

Перевод на английский язык <https://vavilov.elpub.ru/jour>

## Дифференциация *Bos grunniens* и *Bos taurus* на основании полиморфизма STR-локусов

К.Б. Чекиров<sup>1</sup>, Ж.Т. Исакова<sup>2</sup>✉, В.Н. Кипень<sup>3</sup>, М.И. Ирсадиев<sup>2</sup>, С.Б. Мукеева<sup>2</sup>, К.А. Айтбаев<sup>2</sup>, Г.А. Шаршеналиева<sup>4</sup>, С.Б. Бейшеналиева<sup>4</sup>, Б.У. Кыдыралиева<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Кыргызско-Турецкий университет «Манас», Бишкек, Кыргызская Республика

<sup>2</sup> Научно-исследовательский институт молекулярной биологии и медицины, Бишкек, Кыргызская Республика

<sup>3</sup> Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси, Минск, Республика Беларусь

<sup>4</sup> Кыргызский государственный университет им. И. Арабаева, Бишкек, Кыргызская Республика

✉ jainagul@mail.ru

**Аннотация.** Дифференциация близкородственных биологических видов с использованием методов молекулярно-генетического анализа имеет важное значение для селекционных процессов при разведении сельскохозяйственных животных, создании гибридных линий, поддержании генетической чистоты пород, линий, отводков. Подход к дифференциации *Bos grunniens* и *Bos taurus* на основании полиморфизма STR-локусов будет способствовать поддержанию генетической обособленности данных видов и, как следствие, выявлению гибридных особей. Целью исследования была оценка дифференцирующего потенциала 15 микросателлитных локусов для различения особей домашнего яка (*B. grunniens*), разводимых в высокогорном регионе Калмак-Ашуу (Кочкорский район, Нарынская область, Кыргызская Республика), и крупного рогатого скота (*B. taurus*) трех пород (абердин-ангусская, голштинская и алатауская) с использованием молекулярно-генетического анализа. Образцы были генотипированы по 15 микросателлитным локусам (ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006 и CSRM60). Двенадцать из рассматриваемых STR-локусов составляли стандартную панель маркеров, рекомендованную ISAG. Статистический анализ данных проводили с использованием программ GenAEx v.6.503, Structure v.2.3.4, PAST v.4.03 и POPHELPER v1.0.10. Анализ субпопуляционной структуры исследуемых выборок в программе Structure v.2.3.4 по данным генотипирования 15 STR-локусов показал, что точность отнесения образца к *B. taurus* составила  $99.6 \pm 0.4$  %, к *B. grunniens* –  $99.2 \pm 2.6$  %. Наибольшим потенциалом для дифференциации *B. grunniens* и *B. taurus* обладали те локусы, для которых рассчитанные значения показателя FST оказались максимальными – BM1818 (0.056), BM1824 (0.041), BM2113 (0.030), CSSM66 (0.034) и ILSTS006 (0.063). Точность классификации *B. grunniens* с использованием только этих пяти микросателлитных локусов составила  $98.8 \pm 3.4$  %, *B. taurus* –  $99.1 \pm 1.2$  %. Предложенный нами подход, основанный на молекулярно-генетическом анализе пяти STR-локусов, может быть использован в качестве экспресс-теста в селекционных и воспроизводительных программах Кыргызстана для *B. grunniens*.

**Ключевые слова:** домашний як; *Bos grunniens*; крупный рогатый скот; *Bos taurus*; ДНК; микросателлитные маркеры; STR; генотипирование; дифференциация.

**Для цитирования:** Чекиров К.Б., Исакова Ж.Т., Кипень В.Н., Ирсадиев М.И., Мукеева С.Б., Айтбаев К.А., Шаршеналиева Г.А., Бейшеналиева С.Б., Кыдыралиева Б.У. Дифференциация *Bos grunniens* и *Bos taurus* на основании полиморфизма STR-локусов. Вавиловский журнал генетики и селекции. 2023;27(5):488-494. DOI 10.18699/VJGB-23-59

## Differentiation of *Bos grunniens* and *Bos taurus* based on STR locus polymorphism

К.Б. Chekirov<sup>1</sup>, Zh.T. Isakova<sup>2</sup>✉, V.N. Kipen<sup>3</sup>, M.I. Irsaliev<sup>2</sup>, S.B. Mukееva<sup>2</sup>, K.A. Aitbaev<sup>2</sup>, G.A. Sharshenalieva<sup>4</sup>, S.B. Beyshenalieva<sup>4</sup>, B.U. Kydyralieva<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Kyrgyz-Turkish Manas University, Bishkek, Kyrgyz Republic

<sup>2</sup> Research Institute of Molecular Biology and Medicine, Bishkek, Kyrgyz Republic

<sup>3</sup> Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

<sup>4</sup> Kyrgyz State University named after I. Arabaev, Bishkek, Kyrgyz Republic

✉ jainagul@mail.ru

**Abstract.** Differentiation of closely related biological species using molecular genetic analysis is important for breeding farm animals, creating hybrid lines, maintaining the genetic purity of breeds, lines and layering. *Bos grunniens* and *Bos taurus* differentiation based on STR locus polymorphism will help maintain the genetic isolation of these species and identify hybrid individuals. The aim of this study is to assess the differentiating potential of 15 microsatellite loci to distinguish between domestic yak (*B. grunniens*) bred in the Kalmak-Ashuu highland region (Kochkor district, Naryn region, Kyrgyz Republic) and cattle (*B. taurus*) of three breeds (Aberdeen-Angus, Holstein and Alatau) using molecular genetic analysis. The samples were genotyped at 15 microsatellite loci (ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122,

SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006 and CSRM60). Twelve of the loci were from the standard markers panel recommended by ISAG. Statistical analysis was performed using GenAIEx v.6.503, Structure v.2.3.4, PAST v.4.03, and POPHELPER v1.0.10. The analysis of the samples' subpopulation structure using the Structure v.2.3.4 and 15 STR locus genotyping showed that the accuracy of assigning a sample to *B. taurus* was  $99.6 \pm 0.4$  %, whereas the accuracy of assigning a sample to *B. grunniens* was  $99.2 \pm 2.6$  %. Of the 15 STRs, the greatest potential to differentiate *B. grunniens* and *B. taurus* was found in those with the maximal calculated  $F_{ST}$  values, including BM1818 (0.056), BM1824 (0.041), BM2113 (0.030), CSSM66 (0.034) and ILSTS006 (0.063). The classification accuracy of *B. grunniens* using only these five microsatellite loci was  $98.8 \pm 3.4$  %, similar for *B. taurus*,  $99.1 \pm 1.2$  %. The proposed approach, based on the molecular genetic analysis of 5 STR loci, can be used as an express test in Kyrgyzstan breeding and reproduction programs for *B. grunniens*.

Key words: domestic yak; *Bos grunniens*; cattle; *Bos taurus*; DNA; microsatellite markers; STR; genotyping; differentiation.

**For citation:** Chekirov K.B., Isakova Zh.T., Kipen V.N., Irsaliev M.I., Mukeeva S.B., Aitbaev K.A., Sharshenalieva G.A., Beyshe-naliev S.B., Kydyralieva B.U. Differentiation of *Bos grunniens* and *Bos taurus* based on STR locus polymorphism. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii* = *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2023;27(5):488-494. DOI 10.18699/VJGB-23-59

## Введение

Кыргызстан характеризуется многообразием природно-климатических условий. В связи с этим направления животноводства в различных зонах имеют свои особенности. Так, в высокогорье с успехом занимаются яководством, где для его развития созданы благоприятные кормовые условия. В низкогорье и среднегорье разводят крупный рогатый скот (КРС). По сравнению с КРС яки более полно используют низкорослые пастбищные корма, а зимой добывают его из-под снежного покрова толщиной 10–15 см. Мясо яков по всем показателям не уступает говядине и богато белками, а также важными для человека микроэлементами. Молочная продуктивность яков низкая, однако их молоко отличается высоким содержанием жира (5.5–8.6 %), фосфора (0.28 %) и кальция (0.30 %) (Абдыкеримов, 2001). Як не только дает молоко, мясо, шкуру, шерсть, но и служит для перевозки грузов у народов высокогорья Азии (Черткиев, Чортонбаев, 2007). Это животное представляет собой серьезную альтернативу домашнему крупному рогатому скоту; его легко выращивать на больших высотах с очень суровым и холодным климатом. Яки имеют развитую подкожную жировую клетчатку, покрытую сверху густой длинной шерстью, а также острые «стальные» копыта, которые позволяют им передвигаться по крутым каменистым тропам, что не под силу ни одному другому виду домашнего скота.

В отличие от обыкновенного КРС, который сейчас разводят на всех материках земного шара, ареал домашнего яка ограничен высокогорными районами Центральной Азии (Jacques et al., 2021). Причиной этого является само животное: домашний як, как и его дикий родич – тибетский як, отлично приспособлен к жизни в условиях гор и горных плато (Домашние животные Монголии..., 1936). И те и другие обитают в суровом климате высокогорий, где более восьми месяцев в году средняя температура близка к нулю, а минимальная приближается к  $-50$  °С. В таких условиях яки живут круглый год под открытым небом на подножном корме.

Одним из путей дальнейшей интенсификации яководства как самостоятельной отрасли животноводства является совершенствование технологии их содержания, улучшение племенных и продуктивных качеств яков, расширение знаний по их биологии, росту и формированию мясной продуктивности. Изучение генетических особенностей яков, позволяющих им жить в условиях

сурового климата высокогорья, представляет большой практический интерес.

В настоящее время наиболее удобные генетические маркеры для описания генетической структуры популяций разных видов животных, и в частности яков и КРС, – это полиморфные микросателлитные локусы ДНК (STR, short tandem repeat), которые имеют кодоминантный характер наследования и служат незаменимым инструментом при изучении генетических различий не только между животными, но и между популяциями одной породы, а также между породами.

Цель данного исследования – оценка дифференцирующего потенциала 15 STR-локусов (ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006 и CSRM60) для различения особой биологических видов *Bos grunniens* и *Bos taurus*.

## Материалы и методы

Биологическим материалом для молекулярно-генетического исследования послужили образцы крови, взятые у взрослого поголовья 55 домашних яков (*B. grunniens*), разводимых в высокогорном регионе Калмак-Ашуу (Кочкорский район, Нарынская область, Кыргызская Республика), – выборка YAK, а также образцы ДНК крови, взятые у взрослого поголовья 145 коров (*B. taurus*) трех пород – абердин-ангусской ( $n = 45$ , выборка ABR), голштинской ( $n = 50$ , выборка HOL) и алатауской ( $n = 50$ , выборка ALA). При исследовании были соблюдены все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных.

ДНК выделяли методом фенол-хлороформной экстракции (Sambrook, Russell, 2001). Образцы были генотипированы по 15 микросателлитным локусам, 12 из которых составляли стандартную панель маркеров, рекомендованную Международным обществом генетики животных (International Society of Animal Genetics, ISAG): ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818. Дополнительно проанализированы микросателлитные локусы CSSM66, ILSTS006 и CSRM60. Последовательность олигонуклеотидов представлена в табл. 1.

Анализ результатов ПЦР проводили методом капиллярного электрофореза с применением автоматического генетического анализатора с лазериндуцированной флуорес-

**Таблица 1.** Последовательность олигонуклеотидов для 15 STR-локусов

STR-локус	Праймер-F (5'>3')	Праймер-R (5'>3')	Литературный источник
CSSM66	AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG	ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA	Barendse et al., 1994
BM1824	GAGCAAGGTGTTTTCCAATC	CATTCTCCAACCTGCTTCCTTG	
SPS115	AAAGTGACACAACAGCTTACCAG	AACCGAGTGCCTAGTTGGCTGTG	Bovine Genome Project
CSRM60	AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA	AGGACCAGATCGTGAAAGGCATAG	
BM1818	AGCTGGGAATATAACCAAAGG	AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	Bishop et al., 1994
ILSTS006	TGTCTGTATTCTGCTGTGG	ACACGGAAGCGATCTAAACG	Brezinsky et al., 1993
TGLA227	GGAATCCAATCTGTTAATTTGCT	ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	Georges, Massey, 1992
TGLA126	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT	TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTC	
TGLA122	AATCACATGGCAAATAAGTACATAC	CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC	
TGLA53	GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA	ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	
ETH3	GAACCTGCCTCTCTGCATTGG	ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	Toldo et al., 1993
ETH10	GTTCCAGGACTGGCCCTGCTAACA	CCTCCAGCCCCTTTCTCTTCTC	
ETH225	GATCACCTTGCCACTATTTCTCT	ACATGACAGCCAGCTGCTACT	Steffen et al., 1993
BM2113	GCTGCCTTCTACCAAATACCC	CTTCTGAGAGAAGCAACACC	
INRA023	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC	TAACACAGGGTGTAGATGAACCTC	Vaiman et al., 1994

центной детекцией Applied Biosystems 3500 (ThermoFisher, США). В качестве референса для аллельного исчисления использовали образцы, валидированные с помощью набора COrDIS Cattle (ООО «Гордиз», Россия).

Статистический анализ данных выполняли с использованием программ GenAlEx v.6.503 (Peakall, Smouse, 2012), Structure v.2.3.4 (Pritchard et al., 2000), PAST v.4.03 (Hammer et al., 2001) и POPHELPER v1.0.10 (Francis, 2016). Так, программу GenAlEx v.6.503 применяли для оценки генетических дистанций по методу AMOVA (analysis of molecular variance); Structure v.2.3.4 – для расчета критерия Q, который характеризует принадлежность каждой отдельной особи к соответствующему кластеру (субгруппе в пределах группы); веб-приложение POPHELPER v1.0.10 – для графической интерпретации результатов, полученных в Structure v.2.3.4, программу PAST v.4.03 – для построения графика главных компонент на основе расчета генетических дистанций по методу AMOVA.

## Результаты и обсуждение

Анализ субпопуляционной структуры исследуемых выборок *B. grunniens* и *B. taurus* с использованием программы Structure v.2.3.4 по данным генотипирования 15 STR-локусов, а также наглядная демонстрация полученного результата, выражающаяся в отнесении особей к конкретной группе и графически представленная в веб-приложении POPHELPER v1.0.10, приведены на рис. 1.

В результате проведенного моделирования (длительность burn-in периода – 5000, количество MCMC (Markov chain Monte Carlo) повторов после burn-in периода – 50000, количество итераций – 10) показано, что имеется четыре четко выраженных кластера (K = 4, ΔK = 83.2). В программе Structure v.2.3.4 по методу J.K. Pritchard (Pritchard et al., 2000) для четырех выборок, ABR, HOL, ALA и YAK, также был рассчитан критерий Q, который характеризует принадлежность каждой отдельной особи к

соответствующей группе (виду). В выборке ABR параметр  $Q \geq 75\%$  был характерен для 88.9% (40/45) особей, точность классификации 94.4 ± 5.7%; HOL – 82.0% (41/50), точность 95.8 ± 3.3%; ALA – 90.0% (45/50), точность 96.3 ± 4.3%; YAK – 98.2% (54/55), точность 98.3 ± 3.2%. При объединении трех выборок *B. taurus* в одну (COW) и анализе только двух групп – COW и YAK, параметр  $Q \geq 75\%$  в первой группе был характерен для 100% (145/145) особей, точность 99.6 ± 0.4%; во второй группе – для 98.2% (54/55), точность 99.2 ± 2.6%.

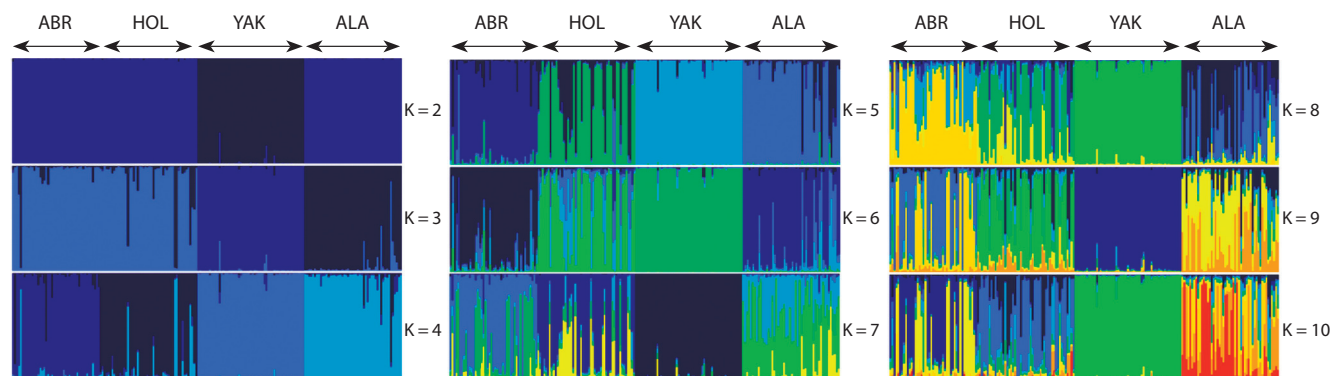
На основании анализа генетических дистанций, рассчитанных по алгоритму AMOVA, построен график главных компонент (principal component analysis, PCA) (рис. 2). Группы COW и YAK на графике разнесены друг относительно друга и образуют два неперекрывающихся массива.

Из 15 STR-локусов (ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006, CSRM60), анализируемых в рамках данного исследования, наибольшим потенциалом для решения задачи по дифференциации *B. grunniens* и *B. taurus* обладают те, для которых рассчитанные значения  $F_{ST}$  являются максимальными (табл. 2).

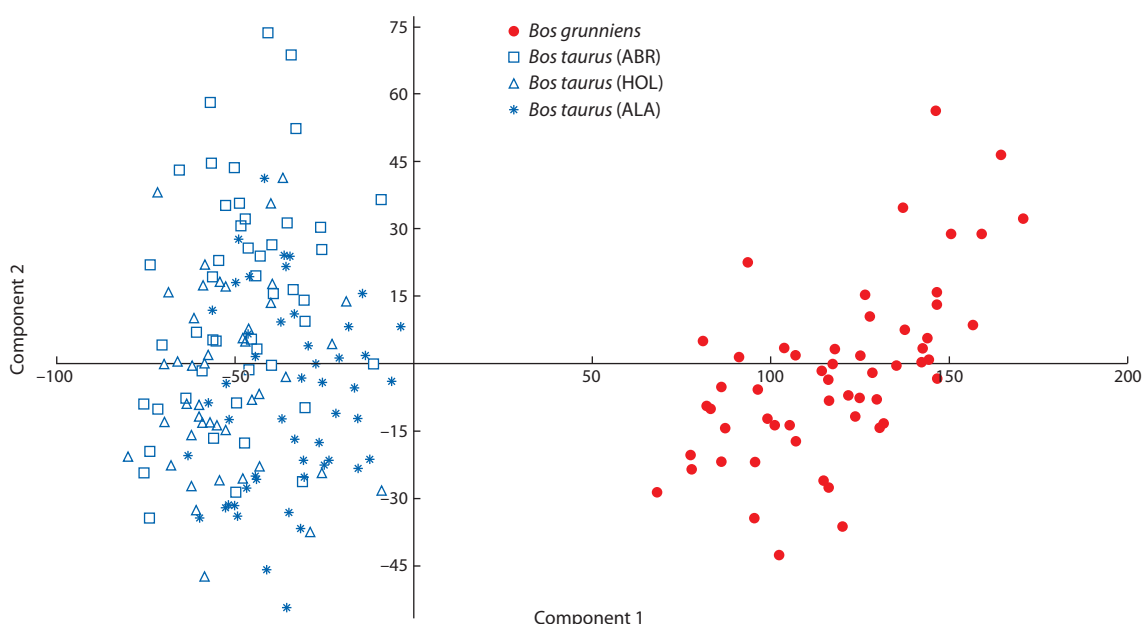
Подобный подход, направленный на разработку алгоритма дифференциации эволюционно близких животных с использованием STR-локусов, был описан в работах (Rebała et al., 2016; Nosova et al., 2020).

Набольшие рассчитанные значения  $F_{ST}$  показаны для STR-локусов BM1818, BM1824, BM2113, CSSM66 и ILSTS006. Информация об аллельном разнообразии и частоте распространенности аллелей для перечисленных выше STR-локусов представлена в табл. 3.

В результате для групп COW и YAK представленность мажорных аллелей сильно различается. В частности, для BM1818 в группе COW мажорными аллелями являлись



**Рис. 1.** Результаты анализа генетической структуры исследуемых выборок для наиболее вероятного числа кластеров (K) – от 2 до 10. Выборки: ABR – абердин-ангусская порода; HOL – голштинская; YAK – домашние яки; ALA – алатауская порода.



**Рис. 2.** Результаты анализа главных компонент (по совокупности 15 STR-локусов).

**Таблица 2.** Дифференцирующий потенциал 15 STR-локусов (результаты анализа locus-by-locus AMOVA для групп COW и YAK)

STR-локус	$F_{ST}$	$p$ -уровень	STR-локус	$F_{ST}$	$p$ -уровень	STR-локус	$F_{ST}$	$p$ -уровень
BM1818	<b>0.056</b>	<0.001	ETH10	0.017	<0.001	SPS115	0.024	<0.001
BM1824	<b>0.041</b>	<0.001	ETH225	0.013	<0.001	TGLA122	0.018	<0.001
BM2113	<b>0.030</b>	<0.001	ETH3	0.028	<0.001	TGLA126	0.017	<0.001
CSRM60	0.018	<0.001	ILSTS006	<b>0.063</b>	<0.001	TGLA227	0.022	<0.001
CSSM66	<b>0.034</b>	<0.001	INRA023	0.023	<0.001	TGLA53	0.029	<0.001

Примечание. Жирным шрифтом выделены максимальные значения  $F_{ST}$ .

256, 258 и 262 (суммарная частота распространенности – 84.1 %), для группы YAK мажорный аллель – 262 (встречаемость 56.4 %). Для BM1824 разница в частоте распространенности аллеля 195 в двух группах составила 24.0 % (COW – 18.3 %, YAK – 41.8 %), для аллеля 187 – 22.0 % (COW – 35.2 %, YAK – 12.7 %). Для STR-локуса BM2113 в группе YAK чаще всего встречались аллели

128 (23.6 %) и 130 (27.3 %), тогда как в группе COW суммарная частота этих аллелей составила всего 17.2 %.

Для локуса CSSM66 наблюдается схожая тенденция: имеет место значительное различие по частоте распространенности аллелей 172, 178, 180, 184 и 190. В локусе ILSTS006 для группы YAK наиболее распространенным оказался аллель 294 (42.7 %), для COW – аллели



**Таблица 3.** Частота распространенности аллелей среди *B. grunniens* и *B. taurus* для пяти STR-локусов с наибольшим дифференцирующим потенциалом (по результатам F<sub>ST</sub>)

Аллель	<i>B. taurus</i>	<i>B. grunniens</i>	Аллель	<i>B. taurus</i>	<i>B. grunniens</i>
<b>BM1818</b>			<b>CSSM66</b>		
250	0.010	–	172	0.134	0.045
254	0.007	0.036	176	0.028	0.118
256	0.303	0.191	178	0.010	0.145
258	0.297	0.091	180	0.169	0.036
260	0.066	0.091	182	0.148	0.227
262	0.241	0.564	184	0.148	0.027
264	0.021	–	186	0.214	0.055
266	0.048	–	190	0.062	0.200
272	0.003	–	192	0.031	–
274	0.003	–	194	0.045	0.091
276	–	0.027	196	0.010	0.045
<b>BM1824</b>			198	–	0.009
185	0.203	0.309	<b>ILSTS006</b>		
187	0.352	0.127	270	0.069	0.018
189	0.155	0.136	272	0.193	0.064
193	0.010	–	274	0.028	0.009
195	0.183	0.418	278	0.055	–
197	0.097	0.009	282	0.010	0.036
<b>BM2113</b>			284	0.003	0.018
124	0.059	–	286	0.114	0.218
128	0.066	0.236	288	0.052	–
130	0.107	0.273	290	0.128	0.182
132	0.003	–	292	0.238	0.009
134	0.166	0.082	294	0.083	0.427
136	0.128	0.064	296	0.028	–
138	0.045	0.127	298	–	0.009
140	0.124	0.027	300	–	0.009
142	0.100	0.009			
144	0.100	0.173			
146	0.034	0.009			
152	0.069	–			

286 (11.4 %), 290 (12.8 %), 272 (19.3 %) и 292 (23.8 %). Информация о частных аллелях для этих STR-локусов отражена в табл. 4.

На основании полученных результатов был проведен повторный анализ субпопуляционной структуры исследуемых групп с использованием программы Structure v.2.3.4 по данным генотипирования только пяти из 15 STR-локусов (табл. 5). Информация об аллельном разнообразии и частоте распространенности аллелей для этих STR-локусов представлена в табл. 3.

Моделирование в программе Structure v.2.3.4 (длительность burn-in периода – 5000, количество MCMC повторов после burn-in периода – 50 000, количество итераций – 10) показало, что имеются четыре четко выраженных кластера (K = 4, ΔK = 119.7). По методу (Pritchard et al., 2000) в про-

грамме Structure v.2.3.4 для четырех выборок – ABR, HOL, ALA и YAK – был рассчитан также критерий Q, который характеризует принадлежность каждой отдельной особи к соответствующей группе (виду). Параметр Q ≥ 75 % в выборке ABR был характерен для 88.9 % (40/45) особей, точность классификации 92.6 ± 5.8 %; HOL – 68.0 % (34/50), точность 92.4 ± 6.2 %; ALA – 82.0 % (41/50), точность 93.2 ± 5.6 %; YAK – 96.4 % (53/55), точность 97.7 ± 3.4 %. Для улучшения точности дифференциации особей голштинской породы необходимо расширить перечень анализируемых STR-локусов, в первую очередь ETH3, TGLA126 и TGLA122.

В совокупности точность дифференциации с использованием STR-локусов BM1818, BM1824, BM2113, CSSM66 и ILSTS006 в пределах двух групп составила: YAK

**Таблица 4.** Информация о частных аллелях для групп COW и YAK

Группа	STR-локус	Аллель	Частота	
COW	BM1818	266	0.048	
YAK		276	0.027	
COW		264	0.021	
COW		250	0.010	
COW		272	0.003	
COW		274	0.003	
COW		BM1824	193	0.010
COW			BM2113	152
COW		124		0.059
COW		132		0.003
COW	CSSM66	192		0.031
YAK		198	0.009	
COW	ILSTS006	278	0.055	
COW		288	0.052	
COW		296	0.028	
YAK		298	0.009	
YAK		300	0.009	

(*B. grunniens*) –  $98.8 \pm 3.4$  %, COW (*B. taurus*) –  $99.1 \pm 1.2$  %. Таким образом, точность дифференциации сохраняется даже при анализе только пяти из 15 STR-локусов.

Ранее в ИОГен РАН были исследованы гибриды яка с крупным рогатым скотом и по результатам анализа спектра ISSR (inter simple sequence repeats) в популяциях яка и гибридов F<sub>1</sub> выявлен видоспецифичный для яка паттерн из восьми ISSR-фрагментов (Stolpovsky et al., 2014). Также с использованием микросателлитного анализа изучен аллелофонд яков и их гибридов с *B. taurus*, на основании которого установлено высокое генетическое разнообразие для гибридов F<sub>1</sub> в сравнении с исходными видами (Аль-Кейси, 2011). В нашем исследовании гибридных особей между *B. grunniens* и *B. taurus* не выявлено.

### Заклучение

В настоящем исследовании оценивался дифференцирующий потенциал 15 STR-локусов (ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006, CSRM60) для решения задачи по дифференциации особей *B. grunniens* и *B. taurus*, а также для выявления гибридных особей между этими видами.

По данным анализа субпопуляционной структуры исследуемых групп, выполненного нами на основе результатов генотипирования по 15 STR-локусам, точность классификации особей *B. grunniens* составила  $99.1 \pm 1.2$  %, а особей *B. taurus* –  $99.6 \pm 0.4$  %. При генотипировании только пяти STR-локусов (BM1818, BM1824, BM2113, CSSM66, ILSTS006), дифференцирующий потенциал

**Таблица 5.** Дифференцирующий потенциал пяти STR-локусов (результаты анализа locus-by-locus AMOVA)

STR-локус	YAK/COW		YAK/ABR/HOL/ALA	
	F <sub>ST</sub>	p-уровень	F <sub>ST</sub>	p-уровень
BM1818	0.056	<0.001	0.207	<0.001
BM1824	0.041	<0.001	0.158	<0.001
BM2113	0.030	<0.001	0.130	<0.001
CSSM66	0.034	<0.001	0.113	<0.001
ILSTS006	0.063	<0.001	0.188	<0.001

которых по данным F<sub>ST</sub> был наибольшим и варьировал в пределах 0.030–0.063, точность классификации для *B. grunniens* составила  $98.8 \pm 3.4$  %, для *B. taurus* –  $99.1 \pm 1.2$  %.

Таким образом, анализ даже небольшого количества STR-локусов позволяет решать задачу по дифференциации домашнего яка и особей трех пород крупного рогатого скота (абердин-ангусская, голштинская и алатауская), разводимых в Кыргызстане. В то же время актуализация оценки точности дифференциации может потребовать проведения аналогичных исследований в среднесрочной перспективе.

### Список литературы / References

- Абдыкеримов А. Теория и практика разведения яков в Кыргызстане. Бишкек, 2001.  
[Abdykerimov A. Theory and Practice of Raising Yaks in Kyrgyzstan. Bishkek, 2001. (in Russian)]
- Аль-Кейси Т.В. Сравнительное исследование аллелофонда яков и их гибридов с крупным рогатым скотом с использованием микросателлитов: Дис. ... канд. биол. наук. Дубровицы, 2011.  
[Al-Kaisy T.V. Comparative study of the allele pool of yaks and their hybrids with cattle using microsatellites. Cand. Biol. Sci. Diss. Dubrovitsy, 2011. (in Russian)]
- Домашние животные Монголии. Материалы животноводственного отряда Монгольской экспедиции АН СССР в 1931 г. Под ред. Я.Я. Лус. М.; Л.: Изд-во АН СССР, 1936.  
[Luz Ya.Ya. (Ed.) Domestic Animals of Mongolia. Proceedings of the livestock detachment of the Mongolian expedition of the Academy of Sciences of the USSR in 1931. Moscow–Leningrad: Publishing House of the USSR Academy of Sciences, 1936. (in Russian)]
- Черткиев Ш.Ч., Чортонбаев Т.Дж. Научные основы формирования мясной продуктивности яков в онтогенезе. Бишкек, 2007.  
[Chertkiev Sh.Ch., Chortonbaev T.J. Scientific Basis for the Formation of Meat Productivity of Yaks in Ontogeny. Bishkek, 2007. (in Russian)]
- Barendse W., Armitage S.M., Kossarek L.M., Shalom A., Kirkpatrick B.W., Ryan A.M., Clayton D., Li L., Neiberghs H.L., Zhang N., Grosse W.M., Weiss J., Creighton P., McCarthy F., Ron M., Teale A.J., Fries R., McGraw R.A., Moore S.S., Georges M., Soller M., Womack J.E., Hetzel D.J.S. A genetic linkage map of the bovine genome. *Nat. Genet.* 1994;6(3):227-235. DOI 10.1038/ng0394-227.
- Bishop M.D., Kappes S.M., Keele J.W., Stone R.T., Sunden S.L.F., Hawkins G.A., Toldo S.S., Fries R., Grosz M.D., Yoo J., Beattie C.W. A genetic linkage map for cattle. *Genetics.* 1994;136(2):619-639. DOI 10.1093/genetics/136.2.619.
- Bovine Genome Project. Baylor College of Medicine Human Genome Sequencing Center. Genome Bovine Whole Genome Assembly release Btau\_3.1. URL: <http://www.hgsc.bcm.tmc.edu/projects/bovine/> (Application 25.07.2022).

- Brezinsky L., Kemp S.J., Teale A.J. ILSTS006: a polymorphic bovine microsatellite. *Anim. Genet.* 1993;24(1):73. DOI 10.1111/j.1365-2052.1993.tb00933.x.
- Francis R.M. POPHELPER: an R package and web app to analyse and visualise population structure. *Mol. Ecol. Resour.* 2016;17(1):27-32. DOI 10.1111/1755-0998.12509.
- Georges M., Massey J. Polymorphic DNA markers in Bovidae. Patent application WO PUBL NO 92/13102. World Intellectual Property Organization. Geneva, 1992.
- Hammer Ø., Harper D.A.T., Ryan P.D. Past: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontol. Electron.* 2001;4(1):4.
- Jacques G., d'Alpoim Guedes J., Zhang S. Yak domestication: a review of linguistic, archaeological, and genetic evidence. *Ethnobiol. Lett.* 2021;12(1):103-114. DOI 10.14237/ebi.12.1.2021.1755.
- Nosova A.Yu., Kipen V.N., Tsar A.I., Lemesh V.A. Differentiation of hybrid progeny of silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix* Val.) and bighead carp (*H. nobilis* Rich.) based on microsatellite polymorphism. *Russ. J. Genet.* 2020;56(3):317-323. DOI 10.1134/S1022795420030126.
- Peakall R., Smouse P.E. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics.* 2012;28(19):2537-2539. DOI 10.1093/bioinformatics/bts460.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics.* 2000;155(2):945-959. DOI 10.1093/genetics/155.2.945.
- Rębała K., Rabsava A.A., Kotova S.A., Kipen V.N., Zhurina N.V., Gandzha A.I., Tsybovsky I.S. STR profiling for discrimination between wild and domestic swine specimens and between main breeds of domestic pigs reared in Belarus. *PLoS One.* 2016;11(11):e0166563. DOI 10.1371/journal.pone.0166563.
- Sambrook J., Russell D.W. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. New York: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.
- Steffen P., Eggen A., Dietz A.B., Womack J.E., Stranzinger G., Fries R. Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Anim. Genet.* 1993;24(2):121-124. DOI 10.1111/j.1365-2052.1993.tb00252.x.
- Stolpovsky Yu.A., Kol N.V., Evsyukov A.N., Nesteruk L.V., Dorzhu Ch.M., Tsendsuren Ts., Sulimova G.E. Comparative analysis of ISSR marker polymorphism in population of yak (*Bos mutus*) and in F<sub>1</sub> hybrids between yak and cattle in the Sayan-Altai region. *Russ. J. Genet.* 2014;50(10):1163-1176. DOI 10.1134/S1022795414100135.
- Toldo S., Fries R., Steffen P., Neiberghs H.L., Barendse W., Womack J.E., Hetzel D.J., Stranzinger G. Physically mapped, cosmid-derived microsatellite markers as anchor loci on bovine chromosomes. *Mamm. Genome.* 1993;4(12):720-727. DOI 10.1007/BF00357796.
- Vaiman D., Mercier D., Moazami-Goudarzi K., Eggen A., Ciampolini R., Lepingle A., Velmala R., Kaukinen J., Varvio S.L., Martin P., Leveziel H., Guerin G. A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mamm. Genome.* 1994;5(5):288-297. DOI 10.1007/BF00389543.

---

#### ORCID ID

K.B. Chekirov orcid.org/0000-0001-6146-6750  
Zh.T. Isakova orcid.org/0000-0002-3681-6939  
V.N. Kipen orcid.org/0000-0002-7822-0746  
M.I. Irsaliev orcid.org/0000-0002-8364-8982

S.B. Mukeeva orcid.org/0000-0001-9584-4860  
K.A. Aitbaev orcid.org/0000-0003-4973-039X  
G.A. Sharshenalieva orcid.org/0000-0002-5016-2492  
S.B. Beyshenalieva orcid.org/0000-0003-4461-6993  
B.U. Kydyralieva orcid.org/0000-0001-9392-2773

**Благодарности.** Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства образования и науки Кыргызской Республики (договор № 30-21 от 15.02.2021 № 129/1).

**Конфликт интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Поступила в редакцию 19.08.2022. После доработки 06.02.2023. Принята к публикации 24.03.2023.