

In general, the indicator of live weight and wool clipping in young animals of group I is explained by the influence of the genotype of rams of the Gissar breed, which are slightly superior to the Edilbay breed in live weight, and inferior to them in wool clipping.

Key words: sheep breeding, breeding work, breeding traits, heritability coefficient, wool shearing, live weight, traits.

ҒТАМА 34.23.35

DOI <https://doi.org/10.37884/4-2023/05>

Г.Н. Шалтенбай^{1,2*}, М.Д. Амандыкова^{1,2}, Т. Қапасұлы^{1,2}, Б.О. Бекманов^{1,2},
К.Ж. Досыбаев^{1,2}, Д.А. Уалиева^{1,3}

¹ ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты» РМК, Алматы, Қазақстан, gufa1992@mail.ru*, makpal_30.01@mail.ru, tilek.kapas@mail.ru, bobekman@rambler.ru, kairat1987_11@mail.ru, daniya.2010@mail.ru

² Әл-Фараби атындағы Қазақ Ұлттық университеті, Алматы, Қазақстан

³ ҚР ҒЖБМ ҒК «Зоология институты» РМК, Алматы, Қазақстан

ТАРАЗ ЖӘНЕ ШЫМКЕНТ ПОПУЛЯЦИЯСЫНА ЖАТАТЫН ТҮЙЕЛЕРДІҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ӘРТҮРЛІГІН *ISSR-PCR* МАРКЕРЛЕРІ НЕГІЗІНДЕ САЛЫСТЫРМАЛЫ ТАЛДАУ

Аңдатпа

Бұл зерттеу жұмысында Қазақстандағы Шымкент және Тараз *Camelus dromedarius* және *Camelus bactrianus* түйелер популяцияларының генетикалық әртүрлілігіне *ISSR-PCR* маркерлерін қолдану арқылы талдау жүргізілді. Нәтижесінде (AG)9C праймері бойынша ұзындығы 200, 320, 370, 430, 580 және 700 ж.н. тұратын фрагменттер анықталды. Ал (GA)9C праймері негізінде алынған ампликондардың ұзындығы 300, 350 және 430 ж.н. тең болды. Шымкент популяциясы түйелерінде полиморфты локустар саны 9 және осыған орай полиморфты локустардың аллельдік көрсеткіші 77,78% құрады. Тараз популяциясы түйелерінің полиморфты локустары бойынша аллельдік көрсеткіші 33,3% тең болды. Екі популяция бойынша зерттеуге іріктелген түйелерде бақыланатын аллельдер саны (*Na*) орташа есеппен 1,38 құрады, аллельдердің эффективті саны (*Ne*) 1,47, *Nei* бойынша генетикалық әртүрлілік (*H*) 0,25 және Шеннон индексі (*I*) 0,36 тең болды. Полиморфты локустардың орташа аллельдік көрсеткіші екі популяция бойынша 55,56% құрады. Алынған нәтижелерге сүйенсек, жұмыс барысында қолданылған екі маркер зерттеуге алынған түйе популяцияларының генетикалық әртүрлілігін бағалауда ақпараттылыққа ие екенін көрсетті. Сонымен қатар зерттелген екі түйе популяцияларының бір-бірінен генетикалық әртүрлілігі бойынша ерекшеленетіндігі анықталды.

Кілт сөздер: ДНҚ маркерлер, *ISSR-PCR*, түйе, *Camelus bactrianus*, *Camelus dromedarius*, генетикалық әртүрлілік.

Кіріспе

Қазақстанда ауыл шаруашылық малдарын өсіру саласының алдында тұрған маңызды және күрделі сұрақтардың бірі ретінде мал тұқымдарының өнімділігін арттыру қарастырылады. Қазіргі кезде осы аталған мәселенің ірі қара малда, жылқы, қой және ешкі шаруашылығында шешу молекулалы-генетикалық әдістердің көмегімен жүзеге асырылатыны сөзсіз. Осы аталған ауыл шаруашылық малдарына қосымша ретінде кешенді түйе шаруашылығын да дамытуды қолға алу маңызды болып табылады [1]. Түйе шаруашылығы экономикалық жағынан елімізде тағам және жеңіл өнеркәсіпті өнімдермен қамтамасыз ете алатын ауыл шаруашылығының бірегей саласы болып есептеледі. Түйе шаруашылығын қолға

алу арқылы еліміздегі жайылымның (116 млн. га) шөл және шөлейт алқаптарын тиімді пайдалануға болады. Қазіргі кезде түйе өсірумен елімізде Түркістан, Қызылорда, Атырау, Ақтөбе және Маңғыстау облыстарындағы шаруашылықтар айналысады. Бұл өз кезегінде жергілікті түйе шаруашылықтарында генетикалық қорды сақтау мақсатында ғылыми-зерттеу жұмыстарын жүргізу қажеттігін туындатады. Біздің елімізде түйенің бес тұқымдары кездеседі: қазақ бактрианы, қалмақ бактрианы, моңғол бактрианы, қазақ Аруанасы және түрікмен Арванасы. 2022 жылғы мәліметке сәйкес Қазақстанда өсірілетін түйелер саны 227 мыңнан астам және бұл көрсеткіш жылма жыл тұрақты түрде өсу үстінде.

Ауыл шаруашылық жануарлары, оның ішінде түйелермен селекциялық жұмыстар жүргізуге генетикалық қорды іздеу үшін жергілікті түйе популяцияларына тиісті талдаулар жүргізу қажет. Өкінішке орай, бүгінгі таңда Қазақстандағы түйе тұқымдары SNP бойынша ғана емес, сонымен қатар неғұрлым қолжетімді молекулалы-генетикалық маркерлер бойынша да зерттелмеген, яғни түйе тұқымдарының генетикалық жағынан зерттелуі бойынша ақпараттар өте аз. Мысалы, 2019 жылы Э. Адилбекова және басқа авторалармен алғаш рет Оңтүстік Қазақстанда үш шаруашылықта өсірілетін қазақ бактрианы және қазақ Аруана түйе тұқымдарына 12 микросателитті маркерлер арқылы зерттеу жүргізген [2]. Одан бөлек, әлемнің көптеген ғалымдары, оның ішінде Индия, Африканың кейбір мемлекеттері, Австралия, Араб түбегі мемлекеттері, Моңғолия, Қытай, Иран және Пакистан өз елдеріндегі жергілікті түйе тұқымдарына молекулалы-генетикалық зерттеулерді қарқынды түрде жүйелі жүргізіп келеді [3]. Нәтижесінде зерттелген популяцияларда генетикалық әртүрлілік деңгейлері анықталған. Алайда бұл бағыттағы зерттеу жұмыстары кешенді түрде, Қазақстанның басқа да аймақтарындағы түйе популяцияларына жүргізілуі керек. Сонымен қатар, зерттеу нәтижелері нақтылы болуы үшін микросателитті маркерлер саны да көп болуы керек. Сонда ғана Қазақстандағы түйелердің генетикалық әртүрлілігін толықтай бағалау, генетикалық ресурстарын сақтау және генетикалық түрішілік полиморфизмдерін анықтау, келесі ретте түйелердің жеке популяцияларының жалпы өнімділігін арттыруға және олардың гендік қорының сақталуына оң әсер етуге болады.

Бүгінгі таңда молекулалы-генетикалық әдістер мал шаруашылығында төлқұжаттауда, туыстық байланыстарды орнатуда, тұқым қуалайтын генетикалық ауруларды анықтау кезінде және селекциялық бағдарламалауда кеңінен қолданады [4]. Тұқымдардың гендік қорларын жақсырақ бақылау және олардың асыл тұқымдылығын оңтайландыру үшін молекулалы-генетикалық маркерлерді таңдау мен бір мезетте бірнеше ондаған локустарды генотиптеу арқылы полиморфизмді бағалауға мүмкіндік беретін геномдық секвенирлеу қажет [5]. Көптеген локустар бойынша әртүрлі тұқымдардың генқорында аллельді нұсқалардың таралуын салыстыру тұқымішілік және тұқымаралық полиморфизмді, сонымен қатар тұқымаралық генетикалық дифференциацияға қатысатын молекулалы-генетикалық маркерлерді анықтауға мүмкіндік береді. Геномдық секвенирлеу үшін бүгінде көптеген тәсілдер қолданылады. Мысалы, мононуклеотидтердің алмасуларын (SNP) анықтауға арналған ДНК биочиптерді алуға болады. Деректер санының үлкен қоры жинақталған және бірқатар түрлер үшін SNP геномдық деректер базасы жасалған, бірақ әлі күнге дейін олардың негізінде жануарлардың тұқымы, құнды шаруашылық белгілерінің құрылуын жүйелейтін геномдық аймақтары туралы сенімді деректер ұсына алатын қарапайым және арзан сынақ жүйелерін әзірлеу мүмкін болмай отыр [6].

Алайда, геномдық полилокусты сипаттаудың ең қарапайым әрі ыңғайлы әдісі, ол бір праймер негізінде микросателитті аймақты қолдану арқылы полимеразды тізбекті реакция (ПТР) нәтижесінде алынған ДНК фрагменттерінің полиморфизмін бағалау (*Inter Simple Sequence repeat - Polymerase Chain Reaction, ISSR-PCR*). Әлемде әртүрлі ғылыми топтар жүзеге асырған зерттеулер аталған маркерлердің осы түрін пайдалану жоғары ақпараттық мазмұнға ие екендігін көрсетті [7, 8]. Сондай-ақ, оларды селекциялық жұмыста қолданудың маңызды бағыттарының бірі болып осындай полилокус спектрлеріне сәйкес және морфофизиологиялық сипаттамалар кешендері бойынша топаралық дифференциациялық байланыстарды анықтау болып табылады.

ISSR-PCR маркерлерінің полилокусты сипаты жануарлар тобының шығу тегінің ерекшеліктерімен, сұрыптау және фенотиптік дифференциация көрсеткіштерімен тығыз байланысты комбинацияларының анықтылығын есептеуге мүмкіндік береді. Алайда, бұл үшін зерттелетін жануарлар тобына қолданылатын молекулалы-генетикалық маркерлердің қасиеттері мен сипаттары туралы сенімді ақпарат қажет.

Соңғы уақытта популяцияның генетикалық құрылымын зерттеу барысында геномда көптеген локализациясы бар *RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)*, *SSR (Simple sequence repeats)* және *ISSR (Inter simple short tandem repeats)* сынды праймермен ПТР негізіндегі ДНҚ маркерлер кеңінен қолданылады. Соның ішінде *ISSR-PCR* басқалармен салыстырғанда бірнеше артықшылықтары бар. Атап айтқанда:

1. Зерттелінетін ДНҚ молекуласының нуклеотидтік тізбегін алдын-ала білу қажеттілігінің болмауы;
2. Праймерлердің тізбегі нақты және *RAPD*-ға қарағанда қатаң таңдалады;
3. Әдістің қайта шығару мүмкіндігі жоғары, сонымен бірге, іске асырудың төмен шығыны;
4. Кез-келген ұлпадан анықтау мүмкіндігі.

ISSR-PCR маркерлерін құру үшін микросателитті қайталанулар (4-12 қайталану бірлігі бар) бойынша комплементарлы және ұшының бірінде екі-төрт ерікті тізбекті алып жүретін праймерлер қолданылады. Мұндай праймерлер екі өте жақын орналасқан микросателитті тізбектердің (бірегей ДНҚ) ДНҚ фрагменттерін амплификациялауға мүмкіндік береді. Нәтижесінде электрофореграммада дискретті сызықтармен (*ISSR-фингерпринтинг*) көрініс табатын фрагменттердің көп саны пайда болады [9]. Аталған әдіс жоғары өнімділікке ие және тұраралық, түрішілік генетикалық өзгергіштікті анықтауда, әртүрлі таксономиялық деңгейге жататын өсімдіктер мен жануарлар топтарын сипаттауда, кейбір жағдайларда жеке генотиптеу үшін сәтті қолданылуы мүмкін. Бұл жұмыстағы негізгі мақсат *Camelus bactrianus* және *Camelus dromedarius* түйе тұқымдарын *ISSR-PCR* маркерлері арқылы зерттеулер жүргізу болып табылады. *ISSR-PCR* маркерлері негізінде Қазақстанның Тараз және Шымкент популяциясындағы түйелердің генетикалық әртүрлілігін зерттеу аталған популяциялар арасындағы айырмашылықтарды анықтауға мүмкіндік береді. *ISSR-PCR* – бұл қысқа, қайталанатын ДНҚ тізбегін пайдаланып ДНҚ молекуласын талдау үшін қолданылатын әдіс. Тараз және Шымкент популяциясында түйелердің генетикалық әртүрлілігін зерттеу олардың эволюциялық шығу тегін, климаттық жағдайларға бейімделуін, популяциялар арасындағы генетикалық дәрежесін түсінуге, сондай-ақ түйе популяцияларын тиімді басқару үшін пайдалануға болатын ақпаратты береді. *ISSR-PCR* маркерлері арқылы түйелердің генетикалық ерекшеліктерін зерттеу түйе популяциясының туыстық дәрежесі, генетикалық әртүрлілігі және генетикалық құрылымы туралы ақпарат алуға болады. Бұл мәліметтер түйелердің эволюциясын, көші-қонын және сақталу дәрежесін түсіну үшін пайдалы болуы мүмкін және популяцияны басқару мен түрлерді сақтаудың тиімді стратегияларын жасауға көмектеседі [10].

Зерттеу әдістері

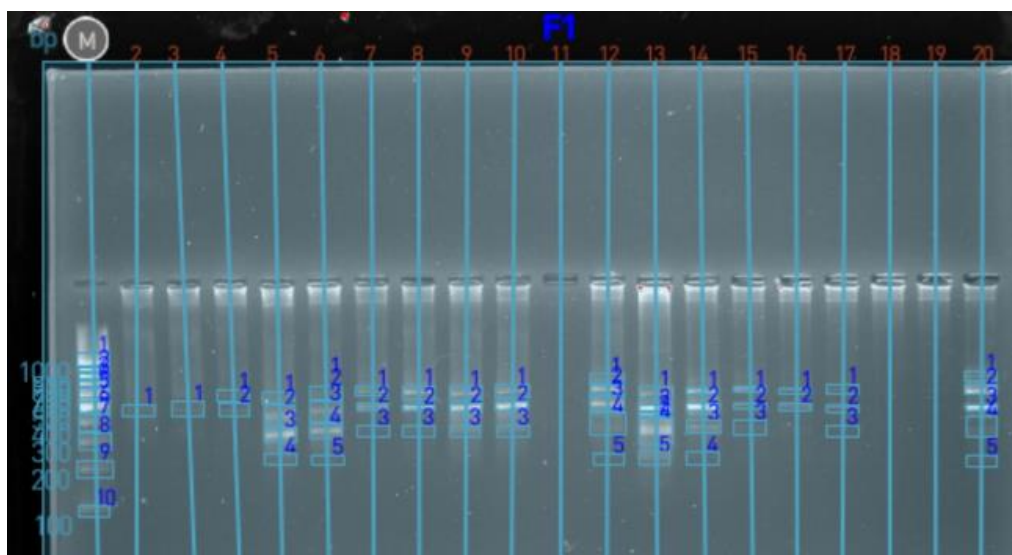
Зерттеу материалдары. *ISSR-PCR* маркерлері көмегімен генетикалық талдаулар жүргізу мақсатында зерттеу материалдары ретінде Тараз және Шымкент түйелер популяциясының әрқайсысынан 24 бас, яғни 12 бас *Camelus bactrianus* түйесі және 12 бас *Camelus dromedarius* түйесі іріктелді. Қан үлгілерін жинау білікті ветеринар қызметкерінің көмегімен және шаруашылық басшысының рұқсатымен жүзеге асырылды. Қан үлгілері стерильді инелер арқылы құрамында ЭДТА реагенті болатын вакуумды пробиркаларға жиналды. Жиналған биоматериалдар +4°C температурада лабораторияға тасымалданды.

Зерттеу әдістері. Қан үлгілерінен геномдық ДНҚ молекуласын бөлу коммерциялық арнайы *GeneJET Genomic DNA Purification Kit (Thermo Scientific, АҚШ)* реагенттер жиынтығы арқылы жүзеге асырылды. Геномдық ДНҚ молекуласының сапасы агарозды гель-электрофорезде және концентрациясы спектрофотометрде (*NanoDrop One, Thermo Scientific, АҚШ*) анықталды. Тәжірибе арқылы жеті *ISSR*-праймер тексеруден өткізілді және оның ішінен сапалы нәтиже беретін екі праймер таңдалып алынды: *AG-ISSR*, яғни, 5'-AGA GAG

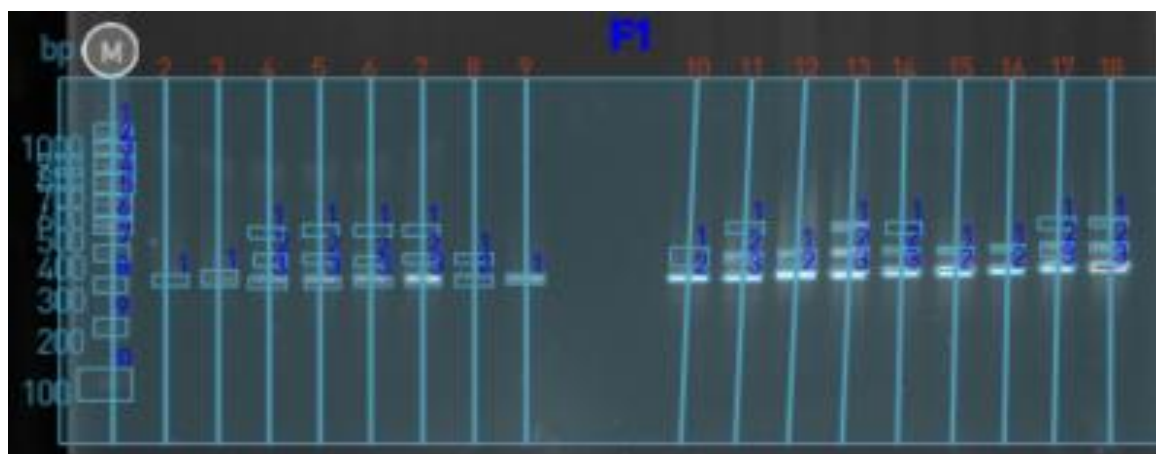
AGA GAG AGA GAG C3' және GA-ISSR – 5'-GAG AGA GAG AGA GAG AGA C-3' тізбекте болды [11]. Полимеразды тізбекті реакция (ПТР) классикалық форматта құрамында *Taq*-полимераза ферменті болатын арнайы коммерциялық *PCR Master Mix (Thermo Scientific, АҚШ)* қоспасында жүргізілді. ПТР *Mastercycler nexus Gradient (Eppendorf, Германия)* амплификаторында орындалды. Мұндағы ПТР шарты: алғашқы денатурация 5 мин 95°C; 95°C денатурация – 40 сек, жабысу 55°C – 30 сек, синтез 72°C – 1 мин (35 цикл); соңғы синтез 72°C, 2 мин құрады. Алынған аллельдер саны бойынша *Microsoft Excel* бағдарламасында база құрылды. Популяциялы-генетикалық параметрлерді анықтау *TFPGA* бағдарламасында жүзеге асырылды [12]. Фрагменттердің жиіліктері, полиморфты локустардың пропорциялары, генетикалық әртүрлілік және генетикалық қашықтық индекстері *PopGene 1.32* бағдарламасы арқылы есептелді [11].

Зерттеу нәтижелері

ISSR-PCR маркерлер арқылы түйе түрлерінің генетикалық гетерогенділігін анықтау мақсатында *AG-ISSR* және *GA-ISSR* маркерлері арқылы алынған нәтижелер *PopGene v.1.32* және *Microsoft Excel* бағдарламаларында ДНҚ фрагменттерінің жиілігі, полиморфты локустардың үлесі, зерттелген популяциялар үшін генетикалық әртүрлілік индексі анықталды. Есептеулер *AG-ISSR* және *GA-ISSR* маркерлері бойынша жеке-жеке жүргізілді. Нәтижесінде екі популяция бойынша *GA-ISSR* бойынша 6 фрагмент, ал *AG-ISSR* маркері бойынша 12 фрагменттер анықталды.



Сурет 1. Шымкент және Тараз түйелер популяцияларындағы *AG-ISSR* маркер бойынша өзгергіштігі. М – молекулалық маркер.



Сурет 2. Шымкент және Тараз түйелер популяцияларындағы *GA-ISSR* маркер бойынша өзгергіштігі. М – молекулалық маркер.

Зерттеудегі түйелердің екі популяция бойынша *AG-ISSR* және *GA-ISSR* маркерлері арқылы алынған нәтижелердің статистикалық есептеулері төменде 1-ші кестеде көрсетілген (кесте 1). Жоғарыда алынған мәліметтерді талдай келе, *AG-ISSR* маркері бойынша Шымкент және Тараз популяциясындағы түйе түрлерінде 9 полиморфты фрагменттерді анықталды. *Nei* есептеуі бойынша Шымкент түйелерінің популяциясында генетикалық әртүрлілік шамамен 0.36 (Шеннонның әртүрлілік индексі 0.37) және Тараз популяциясының түйелерінде 0.15 (Шеннонның әртүрлілік индексі 0.29) қатынасына тең болды. Бұл мәліметтер бойынша *AG-ISSR* маркерімен жүргізілген талдау Шымкент популяциясының түйелері Тараз популяциясының түйелеріне қарағанда жоғары гетерогенділікке ие екендігін көрсетеді. Ал, *GA-ISSR* маркері бойынша Тараз және Шымкент популяциялары дараларында 3 полиморфты локустар анықталды.

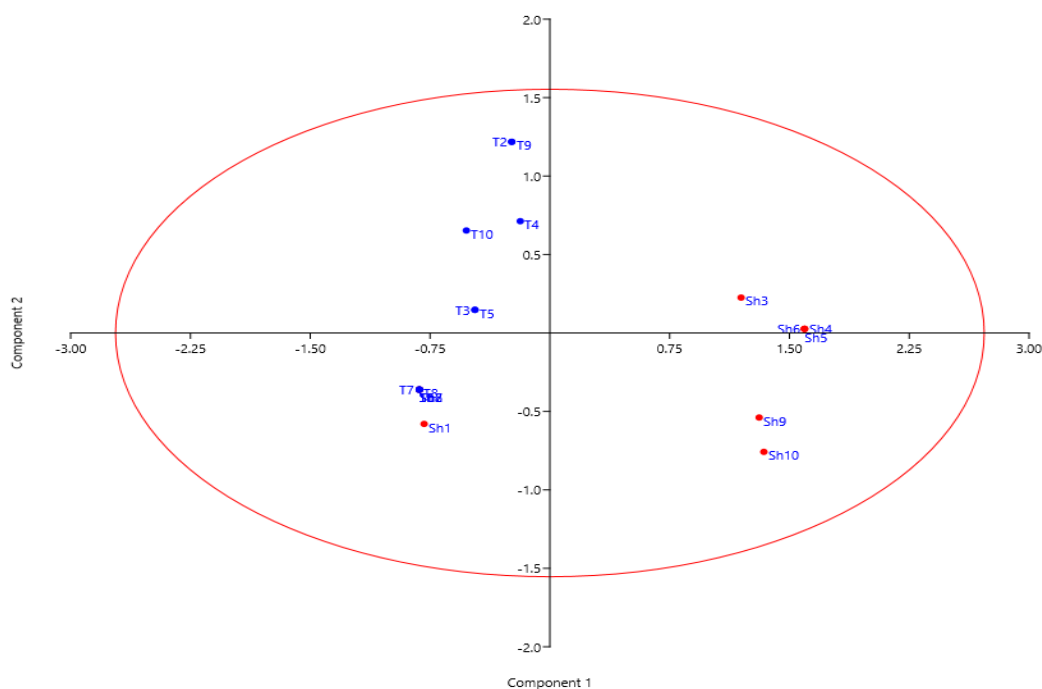
Кесте 1 - Қазақстанда өсірілетін Тараз және Шымкент түйелер популяциясының *AG-ISSR* және *GA-ISSR* маркерлері арқылы жүргізілген зерттеулер нәтижесі.

Локус	N	Бақыланатын аллельдер саны, (Na)	Аллельдердің эффективті саны, (Ne)	Nei бойынша генетикалық әртүрлілік, (H)	Шеннон индексі (I)
Шымкент популяциясындағы түйелер					
200(AG) 9с	10,000	0,000	1,000	0,000	0,000
320(AG) 9с	10,000	2,000	1,923	0,480	0,673
370(AG) 9с	10,000	2,000	1,923	0,480	0,673
430(AG) 9с	10,000	2,000	1,923	0,480	0,673
580(AG) 9с	10,000	2,000	2,000	0,500	0,693
700(AG) 9с	10,000	2,000	1,923	0,480	0,673
300(GA) 9с	10,000	1,000	1,000	0,000	0,000
350(GA) 9с	10,000	2,000	1,471	0,320	0,500
430(GA) 9с	10,000	2,000	1,923	0,480	0,673
Орташа	10,000	1,667	1,676	0,358	0,507
<i>Ескерту: Полиморфты локустар саны – 9; Полиморфты локустардың пайыздық көрсеткіші 77,78%.</i>					
Тараз популяциясындағы түйелер					
200(AG) 9с	10,000	2,000	1,724	0,420	0,611
320(AG) 9с	10,000	2,000	1,923	0,480	0,673
370(AG) 9с	10,000	0,000	1,000	0,000	0,000
430(AG) 9с	10,000	1,000	1,000	0,000	0,000
580(AG) 9с	10,000	0,000	1,000	0,000	0,000
700(AG) 9с	10,000	1,000	1,000	0,000	0,000
300(GA) 9с	10,000	1,000	1,000	0,000	0,000
350(GA) 9с	10,000	1,000	1,000	0,000	0,000
430(GA) 9с	10,000	2,000	1,724	0,420	0,611
Орташа	10,000	1,111	1,263	0,147	0,211
<i>Ескерту: Полиморфты локустар саны – 9; Полиморфты локустардың пайыздық көрсеткіші 33,3%.</i>					

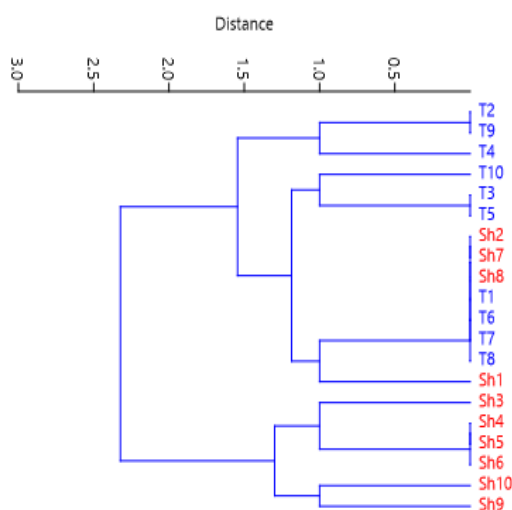
Шымкент популяциясындағы түйелерде полиморфты локустар саны 9 болды және, осыған орай, полиморфты локустардың аллельдік көрсеткіші 77,78% тең болды. Ал, Тараз популяциясындағы түйелердің полиморфты локустардың аллельдік көрсеткіші - 33,3%. Екі популяция бойынша зерттеуге алған түйелерде бақыланатын аллельдер саны (*Na*) орташа есеппен 1,38 құрады, аллельдердің эффективті саны (*Ne*) 1,47 тең, *Nei* бойынша генетикалық әртүрлілік (*H*) 0,25 болса, Шеннон индексі (*I*) 0,36 тең болды. Полиморфты локустардың аллельдік көрсеткіші орташа 55,56% құрады.

Келесі реттегі талдау зерттеудегі екі популяцияның генетикалық әртүрлілігі, популяция құрылымы, ұқсастығы мен ген қорындағы айырмашылықтарды анықтауға негізделді. Ол үшін негізгі компонентті талдау (*Principal component analysis, PCA*) әдісі қолданылды. Зерттеу нәтижесінде алынған мәліметтердің сенімділік дәрежесі, түйелердің түр аралық айырмашылықтары *PCA* әдісі арқылы берілген. Мұнда Тараз және Шымкент түйелер

популяциялары бір-бірінен генетикалық тұрғыдан екі топқа ажырап жеке кластерлер құрайды. Аталған бағдарлама өзара тіркеспеген генетикалық маркерлерден тұратын мультилокусты генотип деректерін пайдалану арқылы популяция құрылымын талдап көрсетеді. Бұл бағдарламаны қолдану жеке кластер популяцияларының санын, кластер популяциялары арасындағы даралардың таралуын және гибридті дараларды анықтауға мүмкіндік береді. Кластерлердің әрқайсысы белгілі бір локустардың аллельдік жиіліктерінің санымен сипатталады. Кластер ішінде локустар Харди-Вайнберг заңына сәйкес тепе-теңдікте болады деп есептеледі. Талдау нәтижелері төмендегі 3-суретте көрсетілген.



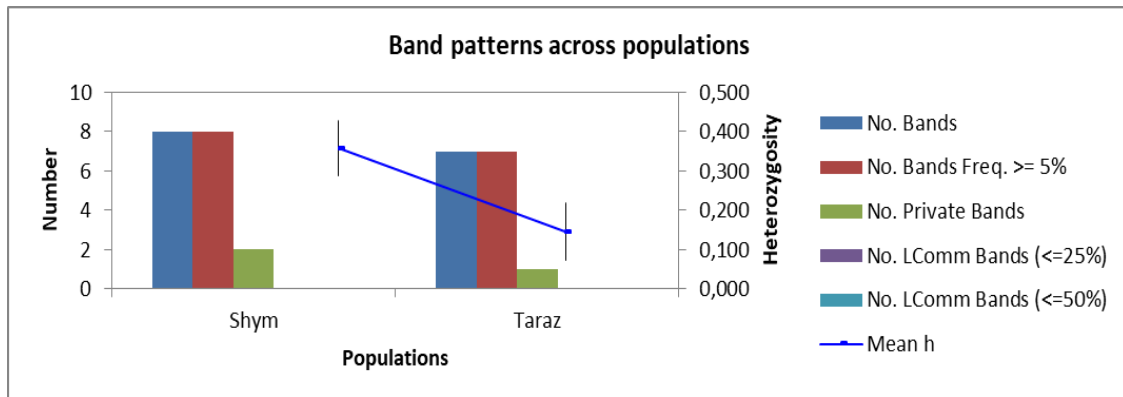
Сурет 3. PCA әдісі арқылы кластерлеу: Sh- Шымкент, Т- Тараз популяциялары.



Сурет 4. Neighbor-joining әдісі негізінде зерттеуге алынған даралардың филогенетикалық талдауы.

Алынған нәтижелер Neighbor-joining әдісі екі популяциядағы даралар жеке кластер ретінде бір-бірінен толық ажыратылғанын көрсетті. Сонымен қатар, әрбір популяциядағы

түйелер зерттеуге алынған даралар ішінде бірнеше субкластерлерге жіктелтінін де байқауға болады (сурет 4). Тараз популяциясы бойынша түйелерде екі кластер байқалса, ал, Шымкент популяциясының түйелерінде үш кластер болатыны анықталды. Алынған нәтижелер тұқымаралық және тұқымішілік туыстық қатынастарды анықтауға мүмкіндік берді.



Сурет 5. Шымкент және Тараз түйелер популяцияларындағы жолақ құрылымы

Зерттеу барысында қолданылған маркерлер ішінде *AG-ISSR* және *GA-ISSR* локустарының полиморфтылығы жоғары екендігі көрсетілді. Зерттеуге алынған түйелерде аталған маркерлер негізінде генетикалық әртүрлілік талданып және популяциялар арасындағы генетикалық дифференциациялар байқалды. Зерттеу нәтижесінде Тараз және Шымкент түйелер популяцияларының генетикалық әртүрлілік деңгейі ұқсас екені анықталды. Алайда, Шымкент түйелер популяциясындағы генетикалық әртүрлілік деңгейі Таразға қарағанда біршама жоғары екендігі көрсетілді. Сондай-ақ, Шымкент түйелер популяциясында Тараз түйелер популяциясына қарағанда полиморфты локустар көп екендігі анықталды. Жалпы, *ISSR-PCR* маркерлері негізінде Қазақстанның Тараз және Шымкент популяцияларындағы түйелердің генетикалық әртүрлілік деңгейі айтарлықтай жоғары болатындығы көрсетілді және бұл өңірлердің экологиялық жағдайының әртүрлі болуына, сондай-ақ түйелерді көлік және сүт бағытында дәстүрлі пайдалануға байланысты болуы мүмкін деп болжауға болады.

Қорытынды

Зерттеу нәтижелері Тараз түйелер популяциясындағы генетикалық әртүрлілік деңгейі анықталған *ISSR-PCR* маркерлерінің санына, әртүрлілігіне және популяция мөлшері мен оның басқа популяциялардан оқшаулану дәрежесі факторларына байланысты Шымкент түйелер популяциясына қарағанда төмен екенін көрсетті. Шымкент түйелер популяциясының генетикалық әртүрлілік деңгейінің жоғары болуы осы популяция мен аймақтағы басқа популяциялар арасындағы шағылысу мен көші-қонның жоғары деңгейін көрсетеді. Екі популяция бойынша зерттеуге алынған түйелерде бақыланатын аллельдер саны (N_a) орташа есеппен 1,38 құрады, аллельдердің тиімді саны (N_e) 1,47 тең, N_e бойынша генетикалық әртүрлілік (H) 0,25 болса, Шеннон индексі (I) 0,36 тең болды. Полиморфты локустардың аллельдік көрсеткіші орташа 55,56% құрады.

Осыдан, түйелер популяцияларынан алынған *ISSR-PCR* маркерлер спектрлерінің анықталған қасиеттерін келесі ретте селекциялық жұмыстарда пайдалануға болады және бұл маркерлер алдағы уақытта елімізде өсірілетін түйе түрлерінің генетикалық әртүрлілігін бағалауда қолдануға ұсынылады.

Бұл ғылыми зерттеу жұмысы ҚР ҒЖБМ гранттық қаржыландыру негізінде «AP14870678 - Қазақстандағы *Camelus dromedarius* және *Camelus bactrianus* түйелерінің генетикалық әртүрлілігі мен популяциялы-генетикалық құрылымын зерттеу» атты жобасы аясында жүргізілді.

Әдебиеттер тізімі

1 Конуспаева Г.С., Фай Б., Мелдебекова А.А., Нармуратова М.Х., Серикбаева А.Д. Типология верблюжьего молока различных регионов Казахстана // Вестник КазНУ. Серия биологическая. – 2018. – №1 (74). – С. 123-138.

2 Adilbekova E., Alybayev N., Arunas S., Abuov G. Genetic typing of South Kazakhstan populations' dairy camels using DNA technology // *Animal Biotechnology*, – 2020. – V. 31(6). – P. 547-554. <https://doi:10.1080/10495398.2019.1669625>.

3 Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А., Эрнст Л.К., Костюнина О.В., Быкова А.С., Банникова А.Д., Кудина Е.П., Брем Г. Молекулярные методы в диагностике заболеваний и наследственных дефектов сельскохозяйственных животных // *Зоотехния*. – 2009. – № 8. – С. 26-27.

4 Nosil P., Funk D. J., Ortiz-Barrientos D. Divergent selection and heterogeneous genomic divergence // *Molecular Ecology*. – 2009. – V. 18. – P. 375-402.

5 Gui F.R., Guo J.Y., Wan F.H. Application of ISSR molecular marker in invasive plant species study // *Ying Yong Sheng Tai Xue Bao*. – 2007 – 18(4). – P. 919-927.

6 Soliani C., Rondan-Dueñas J., Chiappero M.B., Martínez M. et al. Genetic relationships among populations of *Aedes aegypti* from Uruguay and northeastern Argentina inferred from ISSR-PCR data // *Med. Vet. Entomol.* – 2010. – 24(3). – P. 316-323.

7 Stolpovsky Y.A., Ahani Azari M., Evsukov A.N., Kol N.V., Ruzina M.N. et al. Comparison of ISSR polymorphism among cattle breeds // *Russian Journal of Genetics*. – 2011. – V. 47, № 2. – P. 213-226

8 Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов // *Достижения науки и техники АПК*. – 2011. – № 9. – С. 19-20.

9 Бекманов Б.О., Мұсаева А.С., Әмірғалиева А.С., Оразымбетова З.С., Досыбаев Қ.Ж., Аманбаева Ұ.И., Түлекей М., Жапбасов Р., Жомартов А.М., Молдасанов К.Ж. ISSR маркерлері көмегімен қазақтың арқар-меринос қой тұқымын сипаттау // *ҚР ҰҒА Хабарлары. Аграрлық ғылымдар сериясы*. – 2016.

10 Miller M.P. Tools for population genetic analyses (TFPGA) 1.3: A Windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data / Computer software distributed by author, 1997.

11 Evanno G., Regnaut S., Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*. – 2005, – V.14(8). – P. 2611–2620. <https://doi:10.1111/j.1365-294x.2005.02553.x>.

12 Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. – 2000, – V.155(2). – P. 945–959.

References

1 Konuspaeva G.S., Faj B., Meldebekova A.A., Narmuratova M.KH., Serikbaeva A.D. Tipologiya verblyuzh'ego moloka razlichnykh regionov Kazakhstana // *Vestnik KazNU. Seriya biologicheskaya*. – 2018. – №1 (74). – S. 123-138.

2 Adilbekova E., Alybayev N., Arunas S., Abuov G. Genetic typing of South Kazakhstan populations' dairy camels using DNA technology // *Animal Biotechnology*, – 2020. – V. 31(6). – P. 547-554. <https://doi:10.1080/10495398.2019.1669625>.

3 Gladyr' E.A., Zinov'eva N.A., EHrnst L.K., Kostyunina O.V., Bykova A.S., Bannikova A.D., Kudina E.P., Brem G. Molekulyarnye metody v diagnostike zabolevanij i nasledstvennykh defektov sel'skokhozyajstvennykh zhiivotnykh // *Zootekhniya*. – 2009. – № 8. – С. 26-27.

4 Nosil P., Funk D. J., Ortiz-Barrientos D. Divergent selection and heterogeneous genomic divergence // *Molecular Ecology*. – 2009. – V. 18. – P. 375-402.

5 Gui F.R., Guo J.Y., Wan F.H. Application of ISSR molecular marker in invasive plant species study // *Ying Yong Sheng Tai Xue Bao*. – 2007 – 18(4). – P. 919-927.

6 Soliani C., Rondan-Dueñas J., Chiappero M.B., Martínez M. et al. Genetic relationships among populations of *Aedes aegypti* from Uruguay and northeastern Argentina inferred from ISSR-PCR data // *Med. Vet. Entomol.* – 2010. – 24(3). – P. 316-323.

7 Stolpovsky Y.A., Ahani Azari M., Evsukov A.N., Kol N.V., Ruzina M.N. et al. Comparison of ISSR polymorphism among cattle breeds // Russian Journal of Genetics. – 2011. – V. 47, № 2. – P. 213-226

8 Zinov'eva N.A., Gladyr' E.A. Geneticheskaya ehkspertiza sel'skokhozyajstvennykh zhivotnykh: primeneniye test-sistem na osnove mikrosatellitov // Dostizheniya nauki i tekhniki APK. – 2011. – № 9. – С. 19-20.

9 Bekmanov B.O., Mұsaeva A.S., Әmirfaliyeva A.S., Orazymbetova Z.S., Dosybaev Қ.ЗН., Amanbaeva Ұ.І., Түлекей М., ZHapbasov R., ZHомartov A.M., Moldasanov K.ZH. ISSR markerleri көmegimen қазақтұң арқар-merinos қой тұқымун sipattau // ҚР ҰҒА ҚHабарлары. Agrarлық ғұлымдар seriyasy. – 2016.

10 Miller M.R. Tools for population genetic analyses (TFPGA) 1.3: A Windows program for the analysis of allozyme and molecular population genetic data / Computer software distributed by author, 1997.

11 Evanno G., Regnaut S., Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology. – 2005, – V.14(8). – P. 2611–2620. <https://doi:10.1111/j.1365-294x.2005.02553.x>.

12 Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics. – 2000, – V.155(2). – P. 945–959.

Г.Н. Шалтенбай^{1,2*}, **М.Д. Амандыкова**^{1,2}, **Т. Капасулы**^{1,2}, **Б.О. Бекманов**^{1,2},
К.Ж. Досыбаев^{1,2}, **Д.А. Уалиева**^{1,3}

¹ РГП «Институт генетики и физиологии» КН МНВО РК, Алматы, Казахстан, gufa1992@mail.ru*, makpal_30.01@mail.ru, tilek.kapas@mail.ru, bobekman@rambler.ru, kairat1987_11@mail.ru, daniya.2010@mail.ru

² Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Алматы, Казахстан

³ РГП «Институт зоологии» КН МНВО РК, Алматы, Казахстан

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНОБРАЗИЯ ВЕРБЛЮДОВ ТАРАЗСКОЙ И ШЫМКЕНТСКОЙ ПОПУЛЯЦИЙ НА ОСНОВЕ ISSR-PCR МАРКЕРОВ

Аннотация

В данном исследовании мы проанализировали генетические характеристики верблюдов *Camelus dromedarius* и *Camelus bactrianus* из популяций Шымкента и Тараза в Казахстане с использованием маркеров ISSR-PCR. В результате с помощью праймера (AG)9C были идентифицированы фрагменты следующих размеров: 200, 320, 370, 430, 580 и 700 п.н. По праймеру (GA)9C длина ампликонов составляла 300, 350 и 430 п.н. Количество полиморфных локусов у верблюдов шымкентской популяции составило 9, а аллельный индекс полиморфных локусов составил 77,78%. Аллельный индекс полиморфных локусов верблюдов таразской популяции составил 33,3%. Число наблюдаемых аллелей (Na) в среднем составило 1,38, эффективное число аллелей (Ne) – 1,47, генетическое разнообразие (H) по Нею – 0,25, индекс Шеннона (I) – 0,36. Средний аллельный индекс полиморфных локусов составил 55,56% для обеих популяций. На основании полученных результатов можно утверждать, что оба использованных в данной работе маркера информативны при оценке генетического разнообразия изучаемых популяций верблюдов. Кроме того, было установлено, что две популяции верблюдов отличаются друг от друга генетическим разнообразием.

Ключевые слова: ДНК маркеры, ISSR-PCR, верблюд, *Camelus bactrianus*, *Camelus dromedarius*, генетическое разнообразие.

G.N. Shaltenbay^{1,2*}, **M.D. Amandykova**^{1,2}, **T. Kapassuly**^{1,2}, **B.O. Bekmanov**^{1,2},
K.Zh. Dossybayev^{1,2}, **D.A. Ualiyeva**^{1,3}

^{1*} "Institute of Genetics and Physiology" SC MSHE RK, Almaty, Kazakhstan, gufa1992@mail.ru*,
makpal_30.01@mail.ru, tilek.kapas@mail.ru, bobekman@rambler.ru, kairat1987_11@mail.ru,
daniya.2010@mail.ru

² al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan

³ "Institute of Zoology" SC MSHE RK, Almaty, Kazakhstan

COMPARATIVE ANALYSIS OF THE GENETIC DIVERSITY OF TARAZ AND SHYMKENT CAMEL POPULATIONS ON THE BASIS OF ISSR-PCR MARKERS

Abstract

In this study, we analyzed the genetic characteristics of camels *Camelus dromedarius* and *Camelus bactrianus* from the populations of Shymkent and Taraz in Kazakhstan using ISSR-PCR markers. As a result, fragments of the following sizes were identified using the (AG)₉C primer: 200, 320, 370, 430, 580, and 700 bp. Based on the (GA)₉C primer, the length of the amplicons was 300, 350, and 430 bp. The number of polymorphic loci in the camels of the Shymkent population was 9, and the allelic index of polymorphic loci was 77.78%. The allelic index of polymorphic loci of camels in the Taraz population was 33.3%. The number of observed alleles (Na) averaged 1.38, the effective number of alleles (Ne) was 1.47, the genetic diversity (H) according to Nei was 0.25, and the Shannon index (I) was 0.36. The average allele index of polymorphic loci was 55.56% for both populations. Based on the results obtained, it can be argued that both markers used in this work are informative in assessing the genetic diversity of the studied camel populations. In addition, it was found that the two populations of camels differ from each other in genetic diversity.

Key words: DNA markers, ISSR-PCR, camel, *Camelus bactrianus*, *Camelus dromedarius*, genetic diversity

IRSTI 68.39.31

DOI <https://doi.org/10.37884/4-2023/06>

E.I. Islamov¹, **G.A. Kulmanova**¹, **B.T. Kulataev**¹, **D.N. Bekbaeva**¹,
I.E. Mukhametzhарova^{2*}

¹ Kazakh national agrarian research university, Almaty, Republic of Kazakhstan,
islamov_esenbay@mail.ru, gulzhan_62@mail.ru, bnar@yandex.ru, bdn@mail.ru

² S. Seifullin Kazakh agro technical research university, Astana, Republic of Kazakhstan,
ilmira_pvl@mail.ru*

FEATURES OF WOOL QUALITIES AND FORMATION OF SKIN COVER OF YOUNG SHEEP OF THE SOUTH KAZAKH MERINO BREED IN ZHAMBYL REGION CONDITIONS

Abstract

Until 2030, 17 key areas were selected, the implementation of which could potentially lead the country to the sustainable development of all major spheres of life and the solution of global problems affecting every person in this world. The article reflects and presents scientific research data, objective characteristics of wool qualities and age-related changes signs of the structure of the skin of young South Kazakh merino sheep, as well as studies of the morphological parameters of the skin tissue in the age aspect (from birth to 18 months), and an analysis of their connection with the commercial properties and quality of the semi-finished product obtained from sheep of this breed is given. Productive qualities were studied in a flock of sheep of the South Kazakh Merino breed in "Batay-Shu" LLP. Sheep have a high live weight, shearing and yield of pure wool; rams have a fairly high live weight for the breed; component depending on age from 100-106 kg, and high wool