

Насамбаев Е.Г., доктор сельскохозяйственных наук, профессор, **основной автор**, <https://orcid.org/0000-0002-0995-7832>

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

Бейшова И.С., кандидат сельскохозяйственных наук, доктор биологических наук, ассоциированный профессор, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>

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

Черняева С.А., магистрант, <https://orcid.org/0000-0002-6503-7061>

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

Nassambayev E., Doctor of Agricultural Sciences, Professor, **the main author**, <http://orcid.org/0000-0002-0995-7832>

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

Beishova I.S., candidate of Agricultural Sciences, 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

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

Chernyayeva S.A., master [student](#).

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

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ГЕРЕФОРДСКОЙ ПОРОДЫ С ПРИМЕНЕНИЕМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ STUDY OF THE GENETIC STRUCTURE OF HEREFORD CATTLE USING MICROSATELLITE MARKERS

Аннотация

В статье представлены результаты молекулярно – генетической экспертизы животных герефордской породы крупного рогатого скота. Был проанализирован аллелофонд молодняка по 15 микросателлитным локусам ДНК (BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, TGLA53, SPS115, ETH225, CSSM66, ILSTS006 и CSRM60). Количество аллелей в отдельных локусах микросателлитов варьировало от 4 в локусах ETH3, BM1824, ETH10 до 8-9 в локусах TGLA53, BM2113, CSSM66, в среднем на локус приходилось 5,8 аллелей и в сумме составило 87 аллелей. Локус CSSM66 является самым высокополиморфным из всех 15-ти локусов микросателлитной ДНК крупного рогатого скота (уровень полиморфности 4,695), тогда как локус INRA023 - наименее полиморфным (1,672). Средний показатель уровня полиморфности составил 3,204. В результате генотипирования бычков герефордской породы по изучаемым микросателлитным локусам значения наблюдаемой гетерозиготности (Ho) и ожидаемой (He) варьировали в пределах 0,355 - 0,935 и 0,402 - 0,787 соответственно. Средние показатели наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности имели сходные значения (0,675 и 0,666), индекс фиксации имел величину, равную минус 0,011. Таким образом, были выявлены основные

характерные особенности полиморфизма по всем изученным микросателлитам ДНК бычков герефордской породы.

ANNOTATION

The article presents the results of the molecular genetic examination of animals of the Hereford cattle breed. The allelofund of young animals was analyzed for 15 microsatellite DNA loci (BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, TGLA53, SPS115, ETH225, CSSM66, ILSTS006 and CSRM60). The number of alleles in individual microsatellite loci ranged from 4 in the ETH3, BM1824, ETH10 loci to 8-9 in the TGLA53, BM2113, and CSSM66 loci, with an average of 5.8 alleles per locus and a total of 87 alleles. The CSSM66 locus is the most highly polymorphic of all 15 loci of bovine microsatellite DNA (polymorphism level 4,695), while the INRA023 locus is the least polymorphic (1,672). The average polymorphism level was 3,204. As a result of genotyping of Hereford bulls by the studied microsatellite loci, the values of observed heterozygosity (H_o) and expected (H_e) varied in the range of 0.355 - 0.935 and 0.402 - 0.787, respectively. The average values of observed and expected heterozygosity had similar values (0.675 and 0.666), the fixation index had a value equal to minus 0.011. Thus, the main characteristic features of polymorphism were identified for all studied DNA microsatellites of Hereford bulls.

Ключевые слова: герефордская порода, микросателлиты, генетический полиморфизм, локусы, аллели, гетерозиготность.

Key words: Hereford breed, microsatellites, genetic polymorphism, loci, alleles, heterozygosity.

Введение. В современных условиях развития животноводства увеличение производства высококачественной говядины становится возможным при определении генетического потенциала мясной продуктивности скота.[1,2] Применение биологически инновационных технологий, в частности, молекулярно-генетических маркеров, решает задачи рационального использования генетических ресурсов, помогает выявить особенности генофонда породы, разрабатывать генетически обоснованные программы устойчивого развития местных пород и их сохранения, выявлять ошибки при анализе достоверности происхождения животных.[3-6]

Генетическая оценка животных стала намного эффективнее с открытием коротких повторяющихся последовательностей или микросателлитов, равномерно расположенных вдоль генома. Микросателлиты представляют собой отдельный класс молекулярно-генетических маркеров, которые широко используются для изучения генетической изменчивости популяций человека, растений и животных.[7-10]

Благодаря высокой информативности микросателлитные ДНК-маркеры позволяют оценить степень инбридинга и поддерживать высокий уровень генетического разнообразия. В животноводстве они имеют большое значение в анализе достоверности происхождения племенных животных, генетической дифференциации пород и внутривидовых типов.[11-14]

Животные герефордской породы наряду с отечественной казахской белоголовой являются одной из наиболее распространённых пород в стране с численностью племенного стада 78 502 головы, что составляет 10,4 % от общей численности мясных пород. В последние годы наблюдается увеличение численности ввозимого из-за рубежа скота герефордской породы, что вызывает необходимость изучения биологических и продуктивных особенностей этой породы.[15-17]

В отечественном скотоводстве остро стоит проблема оценки и сохранения генетических ресурсов, в связи с чем целью данной исследовательской работы является изучение особенностей генетической структуры герефордской породы крупного рогатого скота по STR – локусам.

Материалы и методы исследований.

Исследование проводилось в лаборатории биотехнологии и диагностики инфекционных заболеваний Испытательного центра НАО «Западно-Казахстанского аграрно-технического университета имени Жангир Хана». Объектом исследования являлись бычки герефордской породы (n=31), разводимые в КХ «Муса» Жангалинского района Западно-Казахстанской области. Материалом для выделения ДНК послужили волосяные фолликулы (луковицы). Геномная ДНК из волосяных луковиц выделялась при помощи коммерческого набора «ДНК-Экстран-2» («Синтол», Россия). Анализ ДНК и постановка ПЦР проводились с использованием коммерческого набора «Cordis Cattle» («Гордиз», Россия) на амплификаторе Proflex (Thermo Fisher Scientific) в соответствии с рекомендациями производителя. Генотипирование крупного рогатого скота

проводили путём разделения и детекции продуктов амплификации в автоматическом режиме методом капиллярного электрофореза на 8-капиллярном анализаторе Genetic Analyzer 3500 (Applied Biosystems, США). Результаты исследования были проанализированы при помощи программы GeneMapper. Тест-система для ДНК-экспертизы крупного рогатого скота включала 15 локусов – BM1818, BM1824, BM2113, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA122, ETH3, TGLA126, TGLA227, CSRM60, ETH10, ETH225, CSSM66, ILST6. В ходе проведения исследований были рассчитаны следующие показатели: частота встречаемости аллелей, уровень ожидаемой (He) и наблюдаемой (Ho) гетерозиготности, число эффективных аллелей или уровень полиморфности (Ae) и индекс фиксации Райта (Fis) [18]. Статистическая обработка цифрового материала осуществлялась с использованием программного обеспечения («Microsoft Office Excel», США).

Полученные результаты.

При анализе исследуемого аллелофонда группы бычков по 15 микросателлитным локусам ДНК были получены данные, характеризующие полиморфизм каждого из локусов. Общее количество аллелей в локусах и их распределение по локусам является показателем изменчивости генетического потенциала популяции. Большое количество аллелей способствует снижению вероятности случайных совпадений, что позволяет точно идентифицировать любой индивидуальный организм.

Проанализировав полиморфизм 15 локусов нуклеотидных последовательностей ДНК у бычков герефордской породы, было установлено 87 аллелей. В изучаемых локусах идентифицировано от 4 до 9 аллелей. Среднее число аллелей на локус составило 5,8. В аспекте отдельных локусов наиболее информативными для исследуемой группы установлены локусы с наибольшим числом аллелей от 7 до 9 (TGLA122, TGLA53, BM2113, CSSM66), наименее информативными, с диапазоном от 4 до 5 (BM1818, ETH10, ETH3, BM1824, INRA23, TGLA126, ETH225, CSRM60) (таблица 1). Согласно исследованиям микросателлитных локусов, у животных одной породы, находящихся в разных стадах, наблюдается уникальный генетический профиль. Так, по данным Х. Гонсалес-Ресио, при исследовании герефордов, разводимых в Испании, Аргентине и США, число аллелей в каждом локусе колебалось от 5 до 15, а локусы INRA023, BM1824, TGLA122, SPS115, и ETH225 оказались наиболее информативными [19]. По данным Нурбаева, в популяциях герефордов из различных регионов Казахстана среднее число аллелей на локус в 11 проанализированных локусах составило 12,18. Кроме того, в локусе BM2113 было 13 аллелей, в TGLA53 – 19 и в TGLA122 – 24 аллеля. В нашей работе эти локусы также были наиболее информативными, однако содержали 8,8 и 7 аллелей соответственно [20].

Таблица 1 - Полиморфизм микросателлитных локусов бычков герефордской породы (n=31)

Локусы	Значения аллелей	Число аллелей на локус
1	2	3
BM1818	260-268	5
ETH3	117-127	4
CSSM66	183-201	9
INRA023	198-214	5
ILSTS6	288-298	6
TGLA227	81-93	6
TGLA126	115-123	5
TGLA122	141-183	7
1	2	3
SPS115	248-260	6
ETH225	140-150	5
TGLA53	154-186	8
CSRM60	92-104	5
BM2113	125-141	8

BM1824	178-188	4
ETH10	215-221	4
Среднее	-	5,8

Генетическое разнообразие является важной составной частью генетической характеристики популяции и всего вида. Большое генетическое разнообразие выражается большим количеством эффективных аллелей [21]. Чем больше выявлено эффективных аллелей, тем больше уровень полиморфности (A_e) и генетическое разнообразие популяции.

С целью оценки генетической изменчивости используемых в работе 15 микросателлитных локусов был проведён расчёт уровня полиморфности (A_e) (рисунок 1).



Рисунок 1 - Показатели уровня полиморфизма локусов бычков герефордской породы

Число эффективных аллелей колебалось от 1,672 в локусе INRA23 до 4,695 в локусе CSSM66. Средний показатель уровня полиморфности составил 3,204. Наибольший уровень полиморфности наблюдался у локуса CSSM66 (4,695), наименьший – у локуса INRA23 (1,672).

В популяционно-генетических исследованиях важной составной частью является оценка гетерозиготности. Повышение уровня гетерозиготности увеличивает жизнеспособность животных в процессе адаптации в новых климатических условиях [22], что особенно важно для импортируемого поголовья. Увеличение гомозиготности, наоборот, сопровождается снижением генетического и фенотипического разнообразия, что приводит к повышению однородности популяций. В связи с этим была проведена оценка гетерозиготности исследованных животных, так как она является важным параметром в вопросах динамики генетического состояния популяций. Нами был проведён расчёт наблюдаемой (H_o) и ожидаемой (H_e) степеней гетерозиготности (рисунок 2).

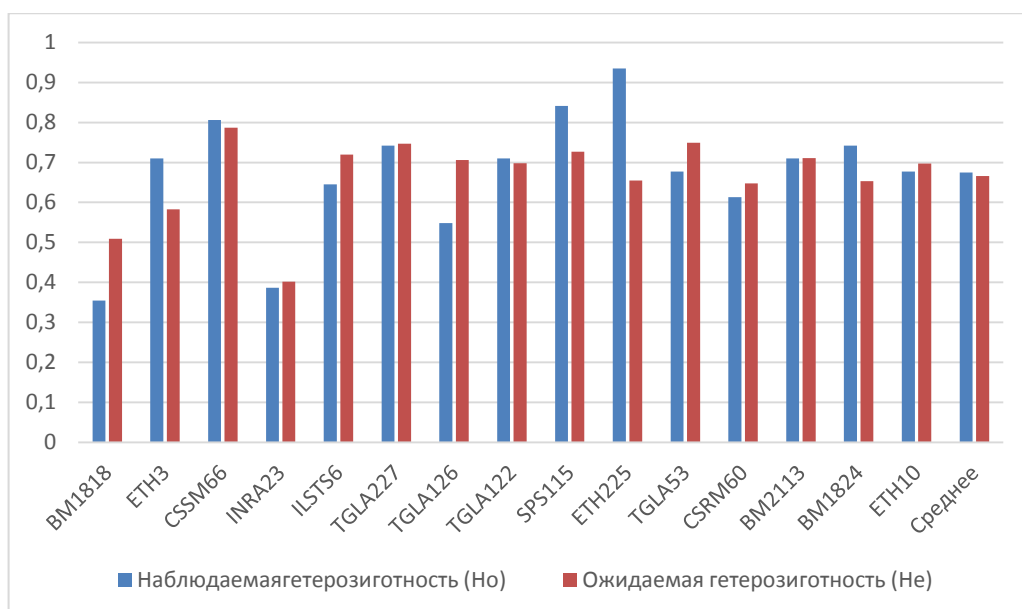


Рисунок 2 - Показатели наблюдаемой (Ho) и ожидаемой (He) степеней гетерозиготности локусов бычков герефордской породы

В исследуемой группе бычков герефордской породы наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность по всем локусам не отличаются. Средние показатели наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготностей составил 0,675 и 0,666 соответственно. В отношении значений наибольшим уровнем ожидаемой гетерозиготности (He) характеризовался локус CSSM66 (0,787), а наименьшим значением - локус INRA23 (0,402), в то время как наибольшая наблюдаемая гетерозиготность (Ho) отмечена в локусе ETH225 (0,935), а наименьшая - в локусе BM1818 (0,355).

Для каждого локуса были рассчитаны индексы фиксации Райта (Fis) (рисунок 3). Данный показатель позволяет характеризовать распределение генетической изменчивости (гетерозиготности) и степень инбридинга внутри и между популяциями, означает нехватку гетерозигот в популяции – при положительном выражении, или их избыток – при отрицательном выражении [23-25].

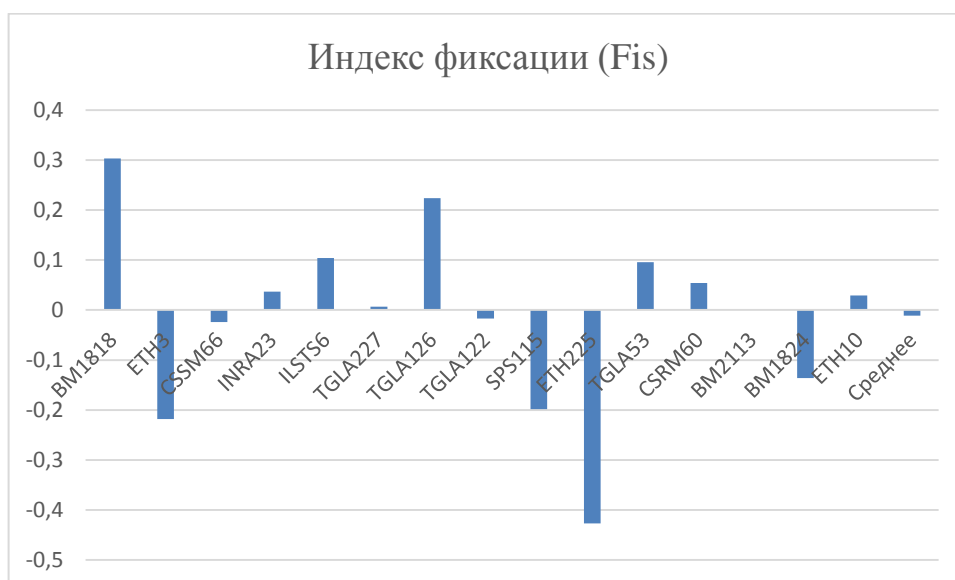


Рисунок 3 - Показатели индекса фиксации Райта (Fis) локусов бычков герефордской породы

В исследуемой группе бычков в среднем наблюдался незначительный избыток гетерозигот (-0,011). Недостаток гетерозигот выявлен в локусах BM1818, INRA23, ILST56, TGLA 227, TGLA126, TGLA53, BM2113, CSRM60, ETH10, при этом величины индексов сильно различались и находились в пределах от 0,001 (BM2113) до 0,303 (BM1818). По остальным 6 локусам

наблюдался избыток гетерозигот, где индекс фиксации колебался от минус 0,427 по локусу ETH225 до минус 0,017 по локусу TGLA122.

Таким образом, изучаемое поголовье бычков герефордской породы характеризуется высокой степенью гетерозиготности, что свидетельствует о преобладании системы случайного скрещивания над инбридингом, и, соответственно, о высоком уровне генетического разнообразия в стаде герефордского скота.

Выводы. Исследование полиморфизма 15 микросателлитных локусов показало, что в исследуемой группе бычков герефордской породы среднее число аллелей на локус составило 5,8. Средние показатели ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности имели сходные значения (0,666 и 0,675). Наибольший уровень полиморфности наблюдался у локусов CSSM66, ILSTS6, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, TGLA53, BM2113, ETH10. Индекс фиксации составил в среднем - 0,011.

Таким образом, результаты проведённых исследований свидетельствуют о широком уровне полиморфизма микросателлитов. Для поддержания оптимального уровня генетического разнообразия необходимо проводить генетический мониторинг селекционных процессов и ротацию быков-производителей в стаде.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1 Zalewska M. Associations between gene polymorphisms and selected meat traits in cattle [Text] / M. Zalewska [and etc.] // *Animal Bioscience*. – 2021. – № 34(9). – P. 1425-1438.

2 Кощаев, А.Г. Генетическое разнообразие крупного рогатого скота, разводимого в Краснодарском крае [Текст] / А.Г. Кощаев, С.Ю. Шуклин, И.В. Щукина // *Аграрный вестник Урала*. – 2017. – № 12(166). – С. 5.

3 Хабибрахманова, Я. Генетическая характеристика голштинской породы с использованием микросателлитных маркеров [Текст] / Я.А. Хабибрахманова, Л.А. Калашникова, Т.Б. Ганченкова [и др.] // *Сб. науч. тр. - Ставрополь: Изд-во Ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства*. 2014. - № 7. - С. 511–516.

4 Часовщикова, М. Генетическая характеристика голштинской породы крупного рогатого скота с использованием микросателлитных ДНК-маркеров [Текст] / М.А. Часовщикова // *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*. – 2019. – № 2(76). – С. 191-193.

5 Bora, S.K. Genetic Diversity and Population Structure of Selected Ethiopian Indigenous Cattle Breeds Using Microsatellite Markers [Text] / S.K. Bora [and etc.] // *Genetics Research*. – 2023. – Vol. 2023. – P. 12.

6 Королев, А.А. Сохранение генофонда и генетического разнообразия Костромской породы крупного рогатого скота [Текст] / А.А. Королев // *Научно-технологические приоритеты в развитии агропромышленного комплекса России: Материалы 73-й Международной научно-практической конференции / Рязань: Изд-во Рязанского гос. агротех. ун-та им. П.А. Костычева*, 2022. – Т.1.- С. 159-164.

7 Додохов, В.В. Микросателлитные маркеры и их использование в животноводстве [Текст] / В.В. Додохов // *Стратегия и перспективы развития агротехнологий и лесного комплекса Якутии до 2050 года : Сб. науч. ст. – Якутск: Изд-во "Знание-М"*, 2022. – С. 1069-1074.

8 Dekkers, J. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons [Text] / J. Dekkers // *Journal of animal science*. – 2004. – № 82. – P. 313-328.

9 Шевелева, О.М. Характеристика генетической структуры стада герефордской породы по STR-локусам [Текст] / О.М. Шевелева, М.А. Часовщикова // *Животноводство и кормопроизводство*. – 2018. – Т. 101, № 4. – С. 71-78.

10 Бахарев, А.А. Характеристика и история формирования мясного скотоводства Тюменской области [Текст] / А.А. Бахарев, О.М. Шевелева, Г.Н. Беседина // *Мир Инноваций*. – 2017. – № 1. – С. 65-69.

11 Кузнецов, В.М. Сравнение методов оценки генетической дифференциации популяций по микросателлитным маркерам [Текст] / В.М.Кузнецов // *Аграрная наука Евро-Северо-Востока*. – 2020. – Т.21. – № 2.– С. 169-182.

12 Наметов, А.М. Современные ДНК-технологии, используемые в селекции сельскохозяйственных животных [Текст] / А.М. Наметов, И.С. Бейшова, Г.Д. Чужебаева // *3i: Intellect, Idea, Innovation - интеллект, идея, инновация*. – 2018. – № 3. – С. 51-55.

- 13 Сулимова, Г.Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения [Текст] / Г.Е. Сулимова // *Успехи современной биологии*. – 2004. – Т. 124. – № 3. – С. 260-271
- 14 Бейшова, И.С. Генетическое разнообразие абердин-ангусской породы с использованием микросателлитных маркеров [Текст] / И.С. Бейшова, Т.В. Ульянова, А.Ж. Сидарова / *Ғылым және білім*. – 2020. – № 4-1 (61). – С. 26 -31.
- 15 Черняева, С.А. Продуктивные и племенные качества животных казахской белоголовой породы разных генотипов [Текст] / С.А. Черняева, Е.Г.Насамбаев // *Ғылым және білім*. – 2021. – №2-1 (63). – С. 68-76.
- 16 Дуимбаев, Д.А., Мясная продуктивность бычков мясных пород различных генотипов [Текст] / Д.А. Дуимбаев, Е.Г.Насамбаев, С.Д.Тюлебаев // *Известия Оренбургского государственного аграрного университета*. – 2022. – № 4 (96). – С. 247-252.
- 17 Насамбаев, Е.Г. Генетическая структура молодняка герефордской и абердин-ангусской пород по данным полиморфизма микросателлитных локусов ДНК [Текст] / Е.Г.Насамбаев, А.Б. Ахметалиева, А.Е. Нугманова // *Ғылым және білім*. – 2020. – № 4-1 (61). – С. 83 - 91.
- 18 Меркурьева Е.К. Генетические основы селекции в скотоводстве [Текст] / Е.К. Меркурьева // М.: Колос, – 1977. – 239 с.
- 19 González-Recio, G. Genetic diversity and population structure of Hereford cattle using microsatellite markers [Text] / G. González-Recio, J. L. Núñez-Domínguez, M. I. Casasús // *Journal of Animal Science*, – 2015. – № 93(8). – P. 3882-3893.
- 20 Нурбаев, С.Д. Характеристика генофонда крупного рогатого скота герефордской породы по микросателлитным ДНК [Текст] / С.Д. Нурбаев, А.М. Омбаев, Т.Н. Карымсаков [и др.] // *Современные проблемы сельскохозяйственных наук в мире : Сб. науч. тр. по итогам международной научно-практической конференции*. – Казань: Инновационный центр развития образования и науки, 2016. – Т. 3. – С. 25-29.
- 21 Laikre, L. Post-2020 goals overlook genetic diversity [Text] / L. Laikre [and etc.] // *Science* – 2020. – Vol. 367. – P. 1083–1085.
- 22 Guan, X. Genetic Diversity and Selective Signature in Dabieshan Cattle Revealed by Whole-Genome Resequencing [Text] / X.Guan [and etc.] // *Biology*. – 2022, №11(9), 1327. <https://doi.org/10.3390/biology11091327>
- 23 Кузнецов, В.М. Методы Нея для анализа генетических различий между популяциями [Текст] / В.М. Кузнецов // *Проблемы биологии продуктивных животных*. – 2020. – №. 1. – С. 91-110.
- 24 Кольцов, Д.Н. и др. Характеристика аллелофонда сычевской породы крупного рогатого скота по ДНК микросателлитам [Текст] / Д.Н. Кольцов и др. // *Достижения науки и техники АПК*. – 2012. – №. 8. – С. 56-57.
- 25 Sharma, A.K., Genetic diversity and population structure of endangered hill cattle breeds of India using microsatellite markers [Text] / A.K Sharma [and etc.] // *Veterinary World*, – 2018. – № 11(2), – P. 163-169.

REFERENCES

- 1 Koshchaev, A.G. Geneticheskoe raznoobrazie krupnogo rogatogo skota, razvodimogo v Krasnodarskom krae [Tekst] / A.G. Koshchaev, S.YU. SHuklin, I.V. SHCHukina // *Agrarnyj vestnik Urala*. – 2017. – № 12(166). – S. 5.
- 2 Habibrahmanova, YA. Geneticheskaya harakteristika golshtinskoj porody s ispol'zovaniem mikrosatellitnyh markerov [Tekst] / YA.A. Habibrahmanova, L.A. Kalashnikova, T.B. Ganchenkova [i dr.] // *Sb. nauch. tr. - Stavropol': Izd-vo Stavropol'skogo nauchno-issledovatel'skogo instituta zhivotnovodstva i kormoproizvodstva*. 2014. - № 7. - S. 511–516.
- 3 CHasovshchikova, M. Geneticheskaya harakteristika golshtinskoj porody krupnogo rogatogo skota s ispol'zovaniem mikrosatellitnyh DNK-markerov [Tekst] / M.A. CHasovshchikova // *Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*. – 2019. – № 2(76). – S. 191-193.
- 4 Korolev, A.A. Sohranenie genofonda i geneticheskogo raznoobraziya Kostromskoj porody krupnogo rogatogo skota [Tekst] / A.A. Korolev // *Nauchno-tekhnologicheskie priority v razvitii agropromyshlennogo kompleksa Rossii: Materialy 73-j Mezhdunarodnoj nauchno-prakticheskoy konferencii / Ryazan': Izd-vo Ryazanskogo gos. agrotekh. un-ta im. P.A. Kostycheva*, 2022. – T.1.- S. 159-164.

5 Dodohov, V.V. Mikrosatellitnye markery i ih ispol'zovanie v zhivotnovodstve [Tekst] / V.V. Dodohov // Strategiya i perspektivy razvitiya agrotekhnologij i lesnogo kompleksa YAkutii do 2050 goda : Sb. nauch. st. – YAkutsk: Izd-vo "Znanie-M", 2022. – S. 1069-1074.

6 SHeveleva, O.M. Harakteristika geneticheskoy struktury stada gerefordskoj porody po STR-lokusam [Tekst] / O.M. SHeveleva, M.A. CHasovshchikova // ZHivotnovodstvo i kormoproizvodstvo. – 2018. – T. 101, № 4. – S. 71-78.

7 Baharev, A.A. Harakteristika i istoriya formirovaniya myasnogo skotovodstva Tyumenskoj oblasti [Tekst] / A.A. Baharev, O.M. SHeveleva, G.N. Besedina // Mir Innovacij. – 2017. – № 1. – S. 65-69.

8 Kuznecov, V.M. Sravnenie metodov ocenki geneticheskoy differenciacii populyacij po mikrosatellitnym markeram [Tekst] / V.M.Kuznecov // Agrarnaya nauka Evro-Severo-Vostoka. – 2020. – T.21. – № 2.– S. 169-182.

9 Nametov, A.M. Sovremennye DNK-tehnologii, ispol'zuemye v selekcii sel'skohozyajstvennyh zhivotnyh [Tekst] / A.M. Nametov, I.S. Bejshova, G.D. CHuzhebaeva // 3i: Intellect, Idea, Innovation - intellekt, ideya, innovaciya. – 2018. – № 3. – S. 51-55.

10 Sulimova, G.E. DNK-markery v geneticheskikh issledovaniyah: tipy markerov, ih svojstva i oblasti primeneniya [Tekst] / G.E. Sulimova // Uspekhi sovremennoj biologii. – 2004. – T. 124. – № 3. – S. 260-271

11 Bejshova, I.S. Geneticheskoe raznoobrazie aberdin-angusskoj porody s ispol'zovaniem mikrosatellitnyh markerov [Tekst] / I.S. Bejshova, T.V. Ul'yanova, A.ZH. Sidarova / Fylym zhəne bilim. – 2020. – № 4-1 (61). – S. 26 -31.

12 CHernyaeva, S.A. Produktivnye i plemennye kachestva zhivotnyh kazahskoj belogolovoj porody raznyh genotipov [Tekst] / S.A. CHernyaeva, E.G.Nasambaev // Fylym zhəne bilim. – 2021. – №2-1 (63). – S. 68-76.

13 Duimbaev, D.A., Myasnaya produktivnost' bychkov myasnyh porod razlichnyh genotipov [Tekst] / D.A. Duimbaev, E.G.Nasambaev, S.D.Tyulebaev // Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. – 2022. – № 4 (96). – S. 247-252.

14 Nasambaev, E.G. Geneticheskaya struktura molodnyaka gerefordskoj i aberdin- angusskoj porod po dannym polimorfizma mikrosatellitnyh lokusov DNK [Tekst] / E.G.Nasambaev, A.B. Ahmetalieva , A.E. Nugmanova // Fylym zhəne bilim. – 2020. – № 4-1 (61). – S. 83 - 91.

15 Merkur'eva E.K. Geneticheskie osnovy selekcii v skotovodstve [Tekst] / E.K. Merkur'eva // M.: Kolos, – 1977. – 239 s.

16 Nurbaev, S.D. Harakteristika genofonda krupnogo rogatogo skota gerefordskoj porody po mikrosatellitnym DNK [Tekst] / S.D. Nurbaev, A.M. Ombaev, T.N. Karymsakov [i dr.] // Sovremennye problemy sel'skohozyajstvennyh nauk v mire : Sb. nauch. tr. po itogam mezhdunarodnoj nauchno-prakticheskoy konferencii. – Kazan': Innovacionnyj centr razvitiya obrazovaniya i nauki, 2016. – T. 3. – S. 25-29.

17 Kuznecov, V.M. Metody Neya dlya analiza geneticheskikh razlichij mezhdru populyacijami [Tekst] / V.M. Kuznecov // Problemy biologii produktivnyh zhivotnyh. – 2020. – №. 1. – S. 91-110.

18 Kol'cov, D.N. i dr. Harakteristika allelofonda sychevskoj porody krupnogo rogatogo skota po DNK mikrosatellitam [Tekst] / D.N. Kol'cov i dr. // Dostizheniya nauki i tekhniki APK. – 2012. – №. 8. – S. 56-57.

ТҮЙІН

Мақалада ірі қара малдың герефорд тұқымының жануарларына молекулалық – генетикалық сараптама нәтижелері келтірілген. Жас жануарлардың аллелофондына 15 микросателлиттік ДНҚ локусы (BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, TGLA53, SPS115, ETH225, CSSM66, ILSTS006 және CSRM60) талдаудан өтті. Жеке микросателлит локустарындағы аллельдер саны ETH3, BM1824, ETH10 локустарында 4-тен TGLA53, BM2113, CSSM66 локустарында 8-9-ға дейін өзгерді, локусқа орташа есеппен 5,8 Аллель және барлығы 87 Аллель кірді. CSSM66 локусы ірі қара малдың микросателлиттік ДНҚ-ның барлық 15 локусының ішіндегі ең жоғары полиморфты болып табылады (полиморфтық деңгейі 4,695), ал INRA023 локусы ең аз полиморфты (1,672). Полиморфизм деңгейінің орташа көрсеткіші 3,204 құрады. Зерттелетін микросателлиттік локустар бойынша герефорд тұқымының бұқашықтарын генотиптеу нәтижесінде бақыланып гетерозиготалылық (Ho) және күтілетін (he) мәндері сәйкесінше 0,355 - 0,935 және 0,402 - 0,787 аралығында өзгерді. Байқалған және күтілетін гетерозиготалықтың орташа көрсеткіштері ұқсас

мәндерге ие болды (0,675 және 0,666), бекіту индексі минус 0,011 шамасына тең болды. Осылайша, геррефорд тұқымының бұқашықтардың ДНҚ-ның барлық зерттелген микросателлиттері бойынша полиморфизмнің негізгі тән белгілері анықталды