

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

УДК 636.32/38/05, 575.167

DOI: 10.26897/2074-0840-2020-3-2-7

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПОПУЛЯЦИИ ОВЕЦ КАЗАХСКОЙ ТОНКОРУННОЙ ПОРОДЫ ПО МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИМ МАРКЕРАМ ДНК

Ю.А. ЮЛДАШБАЕВ¹, А.Е. ЧИНДАЛИЕВ², С.Д. НУРБАЕВ³,
К.М. СЕЙТПАН², Д.А. БАЙМУКАНОВ⁴, А. ЕРТАЙ¹

¹ ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева»;

² ТОО «Учебный научно-производственный центр «Байсерке-Агро»; Республика Казахстан;

³ ТОО «Селекция орталыгы», Республика Казахстан;

⁴ ТОО «Казахский научно – исследовательский институт животноводства и кормопроизводства, Республика Казахстан

GENETIC STRUCTURE OF THE KAZAKH FINE-WOOL SHEEP POPULATION BASED ON MOLECULAR GENETIC MARKERS OF DNA

YU.A. YULDASHBAYEV¹, A.E. CHINDALIEV², S.D. NURBAEV³,
K.M. SEITPAN², D.A. BAIMUKANOV⁴, A. ERTAY¹

¹ FGBOU VO "Russian state agrarian University-Moscow agricultural Academy named after K.A. Timiryazev";

² TOO "Baiserke-agro Training research and production center", Republic of Kazakhstan;

³ "Selection of ortalygy" LLP, Republic of Kazakhstan;

⁴ TOO " Kazakh research Institute of animal husbandry and feed production, Republic of Kazakhstan

Аннотация. Представлены результаты популяционно-генетической структуры по 12 микросателлитным (МС) локусам ДНК казахской тонкорунной породы, разводимой в Республике Казахстан. Размер общей популяции (выборки) составил 33 голов.

Современная казахстанская популяция овец казахской тонкорунной породы характеризуется по следующим популяционно-генетическими показателям: среднее число аллелей (N) – 9,5833, средняя гетерозиготность (ожидаемая, H_e) – 0,8090, средняя гетерозиготность (наблюдаемая, H_o) – 0,6972, общая ожидаемая гетерозиготность H_t – 0,8177 и индекс фиксации индивидуальный (F_{is}) – 0,1459. Было идентифицировано 115 аллелей, из них типичных аллелей – 89 (с частотой более 0,01), приватных – 26 (с частотой менее 0,01) и эффективных – 68,9.

Ключевые слова: казахская тонкорунная порода овец, генетическая изменчивость, инбридинг, гетерозиготность, микросателлиты, ДНК.

Summary. The results of population-genetic structure for 12 microsatellite (MS) DNA loci of the Kazakh fine-wool breed bred in the Republic of Kazakhstan are presented. The size of the total population (sample) was 33 heads.

The modern Kazakh population of sheep of the Kazakh fine-wool breed is characterized by the following population-genetic indicators: the average number of alleles (N) – 9.5833, the average heterozygosity (expected, not) – 0.8090, the average heterozygosity (observed, but) – 0.6972, the total expected heterozygosity H_t – 0,8177 and the individual fixation index (F_{is}) – 0.1459. 115 alleles were identified, including 89 typical alleles (with a frequency of more than 0.01), 26 private alleles (with a frequency of less than 0.01), and 68.9 effective alleles

Key words: Kazakh fine-wool sheep breed, genetic variability, inbreeding, heterozygosity, microsatellites, DNA.

Введение. Казахская тонкорунная является породой овец мясо-шерстного направления [1]. Данная порода с численностью свыше 1 млн голов районирована в Алматинской области.

Основной задачей популяционно-генетических исследований в животноводстве является определение оценки генетической структуры популяций животных, существенно влияющей на результативность селекционного процесса [2].

Современные достижения в области молекулярной генетики, успехи в расшифровке геномов многих животных и растений, включая и овец (2014), существенно расширили базу маркер-вспомогательной селекции и обусловили актуальность разработки стратегии и тактики генетического мониторинга в животноводстве с учетом специфики каждой подотрасли [3].

В настоящее время многие селекционные программы по улучшению пород животных базируются на использовании генетических маркеров, что открывает реальные возможности для мониторинга генеалогической структуры, сохранения оптимального уровня генетического разнообразия, подбора и отбора животных с учетом генотипической оценки.

Для улучшения качества продукции животноводства Казахстана и интеграции его на мировой рынок требуется использование передовых

селекционно-генетических методов, которые позволяют создавать новые высокопродуктивные породы, типы и линии животных, адаптированных к той или иной зоне разведения. Для эффективности селекционного процесса, отбор и подбор высокопродуктивных особей должны проводиться с соблюдением строгого генетического мониторинга. В племенном животноводстве, в том числе в овцеводстве, метод генетического контроля происхождения сельскохозяйственных животных имеет большое значение, а генетическая паспортизация высокоценных генотипов является обязательным элементом зоотехнического учета в племенных хозяйствах. Определение аллелофонда отечественных пород овец ранее в Казахстане не проводилось. В этой связи являются актуальными генетические исследования для проведения оптимизации структуры, идентификации и паспортизации ценных генотипов, а также систематизации генетических ресурсов в овцеводстве [4, 5].

Цель: определить генетическую структуру популяции овец казахской тонкорунной породы по 12 микросателлитным локусам ДНК.

Основание для выполнения исследований и источник финансирования. Программа грантового финансирования Комитета МОН Республики Казахстан на 2018-2020 гг. ИРН: AP05134698 Биотехнологические методы интенсификации воспроизводства овцематок, получение скороспелых ягнят их интенсивное выращивание и откорм для производства высококачественной ягнятины.

Материалы. Объектами исследований являлись овцы новой создаваемой линии помесного барана-производителя № 98726044 казахской тонкорунной породы, разводимой в ТОО «Байсерке-Агро» Алматинской области.

Методы. Выделение ДНК из биологических материалов осуществляли общепринятыми методами [6, 7].

Количество и качество полученных ДНК проверяли на спектрофотометре NanoDrop 2000 фирмы «Thermo SCIENTIFIC», Транснациональная компания.

ПЦР амплификация и электрофорез. ПЦР амплификацию провели согласно методике фирмы ООО «COrDIS», Москва, Россия, описанная в наборе COrDIS Sheep «Набор реагентов для мультиплексного анализа 12-ти микросателлитных маркеров и локуса амелогенина овец».

COrDIS Sheep – набор реагентов для молекулярно-генетической характеристики овец с целью анализа родства и ДНК-индивидуализации животных на основе мультиплексного ПЦР-анализа 12-ти локусов, содержащих короткие тандемные повторы (STR), известные также как микросателлитные локусы, и гена амелогенина в качестве маркера пола.

13 анализируемых локусов составляют стандартную панель маркеров, рекомендованную Международным Обществом Генетики Животных (International Society of Animal Genetics – ISAG): McM042, INRA006,

McM527, ETH152, CSRD247, OarFCB20, INRA172, INRA063, MAF065, MAF214, INRA005, INRA023 и AMEL [8].

Праймеры для ПЦР подобраны с учетом проведения амплификации всех 13-ти локусов в одной пробирке (табл. 1). Размер всех амплифицируемых ПЦР продуктов <320 пар нуклеотидов (с учетом всех известных аллелей). Анализ результатов ПЦР проводится методом капиллярного электрофореза с использованием автоматических генетических анализаторов с лазериндуцированной флуоресцентной детекцией. В наборе COrDIS Sheep используется 5 флуоресцентных красителя, характеризующихся разными длинами волн эмиссии для возможности одновременной детекции в разных каналах флуоресценции. Праймеры мечены четырьмя флуоресцентными красителями, детектируемыми в каналах *Blue*, *Green*, *Yellow* и *Red*. Стандарт длины S550 мечен пятым, флуоресцентным красителем и детектируется в отдельном канале *Orange* одновременно с продуктом ПЦР.

Для получения полного STR-профиля образца достаточно 10 нанограмм недеградированной ДНК. Оптимальное количество – от 10 нанограмм и выше.

Реакционная смесь в наборе аликвотирована в реакционных стрипованных пробирках 0,2 мл и поставляется в лиофилизированном виде, благодаря чему реакционные смеси могут храниться при комнатной температуре не менее 18 месяцев без потери чувствительности. Компоненты реакции активируются добавлением определенного объема раствора активатора в каждую пробирку. Общий объем реакции 25 мкл. Максимальный объем вносимого в реакцию раствора ДНК может составлять 20 мкл.

ПЦР проводили на амплификаторе SimpliAmp™ Life Technologies Applied Biosystems, США.

Таблица 1

Описание микросателлитных маркеров COrDIS
Description of microsatellite markers COrDIS

SHEEP Локус	Структура единицы повтора
McM042	(AC)n
INRA006	(CA)n
McM527	(TG)n
ETH152	(AC)n
CSRD247	(CA)n
OarFCB20	(TG)n
INRA172	(TG)n
INRA063	(AC)n
MAF065	(CA) n
MAF214	(GT)n
INRA005	(GT)n
INRA023	(AC)n
AMEL	

Примечание. А – аденин, С – цитозин, Т – тимин и G – гуанин.

Электрофорез проводили на 4 капиллярным автоматическом генетическом анализаторе SeqStudio Life Technologies Applied Biosystems, США.

Полученные данные анализировали программным комплексом GenMapper v 5.0 [9].

Аллельные профили. Определяли частоты встречаемости аллелей, минимальное, максимальное и среднее число аллелей, частоты встречаемости аллелей, число информативных аллелей, число эффективных аллелей, число и частоты встречаемости приватных аллелей.

Частоты встречаемости аллелей рассчитывали отдельно для каждого локуса по формуле:

$$p_i = \frac{Np}{2N}$$

где p_i – частота встречаемости i -го аллеля, Np – количество аллелей в выборке, N – число голов в выборке.

Число информативных аллелей рассчитывали как число аллелей в популяции с частотой встречаемости более 1%.

Число эффективных аллелей, т.е. число аллелей, встречающихся с равной частотой в идеальной популяции, которое необходимо для получения такой же степени гомозиготности или генетического разнообразия в реальной популяции, рассчитывали по формуле:

$$N_e = \frac{1}{1 - H_e}$$

где N_e – число эффективных аллелей в популяции, H_e – средняя ожидаемая степень гетерозиготности.

Число приватных аллелей рассчитывали, как число аллелей в популяции с частотой встречаемости не более 1%.

Среднюю наблюдаемую степень гетерозиготности (H_o) рассчитывали для каждого локуса как отношение числа гетерозигот к общему числу исследованных животных. Для расчета H_o индивидуума находили среднее арифметическое значение H_o по всем исследованным 12 локусам.

Среднюю ожидаемую степень гетерозиготности (H_e) рассчитывали для каждого локуса, используя следующую формулу:

$$H_e = 1 - \sum_i p_i^2$$

где p_i – частота встречаемости i -го аллеля

Для расчета H_e индивидуума находили среднее арифметическое значение H_e по всем исследованным 12 локусам.

Общую ожидаемую гетерозиготность (H_t) рассчитывали для каждого локуса, используя следующую формулу:

$$H_t = 1 - \sum_i p_{si}^2$$

где p_{si} – средняя частота встречаемости i -го аллеля в популяции

Индекс фиксации индивидуальный (F_{is}) – коэффициент у индивидуумов по отношению к субпопуляции, служит мерой измерения снижения уровня гетерозиготности индивидуума вследствие неслучайного спаривания внутри каждой субпопуляции. Для расчета использовали формулу:

$$F_{is} = (H_e - H_o) / H_e$$

Для расчета популяционно-генетических показателей использовали статистический пакет [10] и программный комплекс собственной разработки на алгоритмическом языке FortranPowerStation v.2.0 [11].

Результаты исследований. Повышение эффективности селекционно-племенной работы в животноводстве, в том числе в овцеводстве, приобретает особое значение в период интенсификации и индустриализации производства продукции животноводства.

Основной задачей овцеводства является получение высокопродуктивных животных, имеющих желательные ценные признаки и обладающих хорошими технологическими свойствами. Большинство этих показателей имеет полигенную природу и детерминируются многими генами при взаимодействии с условиями внешней среды [12]. Эффективность селекционной работы определяется успешностью подбора к конкретным средовым условиям генотипов, носители которых в таких условиях отличаются желательной продуктивностью. С этой целью используются молекулярно-генетические маркеры генов. Они позволяют получать информацию о разных состояниях генов (аллельных вариантах) и непосредственно экспериментально исследовать, какие варианты отдельных генов и генных ансамблей имеют преимущественное распространение у групп организмов, несущих желательный комплекс признаков в конкретных средовых условиях. Использование большого количества генетических маркеров в качестве критериев селекционных процессов позволяет более достоверно оценивать генетический потенциал пород, популяций и отдельно взятых особей, более точно контролировать селекционные процессы в стадах, корректировать их направленность [13, 14]. Так, например, учет максимально большого количества генов позволяет более точно оценить уровень гомозиготности, а значит и степень консолидации стад [15].

Современная казахстанская популяция овец казахской тонкорунной породы характеризуется по следующим популяционно-генетическими показателями: среднее число аллелей (N) – 9,5833, средняя гетерозиготность (ожидаемая, H_e) – 0,8090, средняя гетерозиготность (наблюдаемая, H_o) – 0,6972, общая ожидаемая гетерозиготность H_t – 0,8177 и индекс фиксации индивидуальный (F_{is}) – 0,1459. Было идентифицировано 115 аллелей, из них типичных аллелей 89 (с частотой более 0,01), приватных – 26 (с частотой менее 0,01) и эффективных – 68,9 (табл. 2).

Таблица 2

**Выявленные аллельные варианты MC локусов
у популяции казахской тонкорунной породы (размер выборки 31 голов)**

Identified allelic variants of MS locus in the population Kazakh fine-wool breed (sample size 31 heads)

Локус MC	N	Na	Npr	Ne	He	Ho	Fis
CSRD247	11	7	4	6,8446	0,8539	0,8	0,063122
ETH152	7	7	0	6,6269	0,8491	0,56667	0,332627
INRA005	13	8	5	9,0579	0,8896	0,96667	-0,08663
INRA006	7	6	1	3,7078	0,7303	0,6	0,17842
INRA023	13	10	3	5,3390	0,8127	0,83333	-0,02539
INRA063	10	6	4	4,9333	0,7973	0,56667	0,289268
INRA172	7	6	1	2,8058	0,6436	0,4	0,378496
MAF065	7	7	0	5,1098	0,8043	0,56667	0,295454
MAF214	12	8	4	6,6577	0,8498	0,86667	-0,01985
McM042	8	6	2	4,6772	0,7862	0,6	0,236835
McM527	8	7	1	5,8411	0,8288	0,76667	0,074968
OarFCB20	12	11	1	7,2992	0,863	0,83333	0,034376
Сумма	115	89	26	68,900	9,7086	8,366667	1,751699
Средн. значение	9,5833	7,4166	2,1666	5,7417	0,80905	0,697222	0,145975

В работе Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А., Бурлылова С.С. и др. [16], были анализированы аллелофонд овец юга России. Были рассмотрены три породы овец: грозненская, ставропольская и советский меринос. Проведенные исследования показали, что наиболее близким к казахской тонкорунной породе по полиморфизму микросателлитных локусов является грозненская порода (табл. 3).

Для наглядности в рисунках приведены вышеуказанные характеристики.

Таким образом, полученные результаты свидетельствуют о наличии дифференциации популяции овец казахской тонкорунной породы. В первом приближении на основе полученных данных можно утверждать данную популяцию как эталонную овец казахской тонкорунной породы. Созданный впервые генетический профиль по микросателлитным маркерам данной казахстанской породы позволяет в будущем оценить других популяций овец казахской тонкорунной породы.

Выводы. Впервые в Республика Казахстан определена генетическая структура популяции овец казахской тонкорунной породы по 12 микросателлитным молекулярно-генетическим маркерам и гена амелогенина рекомендованного Международным Обществом

Сравнение аллелофонда различных пород овец

Comparison of allele in different breeds of sheep

Порода	N	Na	Npr	Ne	He	Ho	Fis
Ставропольская	11,9	-	-	7,7	0,851	0,51	0,401
Советский меринос	12,3	-	-	6,8	0,839	0,546	0,344
Грозненская	10,4	-	-	5,4	0,797	0,678	0,148
Казахская тонкорунная	9,5833	7,4166	2,1666	5,7417	0,809	0,6972	0,1459

Таблица 3

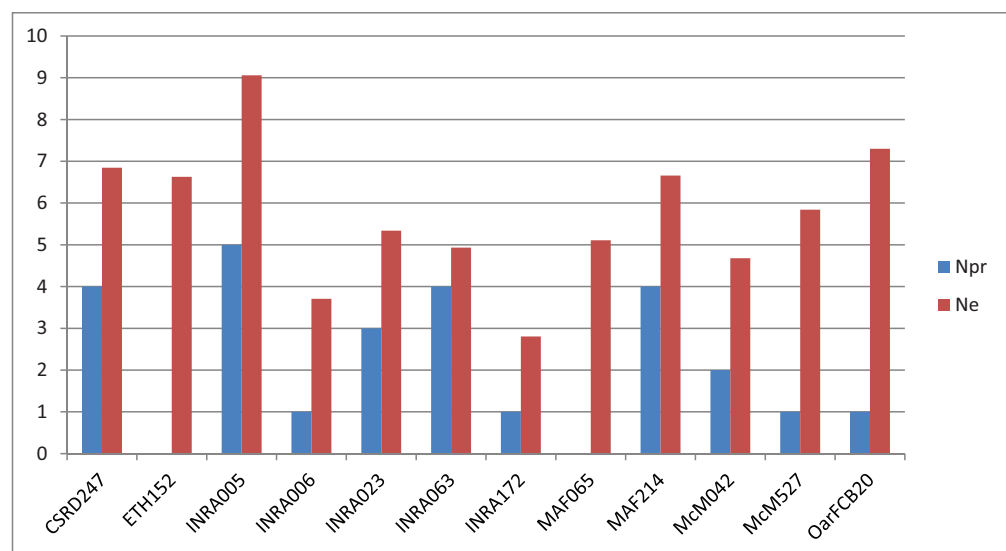


Рис. 1. Диаграмма встречаемости типичных и частных аллелей в популяции

Fig. 1. Diagram of the occurrence of typical and private alleles in the population

Генетики Животных (International Society of Animal Genetics – ISAG).

Созданный впервые генетический профиль по микросателлитным маркерам данной казахстанской породы позволяет в будущем оценить других популяций

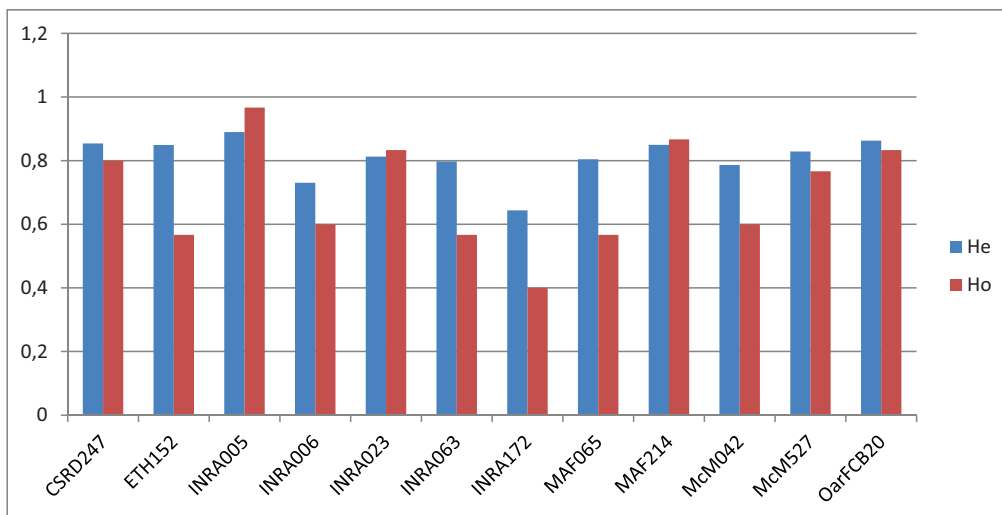


Рис. 2. Диаграмма встречаемости ожидаемых и наблюдаемых гетерозиготности в популяции

Fig. 2. Chart of expected and observed heterozygosity in the population

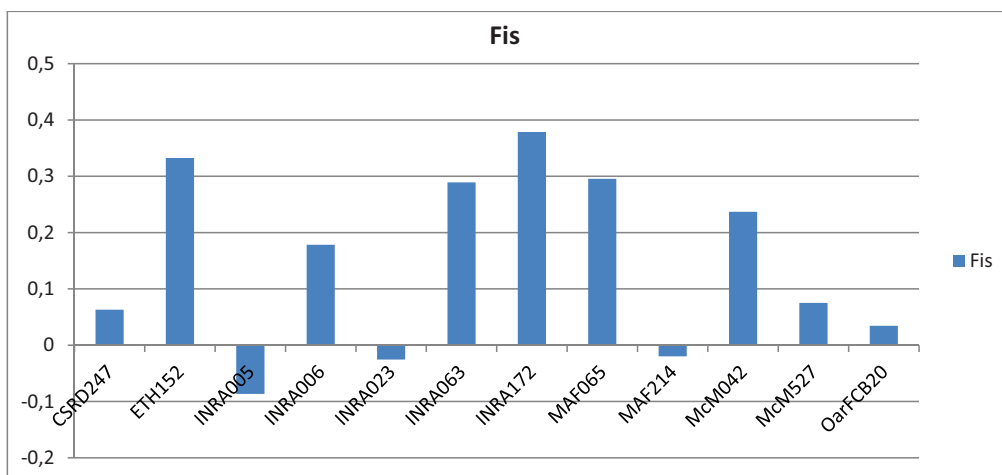


Рис. 3. Диаграмма индекса индивидуальной фиксации в популяции

Fig. 3. Chart of the individual fixation index in the population

овец казахской тонкорунной породы современными молекулярно-генетическими методами.

Обнаруженная изменчивость микросателлитных маркеров свидетельствует о наличии дифференциации популяции овец казахской тонкорунной породы.

ЛИТЕРАТУРА

1. Ерохин А.И. Овцеводство: учебник (ISBN978-5-7267-0643-6) / А.И. Ерохин, В.В. Котарев, С.А. Ерохин. – Воронеж: ФГБОУ ВПО Воронежский ГАУ, 2014. – 450 с.

2. Глазко В.И. Традиционная и метаболомическая селекция овец: моногр. / В.И. Глазко, Ю.А. Юлдашбаев, А.В. Кушнир, Б.К. Салаев, А.Н. Арилов (ISBN978-5-905554-74-2). – Москва: КУРС: ИНФРА-М, 2014. – 560 с.

3. Данкверт С.А. Овцеводство стран мира / С.А. Данкверт, А.М. Холманов, О.Ю. Осадчая. – Москва, 2010. – 508 с.

4. Данкверт А.Г. Животноводство / Учебное пособие (ISBN978-5-94939-065-8) – Москва: Издательство «Репроцентр М», 2011. – 376 с.

5. Мирзабеков С.Ш. Овцеводство / С.Ш. Мирзабеков, А.И. Ерохин. – Алматы: Издатмаркет, 2005. – 507 с.

6. Kawasaki E.S. Sample preparation from blood, cell and other fluids. PCR protocols, a guide to methods and applications // Academic Press. San Diego. N.Y. USA, 1990. – P. 146-152.

7. Blin N., Stafford D.W. A general method for isolation of high Molecular weight DNA from eucaryotes // Nucl. Acids Res. – 1976. – Vol.3. – P. 2303-2308.

8. ISAG conference Camelid Genetics and Genomics Workshop, Equine Genetics and Thoroughbred Parentage Testing Workshop, Pig Genetics and Genomics, Applied Genetics in Sheep and Goats, Cattle Molecular Markers and Parentage Testing Workshop. Xian, China, 2014.

9. Genemapper software. Applied Biosystems: <http://www.appliedbiosystems.com/absites/en/home/support/software/dna-sequencing/genemapper.htm>

10. Statistical Package for the Social Sciences v.17, <http://www.spss.com>.

11. Нурбаев С.Д. Авторское свидетельство. Автоматизированное рабочее место зоотехника селекционера (программа для ЭВМ / С.Д. Нурбаев, А.М. Омбаев, М.Б. Каратаева, А.К. Тугельбаева, Ж.М. Хамзина, А.М. Кобикбаева. Запись в реестре за № 2122 от 8.09.2017 Министерство юстиции РК.

12. Хлесткина Е.К. Молекулярные маркеры в генетических исследованиях и в селекции // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2013. – Т. 17. – № 4/2. – С. 1044-1054.

13. Kargayeva M.T., Baimukanov D.A., Karynbayev A.K., Alikhanov O., Zhunusov A.M. (2020). Productive-biological features of aday breed kazakh horses. Eurasian Journal of Biosciences, 2020 – Volume 14 Issue 1, pp. 329-335. <http://www.ejobios.org/article/productive-biological-features-of-aday-breed-kazakh-horses-7496>. Published Online: 03 Mar 2020. ISSN13079867.

14. Shamshidin A.S., Kharzhau A., Baimukanov D.A., Sermyagin A.A. (2019). Molecular genetic profile

of Kazakhstan populations of cattle breeds. Bulletin of national academy of sciences of the Republic of Kazakhstan. Volume 6, Number 382 (2019), 154-162. <https://doi.org/10.32014/2019.2518-1467.157>. ISSN2518-1467 (Online), ISSN1991-3494 (Print).

15. Сулимова Г.Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения // Успехи современной биологии. – 2004. – Т. 124. – С. 260-271.

16. Гладырь Е.А. Характеристика аллелофонда овец юга России / Е.А. Гладырь, Н.А. Зиновьева, С.С. Бурьлова и др // Достижения науки и техники АПК. – Москва. – 2012. – № 11. – С. 34-37.

REFERENCES

1. Erokhin A.I. Sheep Breeding: textbook (ISBN978-5-7267-0643-6) / A.I. Erokhin, V.V. Kosarev, S.A. Erokhin. – Voronezh: Voronezh state agrarian UNIVERSITY, 2014. – 450 p.

2. Glazko V.I. Traditional and metabolomic selection of sheep: Monogr./V.I. Glazkov Yu.A. Yuldashbaev, A.V. Kushnir, B.K. Salaev, A.N. Arilov (ISBN978-5-905554-74-2). – Moscow: COURSE: INFRA-M, 2014. – 560 p.

3. Dankvert S.A. Sheep-breeding countries of the world / S.A. Dankvert, A.M. Hulmanov, O. Osadchaya. – Moscow, 2010. – 508 p.

4. Dankvert A.G. animal Husbandry / Textbook (ISBN978-5-94939-065-8) – Moscow: Reprocenter M publishing house, 2011. – 376 p.

5. Mirzabekov S.Sh. Sheep breeding / S.Sh. Mirzabekov A.I. Erokhin. – Almaty: Izdatmarket, 2005. – 507 p.

6. Kawasaki E.S. Sample preparation from blood, cell and other fluids. PCR protocols, a guide to methods and applications // Academic Press. San Diego. N.Y. USA, 1990. – P. 146-152.

7. Blin N., Stafford D.W. A general method for isolation of high Molecular weight DNA from eucaryotes // Nucl. Acids Res. – 1976. – Vol.3. – P. 2303-2308.

8. ISAG conference Camelid Genetics and Genomics Workshop, Equine Genetics and Thoroughbred Parentage Testing Workshop, Pig Genetics and Genomics, Applied Genetics in Sheep and Goats, Cattle Molecular Markers and Parentage Testing Workshop. Xian, China, 2014.

9. Genemapper software. Applied Biosystems: <http://www.appliedbiosystems.com/absites/en/home/support/software/dna-sequencing/genemapper.htm>

10. Statistical Package for the Social Sciences v.17, <http://www.spss.com>.

11. Nurbaev S.D. Author's certificate. Automated workplace zootechnika breeder (computer program / S.D. Nurbaev,

A.M. Ombaev, M.B. Karataeva, A.K. Tugelbayeva, Zh.M. Khamzina, A.M. Kobikbayeva. Entry in the register for № . 2122 dated 8.09.2017 Ministry of justice of the Republic of Kazakhstan.

12. Khlestkina E.K. Molecular markers in genetic research and breeding // Vavilovsky journal of genetics and breeding, 2013, Vol. 17, No. 4/2, Pp. 1044-1054.

13. Kargayeva M.T., Baimukanov D.A., Karynbayev A.K., Alikhanov O., Zhunusov A.M. (2020). Productive-biological features of aday breed kazakh horses. Eurasian Journal of Biosciences, 2020 – Volume 14 Issue 1, pp. 329-335. <http://www.ejobios.org/article/productive-biological-features-of-aday-breed-kazakh-horses-7496>. Published Online: 03 Mar 2020. ISSN13079867.

14. Shamshidin A.S., Kharzhau A., Baimukanov D.A., Sermiyagin A.A. (2019). Molecular genetic profile of Kazakhstan populations of cattle breeds. Bulletin of national academy of sciences of the Republic of Kazakhstan. Volume 6, Number 382 (2019), 154-162. <https://doi.org/10.32014/2019.2518-1467.157>. ISSN2518-1467 (Online), ISSN1991-3494 (Print).

15. Sulimova G.E. DNA markers in genetic research: types of markers, their properties and applications // Advances in modern biology, 2004, Vol. 124, Pp. 260-271.

16. Gladyr E.A. Characteristics of the allelofond of sheep in the South of Russia / E.A. Gladyr, N.A. Zinovieva, S.S. Burylova and others // Achievements of science and technology in agriculture. Moscow, 2012, No. 11, Pp. 34-37.

Юлдашбаев Юсупжан Артыкович, академик РАН, доктор с.-х. наук, профессор, декан факультета зоотехнии и биологии, профессор кафедры частной зоотехнии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, г. Москва; e-mail: zoo@rgau-msha.ru;

Чиндалиев Асхат Ербосинович, магистр с.-х. наук, ТОО УНПЦ «Байсерке-Агро», Талгарский район, Алматинская область, Республика Казахстан; e-mail: achindaliyev@rambler.ru;

Нурбаев Серик Долдашевич, доктор биол. наук, профессор, зам. директора ТОО «Селекционный центр», г. Шымкент, Республика Казахстан; e-mail: sdnurbaev@mail.ru;

Сейтпан Кабылказы Мубаракулы, канд. с.-х. наук, ТОО УНПЦ «Байсерке-Агро», Талгарский район, Алматинская область, Республика Казахстан; e-mail: seitpan51@mail.ru;

Баймуқанов Дастанбек Асылбекович, член – корр. Национальной академии наук Республики Казахстан, гл. науч. сотр. ТОО «Казахский НИИ животноводства и кормопроизводства», г. Алматы, Республика Казахстан; e-mail: dbaimukanov@mail.ru;

Ертай Акбота, аспирант кафедры частной зоотехнии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, г. Москва; e-mail: zoo@rgau-msha.ru.