

Қазақстан Республикасы Тәуелсіздігінің 30 жылдығына арналған «Сейфуллин оқулары – 17: «Қазіргі аграрлық ғылым: цифрлық трансформация» атты халықаралық ғылыми – тәжірибелік конференцияға материалдар = Материалы международной научно – теоретической конференции «Сейфуллинские чтения – 17: «Современная аграрная наука: цифровая трансформация», посвященной 30 – летию Независимости Республики Казахстан.- 2021.- Т.1, Ч.1 - С.380-384

ҚАЗАҚСТАННЫҢ БАТЫС ЖӘНЕ СОЛТҮСТІК Өңірлеріндегі АБЕРДИН-АНГУС ТҰҚЫМЫ ІРІ ҚАРА МАЛЫНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ПОЛИМОРФИЗМІ

*Сидарова А.Ж., магистрант
Жәңгір хан атындағы БҚАТУ, Орал қ.
Шәмшідін Ә.С*

Генетикалық ресурстарды сақтау және селекцияны жеделдету міндеттері, олардың гендік қорын бақылауды ерекше қажет ететіндіктен, молекулалық-генетикалық маркерлері бұрыннан бері қолданылып келеді. Молекулалық-генетикалық маркерлердің көмегімен тұқымның тарихы мен генеалогиясын қайта құру, олардың таралуы, олардың гендік қорының ерекшеліктерін анықтау, жергілікті тұқымдарды тұрақты пайдалану мен оларды сақтаудың генетикалық негізделген бағдарламаларын әзірлеу, геномдық іріктеу мақсатында сандық белгілердің негізгі гендерін картаға түсіру сияқты зерттеу міндеттері шешілді. Сонымен қатар маркерлер шығу тегі қателіктерін жою, түпкілікті өнімнің саны мен сапасын болжау әдістерін жасау, бағып-күту жағдайлары мен инфекциялық агенттерге төзімділік, тұқым қуалайтын аурулар мен қоздырғыштардың жұқтырылуын бақылау сияқты қолданбалы мәселелерді шешу үшін қолданылды [1].

Микросателлиттер алғашқы рет ПТР көмегімен жүргізілген, дара локустарға арналған жоғары полиморфты маркерлер. Микросателлитті маркерлер ұзындығы ди, три, тетра нуклеотид болатын қысқа олигонуклеотидтердің бірізділіктерінен тұратын тандемді қайталанатын ДНҚ-н қысқа учаскелері болып табылады [2].

Жоғары полиморфты микросателлитті локустар микроэволюциялық процестерді, популяциялардың генетикалық құрылымын және аллельдердің жоғары әртүрлілігіне және гетерозиготалықтың жоғары деңгейіне байланысты популяциялар арасындағы өзара әрекеттесуді зерттеудің ыңғайлы құралы болып табылады [3,4,5]. Ірі қара малының генетикалық сараптамасын жасауға ДНҚ-ның типтік панелі, жануарлардың генетикасын зерттейтін Халықаралық қоғамы (ISAG) ұсынған ДНҚ 15 аутосомдық динуклеотидті (ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006, CSRM60) микросателлитті локустары қолданылды.

Батыс және Солтүстік Қазақстан облыстарында өсірілетін абердин-ангус тұқымның 428 бас ірі қара малы талданды. Зерттеу жұмыстарына

биологиялық үлгі ретінде ірі қара малдың 0,5-1 см көлемінде жүн талшықтары іріктеліп алынды. Геномдық ДНҚ-ны алу үшін өндірушінің нұсқауларына сәйкес «ДНҚ-Экстран-2» (Ресей) реагенттер жиынтығы қолданылды. Шаш буылтығынан бөлінген таза ДНҚ-ны «COrDIS Cattle» (Ресей) өндіруші фирмасы ұсынған реактивтер жинағы мен өндіруші фирма ұсынған әдістемесі бойынша полимеразды тізбекті реакциясы «Proflex» (АҚШ) амплификаторында жүргізілді. Графикалық нәтижелерді түсіндіру GeneMapper бағдарламасында жүзеге асырылды, статистикалық өңдеу "Microsoft Excel 2010" бағдарламасын қолдану арқылы жүргізілді. Флуоресцентті бояғыштармен белгіленген ДНҚ амплифицирленген фрагменттерін бөлу Applied Biosystems 3500 (АҚШ) генетикалық талдағыш құрылғысын пайдалана отырып, капиллярлық электрофорез әдісімен жүргізіледі.

ДНҚ-ның 15 микросателлиттік локусы бойынша зерттелетін тұқымның аллелофондын талдау кезінде маркерлердің әрқайсысының полиморфизмін сипаттайтын деректер алынды. Локустардағы аллельдердің жалпы саны және олардың локустарға таралуы популяцияның генетикалық әлеуетінің өзгергіштігінің көрсеткіші болып табылады. Әдетте, аллельдер санының көбеюі және олардың локустар бойынша біркелкі таралуы генетикалық өзгергіштіктің жоғарылауын көрсетеді. Локуста аллельдер саны көп болса, популяцияны сипаттау үшін ақпараттандыру жоғары болады. Талдау нәтижесінде барлығы 197 аллель, оның 103 аллель Батыс Қазақстан облысының абердин-ангус ірі қара мал тұқымы, ал Солтүстік Қазақстанның облысының абердин-ангус ірі қара мал тұқымында 94 аллель анықталды. Зерттелген локустарда 4-тен 12-ге дейін аллель болды. Локустағы аллельдердің орташа саны 6,3 (Солтүстік Қазақстан облысы), 6,9 аллель (Батыс Қазақстан облысы) болды. Аллельдердің ең көп саны Батыс Қазақстан облысының абердин-ангус ірі қара малының TGLA53 локусында 11 және Солтүстік Қазақстан облысы абердин-ангус ірі қара малында 12 аллель кездесті, ал аллельдердің ең аз саны (4-5 аллель) екі өңірде де BM1824, ETH10, TGLA126, ETH3, INRA23, локустарында болды (1-кесте).

1 - кесте – Микросателлиттер полиморфизміне сипаттама, (n=428)

Абердин-ангус ірі қара мал тұқымы (Батыс Қазақстан облысы)			Абердин-ангус ірі қара мал тұқымы (Солтүстік Қазақстан облысы)		
Локус	Аллель	Аллельдер саны	Локус	Аллель	Аллельдер саны
BM1818	258-270	6	BM1818	258-270	6
ETH3	117-127	5	ETH3	117-127	5
CSSM66	179-205	9	CSSM66	179-199	8
INRA23	200-216	5	INRA23	200-214	5
ILSTS6	286-300	8	ILSTS6	288-300	7
TGLA227	81-97	7	TGLA227	81-97	7
TGLA126	113-123	5	TGLA126	113-123	4
TGLA122	141-185	10	TGLA122	143-161	6
SPS115	240-260	6	SPS115	240-262	7

ETH225	130-150	7	ETH225	140-146	5
TGLA53	154-184	11	TGLA53	154-186	12
CSRM60	88-106	8	CSRM60	88-104	6
BM2113	152-141	8	BM2113	121-141	8
BM1824	178-188	4	BM1824	178-188	4
ETH10	215-221	4	ETH10	215-221	4
Орташа мәні	-	6,9	Орташа мәні	-	6,3

Абердин-ангус тұқымы зерттелген табында аллельдердің кездесу жиілігі 0,002-ден 0,696-ға дейін (Батыс Қазақстан облысы), 0,002-ден 0,633-ке дейін (Солтүстік Қазақстан облысы) болды.

Гетерозиготалықты бағалау бұл популяциялық-генетикалық зерттеулерде маңызды құрамдас бөлігі болып табылады. Гетерозиготалылық - гетерозиготаға әртүрлі сапалы гаметалардың қосылуы кезінде пайда болады және гомологиялық хромосомаларында геннің әр түрлі аллельдері бар организмдерде байқалады. Гетерозиготалық бейімделу процесінде оң рөл атқаратыны белгілі, гетерозиготалық деңгейдің жоғары болуы жануарларға бірқатар артықшылықтарға ие болады, оның ішінде өміршеңдігі артады, импортталатын мал басы үшін өте маңызды болып табылады. Осыған байланысты бақыланатын және күтілетін гетерозиготалық деңгейі есептелінді [6].

Батыс Қазақстан облысының абердин-ангус тұқымының зерттелген тобында бақыланатын (0,804) және күтілетін (0,801) гетерозиготаның ең жоғары деңгейі BM2113 локусында, ал Солтүстік Қазақстан облысының абердин-ангус тұқымының зерттелген тобында күтілетін гетерозиготалық деңгей BM2113 локусында да (0,806) жоғары болды, ал бақыланатын (0,827) гетерозиготаның ең жоғары деңгейі TGLA227 және ETH225 локустарында мәні бірдей болды. Ең төмен деңгей ETH3 локусында (0,495 және 0,489) Батыс Қазақстан облысын абердин-ангус тұқымдарында, ал Солтүстік Қазақстан облысы абердин-ангус тұқымдары TGLA122 локусында (0,555 және 0,519) ие болды. Бақыланатын гетерозиготалықтың орташа көрсеткіші 0,679 құрады, ал күтілетін 0,672 құрады, ал Солтүстік Қазақстан облысының бақыланатын (0,718) және күтілетін (0,704) гетерозиготалықтың орташа көрсеткіші, Батыс Қазақстан облысының абердин-ангус тұқымының орташа көрсеткіштерінен жоғары болды (2-кесте).

2 - кесте – 15 микросталиттік локус бойынша абердин ангус тұқымына сипаттама, (n=428)

	H _E	H _O	F _{is}	A _E	H _E	H _O	F _{is}	A _E
Локус	Абердин ангус ірі қара мал тұқымы (Батыс Қазақстан облысы)				Абердин ангус ірі қара мал тұқымы (Солтүстік Қазақстан облысы)			
BM1818	0,753	0,692	0,081	4,041	0,676	0,668	0,012	3,086
ETH3	0,489	0,495	-0,013	1,958	0,670	0,631	0,058	3,030

CSSM66	0,707	0,748	-0,057	3,419	0,704	0,752	-0,068	3,378
INRA23	0,622	0,640	-0,029	2,648	0,654	0,687	-0,050	2,890
ILSTS6	0,776	0,743	0,042	4,460	0,796	0,818	-0,028	4,902
TGLA227	0,723	0,762	-0,054	3,605	0,797	0,827	-0,038	4,926
TGLA126	0,553	0,542	0,020	2,238	0,592	0,636	-0,074	2,451
TGLA122	0,611	0,636	-0,040	2,573	0,555	0,519	0,065	2,247
SPS115	0,632	0,621	0,032	2,717	0,654	0,668	-0,021	2,890
ETH225	0,744	0,729	0,020	3,906	0,776	0,827	-0,066	4,464
TGLA53	0,751	0,780	-0,045	4,016	0,759	0,743	0,021	4,149
CSRM60	0,692	0,720	-0,040	3,247	0,750	0,780	-0,040	4
BM2113	0,801	0,804	-0,004	5,025	0,806	0,776	0,037	5,155
BM1824	0,636	0,701	-0,094	2,747	0,701	0,724	-0,033	3,344
ETH10	0,591	0,575	0,036	2,445	0,674	0,710	-0,053	3,067
Орташа мәні	0,672	0,679	-0,010	3,270	0,704	0,718	-0,019	3,599

Ескерту - 1 – H_E -күтілетін гетерозиготалық деңгей, H_o -бақыланатын гетерозиготалық деңгей, F_{is} -фиксация индексі, A_E -полиморфтылық деңгейі

Полиморфизм деңгейін бағалау үшін тиімді аллельдердің (A_E) саны есептеліп, ETH3 локусында 1,958-ден BM2113 локусында 5,025-ке дейін болды (Батыс Қазақстан облысы), ал Солтүстік Қазақстан облысы абердин-ангус тұқымының TGLA122 локусында 2,247-ден BM2113 локусында 5,155-ті құрады. Тиімді аллельдердің саны неғұрлым аз болса, популяцияның генетикалық әртүрлілігі соғұрлым төмен болатыны белгілі. Полиморфтылық деңгейінің орташа көрсеткіші 3,270-ті (Батыс Қазақстан облысы) және 3,599-ды (Солтүстік Қазақстан облысы) құрады.

Фиксация индексінің көрсеткіші зерттелген локустардың көпшілігі үшін гетерозиготалардың артық немесе қалыпты мөлшерін көрсетеді, популяциядағы гетерозиготалардың жетіспеушілігі оң мәні немесе олардың артық болуы теріс мәнін көрсетеді [6].

F_{is} индексі параметрінің көрсеткіштеріне сәйкес 15 локустың нәтижелері бойынша зерттелген абердин-ангус тобы үшін гетерозиготалардың жетіспеушілігі BM1818, ILSTS6, TGLA126, SPS115, ETH225, ETH10 локустары бойынша байқалды, бұл ретте индекстердің мәндері 0,020-дан 0,081-ге дейін болды. Қалған локустар бойынша гетерозиготалардың артқаны байқалды, онда F_{is} индексі BM1824 локусы бойынша минус 0,094-тен BM2113 локусы бойынша минус 0,004-ке дейін ауытқиды. Орташа алғанда, барлық зерттелген 15 STR локустары үшін F_{is} индексі теріс болды және минус 0,010 құрады, бұл гетерозиготалардың шамалы артықтығын және тиісінше Батыс Қазақстан облысының абердин-ангус малындағы генетикалық әртүрліліктің жоғары деңгейін көрсетеді.

Солтүстік Қазақстан облысының абердин-ангус малындағы F_{is} индексі параметрінің көрсеткіштері гетерозиготалардың жетіспеушілігі BM1818, ETH3, TGLA122, TGLA53, BM2113 локустары бойынша байқалды және индекс мәндері 0,012-ден 0,065 ке дейін болды. Қалған он локус бойынша

гетерозиготалардың артқаны байқалды, онда Fis индексі SPS115 локусы бойынша минус 0,021-ден TGLA126 локусы бойынша минус 0,074-ке дейін ауытқиды. Барлық 15 микростелитті локус бойынша орташа мәні минус 0,019 құрады, бұл гетерозиготалардың артықтығын және Солтүстік Қазақстан облысының абердин-ангус малындағы генетикалық әртүрліліктің жоғары деңгейін көрсетеді.

Қортындылай келе, Батыс және Солтүстік Қазақстан өңірінің абердин-ангус тұқымында жалпы 15 микросателлитті локус бойынша 197 аллель анықталды. Локустағы аллельдердің орташа саны 6,3 (Солтүстік Қазақстан облысы), 6,9 аллель (Батыс Қазақстан облысы) болды. Екі өңірдің абердин-ангус тұқымдары генетикалық әртүрліліктің жоғары деңгейімен сипатталды.

Әдебиеттер тізімі

1. В.И. Глазко. Геномная селекция крупного рогатого скота: исследовательские и прикладные задачи // Известия ТСХА. 2011. №5.
2. Edwards A., Civitello A., Hammond H.A., Caskey C.T. DNA typing and genetic mapping with trimeric and tetrameric tandem repeats // Amer. J. Num. Genetics. – 1991. – Vol. 49. – P. 746-756.
3. Bowcock A., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J. et al. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites // Nature. 1994. V. 368. P. 455–457. doi 10.1038/368455a0.
4. Jarne P., Lagoda P.J.L. Microsatellites, from molecules to populations and back // Trends Ecol. Evol. 1996. V. 11. № 10. P. 424–429. doi 10.1016/0169-5347(96)10049-5.
5. Li Y.-C., Korol A.B., Fahima T., Nevo E. Microsatellites within genes: Structure, function, and evolution // Mol. Biol. Evol. 2004. V. 21. № 6. P. 991–1007. doi 10.1093/molbev/msh073.
6. Хабибрахманова Я.А., Калашникова Л.А., Ганченкова Т.Б., Павлова И.Ю., Труфанов В.Г. Генетическая характеристика голштинской породы с использованием микросателлитных маркеров // Сельскохозяйственный журнал. 2014. №7.