

influence of environmental factors in lambs with different genotypes, it was noted that the value of this trait depends on the genotype of animals. It was found that the indicator of the length of the wool fiber in a very pronounced type of genotype is stable in the phenotype (11.3 mm, 11.4 mm). It was found that the influence of environmental factors on the thickness and density of the skin is lower in young animals with a very pronounced genotype. The degree of manifestation of signs of skin thickness and density in the phenotype was clearly expressed in young animals with a low genotype. Here, the proportion of offspring of thin and thick hair in the years of high influence was 31.25%, and in the years of low influence-27.08%, the difference is 4.17%. A high level of interaction of the genotype with environmental factors was observed in the group of lambs with a low degree of pigmentation saturation. Here, share lambs with insufficient fiber density increased by 4.17% (25.0%; 20.83%) in the year of increased environmental impact. The change in the density of wool fibers of lambs of different genotypes, depending on the degree of influence of environmental factors, was studied. The proportion of offspring of very dense wool fibers in the studied lambs was 20.0-25.0%, the proportion of wool fibers of medium density was 54.17-58.0%, the proportion of sheep with insufficient density was 20.0-25.0%. Among them were lambs with a high genetic and stable density of wool fibers, the proportion of which reached 58.0%. It was revealed that the degree of interaction of the fiber density trait with environmental factors varies depending on the genotype of lambs. Among the studied lambs, the density of wool fibers remained stable (24.44%; 24.44%) due to the fact that the genotype of the most saturated type did not interact with environmental factors.

УДК 575.174

Насамбаев Е.Г., доктор сельскохозяйственных наук, профессор,

Ахметалиева А.Б., кандидат сельскохозяйственных наук

Нугманова А.Е., доктор PhD

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет им Жангир хана», г.Уральск

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА МОЛОДНЯКА ГЕРЕФОРДСКОЙ И АБЕРДИН-АНГУССКОЙ ПОРОД ПО ДАННЫМ ПОЛИМОРФИЗМА МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ ЛОКУСОВ ДНК

Аннотация

В статье рассматриваются результаты молекулярно – генетической экспертизы животных герефордской и абердин – ангусской пород. При анализе аллелофонда молодняка исследуемых пород по 15 микросателлитным локусам ДНК были получены данные, характеризующие полиморфизм каждого из маркеров.

Приведены частоты аллелей микросателлитных локусов в каждой из исследованных популяций. Установлено, что в локусах BM1818, ILSTS6 имеется значительный межпопуляционный разброс значений частот аллелей, локус INRA23 является наименее полиморфным (уровень полиморфности для молодняка герефордской породы составил 1,085, а для молодняка абердин-ангусской породы 2,37).

Локус TGLA53 является самым высокополиморфным из всех 15-ти локусов микросателлитной ДНК крупного рогатого скота (уровень полиморфности 3,344-4,722). Анализ данных показателя индекса фиксации (Fis) показал, что локусы BM1818 (Fis=0,186), TGLA227 (Fis=0,124), TGLA122 (Fis=0,028), ETH3 (Fis=0,012), BM2113 (Fis=0,179) отличались смещением равновесия в сторону недостатка гетерозигот. Полученные данные аллельного разнообразия наследуемых STR – локусов имеют практическое применения для установления отцовства и материнства, а также анализа генетических взаимоотношений между группами животных.

По всем локусам был выявлен избыток гетерозиготности, за исключением локусов TGLA126 (0,047), TGLA122 (0,116) и ETH225 (0,129). Наивысшее значение Fis было выявлено в локусе ETH225 (0,129) абердин-ангусской породы. Средний показатель уровня полиморфности исследуемых локусов составил 3,118. Наибольший уровень полиморфности наблюдался у локуса TGLA53 (4,722), наименьший – у локуса INRA23 (2,370).

По результатам анализа полиморфизма ДНК-микросателлитных локусов в 15-ти локусах идентифицирован 91 аллель, причем их количество составляет от 4 (локусы INRA23, BM1824 и

ETH10) до 10 (локус TGLA53) аллелей. Сравнительная оценка полиморфизма STR-локусов у крупного рогатого скота герефордской и абердин-ангусской пород показала, что в исследуемых группах соотношение ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности, а также показателя индекса фиксации (Fis), говорит об избытке гетерозигот в них и высоком «запасе» генетического разнообразия по STR-локусам.

Ключевые слова: *герефордская порода, абердин – ангусская порода, ДНК-маркеры, генетическая структура, полиморфизм, аллель, микросателлитные локусы, популяция.*

Введение. Проблема увеличения потребности в мясной продукции, особенно говядине и необходимость полного обеспечения населения страны, а также экспортозамещения была и остается одной из важнейших задач агропромышленного комплекса Республики Казахстан.

Наряду с улучшением продуктивных качеств отечественных мясных пород в последние годы для увеличения поголовья в страну завозится крупный рогатый скот зарубежных мясных пород. Оценка племенных качеств как отечественных, так и зарубежных мясных пород крупного рогатого скота проводится по общепринятой методике. С развитием ДНК-технологий становится возможным сбор и накопление фактических данных о генотипе животных, расширяется работа по установлению достоверности происхождения, определения ген – маркеров признаков способствует ускорению прогнозных параметров фенотипических форм и выявлению желательных [1].

Изменение генетической структуры популяции сельскохозяйственных животных под воздействием как факторов селекции, так и окружающей среды, может служить показателем важности тех или иных генетических систем для формирования адаптационного потенциала [2].

Контроль происхождения (генетическая экспертиза) племенного материала – обязательное условие ведения селекционно-племенной работы. Развитие методов инструментального обеспечения молекулярно-генетических исследований и, как следствие, снижение их трудоемкости и стоимости обусловили принятие большинством зарубежных породных ассоциаций (голландского скота США, Канады, Германии, ангусского скота США, Национальный племенной регистр свиней США и др.) решений о полном переходе на использование для генетической экспертизы ДНК-анализа. Преимущество такой диагностики, наряду с оптимальными техническими и функциональными характеристиками, – большая информативность. Кроме того, созданные ДНК-банки – основа генетического мониторинга пород и популяций, исследований по идентификации и внедрению технологий маркерной селекции [3].

Генетическая структура популяции животных формируется диапазоном вариации, вызываемая влиянием факторов, а также естественным и искусственным отбором. Одним из факторов, позволяющих изучить генетическую структуру стада, является генетический полиморфизм микросателлитных локусов ДНК у животных той или иной породы, под которым понимают одновременное присутствие в популяции несколько аллелей одного и того же локуса, находящегося в равновесии в течений ряда генерации.

В последнее время микросателлитные последовательности ДНК (STR-локусы) широко используются для генотипирования особей, исследования генофондов растений и животных, описания их изменений под влиянием факторов естественного и искусственного отборов, установления происхождения, поисков связей с фенотипическими признаками, картирования главных генов количественных признаков.

Работы с использованием STR-локусов внесли определенный вклад в развитие новых направлений и нового взгляда на организацию генома как целого.

Согласно рекомендациям Международного общества генетики животных (ISAG) генотипирование крупного рогатого скота должно проводиться с использованием 12 обязательных микросателлитных локусов. В нашей работе были использованы 12 обязательных и 3 дополнительных локуса, которые возможно амплифицировать с помощью набора реагентов для мультиплексного анализа 15-ти микросателлитных маркеров крупного рогатого скота «COrDIS Cattle».

Особенно актуальным изучение ДНК-маркеров является в мясном скотоводстве, так как численность поголовья специализированных мясных пород в Республике Казахстан невелика, а методы прижизненной оценки племенной ценности молодняка не раскрывает полную информацию о

генетически детерминированной мясной продуктивности животного. В связи с этим использование ДНК-технологий в определении племенной ценности, а также особенности генетической структуры молодняка специализированных пород, в частности герефордской и абердин – ангусской, представляет особую актуальность.

Цель исследования. Изучить генетическую структуру молодняка герефордской и абердин-ангусской пород по данным полиморфизма микросателлитных локусов ДНК

Условия, материалы и методы. Исследование проводилось в соответствии с методикой анализа полиморфизма длин амплифицированных фрагментов (ПДАФ) для проведения молекулярно-генетической экспертизы сельскохозяйственных животных. Для проведения анализа отбирали волосные луковицы у молодняка крупного рогатого скота и быков герефордской и абердин – ангусской пород. Общее количество отобранных образцов для анализа - 57.

Исследование проводилось на базе КХ «Муса», занимающегося разведением мясного скота герефордской и абердин – ангусской пород. Хозяйство находится в Жангалинском районе, Западно-Казахстанской области.

Для проведения исследования был произведен отбор биологического материала (волосных луковиц) от 24 голов молодняка крупного рогатого скота герефордской породы, а также от 1 быка-производителя, являющегося предполагаемым отцом исследуемых телят; 32 голов молодняка крупного рогатого скота абердин-ангусской породы. Анализ достоверности происхождения молодняка произведен в соответствии с общепринятой методикой.

Результаты и обсуждение. При анализе аллелофонда молодняка исследуемых пород по 15 микросателлитным локусам ДНК были получены данные, характеризующие полиморфизм каждого из маркеров.

На рисунках 1-4 приведены частоты аллелей микросателлитных локусов в каждой из исследованных популяций.

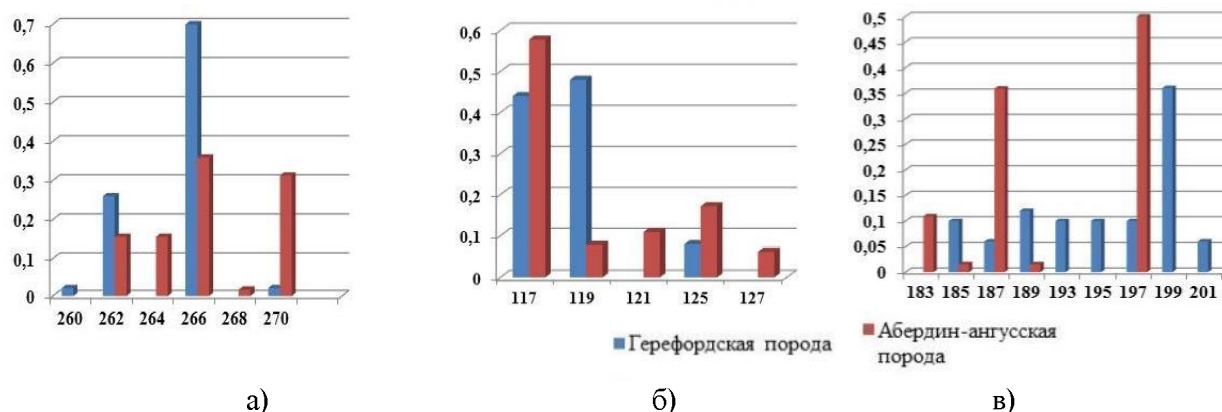


Рисунок 1 – Частоты аллелей микросателлитных локусов:

а) BM1818 б) ETH3 в) CSSM66 в исследованных популяциях молодняка герефордской и абердин-ангусской пород

Из рисунка 1а можно видеть, что в локусе BM1818 имеется значительный межпопуляционный разброс этих значений. Так, частота аллеля 270 колеблется от 0,313 у абердин-ангусского молодняка до 0,020 у герефордского скота. Показатель частоты аллеля 266 находится в пределах от 0,700 (герефордский скот) до 0,359 (абердин-ангусский скот). Аллель 260 отсутствует в выборке молодняка абердин-ангусской породы, а в популяции породы герефорд его частота равна 0,020. Самые низкие частоты у герефордской породы отмечены для аллелей 260 (0,020), 270 (0,020), для абердин-ангусской породы – 268 (0,016). Аллель 268 отсутствует у герефордского молодняка.

В локусе ETH3 (рисунок 1б) у молодняка герефордской породы выявлено 3 аллеля, наиболее высокая частота отмечена для аллеля 119 (0,480); на втором месте – аллель 117 (0,440); наименьшая частота наблюдалась для аллеля 125 (0,080). У герефордского скота отсутствовали аллели 121 и 127. В локусе ETH3 у исследуемой популяции абердин-ангусского скота было выявлено 5 аллелей,

наиболее распространенным оказался аллель 117, так, его частота составила 0,578. Наименьшая частота наблюдалась для аллелей 119 (0,078) и 127 (0,063).

В локусе CSSM66 (рисунок 1в) у молодняка герефордской породы выявлено 8 аллелей. Наиболее высокая частота отмечается для аллеля 199 (0,360); на втором месте – аллель 189 (0,120). Наименьшей частотой характеризуются аллели 187 и 201 (0,06). По локусу CSSM66 исследуемая популяция абердин-ангусского скота характеризуется тем, что в ней отсутствуют аллели 193, 195, 199, 201. С наибольшей частотой встречаются аллели 197 (0,500) и 187 (0,359), с наименьшей – 185 и 189 (0,16).

Аллель INRA23 является одним из наименее полиморфных (рисунок 2а), т.к. содержит 4 аллеля, причем аллель 202 выявлен только у абердин-ангусского молодняка с частотой 0,125. По данному локусу имеются значительные различия между породами. Так, у герефордского скота наиболее распространенным оказался аллель 214 (0,960), тогда как для абердин-ангусского скота распространенным был аллель 206 с частотой 0,609. Аллель 214 у молодняка абердин-ангусской породы был менее распространенным наряду с аллелем 202; так их частота была одинаковой и составила 0,125.

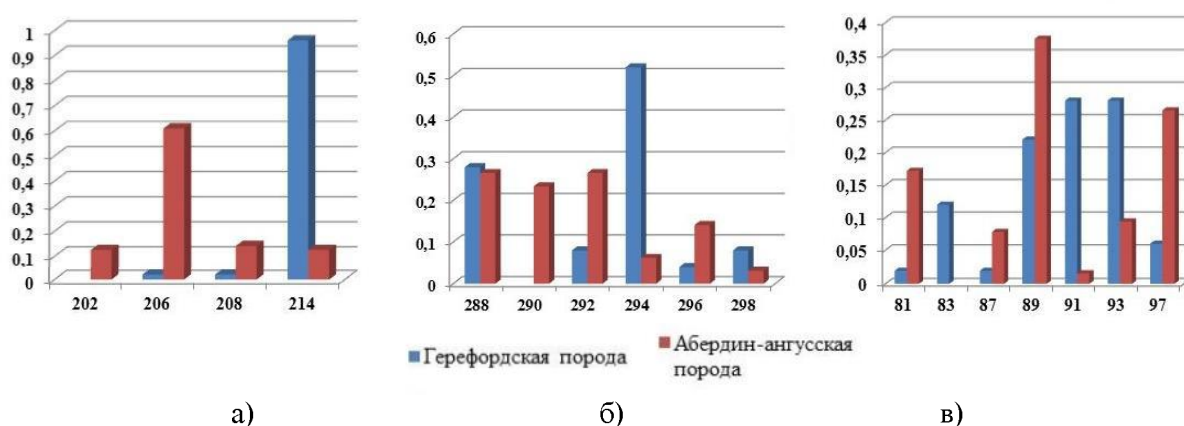


Рисунок 2 – Частоты аллелей микросателлитных локусов:
а) INRA23 б) ILSTS6 в) TGLA227 в исследованных популяциях молодняка герефордской и абердин-ангусской пород

В локусе ILSTS6 (рисунок 2б) имеется значительный межпопуляционный разброс частот аллелей. Так, в группе герефордского молодняка аллель 294 встречается с наибольшей частотой 0,520, тогда как в группе абердин-ангусского молодняка аллель 294 является одной из самых редких и ее частота составляет 0,062. Частота аллеля 292 у герефордского молодняка составляет лишь 0,080, в то время как у абердин-ангусского скота данный аллель является одним из распространенных, и его частота составляет 0,266. Кроме того, в выборке молодняка герефордской породы отсутствует аллель 290, а у абердин-ангусского молодняка он встречается с частотой 0,234.

Исходя из данных рисунка 2в, наблюдается аналогичная картина распределения аллелей по локусу TGLA227, как и по локусу ILSTS6. По локусу TGLA227 также аллель, являющаяся наиболее распространенной у герефордов, у ангусского скота встречается редко: частота аллели 91 у герефордов составила 0,280, у абердин-ангусов – 0,016. Аналогично и для аллеля 93, так, у герефордов частота аллеля 93 составила 0,28, а у абердин-ангусов – 0,094. Кроме того, в исследуемой группе абердин-ангусского молодняка отсутствует аллель 83, тогда как у герефордского скота частота данной аллели составила 0,12.

Локус TGLA126, также как локус INRA23 является одним из наименее полиморфных (рисунок 3а). В нем выявлено 5 аллелей, причем в группе герефордского молодняка отсутствует аллель 113, абердин-ангусского - 121. В исследованной популяции герефордской породы в порядке убывающей частоты содержатся аллели: 117 (0,600), 123 (0,240), 115 (0,120), 121 (0,040). В группе молодняка абердин-ангусской породы в порядке убывающей частоты содержатся аллели: 115 (0,422), 117 (0,344), 123 (0,218) и 113 (0,016).

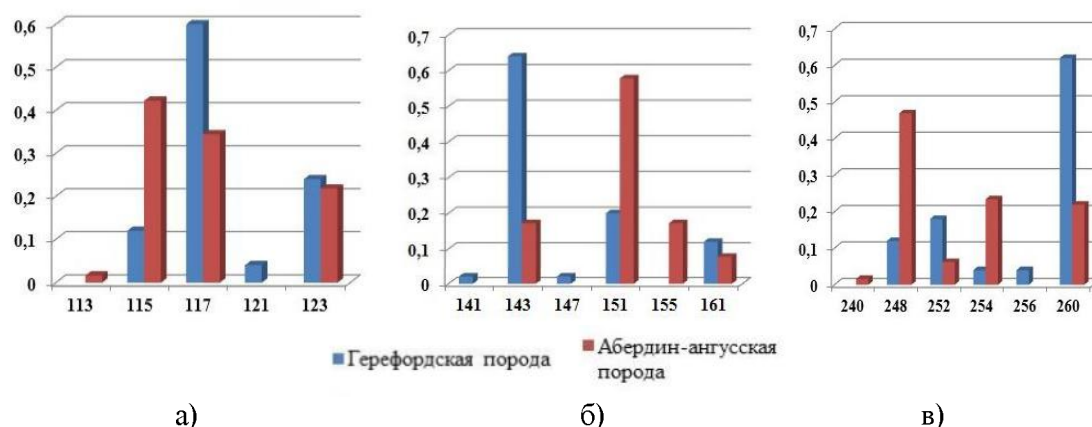


Рисунок 3 – Частоты аллелей микросателлитных локусов:

а) TGLA126 б) TGLA122 в) SPS115 в исследованных популяциях молодняка герефордской и абердин-ангусской пород

Шесть аллелей выявлено в локусе TGLA122 (рисунок 3б), из них два аллеля – 141 и 147, отсутствуют у абердин-ангусского молодняка, и один аллель 155 – у герефордского. В локусе TGLA122 имеется значительный межпопуляционный разброс частот аллелей. Так, в группе герефордского молодняка аллель 143 встречается с наибольшей частотой 0,640, тогда как в группе абердин-ангусского молодняка аллель 143 является одной из самых редких, и ее частота составляет 0,172. Частота аллеля 151 у абердин-ангусского молодняка составляет 0,578, в то время как у герефордского скота его частота составляет 0,200.

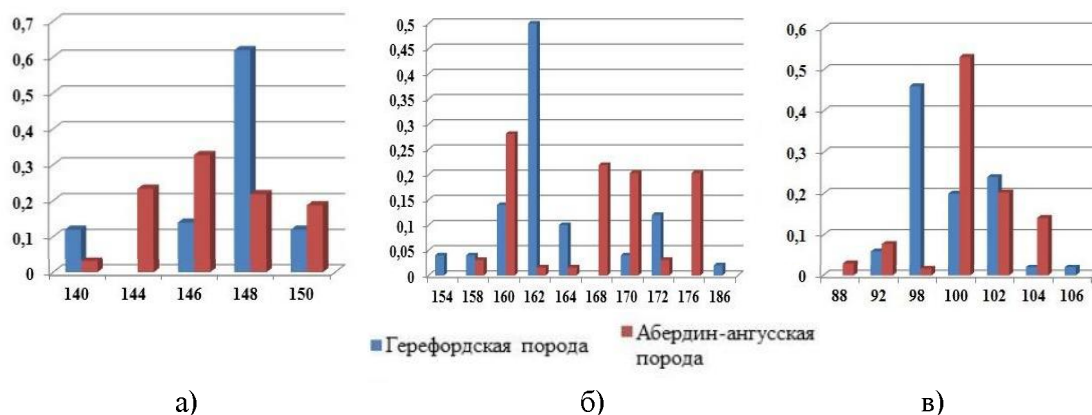


Рисунок 3 – Частоты аллелей микросателлитных локусов:

а) ETH225 б) TGLA53 в) CSRM60 в исследованных популяциях молодняка герефордской и абердин-ангусской пород

В локусе SPS115 (рисунок 3в) наблюдается следующее распределение аллелей. У молодняка герефордской породы наибольшая частота отмечается для аллеля 260 (0,620) наименьшая – для аллелей 254 (0,040) и 256 (0,040). В группе абердин-ангусского молодняка наибольшая частота отмечается для аллеля 248 (0,469), наименьшая – для аллеля 240 (0,016).

В локусе ETH225 (рисунок 3а) у молодняка герефордской породы выявлено 4, а у абердин-ангусского молодняка – 5 аллелей. Частоты аллелей в группе герефордской и в группе абердин-ангусской породы составили: 140 – 0,120 и 0,031, 146 – 0,140 и 0,328, 148 – 0,620 и 0,219, 150 – 0,120 и 0,188. Аллель 144 отсутствует в выборке герефордской породы, тогда как в исследуемой группе абердин-ангусского молодняка его частота составила 0,234.

Локус TGLA53 (рисунок 3б) является самым высокополиморфным из всех 15-ти локусов микросателлитной ДНК крупного рогатого скота. В изученных популяциях молодняка герефордской

и абердин-ангусской пород выявлено 10 его аллелей. В то же время аллели 168 и 176 отсутствуют у герефордской породы, а аллели 154 и 186 – у абердин-ангусской породы.

В локусе CSRM60 (рисунок 3в) выявляется 7 аллелей. Аллель 88 отмечен только у абердин-ангусского молодняка, а 106 – у герефордов. Аллели 92, 98, 100, 102 и 104 идентифицируются в обеих исследуемых группах. Аллель 98 имеет высокую частоту у герефордов (0,460), и низкую частоту у абердин-ангусов (0,016). Аллели 92 и 102 встречаются у обеих пород с примерно одинаковой частотой: частота аллели 92 у герефордов составила 0,060, у абердин-ангусов – 0,078, частота аллели 102 у герефордов составила 0,240, у абердин-ангусов – 0,203.

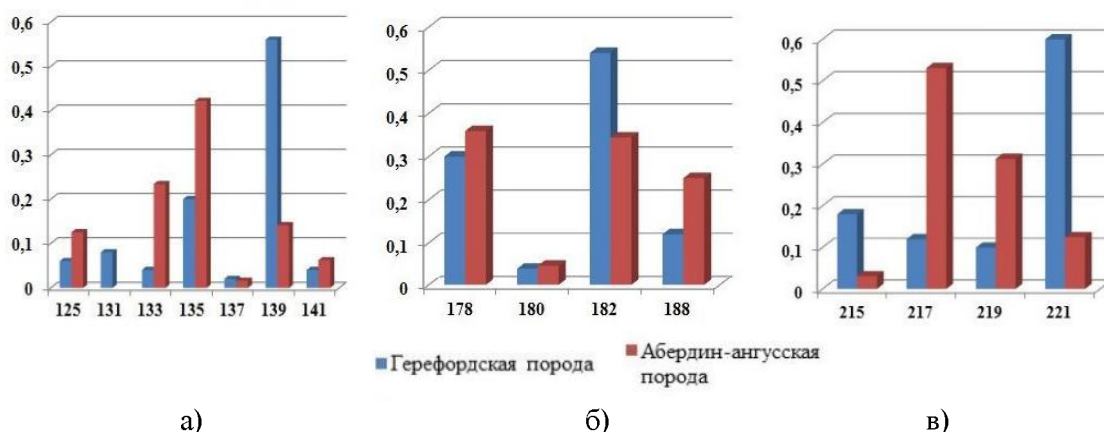


Рисунок 4 – Частоты аллелей микросателлитных локусов:

а) BM2113 б) BM1824 в) ETH10 в исследованных популяциях молодняка герефордской и абердин-ангусской пород

В локусе BM2113 (рисунок 4а) наблюдается следующее распределение аллелей. В группе молодняка герефордской породы наибольшая частота отмечается для аллелей 139 (0,560) и 135 (0,200). Остальные пять аллелей (125, 131, 133, 137 и 141) имеют невысокую частоту (от 0,020 до 0,080).

У абердин-ангусского молодняка два аллеля – 133 и 135 – встречаются с большей частотой (0,234 и 0,422), аллели 125 и 139 встречаются реже (0,125 и 0,141), и у аллелей 137 и 141 наблюдается самая низкая частота (0,016 и 0,062). Кроме того, у абердин-ангусского молодняка отсутствует аллель 131, который встречается у герефордов.

Локус BM1824 является одним из наименее полиморфных (рисунок 4б). В нем выявлено 4 аллеля. С наибольшей частотой встречаются аллели 178 (0,300 у абердин-ангусов и 0,359 у герефордов) и 182 (0,540 у абердин-ангусов и 0,344 у герефордов). Наименее распространены аллели 180 (0,040 у абердин-ангусов и 0,047 у герефордов) и 188 (0,120 у абердин-ангусов и 0,250 у герефордов).

В локусе ETH10 также, как и в локусе BM1824, выявлено 4 аллеля (рисунок 4в). По данному локусу имеются значительные различия между породами. Так, у герефордского скота наиболее распространенным оказался аллель 221 (0,600), тогда как для абердин-ангусского скота распространенным был аллель 217 с частотой 0,531. Аллель 221 у молодняка абердин-ангусской породы был одним из менее распространенных аллелей, и его частота составила 0,125.

Обобщая анализ полиморфизма ДНК-микросателлитных локусов молодняка герефордской и абердин-ангусской пород и их распределения в исследованных группах, следует отметить, что всего в 15-ти локусах идентифицирован 91 аллель, причем их количество составляет от 4 (локусы INRA23, BM1824 и ETH10) до 10 (локус TGLA53) аллелей.

В вопросах динамики генетического состава популяций важным параметром является гетерозиготность. Это генетическое явление, наблюдающееся у организмов, гомологичные хромосомы которых имеют разные формы (аллели) того или иного гена. Гетерозиготность возникает при слиянии разнокачественных гамет в гетерозиготу, широко распространена в природных популяциях и является одной из причин гетерозиса. Гетерозиготность играет положительную роль в адаптации популяций к изменяющимся условиям окружающей среды, а также в микроэволюционном

процессе. Поэтому ее оценка в настоящее время необходима практически во всех популяционно-генетических исследованиях.

Степень наблюдаемой гетерозиготности (H_o) является мерой генетической изменчивости в популяции. Частота гетерозигот – важный показатель, поскольку каждая гетерозигота несет разные аллели и иллюстрирует наличие изменчивости. Для точной оценки изменчивости популяции вводится показатель ожидаемой гетерозиготности (H_e), рассматривающий уровень аллельного разнообразия.

В этой связи, нами была дана оценка наблюдаемой и ожидаемой степени гетерозиготности, рассчитанная по 15 STR-локусам.

В ходе анализа генофонда исследуемой группы и установления генетической структуры молодняка герефордской породы по 15 STR-локусам были получены данные, характеризующие полиморфизм каждого из маркеров (таблица 1).

Таблица 1 – Характеристика полиморфизма микросателлитных STR-локусов крупного рогатого скота герефордской породы

STR- локус	Ожидаемая гетерозиготность (H_e)	Наблюдаемая гетерозиготность (H_o)	Индекс фиксации (Fis)	Ожидаемая гомозиготность (C_a)	Уровень полиморфности (A_E)
BM1818	0,442	0,360	0,186	0,558	1,792
ETH3	0,570	0,680	-0,193	0,430	2,326
CSSM66	0,809	0,880	-0,088	0,191	5,236
INRA23	0,078	0,080	-0,026	0,922	1,085
ILSTS6	0,637	0,760	-0,193	0,363	2,755
TGLA227	0,776	0,680	0,124	0,224	4,464
TGLA126	0,566	0,600	-0,060	0,434	2,304
TGLA122	0,535	0,520	0,028	0,465	2,151
SPS115	0,566	0,640	-0,131	0,434	2,304
ETH225	0,567	0,560	0,012	0,433	2,309
TGLA53	0,701	0,760	-0,084	0,299	3,344
CSRM60	0,686	0,760	-0,108	0,314	3,185
BM2113	0,633	0,520	0,179	0,367	2,725
BM1824	0,602	0,640	-0,063	0,398	2,513
ETH10	0,583	0,640	-0,098	0,417	2,398
Среднее	0,583	0,605	-0,038	0,417	2,726

В отношении значений ожидаемого уровня гетерозиготности (H_e) максимумом характеризовался локус CSSM66 (0,809), а минимальное значение отмечено в локусе INRA23 (0,078), наибольшей наблюдаемой гетерозиготностью (H_o) также характеризовался локус CSSM66 (0,880), а наименьшей – локус INRA23 (0,080).

Установить связь между индивидуумами отдельной популяции и популяцией в целом позволяет индекс фиксации (Fis). Положительное значение индекса Fis означает нехватку гетерозигот в данной популяции, в то время как отрицательное значение индекса указывает на избыток гетерозигот. Анализ данных показателя индекса фиксации (Fis) показал, что локусы BM1818

(Fis=0,186), TGLA227 (Fis=0,124), TGLA122 (Fis=0,028), ETH225 (Fis=0,012) и BM2113 (Fis=0,179) отличались смещением равновесия в сторону недостатка гетерозигот. Во всех остальных случаях наблюдалась различная степень преобладания показателей наблюдаемой гетерозиготности (H_o) над ожидаемой (H_e), максимальная в локусах ETH3 и ILSTS6 (Fis=-0,193).

Средний показатель уровня полиморфности исследуемых локусов составил 2,726. Наибольший уровень полиморфности наблюдался у локуса CSSM66 (5,236), наименьший – у локуса INRA23 (1,085).

В таблице 2 представлены данные, характеризующие полиморфизм 15-ти микросателлитных локусов исследуемой группы абердин-ангусской породы.

Таблица 2 – Характеристика полиморфизма микросателлитных STR-локусов крупного рогатого скота абердин-ангусской породы

STR-локус	Ожидаемая гетерозиготность (H_e)	Наблюдаемая гетерозиготность (H_o)	Индекс фиксации (Fis)	Ожидаемая гомозиготность (C_a)	Уровень полиморфности (A_E)
BM1818	0,724	0,812	-0,121	0,276	3,626
ETH3	0,614	0,656	-0,068	0,386	2,593
CSSM66	0,609	0,719	-0,181	0,391	2,556
INRA23	0,578	0,594	-0,028	0,422	2,370
ILSTS6	0,779	0,781	-0,003	0,221	4,526
TGLA227	0,744	0,781	-0,050	0,256	3,912
TGLA126	0,656	0,625	0,047	0,344	2,905
TGLA122	0,601	0,531	0,116	0,399	2,504
SPS115	0,673	0,687	-0,021	0,327	3,060
ETH225	0,753	0,656	0,129	0,247	4,055
TGLA53	0,788	0,812	-0,030	0,212	4,722
CSRM60	0,650	0,656	-0,009	0,350	2,854
BM2113	0,728	0,750	-0,030	0,272	3,670
BM1824	0,688	0,781	-0,135	0,312	3,206
ETH10	0,604	0,719	-0,190	0,396	2,522
Среднее	0,679	0,704	-0,037	0,321	3,118

Анализируя данные таблицы 2, среднее значение наблюдаемой степени гетерозиготности H_o в исследуемой группе молодняка абердин-ангусской породы составило 0,704. Ожидаемая степень гетерозиготности H_e по абердин-ангусской породе составила 0,679. Общее среднее значение индекса фиксации Fis по группе абердин-ангусской породы составило -0,037.

По всем локусам был выявлен избыток гетерозиготности, за исключением локусов TGLA126 (0,047), TGLA122 (0,116) и ETH225 (0,129). Наивысшее значение Fis было выявлено в локусе ETH225 (0,129) абердин-ангусской породы. Средний показатель уровня полиморфности исследуемых локусов составил 3,118. Наибольший уровень полиморфности наблюдался у локуса TGLA53 (4,722), наименьший – у локуса INRA23 (2,370).

Выводы. По результатам анализа полиморфизма ДНК-микросателлитных локусов в 15-ти локусах идентифицирован 91 аллель, причем их количество составляет от 4 (локусы INRA23, BM1824 и ETH10) до 10 (локус TGLA53) аллелей. Сравнительная оценка полиморфизма STR-локусов у крупного рогатого скота герефордской и абердин-ангусской пород показала, что в исследуемых группах соотношение ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности, а также показателя индекса

фиксации (Fis), говорит об избытке гетерозигот в них и высоком «запасе» генетического разнообразия по STR-локусам.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Молекулярно – генетические аспекты селекции мясного скота по мраморности мяса / Шарипов А.А., Шакирова Ш.К., Юльметьева Ю.Р., Гафурова Л.И. // Животноводство и кормопроизводство. – 2014. – № 2. – с. 59-63
2. Алтухов Ю.П. Внутривидовое генетическое разнообразие: мониторинг и принципы сохранения / Алтухов Ю.П. // Генетика. 1995. - Т.31. -№10. - С.1333-1357.
3. Роль ДНК-маркеров признаков продуктивности сельскохозяйственных животных / Зиновьева Н.А., Костюнина О.В., Гладырь Е.А., Банникова А.Д., Харзинова В.Р., Ларионова П.В., Шавырина К.М., Эрнст Л.К. // Зоотехния. – 2010. – № 1. – с. 8-10
4. Nei, M. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data / M. Nei, F. Tajima, Y. Tateno // Journal of Molecular Evolution. – 1983. – Vol. 19. – P. 153–170.
5. Bozymov K.K., Nasambaev E.G., Akhmetalieva A.B., Nugmanova A.E. Exterior Features and Productive Qualities of Young Beef Cattle of Various Genotypes / International Journal of Engineering and Advanced Technology (IJEAT) ISSN: 2249 – 8958, Volume-9 Issue-2, December, 2019.

РЕЗЮМЕ

Мақалада герефорд және абердин-ангус тұқымдарының жануарларын молекулалық-генетикалық зерттеудің нәтижелері келтірілген. Зерттелген тұқымдардың жас қорының аллельді пулын

15 микроспутниктік ДНК локусына талдағанда, маркерлердің әрқайсысының полиморфизмін сипаттайтын мәліметтер алынды. Жас герефорд және абердин ангус тұқымдарының ДНК микросателлиттік локустары полиморфизмін және олардың зерттелген топтарда таралуын талдауды қорытындылай келе, тек 15 локуста 91 аллель анықталғанын және олардың саны 4-тен (локустары INRA23, BM1824 және ETH10) дейін екенін ескеру қажет. 10 (TGLA53 локус) аллели.

BM1818, ILSTS6 локустарында аллельдік жиіліктің популяция аралық таралуы айтарлықтай болатындығы, INRA23 локусы ең аз полиморфты екендігі анықталды (жас герефорд тұқымы үшін полиморфизм деңгейі 1,085, ал жас абердин ангус тұқымы 2,37). TGLA126 (0.047), TGLA122 (0.116) және ETH225 (0.129) локустарын қоспағанда, барлық локустар үшін гетерозиготаның артық мөлшері табылды. Fis-дің ең жоғары мәні абердин-ангус тұқымының ETH225 (0.129) локусынан табылды. Зерттелген локустардың полиморфизм деңгейінің орташа көрсеткіші 3,118 құрады. Полиморфизмнің ең жоғары деңгейі TGLA53 локусында байқалды (4.722), ең төменгі INRA23 локусында (2.370).

RESUME

The article presents the results of molecular - genetic examination of animals of the Hereford and Aberdeen - Angus breeds. When analyzing the allele pool of young stock of the studied breeds for 15 microsatellite DNA loci, data were obtained characterizing the polymorphism of each of the markers. Summarizing the analysis of the polymorphism of DNA microsatellite loci of young Hereford and Aberdeen Angus breeds and their distribution in the studied groups, it should be noted that 91 alleles were identified in only 15 loci, and their number ranges from 4 (loci INRA23, BM1824, and ETH10) to 10 (TGLA53 locus) alleles.

It was found that in loci BM1818, ILSTS6 there is a significant interpopulation spread of allele frequencies, the INRA23 locus is the least polymorphic (the level of polymorphism for young Hereford breed was 1.085, and for young Aberdeen Angus breed 2.37). An excess of heterozygosity was found for all loci, with the exception of loci TGLA126 (0.047), TGLA122 (0.116), and ETH225 (0.129). The highest Fis value was found at the ETH225 (0.129) locus of the Aberdeen Angus breed. The average indicator of the level of polymorphism of the studied loci was 3.118. The highest level of polymorphism was observed at the TGLA53 locus (4.722), the lowest at the INRA23 locus (2.370)