

К.Ж. Досыбаев^{1,2}, **Д.А. Сыдыков¹**, **Т. Қапас²**, **З.С. Оразымбетова^{1,2*}**,
Ж.Е. Кожанов¹, **Ш.Н. Ахметсадыкова¹**, **Г.Т. Бактыбаев¹**, **У.А. Ахметов¹**,
А.Н. Байсапаров¹, **Д.М. Нурмаханбетов¹**, **Ж.С. Турмухаметов¹**

¹Қазақ мал шаруашылығы және жемшөп өндірісі ғылыми зерттеу институты, Қазақстан, Алматы қ.

²ҚР ҒЖБМ ҒК «Генетика және физиология институты» Жануарлар генетикасы

және цитогенетикасы зертханасы, Қазақстан, Алматы қ.

*e-mail: orazymbetova.z@gmail.com

ҚЫЗЫЛОРДА ЖӘНЕ ҚАРАҒАНДЫ АЙМАҚТАРЫНДА ӨСІРІЛЕТІН ЖЫЛҚЫ ПОПУЛЯЦИЯЛАРЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ПОЛИМОРФИЗМІН БАҒАЛАУ

Қызылорда және Қарағанды аймақтарында өсірілетін жылқы популяцияларының генетикалық әртүрлілігі мен өзгергіштігіне 25 микросателитті маркерлер (VHL20, HTG4, АНТ4, HMS7, COR18, АНТ5, HMS6, ASB23, ТКУ312, ТКУ343, LEX33, HMS3, COR58, HMS5, ASB2, ТКУ321, ТКУ301, ТКУ337, ТКУ374, HTG7, UM11, ТКУ394, UM32, HMS1 және ТКУ294) негізінде салыстырмалы талдау жасалды. Зерттеуде қолданылған локустардың барлығы полиморфты болды. Қызылорда жылқы популяциясында жалпы 192 аллель, ал Қарағанды жылқы популяциясында 194 аллель анықталды. Жалпы популяциядағы аллельдер саны 3 пен 14 аралығында ауытқыды. Екі популяция үшін ең жоғарғы аллельдердің тиімді саны COR58 локусында анықталды, ал ең төменгі көрсеткіш Қызылорда және Қарағанды жылқыларында HMS1 және ТКУ294 локустарында байқалды. Екі популяция бойынша байқалатын және күтілетін гетерозиготалардың орташа көрсеткіші келесідей болды: $H_o = 0,780 \pm 0,016$ және $H_e = 0,765 \pm 0,010$. Жалпы популяциядағы субпопуляциялар үшін әрбір локус негізінде есептелген Райт Ф-статистикасы (Fst) мәндері 0,001 мен 0,056 аралығында ауытқыды, ал Шеннон индексі $1,68 \pm 0,04$ мәнімен сипатталды. Зерттеуге алынған популяциялардың генетикалық полиморфизмі көрші елдерде өсірілетін жылқы популяцияларымен салыстырылды. Салыстырмалы талдау нәтижелері зерттеуге алынған іріктемедегі даралардың генетикалық әртүрлілік деңгейі жоғары екенін көрсетті.

Түйін сөздер: жылқы, популяция, ДНҚ микросателиттері, генетикалық әртүрлілік.

K.Zh. Dossybayev^{1,2}, D.A. Sydykov¹, T. Kapas², Z.S. Orazymbetova^{1,2*},
Zh.E. Kozhanov¹, Sh.N. Akhmetsadykova¹, G.T. Baktybaev¹, U.A. Akhmetov¹, A.N. Baysaparov¹,
D.M. Nurmakhanbetov¹, Zh.S. Turmukhametov¹

¹Kazakh research institute of livestock and fodder production, Kazakhstan, Almaty

²«Institute of Genetics and Physiology» SC MSHE RK, Kazakhstan, Almaty

*e-mail: orazymbetova.z@gmail.com

Assessment of genetic polymorphism of horse populations bred in Kyzylorda and Karaganda regions

A comparative analysis of the genetic diversity and variability of horse populations bred in Kyzylorda and Karaganda regions was made on the basis of 25 microsatellite markers (VHL20, HTG4, АНТ4, HMS7, COR18, АНТ5, HMS6, ASB23, ТКУ312, ТКУ343, LEX33, HMS3, COR58, HMS5, ASB2, ТКУ321, ТКУ301, ТКУ337, ТКУ374, HTG7, UM11, ТКУ394, UM32, HMS1 and ТКУ294). All loci used in the study were polymorphic. A total of 192 alleles were identified in the Kyzylorda horse population, and 194 alleles in the Karaganda horse population. The number of alleles in the general population ranged from 3 to 14. The highest effective number of alleles for both populations was determined at the COR58 locus, and the lowest value was observed at the HMS1 and ТКУ294 loci in Kyzylorda and Karaganda horses. The average rate of observed and expected heterozygotes for both populations was as follows: $H_o = 0.780 \pm 0.016$ and $H_e = 0.765 \pm 0.010$. Wright's F-statistic (Fst) values calculated on a per-locus basis for subpopulations in the total population ranged from 0.001 to 0.056, and Shannon's index was characterized by a value of 1.68 ± 0.04 . The genetic polymorphism of the studied populations was compared with horse populations bred in neighboring countries. The results of the comparative analysis showed that the individuals in the study sample had a high level of genetic diversity.

Key words: horse, population, DNA microsatellites, genetic diversity.

К.Ж. Досыбаев^{1,2}, Д.А. Сыдыков¹, Т. Қапас², З.С. Оразымбетова^{1,2*}, Ж.Е. Кожанов¹,
Ш.Н. Ахметсадыкова¹, Г.Т. Бактыбаев¹, У.А. Ахметов¹, А.Н. Байсапаров¹,
Д.М. Нурмаханбетов¹, Ж.С. Турмухаметов¹

¹Казахский научно-исследовательский институт животноводства
и кормопроизводства, Казахстан, г. Алматы

²«Институт генетики и физиологии», Лаборатория генетики и цитогенетики животных,
МНВО РК, Казахстан, г. Алматы

*e-mail: orazymbetova.z@gmail.com

Оценка генетического полиморфизма популяций лошадей разводимых в Кызылординской и Карагандинской областях

Проведен сравнительный анализ генетического разнообразия и изменчивости популяций лошадей Кызылординской и Карагандинской областей на основе 25 микросателлитных маркеров (VHL20, HTG4, AHT4, HMS7, COR18, AHT5, HMS6, ASB23, TKY312, TKY343, LEX33, HMS3, COR58, HMS5, ASB2, TKY321, TKY301, TKY337, TKY374, HTG7, UM11, TKY394, UM32, HMS1 и TKY294). Все локусы, использованные в исследовании, были полиморфными. Всего в Кызылординской популяции лошадей выявлено 192 аллеля, в Карагандинской – 194 аллеля. Количество аллелей в общей популяции колебалось от 3 до 14. Наибольшее эффективное число аллелей для обеих популяций было определено в локусе COR58, а наименьшее – в локусах HMS1 и TKY294. Средняя доля наблюдаемых и ожидаемых гетерозигот для обеих популяций была следующей: $H_o = 0,780 \pm 0,016$ и $H_e = 0,765 \pm 0,010$. Значения F-статистики Райта (Fst), рассчитанные по локусам для субпопуляций в общей популяции, варьировали от 0,001 до 0,056, а индекс Шеннона характеризовался значением $1,68 \pm 0,04$. Генетический полиморфизм изучаемых популяций сравнивали с популяциями лошадей, разводимыми в соседних странах. Результаты сравнительного анализа показали, что особи изучаемой выборки имели высокий уровень генетического разнообразия.

Ключевые слова: лошадь, популяция, микросателлиты ДНК, генетическое разнообразие.

Кіріспе

Мал тұқымдардың генетикалық құрылымын зерттеу үшін, сонымен қатар олардың шығу тегін бақылау және анықтау үшін полиморфты қан жүйесінің локустары мен ДНК микросателлиттерінің ролі зор [6,8,14]. Аталған локустар идеалды генетикалық маркерлер болып табылады және көптеген теориялық және практикалық мәселелерді шешу үшін биологияда кеңінен қолданылады [15,3,10]. Бұл генетикалық маркерлер тұқымдардың, линиялардың, тұқымдастардың генетикалық құрылымын зерттеуге, олардың гетерогенділігін, гомозиготалылығын анықтауға және шаруашылыққа пайдалы белгілер бойынша асыл тұқымды малдарды өсіру процесінде тұқымда болатын өзгерістерді бақылауға мүмкіндік береді [16,18,9]. Ауыл шаруашылығы малдарының генетикалық әртүрлілігі мен өзгергіштігін зерттеуде генетикалық маркерлердің ішінде микросателлитті локустар кең қолданысқа ие. Мысалы, Бүкілресейлік мемлекеттік мал шаруашылығы ғылыми-зерттеу институтының ғалымдары (Н.А. Зиновьева, Н.И. Стрекозов, Л.А. Молофеева) ірі қара мал популяциясының генетикалық полимор-

физміне микросателлитті локустар арқылы салыстырмалы талдау жасаған [17]. Харзинова В.Р. мен Зиновьева Н.А. ірі ақ, беркшир, дюррок және ландрас атты шошқа тұқымдарының аллелофондын зерттеуде 11 микросателлитті маркерді қолданған [23]. Храброва Л.А. өз әріптестерімен жергілікті жылқы тұқымдастарының аллелофондына ДНК маркерлері бойынша салыстыру жұмыстарын жүргізген [25]. Елімізде де бірнеше ғалымдар отандық ауыл шаруашылығы мал тұқымдарына, оның ішінде атап айтқанда Мусабаев Б.И. және т.б. алатау (ірі қара) тұқымының [20], Кикебаев Н.А. Қостанай (жылқы) тұқымының [19], Бурабаев А.А. қой тұқымдарының [13] генетикалық әртүрлілігін микросателлитті локустар арқылы зерттеген. Сонымен қатар, Бейшова И.С. өз әріптестерімен Қостанай тұқымының популяцияларына микросателлитті локустар арқылы генетикалық зерттеулер жүргізген [11]. Дегенмен, қазақтың басқа отандық жылқы тұқымдары молекулалы-генетикалық тұрғыдан зерттеулер жүргізуді қажет етеді. Осыған орай біздің зерттеу жұмысы Қарағанды және Қызылорда өңірінде өсірілетін жылқы популяцияларына микросателлитті маркерлер негізінде молекулалы-генетикалық тұрғыдан сипаттама беруге арналады.

Зерттеу материалдары мен әдістері

Зерттеу нысаны Қазақстанның 2 географиялық аймағында өсірілетін жылқы популяцияларынан 60 бас, оның ішінде Қарағанды аймағынан 25 дара және Қызылорда аймағынан 35 дара іріктеп алынды. Статистикалық талдауға “Халықаралық жануарлар генетикасы қоғамы (ISAG)” ұсынған 25 микросателлитті локустар арқылы генотиптеу жүргізілген нәтижелер алынды. Аллельдердің саны мен кездесу жиілігі, олардың тиімділігі, байқалатын және күтілетін гетерозиготалар дәрежесі және популяциядағы генетикалық дифференциацияны (*Fst*) есептеу үшін *GenAlEx6.502* компьютерлік бағдарламасы қолданылды [7].

Аллельдердің кездесу жиілігі төменде көрсетілген формула арқылы анықталды:

$$FreqAllele_x = \frac{2N_{xx} + N_{xy}}{2N} \quad [2] \quad (1)$$

Мұндағы N_{xx} – X (XX) аллелі үшін гомозиготалардың саны, ал N_{xy} – X аллелі бар гетерозиготалардың саны (Y кез келген басқа аллель болуы мүмкін). N – даралар саны. Аллель жиілігін әртүрлі аллельдердің пропорцияларын тікелей санау арқылы да анықтауға болады.

Зерттеудегі гетерозиготалық және фиксация индексін анықтау үшін келесі формулалар қолданылады:

$$H_o = \frac{No_of_Hets}{N} \quad [2] \quad (2)$$

Мұндағы H_o – байқалатын гетерозиготалар, яғни берілген локуста гетерозиготалы N даралардың үлесі.

$$H_e = 1 - S$$

Мұнда, H_e – күтілетін гетерозиготалар, яғни кездейсоқ шағылысу кезінде күтілетін гетерозиготалықтың үлесі және p_i – бұл i -аллельдің жиілігі.

Жылқы популяциясындағы аллельдер эффективтілігі төменде көрсетілген формула бойынша есептелді:

$$H_e = 1 - \sum p_i^2 \quad [18] \quad (4)$$

Мұндағы N_e – популяциядағы біркелкі және жиі кездесетін аллельдердің саны. Зерттелген

әрбір популяция үшін N_e локусының жиілігі есептеледі.

Шеннон индексін есептеу барысында келесі формула қолданылды:

$$I = \sum p_i \ln p_i \quad [15] \quad (5)$$

Мұнда, p_i – i -аллельінің жиілігі, ал, \ln – натурал логарифм. Бұның H_e көрсеткіштен айырмашылығы 1-мен шектелмейді. Сол себепті генетикалық әртүрлілікті өлшеу үшін жақсы көрсеткіш болып табылады.

Зерттеліп отырған популяцияның дифференциация дәрежесін бағалау үшін Райттың (*Wright's*) үш түрлі F -коэффициенті қолданылды.

1). F_{IS} – субпопуляцияға қатысты жеке индивидтер ішіндегі инбридинг коэффициенті. Ол субпопуляцияда кездейсоқ емес шағылысу салдарынан жеке индивидтің гетерозиготалылығының төмендеуін өлшейді:

$$F_{IS} = \frac{(H_S - H_I)}{H_S} \quad [1] \quad (6)$$

Мұнда, H_S – субпопуляцияда күтілетін гетерозиготалардың орташа мәні, ал H_I – субпопуляцияда байқалатын гетерозиготалардың орта мәні болып табылады.

2). F_{IT} – жалпыға қатысты жеке индивидтер арасындағы инбридинг коэффициенті. Бұл статистика субпопуляциялардағы кездейсоқ емес шағылысудың да, субпопуляциялар арасындағы генетикалық дифференциацияның да әсерін ескереді:

$$F_{IT} = \frac{(H_T - H_I)}{H_T} \quad [1] \quad (7)$$

Мұндағы H_T – жалпы популяцияға қатысты күтілетін гетерозиготалардың орташа мәні, H_I – субпопуляцияда байқалатын гетерозиготалардың орта мәні болып табылады.

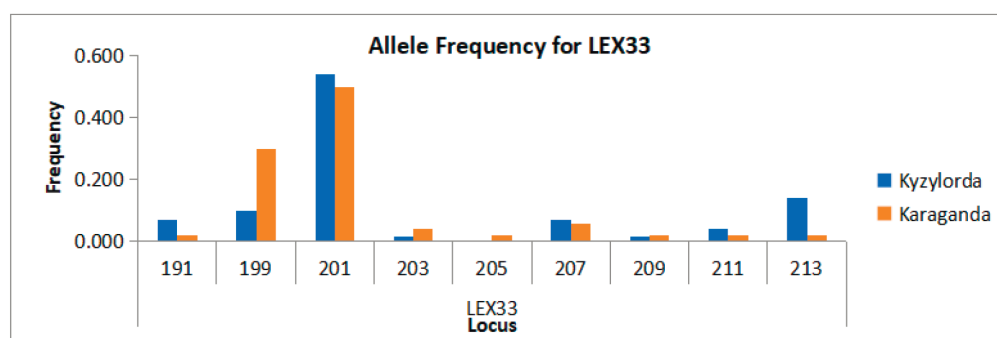
3). F_{ST} – жалпыға қатысты субпопуляциялардағы инбридинг коэффициенті. Бұл статистика субпопуляциялар арасындағы генетикалық дифференциацияның өлшемін береді. Яғни, субпопуляциялар арасында бөлінген жалпы генетикалық әртүрліліктің (гетерозиготалықтың) үлесі.

$$F_{ST} = \frac{(H_T - H_S)}{H_T} \quad [1] \quad (8)$$

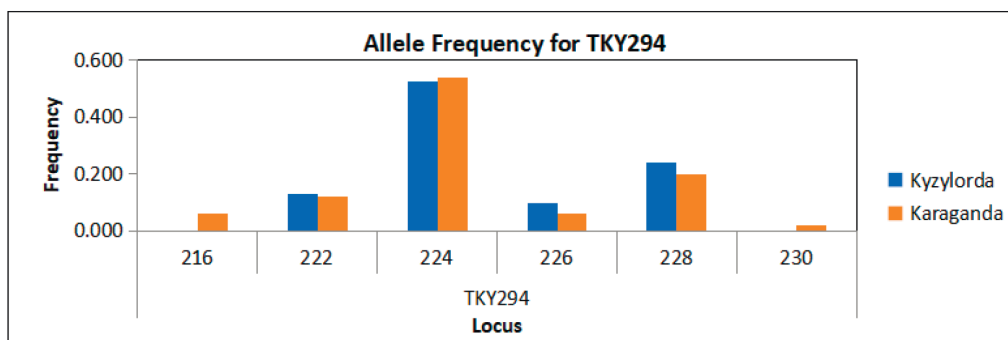
Зерттеу нәтижелері мен талқылаулар

Зерттеуге алынған жылқы популяцияларына генетикалық сипаттама беру барысында қолданылған 25 микросателитті локустар бойынша Қызылорда жылқы популяциясында (Поп1) жалпы 192 аллель анықталса, ал Қарағанды жылқы популяциясында (Поп2) 194 аллель анықталды. ТКҮ343 локусы екі популяция бойынша ең жоғарғы аллельдер санын (Поп1 – ТКҮ343=14 және Поп2 – ТКҮ343=11) көрсетті. Зерттеуге алынған екі популяцияда ең төменгі аллельдер саны (Поп1 – 3 және Поп2 – 3) HMS5 локусында байқалды. Жалпы популяциядағы аллельдер саны 3 пен 14 аралығында ауытқиды. Әрбір локус негізінде табылған аллельдердің

кездесу жиілігі екі популяцияда әртүрлі пайызбен ерекшеленді. Мысалы, Поп1 іріктемелерінде LEX33 локусында табылған 201 аллелінің кездесу жиілігі (54,3%) ең жоғарғы көрсеткішке ие болса, ал Поп2 іріктемелерінде ТКҮ294 локусында анықталған 224 аллелі 54 пайыз кездесу жиілігімен ең жоғарғы мәнге ие болды (Сурет 1, 2). Қызылорда популяциясында 25 STR-локусы арқылы табылған аллельдер санының орташа мәні $7,68 \pm 0,50$ тең болды. Қарағанды жылқыларындағы орташа аллельдер саны $7,76 \pm 0,41$ мәнімен сипатталды. Ал зерттеуге алынған жалпы іріктемедегі аллельдер саны орташа есеппен $7,72 \pm 0,32$ көрсеткішіне тең болды.



1-сурет – ТКҮ294 локусы бойынша табылған аллельдер саны мен олардың кездесу жиілігі



2-сурет – LEX33 локусы бойынша табылған аллельдер саны мен олардың кездесу жиілігі

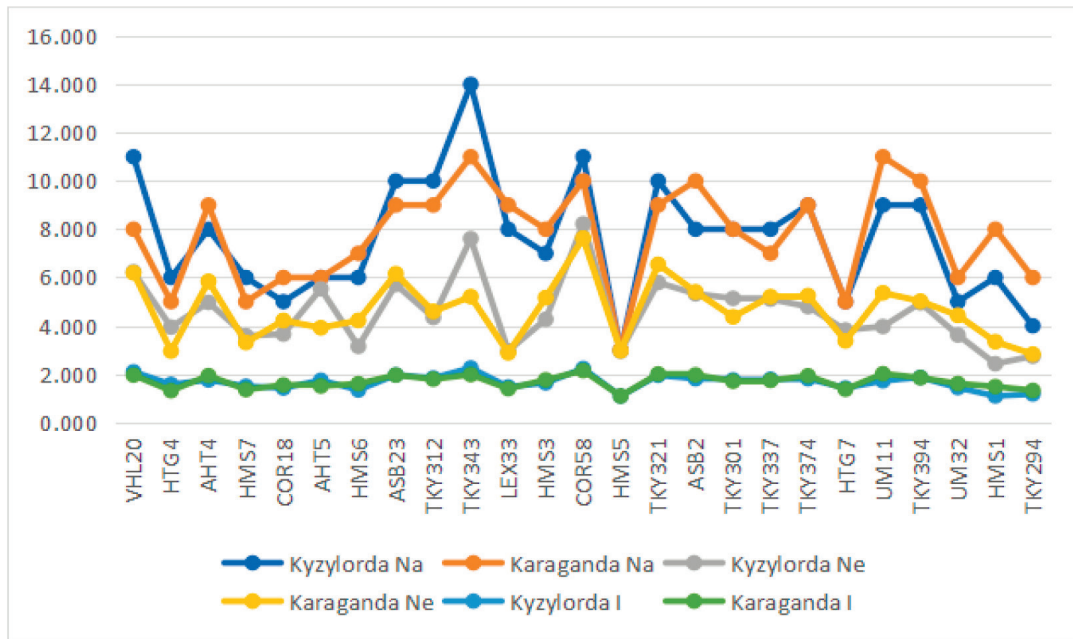
Екі популяцияға салыстырмалы талдау жасау барысында аллельдердің тиімді саны есептелді. Екі популяция үшін ең жоғарғы аллельдердің тиімді саны COR58 (Поп1 – 8,22 және Поп2 – 7,62) локусында анықталды, ал керсінше ең төменгі көрсеткіш Қызылорда және Қарағанды жылқыларында HMS1 және ТКҮ294 локустарында байқалды (Сурет 3). Аллельдердің тиімді

санының орташа мәні Қарағанды іріктемелерінде ($N_e=4,66 \pm 0,25$) Қызылордаға ($N_e=4,59 \pm 0,29$) қарағанда жоғарырақ екені анықталды. Жалпы популяция үшін бұл көрсеткіш $4,62 \pm 0,19$ мәніне тең болды.

Микросателитті локустар негізінде генетикалық әртүрлілік деңгейін бағалау барысында қолданылатын көрсеткіштердің бірі

Шеннон индексі болып табылады. Біздің зерттеуге алған популяцияларға Шеннон әртүрлілігі есептелді. Зерттеу тобындағы дараларды генотиптеуде қолданылған 25 STR маркерлерінің ішінде ТКУ343 ($I=2,26$) және COR58 ($I=2,14$) локустары Қызылорда және Қарағанды популяцияларында Шеннон әртүрлілігі бойынша ең

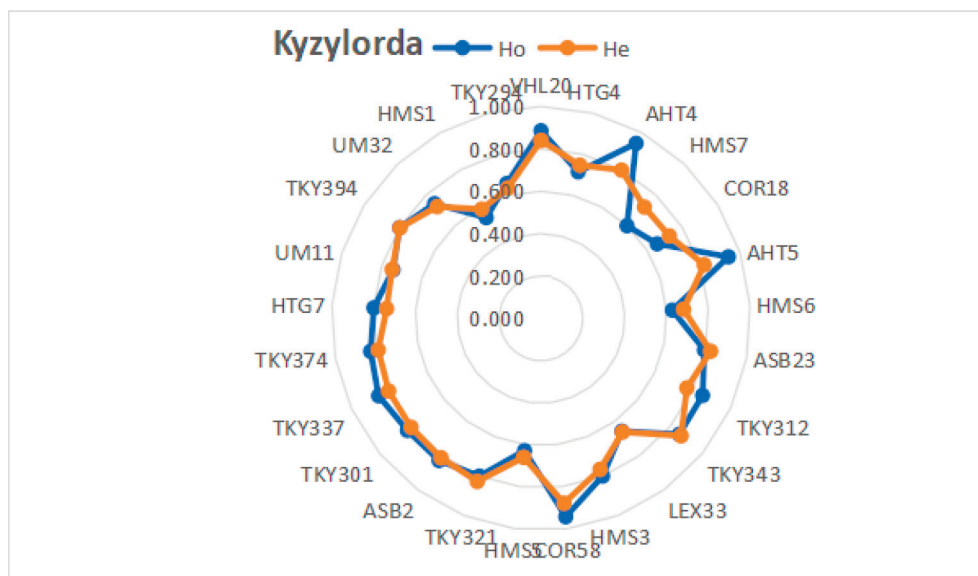
жоғарғы көрсеткішке ие болса, ал екі популяция бойынша да HMS5 ($I=1,09$) локусы ең төменгі мәнге ие болды. Әр популяция үшін есептелген Шеннонның орташа мәні Поп1 және Поп2 іріктемелерінде $1,67 \pm 0,06$ және $1,69 \pm 0,05$ тең екені анықталды. Жалпы популяция бойынша аталған көрсеткіш $1,68 \pm 0,04$ мәнімен сипатталды.



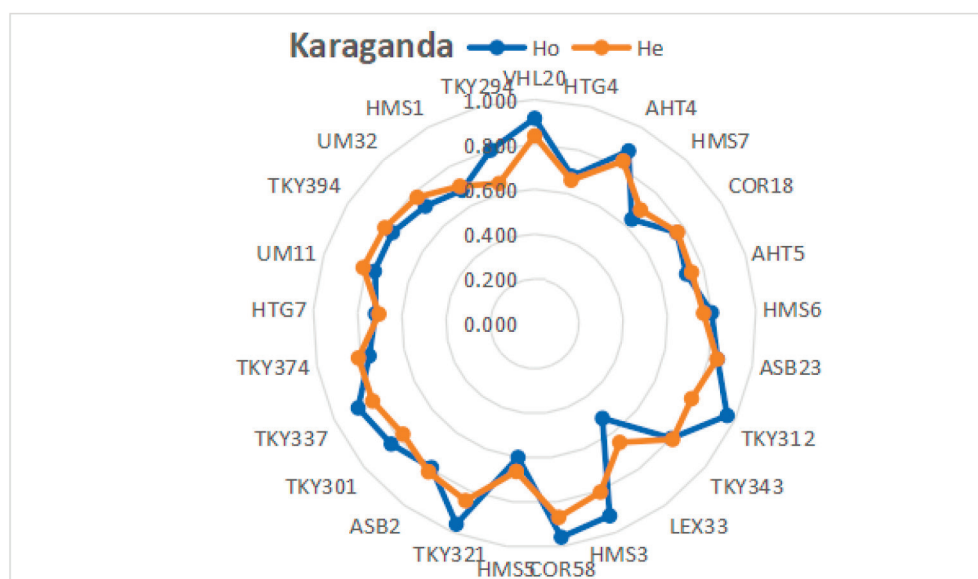
3-сурет – Зерттеуге алынған екі популяция бойынша аллельдер саны, аллельдердің тиімді саны және Шеннон индексі нәтижелері

Зерттеуге алынған іріктемедегі даралардың генетикалық өзгергіштік дәрежесін бағалау үшін байқалатын және күтілетін гетерозиготалар деңгейі есептелді. Зерттеу нәтижелеріне сүйенсек, әрбір локус бойынша есептелген күтілетін және байқалатын гетерозиготалар деңгейінің көрсеткіштері әртүрлі екенін көрсетті. Мысалы, ең жоғарғы байқалатын гетерозиготалар мәні Поп1 даралары үшін АНТ4 және COR58 локустарында анықталса, ал ең төменгі мән HMS1 локусында анықталды. Аталған популяцияда күтілетін гетерозиготалар деңгейі 0,54 (HMS1) пен 0,87 (COR58) аралығында ауытқыды (Сурет 4). Қарағанды популяциясы бойынша ең жоғарғы және ең

төменгі байқалатын және күтілетін гетерозиготалар мәні ТКУ312 ($H_o=0,960$) және ТКУ321 ($H_o=0,520$), COR58 ($H_e=0,869$) және ТКУ294 ($H_e=0,646$) локустарында байқалды (Сурет 5). Поп2 іріктемелері бойынша анықталған байқалатын гетерозиготалардың орташа шамасы ($H_o=0,787 \pm 0,023$) Поп1 іріктемелеріне ($H_o=0,773 \pm 0,022$) қарағанда салыстырмалы түрде жоғары болды. Күтілетін гетерозиготалардың орташа мәні екі популяция үшін ұқсас екені анықталды. Жалпы екі популяция бойынша байқалатын және күтілетін гетерозиготалардың орташа көрсеткіші келесідей болды: $H_o=0,780 \pm 0,016$ және $H_e=0,765 \pm 0,010$.



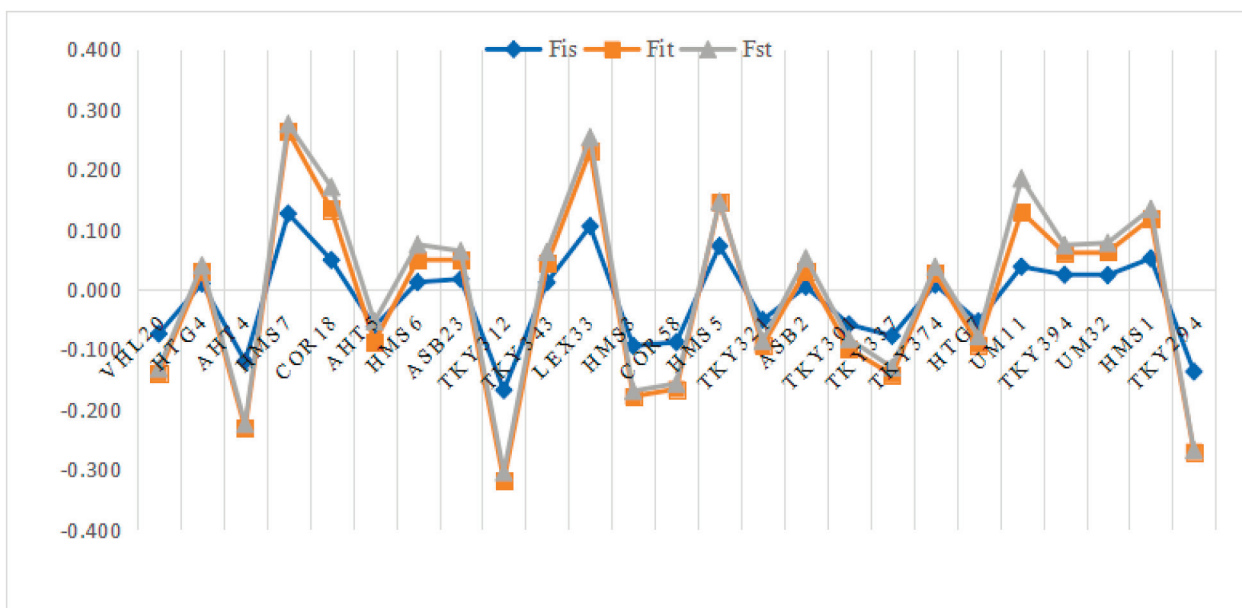
4-сурет – Қызылорда аймағында өсірілетін жылқы популяциясы бойынша байқалатын және күтілетін гетерозиготалар дәрежесі



5-сурет – Қарағанды аймағында өсірілетін жылқы популяциясы бойынша байқалатын және күтілетін гетерозиготалар дәрежесі

Субпопуляциядағы даралар мен жалпы популяциядағы даралардың инбридинг коэффициентін және жалпы популяциядағы субпопуляциялардың инбридинг коэффициентін бағалау мақсатында Райт Ф-статистикасының үш мәні (Fis, Fit және Fst) әрбір локус бойынша зерттеуге алынған популяциялар үшін анықталды. Fis және Fit нәтижелері субпопуляция мен жалпы популяциядағы дараларда VHL20, HTG4, TKY312, HMS3, COR58,

TKY321, TKY301, TKY337, HTG7 және TKY294 локустары бойынша гетерозиготалар артықшылығы байқалғанын көрсетті. Жалпы популяциядағы субпопуляциялар үшін әрбір локус негізінде есептелген Fst мәндері 0,001 мен 0,056 аралығында ауытқыды. Райт Ф-статистикасының үш индексі бойынша анықталған орташа мәндер келесідей: Fis=-0,017±0,015, Fit=-0,001±0,016 және Fst=0,016±0,002 (Сурет 6).



6-сурет – Райт Ф-статистикасы бойынша алынған нәтижелердің көрсеткіштері

ТАЛҚЫЛАУЛАР

Микросателлитті локустар негізінде жануарлардың генетикалық әртүрлігін бағалауда популяция немесе тұқым бойынша анықталған аллельдер санының орташа көрсеткіші маңызды құрал болып табылады. Екі популяция бойынша анықталған аллельдердің орташа саны ($N_a=7,72$) орыстың ауыржүкті жылқы популяциясынан ($N_a=6,12$) жоғары болды. Зерттеуге алынған қазақтың жылқы популяцияларында генетикалық әртүрлілік жоғары екені анықталды. Әдебиеттік көптеген зерттеулерге сүйенсек жылқы популяциялары мен тұқымдары арасында әрбір STR-локусында анықталған аллельдер санының ерекшеліктері байқалады. Біздің зерттеуге алған Қызылорда және Қарағанды жылқы популяцияларында аллельдер саны ең жоғары ТКҮ343 локусында анықталды (Поп1 – ТКҮ343=14 және Поп2 – ТКҮ343=11). Ал, Тувин жылқы популяцияларында ASB17 локусында ($N_a=10$) ең жоғарғы аллельдер саны табылған [21]. Ресейде өсірілетін тазақанды міністі жылқыларында [4] ASB2 локусында аллельдер саны 9 тең болса, Қызылорда және Қарағанды жылқыларында аллельдер саны 8 және 10 тең екені анықталды. Яғни, әрбір микросателлитті локустар негізінде салыстырмалы талдау нәтижелері аллельдер саны бойынша популяциялар бір-бірінен ерекшеленетінін көрсетті. Сонымен қатар

табылған аллельдердің кездесу жиілігі де белгілі бір нақты тұқымдар немесе популяцияларды сипаттауда айтарлықтай маңызға ие екенін айтуға болады. Поп1 және Поп2 іріктемдерінде кездесу жиілігі ең жоғары LEX33 локусында табылған 201 аллелі мен ТКҮ294 локусында анықталған 224 (54,0%) аллелі болды. Сол сияқты Владимир ауыр жүктасымалдағыш жылқы тұқымының популяциясында кездесу жиілігі жоғары аллельдер АНТ4L (0,507), НТГ10R (0,488) және НМС1(0,699) локустарында анықталса, ал советтік ауыр жүктасымалдағыш жылқы генотипында НТГ60 (0,825), НТГ10M (0,535) және СА425N (0,500) локустарында анықталды [12]. Келесі ретте генетикалық әртүрлілікті талдау үшін әр локус бойынша аллельдердің тиімді саны есептеліп, әр популяция үшін олардың орташа мәні салыстырмалы талданды. Аталған көрсеткіш Қарағанды мен Қызылорда популяциясында генетикалық әртүрлілік деңгейі шамалас екенін көрсетті. Жалпы популяцияда анықталған аллельдердің тиімді санының орташа мәні ($4,63\pm 0,19$) салыстырмалы түрде 17 микросателлитті локустар арқылы зерттелген Қырғыз жылқы популяциясынан төмен ($4,888\pm 0,330$), бірақ Тувин жылқыларының көрсеткішінен (4,20) жоғары болуымен сипатталды [21, 5].

Шеннон индексі белгілі бір биоәртүрлілікті бағалауда кеңінен қолданылады. Бұл индекс

іріктемеде бар түрлердің санын және әр түр үшін жеке даралардың салыстырмалы санын ескере отырып есептеледі. Яғни, ол түрлер санының байлығы мен көптігі туралы мәліметтерді көрсетеді. Зерттеуде қолданылған барлық локустар бойынша екі популяцияды анықталған Шеннон мәнінің орташа көрсеткіші $1,68 \pm 0,04$ тең болды, стандартты мән негізінде қарастырсақ, біздің популяциялардағы әртүрлілік деңгейі орташа ($1,5 <$) деп баға беруге болады [22].

Белгілі бір популяциядағы, табындағы немес отардағы ауыл шаруашылығы малдары үнемі динамикалық жағдайда болады, себебі табиғи факторлар мен селекцияның нәтижесінде генетикалық өзгерістер мен іріктеуге ұшырап отырады. Сонымен қатар, белгілі бір мақсатқа жету үшін селекционерлер ата-аналық жұптарды іріктеу және жұптастыру жұмысын жүргізіп отырады, соның салдарынан популяцияда кездейсоқ шағылысуға қарағанда инбридинг дәрежесі 2-4 есеге жоғарылап отырады. Гетерозиготалықты анықтау арқылы генетикалық өзгергіштік пен инбридинг дәрежесін бақылап отырады. Салыстырмалы түрде Қызылорда жылқы популяциясына қарағанда Қарағанды жылқы популяциясында байқалатын және күтілетін гетерозиготалар үлесі жоғары екендігі байқалды. Ал, зерттеуге алынған қазақтың жылқы популяциясында жалпы жалпы байқалатын және күтілетін гетерозиготалардың орташа дәрежесі, сәйкесінше, $0,78 \pm 0,02$ және $0,77 \pm 0,01$ болды. Генетикалық өзгергіштігін бағалау барысында жалпы екі популяцияда да гетерозиготалар артықшылығы байқалды. Қызылорда популяциясында гетерозиготалар артықшылығы 1,1 % құраса, ал Қарағанды популяциясында 1,9 % құрады. Біздің зерттеу популяцияда анықталған генетикалық өзгергіштік деңгейі Печорский ($H_o=0,732$ және $H_e=0,705$) жылқыларына қарағанда жоғары, яғни қазақтың жылқыларында популяцияішілік инбридинг орын алмағанын дәлелдейді [24].

Субпопуляциядағы даралар мен жалпы популяциядағы инбридинг коэффициентін есеп-

теу нәтижелеріне сүйенсек, қолданылған 25 микросателлитті локустардың 44% популяцияда популяцияішілік инбридингтің болмауымен сипатталды. Жалпы зерттеуге алынған популяцияда $F_{is} = -0,017$ көрсеткішімен сипатталды. Осыған ұқсас нәтиже Тува жылқы популяциясында ($F_{is} = -0,008$) анықталды [16]. Ал керісінше тұқымішілік инбридинг орыстың ауыр жүктасымалдағыш ($F_{is} = 0,031$) және ресейде өсірілетін таза қанды жылқы ($F_{is} = 0,001$ тұқымдарында анықталған [18]). Жалпы популяциядағы субпопуляциялардың инбридинг коэффициентін бағалауда, F_{st} ($0,016$) нәтижесі зерттеуге алынған екі популяция арасында дивергенция деңгейі ($F_{st} < 0,05$) төмен екенін көрсетті. Алынған нәтиже бойынша популяциялар арасында миграция жүріп жатқанын тұжырымдауға болады.

Қорытынды

STR-маркерлері негізінде жылқы популяцияларының полиморфизмін салыстырмалы түрде бағалау нәтижелері табылған аллельдердің санына байланысты әр популяцияның өзіндік генетикалық әртүрлілігі болатындығын көрсетті. Алынған нәтижелер, 25 микросателлитті локустар бойынша Қызылорда жылқы популяциясында жалпы 192 аллель, ал Қарағанды жылқы популяциясында 194 аллель анықталды. Сонымен қатар, екі популяциядағы генетикалық өзгергіштік деңгейін салыстырмалы бағалауға мүмкіндік берді. Райттың F-статистикасы популяцияда гетерозиготалы даралардың басым екенін және популяциялар арасында миграция орын алғанын көрсетті. Зерттеу барысында қолданылған 25 микросателлитті локустар зерттелген жылқы популяцияларының генетикалық әртүрлілігі мен өзгергіштігі және инбридинг коэффициентін бағалауда мол ақпаратқа ие екені анықталды.

«Зерттеу жұмыстары Қазақстан Республикасы ауыл шаруашылығы министрлігімен қаржыландырылды (BR10764999)»

Әдебиеттер

1. Brown A.H.D., Weir B.S. Measuring Genetic Variability in Plant Populations. Isozymes in Plant Genetics and Breeding. Volume 1, Part A, (1983), Pages 219-239.
2. Hartl D.L. and Clark A. G. Principles of Population Genetics 3rd ed. – Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, (1997). 519 p.
3. Helal, M., & El-Gendy, E. (2023). Marker-assisted selection for improving body weight in local chickens in Egypt. The Journal of Agricultural Science, 1-13. doi:10.1017/S0021859623000060

4. Khrabrova L.A., Blohina N.V., Suleymanov O.I., Rozhdestvenskaya G.A., Pustovoy V.F. Assessment of line differentiation in the Thoroughbred horse breed using DNA microsatellite loci. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 23(5), (2019); 569-574.
5. Kipen V.N., Isakova J.T. Genetic portrait of kyrgyz horse. – *Коневодство и конный спорт*. №1 (2018). 21-22 p.
6. Nosil P. Divergent selection and heterogeneous genomic divergence / P.Nosil, D.J.Funk, D.Ortiz-Barrientos // *Mol. Ecol.* (2009). – Vol. 18. – P.375-402.
7. Peakall R., Smouse P. GenAlEx 6.502: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research – an update // *Bioinformatics*. Vol.28. (2012). P. 2537-2539.
8. Pritchard, J.K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J.K.Pritchard, M.Stephens, P.Donnely // *Genetics*. (2000). -Vol.155.-P.945-949.
9. Sandberg K. Blood typing of horse: current status and application to identification problems // K.Sandberg / *Proc. First World Congress genet. Applied to Livestock Prod. Madrid, (1974). Vol.180. – P.1477-1478.*
10. Zorc, M., Škorput, D., Gvozdanović, K., Margeta, P., Karolyi, D., Luković, Z., Salajpal, K., (...), Dovč, P. Genetic diversity and population structure of six autochthonous pig breeds from Croatia, Serbia, and Slovenia. (2022) *Genetics Selection Evolution*, 54 (1), art. no. 30. doi: 10.1186/s12711-022-00718-6
11. Бейшова, И.С. Қостанай жылқы тұқымының негізгі аталық іздерінің генетикалық полиморфизмі: Ауылшаруашылығы ғылымд. канд.... дис. автореф. / И.С. Бейшова; ЖШС “Қазақ тұлпары”.- Астана, (2010).- 24 с.
12. Блохина Н.В., Храброва Л.А., Зайцев А.М., Гавриличева И.С. Оценка генетического разнообразия микросателлитных локусов у лошадей тяжелоупряжных пород. *Генетика и разведение животных*. №2, (2018), С. 39-44.
13. Бурабаев А.А., Марзанов Н.С., Мамадалиев С.Н., Кошеметов Ж.К., Ажибаев А.Ж. Установление генетических связей между различными породами овец республики Казахстан с использованием ДНК-микросателлитов // *Вестник науки Казахского агротехнического университета им. С. Сейфуллина*. (2009). С 185-189.
14. Видякина, А. Ю. Линейная структура и полиморфизм групп крови в популяции черно-пестрого скота в ЗАО «КИ-ПЕНЬ» / А. Ю. Видякина, В. И. Митютько // . – 2017. – Т. 8, № 1. – С. 165-168. – EDN ХМIAWL.
15. Денисова, О. А. Использование генетических маркеров в селекции сельскохозяйственных животных / О. А. Денисова // *Вестник молодежной науки Алтайского государственного аграрного университета*. – 2016. – № 1. – С. 142-145. – EDN DAANGK.
16. Дубровская Р.М. Методические рекомендации по использованию полиморфных систем белков и групп крови при контроле достоверности происхождения лошадей / Р.М.Дубровская и др. ВНИИК, 1986. – 39 с.
17. Зиновьева Н.А., Стрекозов Н.И., Молофеева Л.А. Оценка роли ДНК-микросателлитов в генетической характеристике популяции черно-пестрого скота. *Зоотехния*. № 1 (2009). С. 2-4.
18. Калашников, В.В. Изучение полиморфизма сателлитной ДНК лошадей заводских и местных пород // В.В.Калашников, Л.А.Храброва, А.М.Зайцев и др. / Доклады РАСХН. №6 (2010). – С.48-50.
19. Кикебаев Н.А. Зоотехническая и генетическая характеристика жеребцов костанайской, английской чистокровной верховой и арабской пород. // *Вестник науки КазАТУ им. С.Сейфуллина*. №2. (2011), Т.69, С 3-7.
20. Мусабаев Б.И., Жансеркенова О.О., Ветринская А.А., Нуртлеуова С.С. Микросателлитті локустар бойынша алатау тұқымының ДНК полиморфизмін анықтау // *Жаршы* № 2 (2010). 40-43 б.
21. Р.Б. Чысыма, Л.А. Храброва, А.М. Зайцев, Е.Ю. Макарова, Ю.Н. Федоров, Б.М. Луду. Оценка генетического разнообразия в популяциях тувинских лошадей по локусам систем крови и микросателлитным днк. *Сельскохозяйственная биология*, том 52, №4, (2017), С. 679-685.
22. Смагин А.В., Сиротюк Э.А. Л. Б. Попок и др.; под общ. ред. И. С. Белюченко. *Системная экология*. – Краснодар: КубГАУ. (2017). С.164.
23. Харзинова В.Р., Зиновьева В.Р. Характеристика аллелофонда беркширской породы свиней // сб. науч. тр. Ставропольского научно- исследовательского института животноводства и кормопроизводства. (2013). -286-290 с.
24. Храброва Л.А., Блохина Н.В., Гавриличева И.С., Юрьева И.Б. Характеристика генетической структуры печорской лошади по локусам микросателлитов ДНК. *Современные достижения и актуальные проблемы в коневодстве*. (2019), статья в сборнике трудов конференции. с. 282-287.
25. Храброва Л.А., д.с.-х.н. Сравнительная характеристика аллелофонда местных пород лошадей по днк маркерам – *Коневодство и конный спорт*, №3 (2008). С. 9-10.

References

1. Brown A.H.D., Weir B.S. Measuring Genetic Variability in Plant Populations. *Isozymes in Plant Genetics and Breeding*. Volume 1, Part A, (1983), Pages 219-239.
2. Hartl D.L. and Clark A. G. *Principles of Population Genetics* 3rd ed. – Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, (1997). \$519
3. Helal, M., & El-Gendy, E. (2023). Marker-assisted selection for improving body weight in local chickens in Egypt. *The Journal of Agricultural Science*, 1-13. doi:10.1017/S0021859623000060
4. Khrabrova L.A., Blohina N.V., Suleymanov O.I., Rozhdestvenskaya G.A., Pustovoy V.F. Assessment of line differentiation in the Thoroughbred horse breed using DNA microsatellite loci. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 23(5), (2019); 569-574.

5. Kipen V.N., Isakova J.T. Genetic portrait of kyrgyz horse. – Horse breeding and equestrian sport. No. 1 (2018). 21-22 p.
6. Nosil P. Divergent selection and heterogeneous genomic divergence / P. Nosil, D.J. Funk, D. Ortiz-Barrientos // *Mol. ecol.* (2009). – Vol. 18.-P.375-402.
7. Peakall R., Smouse P. GenAlEx 6.502: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research – an update // *Bioinformatics*. Vol.28. (2012). P. 2537-2539.
8. Pritchard, J.K. Inference of population structure using multilocus genotype data / J.K.Pritchard, M.Stephens, P.Donnelly // *Genetics*. (2000). -Vol.155.-P.945-949.
9. Sandberg K. Blood typing of horse: current status and application to identification problems // K. Sandberg / *Proc. First World Congress genet. Applied to Livestock Prod. Madrid, (1974). Vol.180. – P.1477-1478.*
10. Zorc, M., Škorput, D., Gvozdanić, K., Margeta, P., Karolyi, D., Luković, Z., Salajpal, K., (...), Dovč, P. Genetic diversity and population structure of six autochthonous pig breeds from Croatia, Serbia, and Slovenia. (2022) *Genetics Selection Evolution*, 54 (1), art. no. 30. doi: 10.1186/s12711-022-00718-6
11. Beishova, I.S. Қостанай зhyлқы тұқымуның негизгі аталық іздерinin genetic polymorphisms: Ауылшаруашылығы ғылымд. cand.... dis. abstract / I.S. Beishova; ZhSS «Kazakh tulpary». – Astana, (2010). – 24 p.
12. Blokhina N.V., Khrabrova L.A., Zaitsev A.M., Gavriličeva I.S. Evaluation of the genetic diversity of microsatellite loci in horses of heavy draft breeds. *Genetics and animal breeding*. No. 2, (2018), pp. 39-44.
13. Burabaev A.A., Marzanov N.S., Mamadaliev S.N., Koshemetov Zh.K., Azhibayev A.Zh. Establishment of genetic relationships between different breeds of sheep of the Republic of Kazakhstan using DNA-microsatellites // *Bulletin of Science of the Kazakh Agrotechnical University*. S. Seifullin. (2009). C 185-189.
14. Vidyakina, A. Yu. Linear structure and polymorphism of blood groups in the population of black-and-white cattle in CJSC «KIPEN» / A. Yu. Vidyakina, V. I. Mityutko // . – 2017. – V. 8, No. 1. – S. 165-168. – EDNXMIAWL.
15. Denisova, O. A. The use of genetic markers in the breeding of farm animals / O. A. Denisova // *Bulletin of youth science of the Altai State Agrarian University*. – 2016. – No. 1. – P. 142-145. – EDN DAANGK.
16. Dubrovskaya P.M. Guidelines for the use of polymorphic systems of proteins and blood groups in the control of the reliability of the origin of horses / R.M. Dubrovskaya et al. VNIIC, 1986. – 39 p.
17. Zinov'eva N.A., Strekozov N.I., Molofeeva L.A. Evaluation of the role of DNA microsatellites in the genetic characteristics of the black-and-white cattle population. *Zootechnics*. No. 1 (2009). pp. 2-4.
18. Kalashnikov, B.B. Study of satellite DNA polymorphism in horses of factory and local breeds // V.V. Kalashnikov, L.A. Khrabrova, A.M. Zaitsev et al. No. 6 (2010). – P.48-50.
19. Kikebaev N.A. Zootechnical and genetic characteristics of stallions of the Kostanay, English thoroughbred riding and Arabian breeds. // *Bulletin of science KazATU named after. S. Seifullin*. No. 2. (2011), V.69, C 3-7.
20. Musabaev B.I., Zhanserkenova O.O., Vetrinskaya A.A., Nurtleuova S.S. Microsatellites locustar boyinsha alatau тұқымынyn DNA polymorphism in anyktau // *Zharshy* No. 2 (2010). 40-43 b.
21. Chysyma, L.A. Khrabrova, A.M. Zaitsev, E.Yu. Makarova, Yu.N. Fedorov, B.M. Ludu. Assessment of genetic diversity in populations of Tuvan horses by loci of blood systems and microsatellite DNA. *Agricultural Biology*, Vol. 52, No. 4, (2017), C. 679-685.
22. Smagin A.V., Sirotyuk E.A. L. B. Popok and others; under total ed. I. S. Belyuchenko. *System ecology*. – Krasnodar: KubGAU. (2017). C.164.
23. Kharzinova V.R., Zinovieva V.R. Characteristics of the allele pool of the Berkshire breed of pigs // *Sat. scientific tr. Stavropol Research Institute of Animal Husbandry and Forage Production*. (2013). -286-290 p.
24. Khrabrova L.A., Blokhina N.V., Gavriličeva I.S., Yurieva I.B. Characterization of the genetic structure of the Pechora horse by the loci of DNA microsatellites. *Modern achievements and actual problems in horse breeding*. (2019), article in the conference proceedings. With. 282-287.
25. Khrabrova L.A., Doctor of Agricultural Sciences. Comparative characteristics of the allele pool of local horse breeds by DNA markers – Ko