

УДК: 577.2.08; 599.735.53
МРНТИ: 87.27.07; 34.15.05

DOI 10.52578/2305-9397-2023-3-1-137-149

Ульянов В.А., PhD, основной автор, <https://orcid.org/0000-0002-7500-1601>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана 51, 090009, Казахстан, vadimkst@mail.ru

Шәмшідін Ә.С., к.с-х.н., <https://orcid.org/0000-0001-5457-1720>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана, 51, 090009, Казахстан, 270180@mail.ru

Бейшова И.С., д.б.н., ассоциированный профессор, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана, 51, 090009, Казахстан, indira_bei@mail.ru

Тлеуленов Ж.М., <https://orcid.org/0000-0001-6503-0153>

ТОО «ASAR Live», г. Астана, ул. Кенесары, 40, 010005, Республика Казахстан, t_zhumadiya@mail.ru

Ульянова Т.В., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана 51, 090009, Республика Казахстан, tatyana.poddudinskaya@gmail.com

Сидарова А.Ж., м.е.н., <https://orcid.org/0000-0001-8917-3570>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана 51, 090009, Казахстан, sidarova.a@mail.ru

Абылгазинова А.Т., к.с-х.н., <https://orcid.org/0000-0002-1562-2123>

ТОО «Научно-производственный центр животноводства и ветеринарии», г. Астана, ул. Кенесары 40, 010000, Республика Казахстан, a.abylgazinova@list.ru

Ковальчук А.М., PhD <https://orcid.org/0000-0002-4106-4954>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана, 51, 090009, Республика Казахстан, kovalchuk_s89@mail.ru

Гиняйтов Н.С., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-9608-002X>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана 51, 090009, Казахстан, nginayatov@mail.ru

Кырыкбаева Е.Э., м.в.н., <https://orcid.org/0009-0001-8232-7909>

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, ул. Жангир хана 51, 090009, Казахстан, ualhanova_erkejan@mail.ru

Ulyanov V.A., PhD, main author, <https://orcid.org/0000-0002-7500-1601>

NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, vadimkst@mail.ru

Shamshidin A.S., candidate of agricultural sciences, <https://orcid.org/0000-0001-5457-1720>

NJSC "West Kazakhstan Agrarian Technical University named after Zhangir Khan", 51 Zhangir Khan street, Ural city, 090009, Kazakhstan, 270180@mail.ru

Beishova I.S., Doctor of Biological Sciences, Associate Professor, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>

NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, indira_bei@mail.ru

Tleulenov Zh.M., <https://orcid.org/0000-0001-6503-0153>

LLC «ASAR Live», Astana, st. Kenesary, 40, 010005, Republic of Kazakhstan, t_zhumadiya@mail.ru

Ulyanova T.V., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, tatyana.poddudinskaya@gmail.com

Sidarova A.Zh., Master of Natural Sciences, <https://orcid.org/0000-0001-8917-3570>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, sidarova.a@mail.ru

Abylgazinova A.T., candidate of Agricultural Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-1562-2123>

LLP «Scientific and production center of animal husbandry and veterinary medicine», Astana, st. Kenesary 40, 010000, Kazakhstan, a.abylgazinova@list.ru

Kovalchuk A.M., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4106-4954>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, kovalchuk_s89@mail.ru

Ginayatov N.S., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-9608-002X>

NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, nginayatov@mail.ru

Kyrykbayeva Ye.E., master of veterinary sciences, <https://orcid.org/0009-0001-8232-7909>

NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, ualhanova_erkejan@mail.ru

СРАВНЕНИЕ ЭФФЕКТИВНОСТИ МЕТОДОВ ВЫДЕЛЕНИЯ ДНК ИЗ БИОЛОГИЧЕСКОГО МАТЕРИАЛА САЙГАКОВ COMPARISON OF EFFICIENCY OF METHODS FOR EXTRACTION OF DNA FROM SAIGA BIOLOGICAL MATERIALS

Аннотация

Сайга это мигрирующее травоядное, обитающее в центральных районах Азии. В настоящее время встречается на территории Казахстана, России, Монголии, Туркменистана и Узбекистана. Вновь заселена в заповедник Украины (Аскания-Нова).

Род Сайга относится к семейству Полорогих и по разным данным к подсемейству Настоящих антилоп (*Antilopinae*) и Сайгаковых (*Saiginae*) [1]. Ранее сайгаки были широко распространены на евразийском континенте, ареал их обитания простирался от Западной Европы до Чукотского автономного округа Российской Федерации [2, 3]. В настоящее время сайгаки представлены двумя видами *Saiga tatarica tatarica* и *Saiga tatarica mongolica*, ограниченные несколькими популяциями, три из которых находятся преимущественно в Казахстане (*Saiga t. tatarica*), периодически пересекая границы соседних государств, и одна в Монголии (*Saiga t. mongolica*). Существует несколько небольших популяций, содержащихся в неволе, в пределах текущего ареала, в Китае и Украине, все они представляют собой реинтродукцию из казахстанских популяций [4]. Поскольку сайгак является мигрирующим видом, изменения ландшафта, происходящие в результате деятельности человека, вызванные сельскохозяйственными и транспортными проектами, представляют серьезную угрозу для этих животных, так как влекут за собой утрату мест обитания [5]. Помимо этого, за последнее десятилетие произошло два массовых падежа сайги, вызванные бактериями *Pasteurella multocida* в 2015 году в Казахстане и вирусом чумы мелких жвачных в 2016 году в Монголии [6, 7].

Однако основной причиной сокращения числа сайгаков с конца 1990-х годов и по настоящее время является незаконная охота на их мясо и рога [8, 9]. Известно, что рога сайгаков используются в китайской традиционной медицине, и, поскольку рога носят только самцы, выборочная охота на самцов приводит к изменению баланса полов в популяциях и снижению воспроизводства [10].

Существует лишь небольшое количество работ, посвященных исследованию современного генетического материала казахстанской популяции сайгаков, и последнее крупное исследование проводилось лишь в 2013 году, когда был проведен анализ генома двух особей уральской популяции сайгаков и выявлены маркеры для микросателлитного анализа *Saiga t. tatarica* [11]. Таким образом, в Казахстане, где преимущественно сосредоточены все три современные популяции *Saiga tatarica tatarica* до сих пор не проведены исследования, позволяющие охарактеризовать генетическую структуру популяций. Выбор наиболее эффективного метода выделения ДНК является начальным этапом исследования, которое не только покажет состояние генетической структуры популяций, но и позволит разработать эффективные научные рекомендации по сохранению вида.

ANNOTATION

The saiga is a migratory herbivore native to Central Asia. It is currently found in Kazakhstan, Russia, Mongolia, Turkmenistan and Uzbekistan. It has been reintroduced into a reserve in Ukraine (Askania Nova).

The genus *Saiga* belongs to the family Polorogae and, according to various sources, to the subfamily of true antelopes (*Antilopinae*) and saigas (*Saiginae*) [1]. Historically, saigas were widespread across the Eurasian continent, with a range extending from Western Europe to the Chukotka Autonomous District of the Russian Federation [2, 3]. Saigas are currently represented by two species, *Saiga tatarica tatarica* and *Saiga tatarica mongolica*, restricted to a few populations, three of which are mainly in Kazakhstan (*Saiga t. tatarica*), occasionally crossing the borders of neighbouring states, and one in Mongolia (*Saiga t. mongolica*). There are several small captive populations within the current range in China and Ukraine, all reintroduced from the Kazakh populations [4]. As saigas are a migratory species, landscape changes caused by human activities such as agricultural and transport projects pose a serious threat to these animals due to habitat loss [5]. In addition, there have been two mass die-offs of saigas in the last decade, caused by *Pasteurella multocida* bacteria in Kazakhstan in 2015 and small ruminant plague virus in Mongolia in 2016 [6, 7].

However, the main reason for the decline in saiga numbers from the late 1990s to the present is illegal hunting for their meat and horns [8, 9]. Saiga horns are known to be used in traditional Chinese medicine, and as only males carry the horns, selective hunting of males leads to a change in the sex ratio of the population and reduced reproduction [10].

There are only a few papers investigating the current genetic material of the Kazakh saiga population, and the last major study was conducted only in 2013, when the genome of two individuals from the Ural saiga population was analysed and markers for microsatellite analysis of *Saiga t. tatarica* were identified [11]. Thus, in Kazakhstan, where all three current populations of *Saiga tatarica tatarica* are predominantly concentrated, no studies have yet been conducted to characterise the genetic structure of the populations. The choice of the most effective method of DNA isolation is the first stage of the study, which will not only show the state of the genetic structure of the populations, but will also make it possible to develop effective scientific recommendations for the conservation of the species.

Ключевые слова: ДНК, *Saiga tatarica*, сравнение методов, экстракция, спектрофотометрия, электрофорез

Key words: DNA, *Saiga tatarica*, comparison of methods, extraction, spectrophotometry, electrophoresis

Введение. Сайгак – вид мигрирующих антилоп, встречающийся в степных и полупустынных районах Центральной Азии. Основным ареалом обитания является Республика Казахстан, где находится более 95% поголовья, разделенных на три популяции – уральскую, устьюртскую и бетпакдалинскую. Общая численность по последним данным авиаучета в Казахстане на весну 2022 года составила 1 318 тысяч особей. Из них в уральской популяции – 801 тысяча особей, в бетпакдалинской – 489 тысяч, в устьюртской – 28 тысяч особей [12]. Эти цифры говорят о росте в 1,6 раз по сравнению с авиаучетом 2021 года (842 тысячи) и в 3,9 раз по сравнению с 2019 годом (334 тысячи) [13]. В Российской Федерации сайгаки встречаются в приграничных с Казахстаном регионах – Астраханская область и Республика Калмыкия, численность животных небольшая и по данным на 2020 год составляла 6 350 особей [14]. Зимой часть устьюртской популяции мигрирует на юг, попадая в Узбекистан и Туркменистан. На территории Китая и Украины вид полностью истреблен и встречается только в заказниках и заповедниках в виде реинтродукции [4]. Монгольский подвид сайгаков (*Saiga tatarica mongolica*) встречается только в западной Монголии, по данным на ноябрь 2021 года численность монгольской популяции составляет 10 тысяч особей [15].

При анализе динамики численности сайгаков за последние сто лет становится очевидным факт того, что вид дважды испытал на себе эффект «бутылочного горлышка». Данный эффект обозначает резкое сокращение численности популяции вследствие влияния различных факторов (заболевания, природные катаклизмы, неконтролируемая охота и др.). При значительном снижении численности происходит сокращение генетического разнообразия

вида. Если же в дальнейшем происходит увеличение численности, то прежние показатели генетического разнообразия не восстанавливаются, из-за повышения частоты инбридинга уменьшается гетерозиготность популяции, происходит выпадение аллелей [16, 17].

Первый подобный эффект сайгаки испытали в 1940-1950 годах, когда на территории Казахстана было отмечено не более десяти табунов численностью в несколько сотен особей и одно стадо численностью чуть более тысячи голов [18]. После этого были приняты меры по запрету промысла сайги и численность быстро возросла до 1 миллиона особей, охота была вновь разрешена. Второй подобный случай был в конце 1990-х годов, когда число сайгаков сократилось до отметки в 21 тысячу голов (выжило чуть более 2% от изначальной численности популяции). Основной причиной тогда стало браконьерство [8, 9]. Помимо этого, в 2015 году произошел массовый падеж сайги, вызванный бактериями *Pasteurella multocida* [6].

Восстановление популяции сайгаков после каждого сокращения с большой вероятностью сопровождалось потерей генетического разнообразия. Обеднение генофонда ведет к повышению вероятности вымирания, сокращает адаптивный потенциал вида и снижает жизнеспособность животных. Без необходимых работ по восстановлению генофонда будет происходить дальнейшая потеря аллелей, которые могут отвечать за иммунитет организма к инфекционным заболеваниям, т.е. вспышки инфекций будут происходить чаще и с более массовой гибелью животных. Также будут распространяться болезни, вызванные генетическими аномалиями.

Существует целый ряд молекулярно-генетических методов для анализа генетического разнообразия животных [19, 20]. Выделяют семь основных методов, которые преимущественно используются для исследования генофонда популяций животных. К ним относят: ПЦР-ПДРФ – полиморфизм длин рестрикционных фрагментов, баркодирование митохондриальной ДНК, случайная амплификация ДНК с универсальными праймерами (RAPD-анализ), полиморфизм длин амплифицированных фрагментов (AFLP), секвенирование Y-хромосомы, исследование количества tandemных повторов (мини- и микросателлиты) и однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) [20, 21].

Использование микросателлитных маркеров началось еще в 90-х годах и получило широкое распространение как маркеры, используемые не только для исследования генетического разнообразия, но и для идентификации биоматериала, подтверждения личности, поиска ассоциации с фенотипическими признаками и другое. Хотя микросателлиты используются и по настоящее время, как более дешевый метод, в значительной степени они заменены чипами с широкими массивами SNP. Такие SNP-массивы обеспечивают высокую плотность маркеров и, следовательно, позволяют получить более полные и точные сведения о генетике животного. Разработка SNP чипов основана на данных секвенирования модельных видов животных и изначально возникали погрешности генотипирования при использовании чипов на аборигенных породах некоторых стран [19, 20, 22]. Однако увеличение плотности и дальнейший прогресс в разработке SNP-матриц позволил решить эту проблему.

Многие авторы подчеркивают острую необходимость изучения генофонда популяций, контроля происхождения и инбридинга для составления программ сохранения видов и пород животных [40, 41]. Существует большой перечень показателей, позволяющий провести оценку генетического разнообразия популяции (анализ генетической дистанции, дифференциация и филогенетическая реконструкция, показатели гомо- и гетерозиготности и др.) [23-26]. Изучение этих показателей позволит дать научно-обоснованные рекомендации по сохранению сайгаков, проведению мероприятий, позволяющих предотвратить вырождение вида.

Стоит отметить, что исследования генетического материала сайгаков проводились и проводятся международным научным сообществом. Однако количество таких работ крайне маленькое и большинство из них проводится китайскими учеными на монгольском подвиде сайгаков (*Saiga t. mongolica*) или найденных археологических останках [27-30]. Проводятся работы по поиску молекулярно-генетических методов идентификации биоматериала и определения его принадлежности к сайгакам [31, 32].

На казахстанской популяции сайгаков последнее крупное исследование проводилось лишь в 2013 году, когда был проведен анализ генома двух особей уральской популяции сайгаков и выявлены маркеры для микросателлитного анализа *Saiga t. tatarica* [11]. Таким образом, в Казахстане, где преимущественно сосредоточены все три современные популяции

Saiga tatarica tatarica до сих пор не проведены исследования, позволяющие охарактеризовать генетическую структуру популяций.

Проведение данного исследования позволит впервые в мировой научной практике провести полногеномное SNP-генотипирование сайгаков и дать оценку генофонду трех казахстанских популяций *Saiga tatarica tatarica*.

Первым этапом для выполнения данной работы, является подбор наиболее эффективной методики выделения нуклеиновых кислот из отобранного материала.

Материалы и методы исследования. Биоматериалом для проведения исследований послужили ушные выщипы от павших диких животных Уральской популяции сайгаков.

Работа по выделению ДНК из образцов тканей сайгаков была проведена в лаборатории биотехнологии и диагностики инфекционных болезней Испытательного центра НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана».

Выделение ДНК проводилось с использованием следующих коммерческих наборов, предназначенных для выделения нуклеиновых кислот из тканей млекопитающих:

- набор реагентов «ДНК-Экстран-2» для выделения геномной ДНК из тканей животных и человека (ООО «СИНТОЛ», РФ);
- набор реагентов «PureLink Genomic DNA Mini Kit» для выделения геномной ДНК из широкого спектра биоматериала (Invitrogen, США);
- набор реагентов «GM Tissue» для выделения ДНК из тканей млекопитающих (Raissol Bio, Австралия);
- набор реагентов «Tissue M» для выделения ДНК из тканей млекопитающих методом сорбции на магнитных частицах (Raissol Bio, Австралия).

Для каждого выделения было взято 20 мг биоматериала, объем элюирующего раствора в каждом эксперименте составлял 100 мкл. Концентрацию и качество (отношение A260/A280) выделенной ДНК измеряли с помощью спектрофотометра Cary 60 (Agilent Technologies, Малайзия).

Качество ДНК-материала также проверяли с помощью горизонтального электрофореза с использованием 1% агарозного геля (для приготовления использовали агарозу UltraPure (Invitrogen, США), 10x TBE Electrophoresis buffer (Thermo Scientific, Литва), реагент для визуализации ДНК SYBRTM Safe DNA Gel Stain (Invitrogen, США)), при внесении образцов в лунки геля, образцы в объеме 10 мкл смешивали с 2 мкл загрузочного буфера 6X DNA Loading Dye (Invitrogen, США), в качестве маркера молекулярных масс использовали GeneRuler 100 bp DNA Ladder (Thermo Scientific, Литва).

Для проведения сравнительного анализа, выделение ДНК проводили из трех аналогичных образцов биоматериала, взятого в равном количестве для каждой экстракции (20 мг).

Результаты и обсуждения. В мае 2023 года, во время массового окота сайгаков, был проведен экспедиционный выезд в район окота (округ с. Таловка, Жанибекского района, Западно-Казахстанской области).

Необходимо подчеркнуть, что это дикие животные, прижизненное взятие проб у которых невозможно, поэтому были проведены поисковые работы, направленные на обнаружение трупов павших животных. Во время окота значительно возрастает количество павших животных, в основном это самки, падеж связан с осложнениями во время родов (рисунок 1).



Рисунок 1 – Фотографии павших животных (май 2023 года)

Во время экспедиции было обнаружено 11 павших животных в местах массового скопления и окота сайгаков (таблица 1, рисунок 2). От каждого животного было взято несколько образцов биологического материала (фрагменты ушей и пучки волос с волосяными луковицами), материал помещен в отдельные конверты и соответственно пронумерован.

Таблица 1 – Перечень биоматериала, собранного с павших животных

№ образца	Наименование биологического материала	Пол	Возраст	Координаты
1	Ушной выщип	Самка	1 год	50°1635, 47°3819
2	Ушной выщип	Самка	2 года	50°1630, 47°4138
3	Ушной выщип	Самка	2 года	50°1718, 47°4238
4	Ушной выщип	Самка	1 год	50°2806, 47°5371
5	Ушной выщип	Самка	2 года	50°1620, 47°3348
6	Ушной выщип	Самка	1 год	50°1620, 47°3348
7	Ушной выщип	Самка	1 год	50°1620, 47°3348
8	Ушной выщип	Самка	1 год	50°2778, 47°5267
9	Ушной выщип	Самка	2 года	50°2778, 47°5267
10	Ушной выщип	Самка	1 год	50°2757, 47°5333
11	Ушной выщип	Самка	2 года	50°1659, 47°3209

Выделение ДНК проводили согласно инструкции производителя, без каких-либо модификаций. В результате проделанной работы по выделению ДНК с помощью различных коммерческих наборов для извлечения нуклеиновых кислот из тканей млекопитающих, получены следующие данные – рисунок 3, 4, таблица 2.

Как известно, спектрофотометрический анализ ДНК основан на свойствах абсорбции света нуклеиновыми кислотами, такими как ДНК и РНК. При анализе образца ДНК с помощью спектрофотометра измеряется количество поглощенного света при длине волны 260 нм. Чем больше концентрация ДНК в образце, тем больше света она поглощает. Отношение поглощения света при 260 нм к поглощению при другой длине волны (например, 280 нм) также может использоваться для оценки чистоты образца ДНК.

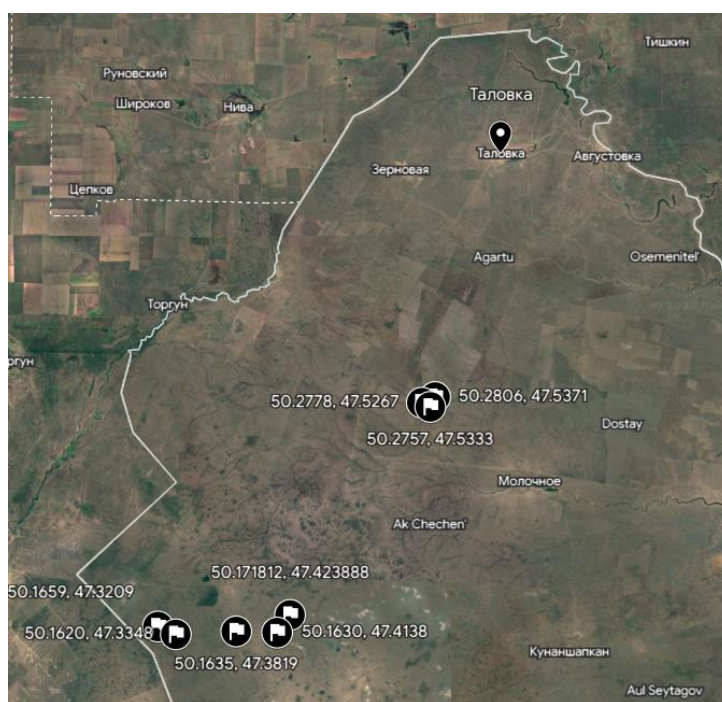


Рисунок 2 – Карта с указанием местонахождения найденных трупов животных

Идеальное отношение A260/A280 для чистой ДНК составляет примерно 1,8. Если отношение A260/A280 значительно отличается от этих значений, это может указывать на примеси или загрязнения в образце. Например, белки, фенолы или другие загрязнители могут повлиять на показатели отношения A260/A280, что может затруднить точное определение концентрации нуклеиновых кислот.

Спектрофотометрический анализ ДНК является быстрым и надежным методом для количественной оценки концентрации ДНК. Этот метод широко используется в биологии и генетике для различных приложений, таких как подготовка образцов для секвенирования ДНК, определение эффективности ПЦР, клонирование генов и многих других молекулярно-биологических исследований.

Расчет стоимости выделения одного образца проводился без учета использования дополнительных материалов и реагентов, трудовых и коммунальных затрат. Ни один из использованных наборов не требовал дополнительных дорогостоящих расходных материалов, временные и трудовые затраты также были сопоставимы.

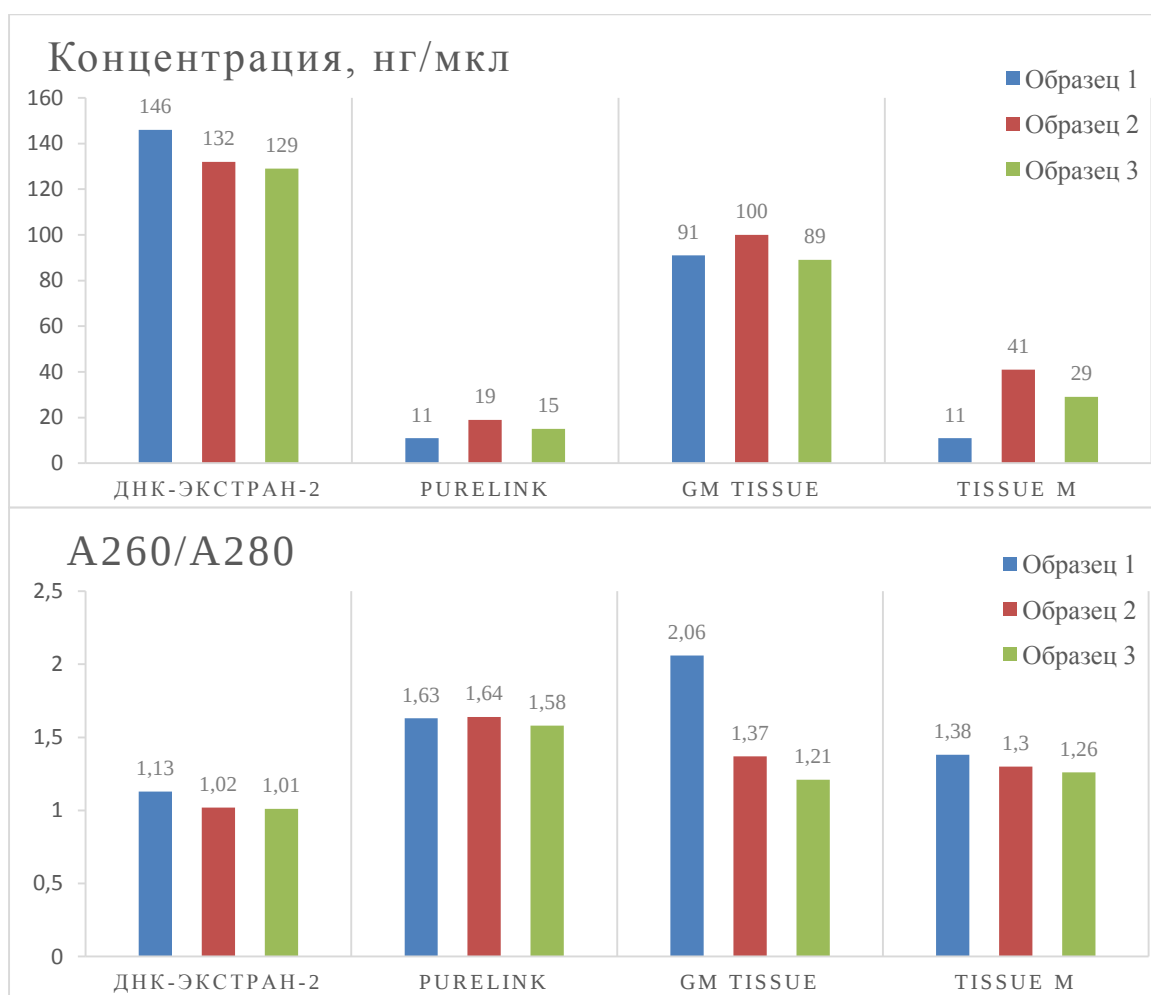


Рисунок 3 – Спектрофотометрический анализ полученного ДНК-материала

Как видно, из представленных данных, наибольшая концентрация наблюдается в образцах, выделенных с помощью набора «ДНК-Экстран-2», а наименьшая - с помощью колоночного набора «PureLink Genomic DNA Mini Kit» (рисунок 3, таблица 2). Наборы от компании Raissol Bio заняли промежуточные позиции, при этом меньшая концентрация была отмечена в образцах, выделенных с помощью набора на магнитных частицах, показатели отношения A260/A280 находились в близких значениях и также занимали среднее положение. Худший показатель «чистоты» нуклеиновых кислот (A260/A280) отмечен в наборе «ДНК-Экстран-2», а наилучший - среди образцов, выделенных с помощью набора «PureLink Genomic DNA Mini Kit».

Таблица 2 – Средние значения основных характеристик образцов геномной ДНК, выделенной из биоматериала

Наименование набора	Концентрация ДНК-материала, нг/мкл	A260/A280	Стоимость выделения одного образца, тенге (согласно стоимости набора)
ДНК-Экстран-2	135,7	1,05	≈350
PureLink	15	1,62	≈3 903
GM Tissue	93,3	1,55	≈600
Tissue M	27	1,32	≈620

На рисунке 4 представлены результаты электрофоретического анализа выделенной ДНК в агарозном геле. Как видно на представленных изображениях, ДНК выделенная с помощью набора реагентов «ДНК-Экстран-2», содержит много фрагментированных участков нуклеиновой кислоты, во втором и третьем образце фрагменты практически равномерно распределены по всей полосе, начиная от самых крупных фрагментов и заканчивая самыми мелкими, во всех образцах отсутствует четкая полоса характеризующая цельную ДНК.

Образцы, выделенные с помощью набора «PureLink Genomic DNA Mini Kit», демонстрируют одну четкую полосу одинакового размера, отсутствуют какие-либо примеси и фрагменты, что говорит о высокой чистоте ДНК-материала и сохранившейся целостности молекул.

Нуклеиновая кислота, выделенная с помощью набора «GM Tissue», показывает сильную фрагментированность молекул, при этом преобладают фрагменты с низкой молекулярной массой, однако, при этом в верхней части «дорожки» так же наблюдается небольшое скопление крупных фрагментов ДНК.

Набор реагентов «Tissue M» для выделения ДНК из тканей млекопитающих методом сорбции на магнитных частицах показал хорошие результаты, экстрагированная ДНК содержит небольшое количество фрагментированных молекул, большая часть ДНК сосредоточена в одном «бэнде» и имеет размер, сопоставимый с цельной молекулой нуклеиновой кислоты.

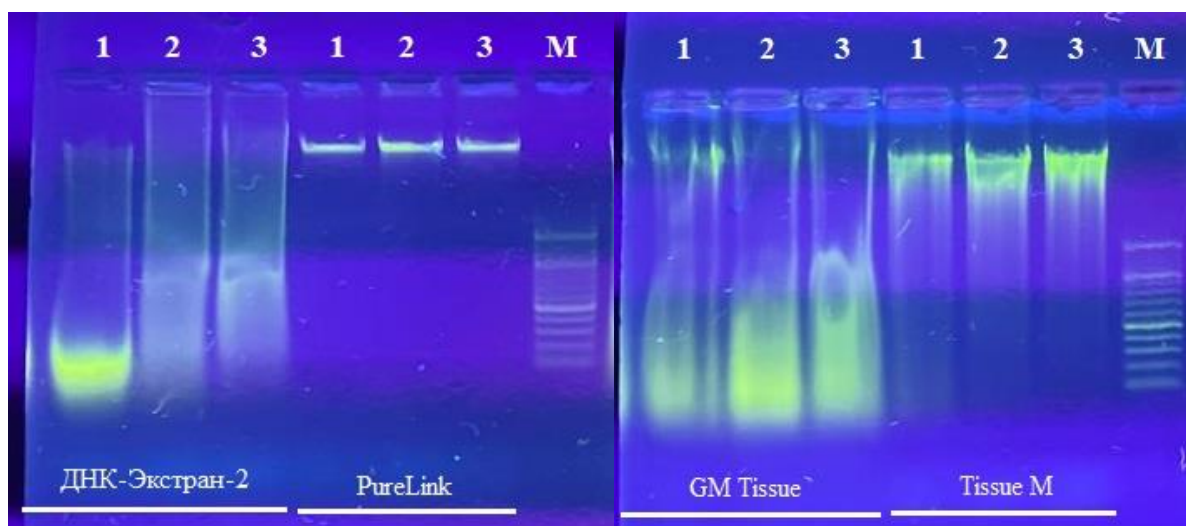


Рисунок 4 – Электрофорез ДНК в агарозном геле

Исходя из вышесказанного, можно сделать несколько выводов:

- Набор реагентов «ДНК-Экстран-2» при низкой себестоимости позволяет выделить ДНК высокой концентрации, но низкого качества, что позволяет эффективно использовать его при выполнении многих молекулярно-генетических задач (ПЦР-ПДРФ, STR-генотипирование и др.), однако для проведения полногеномного SNP-анализа применение данного набора сомнительно.

- Набор реагентов «PureLink Genomic DNA Mini Kit», показал, что выделенная ДНК обладает высоким качеством и чистотой, но низкая концентрация может стать препятствием

для выполнения некоторых протоколов SNP-анализа, требующих большее количество ДНК. Довольно часто в лабораторной практике возникает необходимость длительного хранения извлеченной нуклеиновой кислоты, что еще сильнее снизит концентрацию, либо грозит полной потерей ДНК-материала. Стоит также отметить высокую стоимость данного набора реагентов.

- Наборы реагентов компании Raissol Bio при схожей стоимости показали различные результаты: набор «GM Tissue» позволяет выделить ДНК со средней концентрацией, превышающей 90 нг/мкл, показателем $A260/A280 \geq 1,5$, но при этом нуклеиновая кислота выходит сильно фрагментированной, с преобладанием фрагментов с низкой молекулярной массой, следовательно его применение в рамках SNP-генотипирования также сомнительно;

набор «Tissue M» с использованием магнитных частиц, напротив, при низкой стоимости показал высокие результаты и может быть использован для выполнения поставленной задачи.

Таким образом, для проведения полногеномного SNP-анализа в дальнейшем будут использованы два набора («PureLink Genomic DNA Mini Kit», «Tissue M»), результаты данного анализа позволят провести более глубокое сравнение эффективности выделения ДНК с помощью выбранных наборов реагентов.

Описанные в разделе «Введение» примеры демонстрируют возможность применения SNP-чипов, разработанных для модельных видов животных (крупный рогатый скот, овцы, козы) для полногеномного SNP-генотипирования представителей родственных видов [33-36]. В связи с этим мы планируем провести полногеномное SNP-генотипирование представителей казахстанских популяций сайгака (*Saiga tatarica tatarica*) с использованием микрочипа для генотипирования крупного рогатого скота, овец и коз Axiom (Axiom™ Bovine-Ovine-Caprine Genotyping Array), содержащего 54 тыс. SNP для КРС, 54 тыс. SNP для овец и 60 тыс. SNP для коз. По результатам генотипирования будет дана оценка генетического разнообразия популяций сайгаков, обитающих в Казахстане, определено состояние генофонда и даны рекомендации по сохранению данного вида животных.

Заключение. Сравнительная оценка коммерческих наборов для выделения нуклеиновых кислот показала, что каждый из использованных наборов позволяет выделить ДНК из биологических тканей сайгаков. Однако в зависимости от поставленных научных задач могут использоваться разные комплекты реагентов. Для проведения STR-генотипирования, ПЦР-РВ, ПЦР-ПДРФ и других, подобных методов анализа могут быть использованы наборы «ДНК-Экстрен-2» и «GM Tissue». Для выполнения задач требующих качественного ДНК-материала, таких как секвенирование и SNP-генотипирование высокой плотности, наиболее подходящими наборами реагентов являются комплекты «Tissue M» и «PureLink Genomic DNA Mini Kit».

Финансирование. Работа выполнена в рамках грантового финансирования молодых ученых по научным и (или) научно-техническим проектам на 2023-2025 годы, проекту ИРН AP19577569 «Молекулярно-генетический анализ генофонда казахстанских популяций *Saiga tatarica tatarica* на основе полногеномного SNP-генотипирования» (per № 0123PK00054).

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Grubb, P. Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference [Текст] / P. Grubb, D.E. Wilson, D.M. Reeder // Johns Hopkins University Press, Baltimore, USA. - 2005. – 688 p.
2. Baryshnikov, G. Notes on skulls of Pleistocene saiga of northern Eurasia [Текст] / G. Baryshnikov, A. Tikhonov // Historical Biology. - 1994. – V. 8. – P. 209–234.
3. Kahlke, R.D. The origin of Eurasian mammoth faunas (Mammuthus-coelodonta faunal complex) [Текст] / R.D. Kahlke // Quaternary Science Reviews - 2014. V. 96. – P. 32–49.
4. Glazer, G. An overview of the saiga antelope (*Saiga tatarica*) in captivity in Europe and the United States [Текст] / G. Glazer // Report commissioned by the Saiga Conservation Alliance for presentation at the Captive Breeding Workshop, Moscow. - 2017. – 19 p.
5. Convention on Migratory Species. Overview Report on the Conservation Status and MOU Implementation [Текст] // Prepared by IUCN/SSC Antelope Specialist Group & the Saiga Conservation Alliance on behalf of the CMS Secretariat. – 2015. – 15 p.

6. Kock, R.A. Saigas on the brink: multidisciplinary analysis of the factors influencing mass mortality events [Текст] / R.A. Kock, M. Orynbayev, S. Robinson [et al.] // Science Advances. – 2018. – V. 4. – eao2314.
7. Aguilar, X.F. PPR Virus threatens wildlife conservation [Текст] / X.F. Aguilar, A.E. Fine, M. Pruvot [et al.] // Science – 2018 – V. 362 – P. 165–166.
8. Milner-Gulland, E.J. Dramatic declines in saiga antelope populations [Текст] / E.J. Milner-Gulland, M.V. Kholodova, A. Bekenov [et al.] // Oryx. – 2001. – V. 35(4). – P. 340–345.
9. Kühl, A. The role of saiga poaching in rural communities: linkages between attitudes, socio-economic circumstances and behavior [Текст] / A. Kühl, N. Balinova, E. Bykova [et al.] // Biological Conservation – 2009 – V. 142 – P. 1442–1449.
10. Milner-Gulland, E.J. Reproductive collapse in saiga antelope harems [Текст] / E.J. Milner-Gulland, O.M. Bukreeva, T. Coulson [et al.] // Nature – 2003 – V. 422 – P. 135.
11. Nowak, C. Rapid development of microsatellite markers for the critically endangered Saiga (Saiga tatarica) using Illumina® Miseq next generation sequencing technology [Текст] / C. Nowak, S. Zuther, S.V. Leontyev // Conservation Genet Resour – 2014 – V. 6 – P. 159–162.
12. Кузекбай, А. «Судьба сайгаков в Казахстане: что говорят экологи, ученые и о чем заявляют фермеры» [Текст] / А. Кузекбай // статья Казинформ, Нур-Султан - 10 Июля 2022.
13. Агентство по стратегическому планированию и реформам Республики Казахстан Бюро национальной статистики. Охрана окружающей среды в Республике Казахстан 2015-2019 Статистический сборник [Электронный ресурс] // <https://stat.gov.kz>.
14. Угрозы сайгаку Северо-Западного Прикаспия [Электронный ресурс] // Всемирный фонд дикой природы (WWF) <https://wwf.ru/species/saygak-prikaspiyskiy/ugrozy-saygaku-severo-zapadnogo-prikaspiya>.
15. Популяция сайгаков в Монголии увеличилась до 10 тысяч особей [Электронный ресурс] // Russian.News.Cn. - 2021. - http://russian.news.cn/2021-11/22/c_1310326042.htm
16. Gillespie John, P. Population genetics. Quick Reference [Текст] / P. Gillespie John // The Johns Hopkins University Press – 1998 – 181 p.
17. Pierce, B. Genetics: a conceptual approach [Текст] / B. Pierce // Ed. W.H. Freeman – 2003 - p. 684.
18. Афанасьев, А.В. Звери Казахстана [Текст] / А.В. Афанасьев, В.С. Бажанов, М.Н. Корелов [и др.] // Академия наук КазССР, Ин-т зоологии; Алма-Ата. - 1953. – 535 с.
19. Eusebi, P.G. Genomic tools for effective conservation of livestock breed diversity [Текст] / P.G. Eusebi, A. Martinez, O. Cortes // Diversity. – 2020 – V. 12 – P. 8.
20. Yaro, M. Molecular identification of livestock breeds: A tool for modern conservation biology [Текст] / M. Yaro, K.A. Munyard, M.J. Stear [et al.] // Biol. Rev. Camb. Philos. Soc. – 2017 – V. 92 – P. 993–1010.
21. Olschewsky, A. An overview of the use of genotyping techniques for assessing genetic diversity in local farm animal breeds [Текст] / A. Olschewsky, D. Hinrichs // Animals (Basel) – 2021 – V. 11(7). doi:10.3390/ani11072016.
22. Pérez-Enciso, M. Sequence- vs. chip-assisted genomic selection: Accurate biological information is advised [Текст] / M. Pérez-Enciso, J.C. Rincón, A. Legarra // Genet. Sel. Evol. – 2015 V. 47. – P. 43.
23. Toro, M.A. Molecular characterization of breeds and its use in conservation [Текст] / M.A. Toro, J. Fernández, A. Caballero // Livest. Sci. - 2009 – V. 120 – P.174–195.
24. Weitzman, M.L. On Diversity [Текст] / M.L. Weitzman // Q. J. Econ. – 1992 – V. 107 – P. 363–405.
25. Marsjan, P.A. The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture [Текст] / P.A. Marsjan, J.K. Oldenbroek // FAO Molecular markers, a tool for exploring genetic diversity (Section C in part 4); Rome, Italy – 2007 - P. 359–379.
26. Caballero, A. Allelic diversity and its implications for the rate of adaptation [Текст] / A. Caballero, A. García-Dorado // Genetics. – 2013 – V. 195 – P. 1373–1384.
27. Ding, X. Complete mitochondrial genome of Saiga tatarica (Ruminantia; Pecora; Bovidae) isolate Wuwei in China [Текст] / X. Ding, J. Wu, H. Xiao [et al.] // Mitochondrial DNA B Resour. - 2017 – V. 2(2) – P. 681–682.

28. Paula, C.F. Ancient DNA sequences point to a large loss of mitochondrial genetic diversity in the saiga antelope (*Saiga tatarica*) since the Pleistocene [Текст] / C.F. Paula, T. Kristensen, L. Orlando [et al.] // *Molecular Ecology* – 2010 – V. 19(22) – P. 4863–4875.
29. Zhao, S. Microsatellite and mitochondrial DNA assessment of the genetic diversity of captive Saiga antelopes (*Saiga tatarica*) in China [Текст] / S. Zhao, C. Xu, G. Liu // *Chin. Sci. Bull.* - 2013. – V. 58 – P. 2163–2167
30. Alba, R.I. Genetic diversity of the endangered Mongolian saiga antelope *Saiga tatarica mongolica* (Artiodactyla: Bovidae) provides insights into conservation [Текст] / R.I. Alba, H. Jeanne, T.L. Silva [et al.] // *Biological Journal of the Linnean Society* – 2022 – V. 137 (1) – P. 100–111.
31. Chen, J. Identification of ungulates used in a traditional Chinese medicine with DNA barcoding technology [Текст] / J. Chen, Z. Jiang, C. Li [et al.] // *Ecol Evol.* – 2015 - V. 5(9) – P. 1818–1825.
32. Mukantayev, K. Optimization of polymerase chain reaction for the identification of Roe deer, Saiga, and Siberian stag living in Kazakhstan [Текст] / K. Mukantayev, D. Kanayev, S. Zhumabekova [et al.] // *Veterinary World* – 2022 – V. 15(8) – P. 2067–2071.
33. Pertoldi, C. Genome variability in European and American bison detected using BovineSNP50 BeadChip [Текст] / C. Pertoldi, J.M. Wójcik, M. Tokarska [et al.] // *Conserv Genet.* - 2010 - V.11 – P. 627 – 634.
34. Ogden, R. The use of cross-species genome-wide arrays to discover SNP markers for conservation genetics: a case study from Arabian and scimitar-horned oryx [Текст] / R. Ogden, J. Baird, H. Senn [et al.] // *Conserv Genet Resour.* – 2012 – V. 4 – P. 471 – 473.
35. Bixley, M.J. Building a deer SNP chip. In Matching genetics and environment: a new look at an old topic [Текст] / M.J. Bixley, J.F. Ward, R. Brauning [et al.] // In *Proceedings of the 18th Conference of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics, Barossa Valley, South Australia* – 2009 – V. 18 – P. 300 – 303.
36. Haynes, G.D. Identification of novel single nucleotide polymorphisms (SNPs) in deer (*Odocoileus* spp.) using the BovineSNP50 BeadChip [Текст] / G.D. Haynes, E.K. Latch // *PLoS One.* – 2012 – V. 7 - e36536.

REFERENCES

1. Grubb, P. Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference [Текст] / P. Grubb, D.E. Wilson, D.M. Reeder // *Johns Hopkins University Press, Baltimore, USA.* - 2005. – 688 p.
2. Baryshnikov, G. Notes on skulls of Pleistocene saiga of northern Eurasia [Текст] / G. Baryshnikov, A. Tikhonov // *Historical Biology.* - 1994. – V. 8. – P. 209–234.
3. Kahlke, R.D. The origin of Eurasian mammoth faunas (*Mammuthus-coelodonta* faunal complex) [Текст] / R.D. Kahlke // *Quaternary Science Reviews* - 2014. V. 96. – P. 32–49.
4. Glazer, G. An overview of the saiga antelope (*Saiga tatarica*) in captivity in Europe and the United States [Текст] / G. Glazer // Report commissioned by the Saiga Conservation Alliance for presentation at the Captive Breeding Workshop, Moscow. - 2017. – 19 p.
5. Convention on Migratory Species. Overview Report on the Conservation Status and MOU Implementation [Текст] // Prepared by IUCN/SSC Antelope Specialist Group & the Saiga Conservation Alliance on behalf of the CMS Secretariat. – 2015. – 15 p.
6. Kock, R.A. Saigas on the brink: multidisciplinary analysis of the factors influencing mass mortality events [Текст] / R.A. Kock, M. Orynbayev, S. Robinson [et al.] // *Science Advances.* – 2018. - V. 4. - eaao2314.
7. Aguilar, X.F. PPR Virus threatens wildlife conservation [Текст] / X.F. Aguilar, A.E. Fine, M. Pruvot [et al.] // *Science* – 2018 – V. 362 – P. 165–166.
8. Milner-Gulland, E.J. Dramatic declines in saiga antelope populations [Текст] / E.J. Milner-Gulland, M.V. Kholodova, A. Bekenov [et al.] // *Oryx.* - 2001. – V. 35(4). – P. 340–345.
9. Kühl, A. The role of saiga poaching in rural communities: linkages between attitudes, socio-economic circumstances and behavior [Текст] / A. Kühl, N. Balinova, E. Bykova [et al.] // *Biological Conservation* – 2009 – V. 142 – P. 1442–1449.
10. Milner-Gulland, E.J. Reproductive collapse in saiga antelope harems [Текст] / E.J. Milner-Gulland, O.M. Bukreeva, T. Coulson [et al.] // *Nature* – 2003 – V. 422 – P. 135.

11. Nowak, C. Rapid development of microsatellite markers for the critically endangered Saiga (*Saiga tatarica*) using Illumina® Miseq next generation sequencing technology [Tekst] / C. Nowak, S. Zuther, S.V. Leontyev // Conservation Genet Resour – 2014 – V. 6 – P. 159–162.
12. Kuzekbaj, A. «Sud'ba sajgakov v Kazahstane: chto govoryat ekologi, uchenye i o chem zayavlyayut fermery» [Tekst] / A. Kuzekbaj // stat'ya Kazinform, Nur-Sultan - 10 Iyulya 2022.
13. Agentstvo po strategicheskomu planirovaniyu i reformam Respubliki Kazahstan Byuro nacional'noj statistiki. Ohrana okruzhayushchej sredy v Respublike Kazahstan 2015-2019 Statisticheskij sbornik [Elektronnyj resurs] // <https://stat.gov.kz>.
14. Ugrozy sajgaku Severo-Zapadnogo Prikaspiya [Elektronnyj resurs] // Vsemirnyj fond dikoj prirody (WWF) <https://wwf.ru/species/saygak-prikaspiyskiy/ugrozy-saygaku-severo-zapadnogo-prikaspiya>.
15. Populyaciya sajgakov v Mongolii uvelichilas' do 10 tysyach osobej [Elektronnyj resurs] // Russian.News.Cn. - 2021. - http://russian.news.cn/2021-11/22/c_1310326042.htm
16. Gillespie John, P. Population genetics. Quick Reference [Tekst] / P. Gillespie John // The Johns Hopkins University Press – 1998 – 181 p.
17. Pierce, B. Genetics: a conceptual approach [Tekst] / B. Pierce // Ed. W.H. Freeman – 2003 - p. 684.
18. Afanas'ev, A.V. Zveri Kazahstana [Tekst] / A.V. Afanas'ev, V.S. Bazhanov, M.N. Korelov [i dr.] // Akademiya nauk KazSSR, In-t zoologii; Alma-Ata. - 1953. – 535 c.
19. Eusebi, P.G. Genomic tools for effective conservation of livestock breed diversity [Tekst] / P.G. Eusebi, A. Martinez, O. Cortes // Diversity. – 2020 – V. 12 – P. 8.
20. Yaro, M. Molecular identification of livestock breeds: A tool for modern conservation biology [Tekst] / M. Yaro, K.A. Munyard, M.J. Stear [et al.] // Biol. Rev. Camb. Philos. Soc. – 2017 – V. 92 – P. 993–1010.
21. Olschewsky, A. An overview of the use of genotyping techniques for assessing genetic diversity in local farm animal breeds [Tekst] / A. Olschewsky, D. Hinrichs // Animals (Basel) – 2021 – V. 11(7). doi:10.3390/ani11072016.
22. Pérez-Enciso, M. Sequence- vs. chip-assisted genomic selection: Accurate biological information is advised [Tekst] / M. Pérez-Enciso, J.C. Rincón, A. Legarra // Genet. Sel. Evol. – 2015 V. 47. – P. 43.
23. Toro, M.A. Molecular characterization of breeds and its use in conservation [Tekst] / M.A. Toro, J. Fernández, A. Caballero // Livest. Sci. - 2009 – V. 120 – P.174–195.
24. Weitzman, M.L. On Diversity [Tekst] / M.L. Weitzman // Q. J. Econ. – 1992 – V. 107 – P. 363–405.
25. Marsjan, P.A. The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture [Tekst] / P.A. Marsjan, J.K. Oldenbroek // FAO Molecular markers, a tool for exploring genetic diversity (Section C in part 4); Rome, Italy – 2007 - P. 359–379.
26. Caballero, A. Allelic diversity and its implications for the rate of adaptation [Tekst] / A. Caballero, A. García-Dorado // Genetics. – 2013 – V. 195 – P. 1373–1384.
27. Ding, X. Complete mitochondrial genome of Saiga tatarica (Ruminantia; Pecora; Bovidae) isolate Wuwei in China [Tekst] / X. Ding, J. Wu, H. Xiao [et al.] // Mitochondrial DNA B Resour. - 2017 – V. 2(2) – P. 681–682.
28. Paula, C.F. Ancient DNA sequences point to a large loss of mitochondrial genetic diversity in the saiga antelope (*Saiga tatarica*) since the Pleistocene [Tekst] / C.F. Paula, T. Kristensen, L. Orlando [et al.] // Molecular Ecology – 2010 – V. 19(22) – P. 4863–4875.
29. Zhao, S. Microsatellite and mitochondrial DNA assessment of the genetic diversity of captive Saiga antelopes (*Saiga tatarica*) in China [Tekst] / S. Zhao, C. Xu, G. Liu // Chin. Sci. Bull. - 2013. – V. 58 – P. 2163–2167
30. Alba, R.I. Genetic diversity of the endangered Mongolian saiga antelope *Saiga tatarica mongolica* (Artiodactyla: Bovidae) provides insights into conservation [Tekst] / R.I. Alba, H. Jeanne, T.L. Silva [et al.] // Biological Journal of the Linnean Society – 2022 – V. 137 (1) – P. 100–111.
31. Chen, J. Identification of ungulates used in a traditional Chinese medicine with DNA barcoding technology [Tekst] / J. Chen, Z. Jiang, C. Li [et al.] // Ecol Evol. – 2015 - V. 5(9) – P. 1818–1825.

32. Mukantayev, K. Optimization of polymerase chain reaction for the identification of Roe deer, Saiga, and Siberian stag living in Kazakhstan [Tekst] / K. Mukantayev, D. Kanayev, S. Zhumabekova [et al.] // Veterinary World – 2022 – V. 15(8) – P. 2067–2071.

33. Pertoldi, C. Genome variability in European and American bison detected using BovineSNP50 BeadChip [Tekst] / C. Pertoldi, J.M. Wójcik, M. Tokarska [et al.] // Conserv Genet. - 2010 - V.11 – P. 627 – 634.

34. Ogden, R. The use of cross-species genome-wide arrays to discover SNP markers for conservation genetics: a case study from Arabian and scimitar-horned oryx [Tekst] / R. Ogden, J. Baird, H. Senn [et al.] // Conserv Genet Resour. – 2012 – V. 4 – P. 471 – 473.

35. Bixley, M.J. Building a deer SNP chip. In Matching genetics and environment: a new look at an old topic [Tekst] / M.J. Bixley, J.F. Ward, R. Brauning [et al.] // In Proceedings of the 18th Conference of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics, Barossa Valley, South Australia – 2009 – V. 18 – P. 300 – 303.

36. Haynes, G.D. Identification of novel single nucleotide polymorphisms (SNPs) in deer (*Odocoileus* spp.) using the BovineSNP50 BeadChip [Tekst] / G.D. Haynes, E.K. Latch // PLoS One. – 2012 – V. 7 - e36536.

ТҮЙІН

Киік Орталық Азияда мекендейтін қоныс аударатын шөпқоректі жануар. Қазіргі уақытта Қазақстан, Ресей, Моңғолия, Түркіменстан және Өзбекстан аймақтарында кездеседі. Украина қорығында жаңадан қоныстанған (Аскания-Нова).

Киіктер тұқымы қуысмүйізділер тұқымдасына жатады және әртүрлі мәліметтер бойынша нағыз антилопа (*Antilopinae*) және киіктертер (*Saiginae*) туыстығына жатады. Бұрын киіктер Еуразия құрлығында кең таралған, олардың тіршілік ету ортасы Батыс Еуропадан Ресей Федерациясының Чукотка автономиялық облысына дейін созылған [2, 3]. Қазіргі уақытта киіктер екі түрмен ұсынылған, *Saiga tatarica tatarica* және *Saiga tatarica mongolica*, бірнеше популяциямен шектелген, олардың үшеуі негізінен Қазақстанда (*Saiga t. tatarica*) кездеседі, мезгіл-мезгіл көрші мемлекеттердің шекарасын кесіп өтеді, ал біреуі Моңғолияда (*Saiga t. mongolica*). Қытай мен Украинада қазіргі ареалда қорықта мекендейтін бірнеше шағын популяциялар бар, олардың барлығы қазақ популяцияларынан алынған реинтродукциялар [4]. Киік қоныс аударатын түр болғандықтан, ауылшаруашылық және транспорт жобаларының нәтижесінде адам әрекетінен болатын ландшафттық өзгерістер бұл жануарларға зор қауіп төндіреді, өйткені олар тіршілік ету ортасының жоғалуына алып келеді [5]. Сонымен қатар, соңғы онжылдықта 2015 жылы Қазақстанда *Pasteurella multocida* бактериясынан және 2016 жылы Моңғолияда ұсақ күйіс қайыратын обадан туындаған киіктердің екі рет жаппай өлімі тіркелді [6, 7].

Алайда, 1990 жылдардың аяғынан қазіргі уақытқа дейін киіктердің санының азаюының негізгі себебі олардың еті мен мүйізін заңсыз аулау болып табылады [8, 9]. Қытайдың дәстүрлі медицинасында киік мүйіздері қолданылғаны белгілі, мүйіз тек аталықтарда болғандықтан, аталықтарды іріктеп аулау популяциялардағы жыныстық тепе-теңдіктің өзгеруіне және көбеюдің төмендеуіне әкеледі [10].

Қазақстандық киік популяциясының қазіргі генетикалық материалын зерттеуге арналған жұмыстардың аз ғана саны бар және соңғы ірі зерттеу 2013 жылы, Орал киік популяциясының екі дарағының геномына талдау жүргізіліп, *Saiga t. tatarica* микросателлиттік талдауы үшін маркерлер анықталды [11]. Осылайша, *Saiga tatarica tatarica*-ның барлық үш заманауи популяциясы басым шоғырланған Қазақстанда популяциялардың генетикалық құрылымын сипаттайтын зерттеулер әлі жүргізілген жоқ. ДНҚ бөлудің ең тиімді әдісін таңдау зерттеудің бастапқы кезеңі болып табылады, ол популяциялардың генетикалық құрылымының жай-күйін көрсетіп қана қоймайды, сонымен қатар түрді сақтау бойынша тиімді ғылыми ұсыныстарды әзірлеуге мүмкіндік береді.