет).

Ары қарай зерттелген қойлардағы генетикалық өзгергіштікті бағалау үшін байқалатын және күтілетін гетерозиготалар дәрежесі есептелді. Популяциядағы мутациялық процесстер, іріктеудің әртүрлі типтері, гендер дрейфі, кездейсоқ емес шағылысулар және басқада факторлар осы байқалатын және күтілетін гетерозиготалар дәрежесі арқылы анықталады [18]. Осыған орай, зерттелген қойлар арасында бірнеше микросателлитті локустар бойынша гетерозиготалық даралардың жетіспеушілігі байқалды, мысалы, *CSRD247*, *D5S2*, *INRA006*, *INRA172*, *MAF214* және *McM527*. Гетерозиготалар жетіспеушілігінің ең төменгі мәні *INRA172* локусында 4% құраса, ал ең жоғарғы мәні 30% көрсеткіште *McM527* локусында анықталды. Мұндағы байқалатын және күтілетін гетерозиготалар дәрежесі 0,400-тен (*McM527*) 0,933-ке (*INRA005*) және 0,640-тан (*INRA172*) 0,882-ге (*INRA005*) дейінгі аралықта кездесті. Ал, орташа мәні $0,744 \pm 0,048$ және $0,770 \pm 0,022$ тең болды.

Табылған аллельдер саны мен олардың таралу жиілігіне байланысты популяция полиморфизмін анықтау барысында маркерлердің қабілеттілігі *PIC* (полиморфизмнің ақпараттық көрсеткіші) мәні арқылы анықталады [19]. Әрбір локустағы гетерозиготалар мен *PIC* мәндерін өзара салыстырғанда, өздеріне тиесілі гетерозиготалардан барлық *PIC* мәндері төмен жағдайда болды. Негізіннен *PIC* мәні күтілетін гетерозиготалардан кіші болуы тиіс [19]. Мұнда әрбір *STR*-маркері бойынша *PIC*-көрсеткіші есептелді, нәтижесінде олардың орташа өлшемі 0,739 болса, ал өзгергіштік деңгейі 0,613-0,870 дейінгі аралықта *INRA172* және *INRA005* локустарында байқалды (2-сурет).



1-сурет – зерттелген популяция дараларының микросателлитті локустарындағы аллельдер саны (N_a), аллельдердің эффективті саны (N_e) және Шеннон индексі (I) бойынша көрсеткіштері



2-сурет – зерттеген қой популяциясының микросателлитті локустарындағы байқалатын (H_o) және күтілетін (H_e) гетерозиготалар деңгейі мен полиморфизмнің ақпараттық көрсеткіші (PIC)

Сонымен, *STR*-маркерлері арқылы зерттелген даралардың генетикалық құрылымына, генетикалық әртүрлілігімен өзгергіштік деңгейлеріне сипаттама берілді. Әрбір *STR*-маркерлері бойынша орта есеппен бір локустағы полиморфизм деңгейі 7,917; аллельдердің эффективті саны 4,90; Шеннон индексі 1,7; байқалатын және күтілетін гетерозиготалар 0,744 және 0,770; PIC-көрсеткіші 0,739 мәндерін көрсетті. Қазақтың биязы жүнді қой тұқымының әртүрлілігін сипаттауда аталған маркерлердің генетикалық ақпараттылығы жоғары екендігін зерттеу барысында алынған нәтижелер дәлелдейді. Бұл мәліметтерді болашақта зерттелген қой популяциясына селекциялық жұмыстар жүргізуге қолдануға болады.

ӘДЕБИЕТ

- [1] «Қазақстан»: Ұлттық энциклопедия / Бас редактор Ә. Нысанбаев. – Алматы: «Қазақ энциклопедиясы» бас редакциясы, 1998. – V том. – ISBN 5-89800-123-9.
- [2] Батыс Қазақстан облысы. Энциклопедия. – Алматы: Арыс. – 2002. ISBN 9965-607-02-8.
- [3] Сабденов К.С., Махатов Б.М., Нуржанова К.Х., Бурамбаева Н.Б., Султанова А.К., Кулатаев Б.Т. Современная технология производства продуктов овцеводства: Учебник. – Алматы: Айтмұра, 2015. – 416 с.
- [4] Каталог научно-технических разработок АО «Казагроинновация» // Животноводство и ветеринария. – 2011.
- [5] Бегімбеков Қ.Н., Төреханов А.Ә., Байжұманов Ә. Мал өсіру және селекция: Оқулық. – Алматы: Эпиграф, 2015. – 428 б.
- [6] Canon J., Garcia D., Garcia-Atance M.A., et al. ECONOGENE Consortium // Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. Anim. Genet. – 2006. – Vol. 37. – P. 327-334.
- [7] Zhang X.Y., Zhou M.L., Zhang X.H., Wu D.J. Study on population genetic structure of Liangshan semi-wool sheep using microsatellite markers // Pakistan Journal of Biology Science. – 2009. – Vol. 11. – P. 2423-2427.
- [8] Arranz J.J., Bayón Y., San Primitivo F. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites // Anim. Genet. – 1998. – Vol. 29. – P. 435-440.
- [9] Arora R., Bhatia S. Genetic diversity of Magra sheep from India using microsatellite analysis // Asian Aus. J. Anim. Sci. – 2006. – Vol. 19. – P. 938-942.
- [10] Dalvit C., Sacca E., Cassandro M. et al. Genetic diversity and variability in Alpine sheep breeds // Small Rum. Res. – 2008. – Vol. 80. – P. 45-51.
- [11] Esmail K.S., Nejati J.A., Afraz F. et al. Genetic variation among baluchi sheep population using microsatellite markers // Iran. Sci. Tech. Agric. Nat. Res. – 2007. – Vol. 11. – P. 41.
- [12] Tapio M., Miceikiene I., Vikki J., Kantanen J. (2003) Comparison of microsatellite and blood protein diversity in sheep: inconsistencies in fragmented breeds // Mol Ecol. – 2003. – Vol. 12(8). – P. 2045-2056.
- [13] Park S.D.E. Excel Microsatellite Toolkit. Computer program and documentation distributed by the author. – 2008. – Website <http://animalgenomics.ucd.ie/sdeparck/ms-toolkit/> (accessed 17 June 2013).
- [14] Brown A.H.D., Weir B.S. Measuring genetic variability in plant populations // In: Tanksley S.D., Orton T.J., editors. Isozymes in Plant Genetics and Breeding Part A. – 1983. Amsterdam: Elsevier. – P. 219-239.
- [15] Hartl D.L., Clark A.G. Principles of Population Genetics, 4rd Ed. – 2007. – Sinauer Associates is an imprint of Oxford University Press. – 4th edition. – 545 p. – ISBN 978-0878933082.
- [16] Peakall R., Smouse P.E. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update // Bioinformatics. – 2012. – Vol. 28. – P. 2537-2539.
- [17] Kimura M., Crow J.F. The number of alleles that can be maintained in a finite population // Genetics. – 1964. – Vol. 49. – P. 725-738.
- [18] Lewontin R.C. The genetic basis of evolutionary change. – New York: Columbia University Press, 1974. – 346 p.
- [19] Botstein D., White R.L., Skalnick M.H., Davies R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism // Am. J. Hum. Genet. – 1980. – Vol. 32. – P. 314-331.

REFERENCES

- [1] «Kazakhstan»: National encyclopedia / Chief editor A. Nysanbayev. Almaty: «Kazakh encyclopedia» editors, 1998. Vol. V. ISBN 5-89800-123-9. (In Russ.).
- [2] Western Kazakhstan region. Encyclopedia. Almaty: Arys, 2002. ISBN 9965-607028. (In Russ.).
- [3] Sabdenov K.S., Makhatov B.M., Nurzhanova K.Kh., Burambaeva N.B., Sultanova A.K., Kulataev B.T. Modern technology of production of sheep breeding products: Book. Almaty: Atamura, 2015. 416 p. (In Russ.).
- [4] Catalog of scientific and technical developments AO «Kazagroinnovatsiya» // Animal husbandry and veterinary science. 2011. (In Russ.).
- [5] Begimbekov K.N., Terekhanov A.A., Bayzhmanov A. Animal breeding and selection: Book. Almaty: Epigraph, 2015. 428 p. (In Russ.).
- [6] Canon J., Garcia D., Garcia-Atance M.A., et al. ECONOGENE Consortium // Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. Anim. Genet. 2006. Vol. 37. P. 327-334.
- [7] Zhang X.Y., Zhou M.L., Zhang X.H., Wu D.J. Study on population genetic structure of Liangshan semi-wool sheep using microsatellite markers // Pakistan Journal of Biology Science. 2009. Vol. 11. P. 2423-2427.
- [8] Arranz J.J., Bayón Y., San Primitivo F. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites // Anim. Genet. 1998. Vol. 29. P. 435-440.
- [9] Arora R., Bhatia S. Genetic diversity of Magra sheep from India using microsatellite analysis // Asian Aus. J. Anim. Sci. 2006. Vol. 19. P. 938-942.
- [10] Dalvit C., Sacca E., Cassandro M. et al. Genetic diversity and variability in Alpine sheep breeds // Small Rum. Res. 2008. Vol. 80. P. 45-51.
- [11] Esmail K.S., Nejati J.A., Afraz F. et al. Genetic variation among baluchi sheep population using microsatellite markers // Iran. Sci. Tech. Agric. Nat. Res. 2007. Vol. 11. P. 41.
- [12] Tapio M., Miceikiene I., Vikki J., Kantanen J. (2003) Comparison of microsatellite and blood protein diversity in sheep: inconsistencies in fragmented breeds // Mol Ecol. 2003. Vol. 12(8). P. 2045-2056.
- [13] Park S.D.E. Excel Microsatellite Toolkit. Computer program and documentation distributed by the author. 2008. Website <http://animalgenomics.ucd.ie/sdeparck/ms-toolkit/> (accessed 17 June 2013).

- [14] Brown A.H.D., Weir B.S. Measuring genetic variability in plant populations // In: Tanksley S.D., Orton T.J., editors. Isozymes in Plant Genetics and Breeding Part A. 1983. Amsterdam: Elsevier. P. 219-239.
- [15] Hartl D.L., Clark A.G. Principles of Population Genetics, 4rd Ed. 2007. Sinauer Associates is an imprint of Oxford University Press; 4th edition, 545 p. ISBN 978-0878933082.
- [16] Peakall R., Smouse P.E. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update // Bioinformatics. 2012. Vol. 28. P. 2537-2539.
- [17] Kimura M., Crow J.F. The number of alleles that can be maintained in a finite population // Genetics. 1964. Vol. 49. P. 725-738.
- [18] Lewontin R.C. The genetic basis of evolutionary change. New York: Columbia University Press, 1974. 346 p.
- [19] Botstein D., White R.L., Skalnick M.H., Davies R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism // Am. J. Hum. Genet. 1980. Vol. 32. P. 314-331.

**К. Ж. Досьбаев^{1,2}, З. С. Оразымбетова¹, М. Д. Тулкей^{1,3},
А. С. Мусаева¹, Б. О. Бекманов^{1,3}, Б. М. Махатов²**

¹«Институт общей генетики и цитологии» КН МОН РК, Алматы, Казахстан,

²Казахский национальный аграрный университет, Алматы, Казахстан,

³Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Алматы, Казахстан

ИССЛЕДОВАНИЕ ОВЕЦ КАЗАХСКОЙ ТОНКОРУННОЙ ПОРОДЫ НА ОСНОВЕ ДНК-МАРКЕРОВ

Аннотация. Данная работа посвящена молекулярно-генетическому анализу овец казахской тонкорунной породы с помощью *STR*-маркеров. В работе были использованы 12 *STR*-маркеры, рекомендованные «Международным обществом генетики животных» (*ISAG*) (*CSRD247*, *D5S2*, *INRA005*, *INRA006*, *INRA023*, *INRA063*, *INRA172*, *MAF065*, *MAF214*, *McM042*, *McM527*, *OarFCB20*). В результате исследований были получены следующие показатели: в среднем уровень полиморфизма на один локус 7,917; эффективное число аллелей – 4,90; индекс Шеннона 1,7; наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность 0,744 и 0,770; значение – *PIC0*, 739. Результаты настоящего исследования подтверждают высокую информативность использованных маркеров для оценки генетического разнообразия у овец изучаемой популяций Казахской тонкорунной породы.

Ключевые слова: казахская тонкорунная порода овец, ДНК-маркеры, *STR*-маркеры.