

Ақмамбаева* Ботақөз Есімқызы – ветеринариялық медицина кафедрасының аға оқытушысы, Қазақ агротехникалық университеті. С.Сейфуллина, 020202 Ақмола облысы Аршалы ауданы, с.Жібек жолы, Тілендиев к-сі, 17ү,1 п., тел.: 87016422397, e-mail: akmambaeva70@mail.ru.

Жанабаев Асылбек Абдрашитович – ветеринария ғылымдарының кандидаты, Қазақ агротехникалық университетінің ветеринариялық медицина кафедрасының аға оқытушысы. С.Сейфуллина, Астана қ. 010000 Керей Жанибекхандары к. 14В пат 20. Тел:87088590445, e-mail: zhanabaev.asylbek@mail.ru.

Байкадамова Гулнара Ахановна – ветеринария ғылымдарының кандидаты, доценті, Қазақ агротехникалық университетінің ветеринариялық медицина кафедрасының, С.Сейфуллина, Астана 010000 Мустафина к.15/1пат. 12. Тел: 87074472109, e-mail: guldoctor2@mail.ru.

Seitkamzina Dinara Maratovna – Candidate of Veterinary Sciences, Senior Lecturer at the Department of Veterinary Medicine, Kazakh Agrotechnical University. S. Seifullina, Astana 010000 G. Musrepov st./4, apt. 20, tel: 87078455017, e-mail: dinara_dnn@mail.ru.

Akmambayeva* Botakoz Ecimovna – Senior Lecturer, Department of Veterinary Medicine, Kazakh Agrotechnical University named after. S. Seifullina, 020202 Akmola region Arshaly district, with. Zhibek Zholy st. Tlendieva 17/1, tel. 87016422397, e-mail: akmambaeva70@mail.ru.

Zhanabaev Asylbek Abdrashitovich – Candidate of Veterinary Sciences, Senior Lecturer at the Department of Veterinary Medicine, Kazakh Agrotechnical University. S. Seifullina, Astana 010000 14V Kerey Zhanibek Khandary str., apt. twenty.tel:87088590445, e-mail: zhanabaev.asylbek@mail.ru.

Baykadamova Gulnara Akhanovna – Candidate of Veterinary Sciences, Associate Professor, Department of Veterinary Medicine, Kazakh Agrotechnical University named after S.Seifullin, Astana. 010000 Mustafina st. 15/1 sq. 12. Tel:87074472109, e-mail:guldoctor2@mail.ru.

УДК 576.312.32:636.295.082

МРНТИ 68.39.55

DOI: 10.52269/22266070_2023_1_45

О РЕЗУЛЬТАТАХ ГЕНОТИПИРОВАНИЯ *CAMELUS DROMEDARIES* И *CAMELUS BACTRIANUS* ПО ЛОКУСАМ ГЕНОВ АЛЬФА S₁ И КАППА-КАЗЕИНА

Терлецкий В.П.* – доктор биологических наук, профессор кафедры «Естествознания и географии», государственное автономное образовательное учреждение высшего образования Ленинградской области, Ленинградский государственный университет им А.С. Пушкина, Российская Федерация, Санкт-Петербург-Пушкин.

Тыщенко В.И. – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории «Молекулярной генетики», Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста» (ВНИИГРЖ).

Проведено генотипирование казахских верблюдов молочной породы *Camelus dromedarius* (n=18) и мясной породы *Camelus bactrianus* (n=18) по локусам альфа-S₁казеина (*as1-CN*) и каппа-казеина (*k-CN*) с помощью метода ПЦР-ПДРФ анализа. Авторами предложена новая пара праймеров для амплификации фрагмента гена *CSN3* с последующим расщеплением продуктов реакции эндонуклеазой рестрикции *AluI* с целью идентификации генетических вариантов гена. Выявлен ДНК полиморфизм только по локусу каппа-казеина. Большое несоответствие фактического распределения генотипа по локусу каппа-казеина с теоретическим распределением установлено для верблюдиц пород дромедар и бактриан. Наблюдается избыток гомозигот *TT* и *CC* (16 против 14,2 теоретически ожидаемых, 2 против 0,2 теоретически ожидаемых, соответственно) и недостаток гетерозигот *TC* (0 против 3,6 теоретически ожидаемых). Если эмпирическое и теоретическое распределение генотипов имеют одинаковое значение, то показатель хи-квадрат равен нулю. По мере увеличения разницы между наблюдаемыми и ожидаемыми числами значение хи-квадрат возрастает.

По второму гену, альфа-S₁казеина генетический полиморфизм у исследуемых популяций не обнаружен. Результаты генотипирования верблюдов казахских пород бактриан и дромедар по локусам альфа-S₁-казеина и каппа-казеина свидетельствуют, что верблюдицы породы дромедар более полиморфны по сравнению с бактрианами.

Ключевые слова: генотипирование, альфа S₁, каппа-казеин, ПЦР-ПДРФ анализ, казахские породы верблюдов, дромедары, бактрианы

ON THE RESULTS OF CAMELUS DROMEDARIES AND CAMELUS BACTRIANUS GENOTYPING BY ALPHA S₁ AND KAPPA-CASEIN GENES

Terletskiy V.P.* – Doctor of Biological Sciences, Professor of the Department of Natural Science and Geography, State Autonomous Educational Institution of Higher Education of the Leningrad Region, Leningrad State University named after A.S. Pushkin, Russian Federation, St. Petersburg-Pushkin.

Tyshchenko V.I. – Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals – Branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center for Animal Husbandry – VIZH named after Academician L.K. Ernst" (VNIIGRZH).

Genotyping of Kazakh milk camel *Camelus dromedarius* ($n = 18$) and meat camel *Camelus bactrianus* ($n = 18$) by loci for alpha S₁ and kappa casein genes using PCR-RFLP technique has been conducted. Authors proposed new pair of PCR primers for amplification of fragment of CSN3 gene with subsequent digestion of reaction products by AluI endonuclease restriction enzyme to identify genetic variations in the gene. DNA polymorphism at kappa casein gene has been detected whereas.

A large discrepancy between the actual distribution of the genotype according to the kappa-casein locus with the theoretical distribution has been established for camels of dromedar and bactrian breeds. There is an excess of TT and CC homozygotes (16 versus 14.2 theoretically expected, 2 versus 0.2 theoretically expected, respectively) and a lack of TC heterozygotes (0 versus 3.6 theoretically expected). If the empirical and theoretical distribution of genotypes have the same value then the chi-square index is zero. As the difference between observed and expected numbers increases, the chi-square value increases.

At the second gene, alpha S₁, no polymorphism has been observed. Genotyping data performed on two Kazakh camel breeds by allele analysis at alpha S₁ and kappa casein gene loci and by DNA fingerprinting suggest that individuals of former camel breed were more genetically polymorphic than those of later one.

Key words: genotyping, alpha-S₁, kappa-casein, PCR-RFLP analysis, Kazakh camel breeds, *Camelus dromedarius*, *Camelus bactrianus*.

АЛЬФА S₁ И КАППА-КАЗЕИН ГЕН ЛОКУСТАРЫ БОЙЫНША CAMELUS DROMEDARIES ЖӘНЕ CAMELUS BACTRIANUS ТҮЙЕЛЕРІН ГЕНОТИПТЕУ НӘТИЖЕЛЕРІ

Терлецкий В.П.* – биология ғылымдарының докторы, «Жаратылыстану ғылымдары және география», кафедрасының профессоры, Ленинград облысының автономиялық мемлекеттік жоғарғы білім беру мекемесі, А.С. Пушкин атындағы Ленинград мемлекеттік университеті, Ресей Федерациясы, Санкт-Петербург-Пушкин.

Тыщенко В.И. – биология ғылымдарының кандидаты, «Молекулярлық генетика зертханасының» аға ғылыми қызметкері, Бүкілресейлік генетика және ауылшаруашылық малдарын өсіру ғылыми-зерттеу институты, Академик Л.К. Эрнст атындағы Бүкілресейлік мал шаруашылығы институты Федералдық мемлекеттік бюджеттік ғылыми мекемесінің «Федералдық мал шаруашылығы орталығыны» филиалы (БГЖМӨФЗИ), Санкт-Петербург – Пушкин.

Сүтті тұқымды *Camelus dromedarius* ($n=18$) және етті тұқымды *Camelus bactrianus* ($n=18$) қазақ түйелеріне альфа-S₁-казеин (αs_1 -CN) және каппа-казеин (κ -CN) локустары бойынша ПТР-РФҰП талдау әдісімен генотиптеу жүргізілген. Авторлар геннің генетикалық нұсқаларын анықтау үшін CSN3 генінің фрагментін амплификация жасау үшін жаңа жұп праймерлерді қолданған, содан кейін AluI эндонуклеазасымен реакция өнімдерін рестрикция жасау арқылы генетикалық варианттарын анықтаған. Тек каппа-казеин локусы бойынша ғана ДНҚ полиморфизмі анықталған, ал екінші альфа-S₁ казеин гені бойынша зерттелген популяцияда генетикалық полиморфизм табылмаған.

Каппа-казеин орналасқан жері бойынша дромедар және бактриан тұқым түйелері үшін генотиптің нақты және теориялық таралу арасындағы үлкен сәйкессіздік анықталды.

ТТ және СС (теориялық тұрғыдан күтілетін 14,2-ге қарсы 16, сәйкесінше теориялық тұрғыдан күтілетін 0,2-ге 2,) гомозиготаларының артық мөлшері және ТС (теориялық тұрғыдан күтілетін 3,6-ға қарсы 0) гетерозиготалар жеткіліксіздігі анықталды. Егер генотиптердің эмпириялық және теориялық таралуы бірдей мәнге ие болса, хи-квадрат көрсеткіші нөлге тең. Бақыланатын және күтілетін сандар арасындағы айырмашылық өскен сайын хи-квадрат мәні артады.

Альфа-S₁-казеин және каппа-казеин локустары бойынша қазақ бактриан және дромедар тұқымдарының түйелерін генотиптеу нәтижелері дромедар тұқымды түйелердің бактриан тұқымдасымен салыстырғанда полиморфты екенін көрсетті.

Түйінді сөздер: генотиптеу, альфа S₁, каппа-казеин, ПТР-РФҰП талдауы, түйенің қазақ тұқымдары, дромедарлар, бактриандар.

Введение. В молоке верблюда имеются четыре казеиновых фракции (αs_1 -, αs_2 -, β - и κ CN). Каппа-казеин является гликозилированным белком, принадлежащим к семейству фосфопротеинов, и

представляет собой основной белковый компонент в молоке млекопитающих. Каппа-казеин играет существенную роль в стабилизации мицеллы казеина, определяя размер и специфические свойства молока [1, p.112].

Общее содержание белка в верблюьем молоке колеблется от 2,4% до 5,3% [2, p. 100]. Белки молока делятся на казеины (CN) и сывороточные белки [3, p. 498]. Казеиновая фракция составляет 52-89% [4, p.282] и распределяется по четырем фракциям: α s1-, α s₂ -, β - и κ -CN, кодируемые четырьмя аутосомными генами *CSN1S1*, *CSN1S2*, *CSN2* и *CSN3*. Содержание казеиновых фракций в молоке верблюда составляет: β -CN – 65%, α s1-CN – 22%, α s₂-CN – 9,5% и κ -CN – 3,5%. Интересно, что сравнение последовательностей мПНК *CSN1S1* у 11 видов животных показало более высокое сходство последовательностей данного гена *CSN1S1* между верблюдом и свиньей, по сравнению с верблюдом и крупным рогатым скотом, козой и овцами [5, p.277].

В настоящее время известна полная последовательность нуклеотидов гена *CSN3*, кодирующего синтез белка каппа-казеина и 5'-фланкирующая область гена размером 1045 пар нуклеотидов у верблюдов двух видов дромедар (*Camelus dromedaries*) и бактриан (*Camelus bactrianus*), которых часто классифицируют как породы. Последовательность гена *CSN3* включает 9391 пар нуклеотидов (п.н.) и состоит из 5 экзонов и 4 интронов, длина экзонов колеблется от 33 п.н. (экзон III) до 494 п.н. (экзон IV) и интронов от 1200 п.н. (интрон III) до 2928 п.н. (интрон II). Обнаружены высококонсервативные последовательности, расположенные в 5'-фланкирующей области гена. Суммарная длина экзонной части гена каппа-казеина верблюдов составляет 823 п.н, интронной части 8568 п.н., уровень гомологии последовательности гена *CSN3* с аналогичным геном крупного рогатого скота составляет 58,3%. В целом, ген верблюда *CSN3* имеет сходную организацию с геном крупного рогатого скота, с некоторыми различиями в интронной части. Анализ последовательности гена *CSN3* верблюда показал более низкое соотношение размера экзон/интрон (1:10,41), чем у крупного рогатого скота (1:14,42). Ген верблюда *CSN3* также характеризуется высоким содержанием А/Т нуклеотидов (69,6%) по сравнению с G/C (30,4%) [6, p. 22].

В 2013 году была секвенирована 5'-фланкирующая область и полная последовательность гена *CSN2* у верблюдов *Camelus dromedarius* [7, p. 159], длина промоторной части гена 2141 п.н. и экзон-интронной части – 7898 п.н., определена экзонно-интронная структура гена (9 экзонов и 8 интронов), длина экзонов колеблется от 24 п.н. (экзон V) до 519 п.н. (экзон VII) и интронов от 95 п.н. (интрон V) до 1950 п.н. (интрон I). Идентификация генетических вариантов у верблюдов *Camelus dromedarius* проведена путем амплификации 428 п.н. 5'-фланкирующей области гена *CSN2* и 231 п.н. первого экзона данного гена с использованием праймеров: прямого 5'-GTTTCTCCATTACAGCATC-3' и обратного 5'-TCAAATCTATACAGGCACTT-3', размер амплификата составил 659 п.н. Единственный SNP полиморфизм в позиции 2126 в 5'-фланкирующей области гена *CSN2* был выявлен с помощью эндонуклеазы *HphI* с сайтом рестрикции 5'...GGTGAN8↓...3'. По результатам ПДРФ анализа у исследуемой популяции верблюдов были выявлены три генетических варианта в промоторной части гена *CSN2*: AA, AG и GG. В зависимости от ДНК полиморфизма после рестрикции амплификата эндонуклеазой *HphI* образуются фрагменты: 608, 51 п.н. (AA), 352, 256, 51 п.н. (GG) и 659, 352, 256, 51 п.н. (AG). Кодирующая часть гена *CSN2* у данной популяции оказалась консервативной, т.е. не выявлен SNP полиморфизм [7, p. 159].

Несмотря на значительный уровень инбридинга у верблюдов двух экотипов (Butana, Darfur) Судана, среднее значение генетического разнообразия составило: среднее число аллелей – 11,5 ± 1,45, значение уровня полиморфизма PIC (polymorphic information content) – 0,67 ± 0,04, наблюдаемая гетерозиготность: 0,69 ± 0,05, ожидаемая гетерозиготность: 0,72 ± 0,04 [8, p.269]. Глобальный коэффициент инбридинга (FIT= 0,041 ± 0,03, P>0,05) объяснялся. Глобальный коэффициент инбридинга (FIT= 0,041 ± 0,03, P>0,05) объяснялся значительным внутривидовым инбридингом (FIS = 0,034 ± 0,03) и недостаточной, но весьма значимой дифференциацией между экотипами (FST = 0,008 ± 0,00; P<0,0001). В работе для исследования генетического разнообразия разных экотипов были использованы микросателлитные маркеры по 14 локусам [8, p.269].

В другой работе проведен ПЦР-ПДРФ анализ Египетской породы Маржаби. Распространенность генетических вариантов по локусу каппа-казеина составила: вариант СС (фрагменты 203, 127, 120 и 38 п.н.) – 12%, СТ (фрагменты 203, 158, 127, 120, 38 п.н.) – 40% и ТТ (фрагменты 203, 158 и 127 п.н.) – 48%, рассчитанные частоты аллели С – 32% и Т – 68% [9, p. 473]. Сравнение последовательности гена α s1-казеина у верблюда Маржаби с опубликованной последовательностью показало сходство в 99% и выявлен только один SNP (A → C) в положении 125. Молекулярная характеристика α s1-казеина была изучена у Суданских верблюдов методом ПЦР-ПДРФ [10, p. 88].

Пригодность использования верблюжьего молока для приготовления сыра была изучена учеными Республики Судан и показана возможность получения сыра из верблюжьего молока путем прямого подкисления (60% уксусной кислотой и нагревания при 66,4°C). Проведен химический анализ образцов сыра и получены средние значения основных компонентов. Оптимальная температура сыроварения из молока верблюдов была 66,24°C при pH4,3. Это свидетельствует, что из верблюжьего молока

можно приготовить сыр путем коагуляции молока с подкислением уксусной кислотой и процессами нагревания.

Каппа-казеин, как основной белковый компонент в молоке млекопитающих, играет важную роль в образовании и стабилизации молочных мицелл и предотвращает их агрегацию и, следовательно, помогает удерживать фосфат кальция в растворе и обеспечить биологическую доступность кальция и фосфора молока, что является особенно важным для питания человека. Полученные в результате секвенирования последовательности гена *CSN3* верблюдов иранских дромедаров и бактрианов сравнивали с базой данных NCBI. Результаты показали, что среди анализируемых последовательностей не было существенных различий. Кроме того, филогенетический анализ показал, что, согласно последовательности гена *CSN3*, иранские дромедары и бактрианы имеют высокую генетическую близость [11, р.219]. В последнее время идентификация SNP, особенно в кодирующих областях генов, осуществляются с использованием высокопроизводительной технологии секвенирования последнего поколения. Обнаружение SNP в кодирующих областях генома верблюда было проведено, чтобы понять взаимосвязь между генетическими и фенотипическими различиями. Это исследование было выполнено на двух различных типах ткани (сердце и почка) у двух разных видов верблюдов (*C. dromedarius* и *C. bactrianus*). Эта проверка и оценка SNP через массивы SNP должны рассматриваться как основа для геномных исследований у таких организмов, как верблюды [12, р.65].

Исследованиями на популяциях туркменских верблюдов не выявлена корреляция между генотипом по локусу каппа-казеина и показателями продуктивности у верблюдиц по удою и составу молока. Влияния аллелей гена на удои и состав молока были незначительными и авторы считают, что данный ДНК маркер не может использоваться для улучшения показателей продуктивности [13, р.61].

Для определения генетического расстояния и разнообразия популяции животных используются различные методы, такие как RAPD (Random amplified polymorphic DNA) и анализ микросателлитной ДНК [14, р.20]. Так, наиболее полиморфными оказались микросателлитные локусы YWLL44, YWLL08, YWLL59 для верблюдов Судани, Балади и Сомали. Генетическое расстояние между исследуемыми породами верблюдов колебалось от 0,73 до 0,92, со средним значением 0,82. Авторы, резюмируя полученные результаты, рекомендуют для генетического улучшения продуктивности верблюдов использовать полиморфизм микросателлитных локусов в качестве ДНК маркера [15, р.2626].

Индийскими учеными для исследования генетического расстояния и генетической вариативности популяции верблюдов породы каччи (Kachhi) были использованы 16 микросателлитных локусов, из них три локуса оказались мономорфными (YWLL-29, YWLL-36 и YWLL-40), высокополиморфными оказались локусы YWLL-08 (6 аллелей), VOLP-10 (5 аллелей) и LCA-63 (5 аллелей), YWLL-44 (5 аллелей). Фактическая гетерозиготность колебалась от 0,34 (VOLP-08) до 0,88 (VOLP-67), за исключением YWLL-58, где все образцы были гетерозиготными. Ожидаемая гетерозиготность варьировала от 0,33 (LCA-56) до 0,80 (YWLL-08). Значение данного показателя было 0,50 и более по 9 локусам из 13 микросателлитных локусов, показатель уровня полиморфизма PIC колебался от 0,277 (LCA-56) до 0,703 (VOIP-10), [16, р. 336].

Для прогнозирования мясной продуктивности у верблюдов рекомендуют использовать в качестве ДНК маркера локусы генов миогенного фактора (MYF 5) и гормона роста (GH). Были амплифицированы фрагменты гена миогенного фактора размером 400 п.н., гена гормона роста размерами 230 п.н. и 640 п.н. В кодирующей части гена MYF5 выявлена одна замена SNP в позиции 377 А→Т, которая привела к замене аминокислотного состава аминокислоты метионина на лизин. В 5'-фланкирующей области гена GH были выявлены три SNP полиморфизма в позиции 111 (G→А или G→С) и в позиции 380 (G→А), которые связаны с показателями мясной продуктивности [17, р. 2630].

В другой работе для детекции SNP в кодирующей части гена гормона роста (GH) у четырех пород верблюдов были использованы амплификация участка гена и рестрикция ПЦР продукта эндонуклеазами *MspI* (419 С→Т) и *HinPII* (450 Т→С). Установлена положительная корреляция гомозиготного генетического варианта СС (*HinPII* 450) с увеличением живой массы у верблюдов породы Сахели, у остальных пород не выявлена связь аллелей гена GH с показателями мясной продуктивности [18, р.289].

Совместными исследованиями ученых не выявлен полиморфизм в экзонной части гена миостатина (*MSTN*) у трех пород верблюдов *C. bactrianus*, *C. Ferus* и *C. Dromedarius* из разных регионов Алжира, Тунисы и Египета. По мнению авторов низкое генетическое разнообразие этих популяций связано с эволюционными процессами и с высоким уровнем инбридинга [19, р.367].

В целом, анализ литературных данных показывает, что учеными проводятся исследования по изучению ДНК полиморфизма генов альфа S₁ и каппа-казеина у верблюдиц, установлена корреляция между генетическими вариантами (аллелями) этих генов с содержанием в молоке белка и жира, технологическими свойствами верблюжьего молока.

Цель исследования – изучить распространенность генетических вариантов и частоты аллелей генов альфа-S₁-казеина и каппа-казеина у верблюдов бактриан и дромедар. Изучить генетическую полиморфность методом ПЦР-ПДФ анализа.

Задачи исследований – провести генотипирование казахских верблюдов молочной породы *Camelus dromedarius* и мясной породы *Camelus bactrianus* по локусам альфа-S₁-казеина (α s1-CN) и каппа-казеина (κ -CN) с помощью метода ПЦР-ПДРФ анализа.

Материал и методика. Кровь у верблюдиц пород дромедар (18 голов) и бактриан (18 голов) племенного хозяйства ТОО «Даулет-Бекет» Алматинской области Республики Казахстан взяли из яремной вены в вакуумные пробирки с ЭДТА в количестве 1,5 мл.

Выделение ДНК из крови проводилось с использованием традиционного фенольно-детергентного метода. Генотипирование по локусу каппа-казеина осуществлялось методом ПЦР-ПДРФ анализа с использованием праймеров: F-5'-CACAAAGATGACTCTGCTATCG-3', R-5'-GCCCTCCACATATGTCTG-3', [8] и разработанных нами праймеров:

F-5'-TTGTCATCTTCSTATTGGGTGTAA-3',

R-5'-CCCTCCACATATGTCTGTAGGAAT-3'.

В результате были изучены две однонуклеотидные замены: в позициях 68/69 и 631/632G/A гена каппа-казеина.

Для детекции аллелей гена альфа-S₁казеина была использована одна пара праймеров:

F-5'-TGAACCAGACAGCATAGAG-3'

R-5'-СТАААСТГААТGGGTGAAAC-3' [8].

ПЦР проводили на амплификаторе «Эфендорф» (Германия) с использованием реакционной смеси следующего состава: 5 мкл 10 X буфера для ПЦР, 1,5 мМ MgCl₂, 2,5 мкл 25 мкМ прямого и обратного праймеров, 5 мкл 0,2 мМ концентрации каждого dNTP, 0,4 мкл фермента Taq polymerase с активностью 5u/μl, 5 мкл ДНК и 26,5 мкл дистиллированной воды. Конечный объем смеси составил 50 мкл, количество циклов – 35, каждый цикл: 30 с – 94°C, 30 с – 56°C, 30 с – 72 °C. Генотипы определяли с помощью анализа ПДРФ с применением эндонуклеазы рестрикции *AluI* (Thermo Fisher Scientific) для локусов альфа-S₁ и каппа-казеина. В качестве маркера использовали pUC19/MspI и GeneRuler 50 bp DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific). Сигнал фотографировали в системе гель-документации Infinity VX2 3026, WL/LC/26M X-Press, Vilber Lourmat (США).

Результаты и обсуждение. Амплификация с предложенными нами праймерами привела к синтезу продукта длиной 450 п.н., а предложенные ранее праймеры [8] – 488 п.н. (Рис. 1). У верблюдиц породы дромедар племенного хозяйства ТОО «Даулет-Бекет» Алматинской области выявлен полиморфизм по локусу каппа-казеина, из протестированных 18 животных у двух особей обнаружен гомозиготный генетический вариант СС, остальные 16 голов имели другой гомозиготный генотип ТТ, среди исследуемых животных носителей гетерозиготного генотипа ТС не выявлены (Рис.2), частота аллелей Т и С составляла 89,0% и 11,0%, соответственно. Верблюдицы породы бактриан оказались гомозиготными по локусу каппа-казеина ТТ, встречаемость аллели Т у этой группы составила 100%. Идентификация генотипа верблюдиц по локусу каппа-казеина проводилась с использованием двух пар праймеров, преимуществом разработанного нами праймера является оптимальная визуализация результатов электрофореза после рестрикции ПЦР продукта рестриктазой *AluI* (Рис.2). В обоих случаях генерируется фрагмент в 38 п.н., который не визуализируется в геле и не показан стрелкой на рисунке.

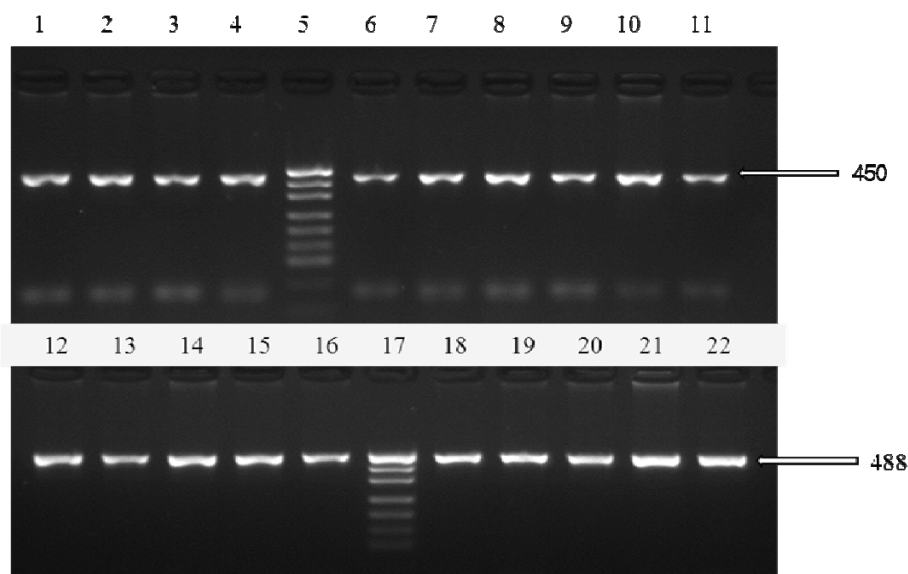


Рисунок 1. Электрофореграмма амплификата гена каппа-казеина верблюдов, агароза 3%, дорожки 1–11 разработанные нами праймеры, дорожки 12–22 праймеры [8], дорожки 5,17 – ДНК маркер pUC19/MspI.

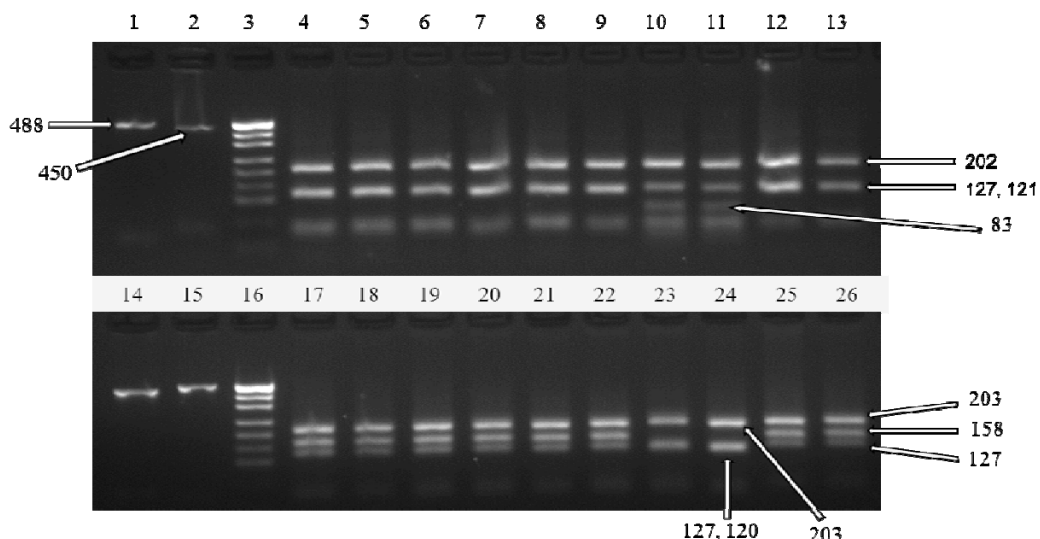


Рисунок 2. Электрофореграмма продукта рестрикции амплификата гена каппа-казеина эндонуклеазой *A**l**u**l*, агароза 3%, дорожки 1,15 – амплификат гена *CSN3* 488 п.н., дорожки 2,14 – амплификат гена *CSN3*, 450 п.н., дорожки 4–9, 12, 13, 17–22, 25, 26– генотип ТТ, дорожки 10,11,23,24 – генотип СС, дорожки 3,16 – ДНК маркер рUC19/*M**s**p**l*.

Амплификация участка гена альфа-S₁казеина приводит к появлению продукта длиной 942 п.н. (Рис. 3). Результаты генотипирования верблюдиц пород дромедар и бактриан, показывают, что по локусу альфа-S₁ казеина у исследуемых особей обнаружен единственный гомозиготный генотип СС и, соответственно, частота аллели С составила 100%, носителей гетерозиготных генотипов не обнаружено (Рис. 4). Полученные нами результаты совпадают с литературными данными, так, по сведениям Othman [11] у верблюдов породы Maghribi единственная однонуклеотидная замена SNP (A→C) в позиции 125 гена альфа-S₁казеина встречается в 99,0% случаев.

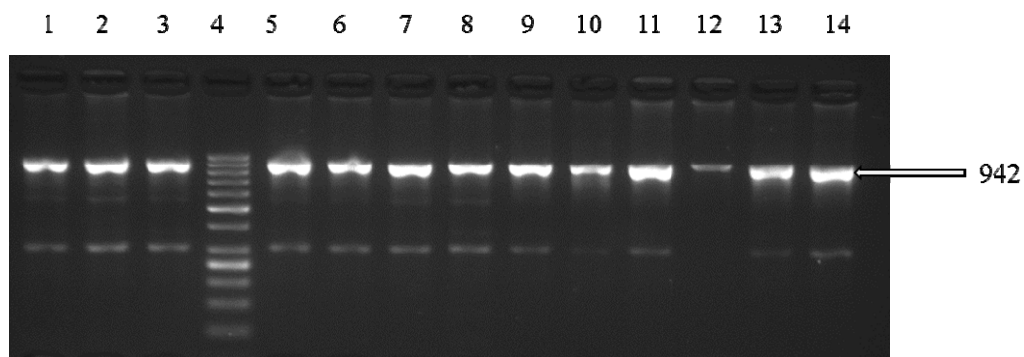


Рисунок 3. Электрофореграмма ПЦР продукта гена альфа-S₁ казеина, 942 п.н., агароза 3%, дорожки 1–3, 5–14, дорожка 4 – ДНК маркер GeneRuler 50 bp DNA Ladder.

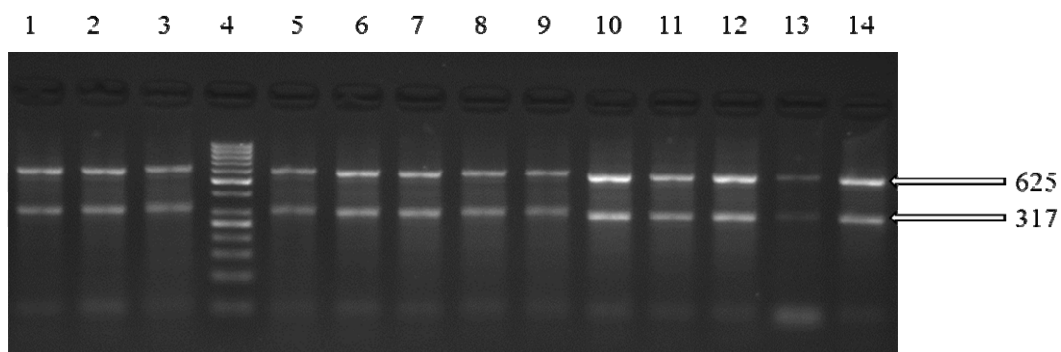


Рисунок 4. Электрофореграмма ПЦР продукта гена альфа-S₁ казеина, рестрицированный *A**l**u**l*, агароза 3%, дорожки 1–3, 5–14 генотип СС, дорожка 4 – ДНК маркер GeneRuler 50 bp DNA Ladder.

Известно, что частота гетерозиготного генотипа у панмиктической популяции при отсутствии селекционного давления превышает встречаемость генотипов гомозиготных вариантов, однако у данной популяции верблюдов частота гетерозиготного генотипа ТС у обеих пород составила 0%, что свидетельствует о нарушении генного равновесия. Использование хи-квадрат позволяет определить степень соответствия фактического распределения генотипа с его теоретическим значением. Согласно закону равновесия генных концентраций Харди-Вайнберга при отсутствии мутации, миграции и отбора в бесконечных генетических популяциях может иметь место любое равновесное соотношение аллелей и при этом относительные частоты каждого аллелей сохраняется постоянными от поколения к поколению. Известно, что сдвиги динамического равновесия в пользу одного или другого аллели или генотипа обусловлены совместным действием четырех факторов: мутации, миграции, отбора и стохастических колебаний концентрации аллелей в связи ограниченной численностью популяции (генетико-автоматические процессы или дрейф генов). Так, большое несоответствие фактического распределения генотипа по локусу каппа-казеина с теоретическим распределением установлено для верблюдиц пород дромедар и бактриан (Табл. 1). Наблюдается избыток гомозигот ТТ и СС (16 против 14,2 теоретически ожидаемых, 2 против 0,2 теоретически ожидаемых, соответственно) и недостаток гетерозигот ТС (0 против 3,6 теоретически ожидаемых). Если эмпирическое и теоретическое распределение генотипов имеют одинаковое значение, то показатель хи-квадрат равен нулю. По мере увеличения разницы между наблюдаемыми и ожидаемыми числами значение хи-квадрат возрастает.

Таблица 1. Результаты генотипирования верблюдиц пород дромедар и бактриан по локусам альфа S₁ и каппа-казеина методом ПЦР-ПДРФ анализа

Порода и число животных	Частота аллелей		Частота генотипа					
			Локус гена каппа-казеина					
	Т	С	ТТ		ТС		СС	
			п	%	п	%	п	%
Дромедары n=18	0,89	0,11	16	88,9	0	0	2	11,1
Бактрианы n=18	1,00	0	18	100	0	0	0	0
Всего n=36	0,94	0,06	34	94,44	0	0	2	5,56
			Локус гена альфа-S ₁ казеина					
	G	C	GG		GC		CC	
			п	%	п	%	п	%
Дромедары n=18	0	1,0	0	0	0	0	18	100
Бактрианы n=18	0	1,0	0	0	0	0	18	100
Всего n=36	0	1,0	0	0	0	0	36	100

В наших экспериментах значение хи-квадрат у исследуемой группы верблюдов породы дромедар составило 20,03 (Табл. 2), что свидетельствует об отклонении фактической частоты встречаемости аллелей гена каппа-казеина от теоретической. Критерий соответствия превышал его табличное значение почти в четыре раза (20,03) при уровне значимости $p=0,05$ и числе степеней свободы 18. Данный факт указывает на отсутствие генного равновесия по данному локусу. Последнее можно объяснить влиянием искусственного отбора в популяции.

Таблица 2. Степень соответствия фактического распределения генотипа по локусу каппа-казеина с теоретическим распределением у верблюдиц породы дромедар и значение хи-квадрат

Показатели	Генотипы			Итого 18
	ТТ	ТС	СС	
Фактическое количество особей (P эмп)	n=16	n=0	n=2	n=18
Теоретическое ожидаемое количество особей (P теор)	n=14,2	n=3,6	n=0,2	n=18
Разность генотипа (P эмп – P теор)	1,8	-3,6	1,8	0
Значение хи квадрат				20,03

Низкий уровень генетического разнообразия по локусу каппа-казеина верблюдиц пород дромедар племенного хозяйства ТОО «Даулет-Бекет» возможно обусловлен использованием длительное время для естественного осеменения маток ограниченного числа верблюдов-производителей, отсутствием технологии искусственного осеменения и результатом инбридинга. Интересным на наш взгляд являются результаты генотипирования верблюдиц по локусу каппа-казеина, где отсутствуют гетерозиготные носители ТС, хотя в популяции доминируют гомозиготные генотипы ТТ и имеются гомозиготы СС. По локусу альфа-S₁казеина популяции верблюдов пород дромедар и бактриан оказались мономорфными, т.е. все исследуемые животные имели гомозиготный СС генотип, аналогичные результаты получены зарубежными учеными [11].

В **заключении** следует отметить, что результаты генотипирования верблюдов казахских пород бактриан и дромедар по локусам альфа S₁ и каппа-казеина показали, что выборка животных в породе дромедар была генетически более полиморфной по сравнению с бактрианами. В перспективе полиморфизм по локусу каппа-казеина у верблюдиц породы дромедар можно использовать в качестве ДНК маркера молочной продуктивности.

ЛИТЕРАТУРА:

1. Alim, N., Fondrini, F., Ionizzi, I., Feligini, M. and Enne, G. **Characterization of casein fractions from Algerian dromedary (*Camelus dromedarius*) milk** [Text] / N. Alim, F.Fondrini, I.Ionizzi, M.Feligini, G.Enne / Pakistan Journal of Nutrition, 2005, vol. 4, pp. 112-116.
2. Nikkhah, A. **Equidae, camel, and yak milks as functional foods: a review, J.** [Text] / Nutrition and Food Science, 2011, vol. 1, no 5, pp. 100-111.
3. Kappeler, S., Farah, Z. and Puhan, Z. **5'Flanking regions of camel milk genes are highly similar to homologue regions of other species and can be divided into two distinct groups**[Text] / S. Kappeler, Z. Farah, Z. Puhan / Journal of Dairy Science, 2003, vol. 86, pp. 498-508.
4. Ereifej, K.I., Aludatt, H.M., AlKhalidy, H.A., Ali, I. and Rababah, T. **Comparison and characterisation of fat and protein composition for camel milk from eight Jordanian locations**[Text] / K.I. Ereifej, H.M. Aludatt, H.A. AlKhalidy, I. Ali, T.Rababah // Food Chemistry, 2011, vol. 127, pp. 282–289.
5. Martin, P., Ferranti, P., Leroux, C. and Addeo, F. **Advanced dairy chemistry. Proteins.Nonbovine caseins: quantitative variability and molecular diversity**[Text] / P.Martin, P. Ferranti, C.Leroux, F.Addeo // NY: Kluwer Academic/Plenum Publisher, 2003, pp. 277-317.
6. Pauciullo, A., Shuiep, E.S.,Cosenza, G., Ramunno, L.and Erhardt, G. **Molecular characterization and genetic variability at κ-casein gene (CSN3) in camels** [Text] / A. Pauciullo, E.S. Shuiep, G.Cosenza, L. Ramunno, G. Erhardt //Gene, 2013,vol. 513, no 1, pp. 22-30.
7. Pauciullo, A., Giambra, I.J.,Iannuzzi, L.and Erhardt, G. **The β-casein in camels: molecular characterization of the CSN2 gene, promoter analysis and genetic variability**[Text] / A. Pauciullo, G. I. Jiambralannuzzi, G.L.and Erhardt // Gene, 2014, vol. 547, pp. 159-168
8. Eltanany, M., Elfaroug, S.O. and Distl, O. **Assessment of genetic diversity and differentiation of two major camel ecotypes (*Camelus dromedarius*) in Sudan using microsatellite markers** [Text] / M. Eltanany, S.O. Elfaroug, O. Distl // Archives Animal Breeding, 2015, vol. 58, no 2, pp. 269-275.
9. Othman, E. O., Nowier, A. M. and El-Denary, M. E. **Genetic Variations in Two Casein Genes Among Maghrabi Camels Reared in Egypt** [Text] / E. O. Othman, A. M. Nowier, M. E. El-Denary // Biosciences biotechnology Research Asia, 2016,vol. 13, no 1, pp. 473-480.
10. Shuiep, E.S., Giambra, I., El Zubeir, I.M. and Erhardt, G. **Biochemical and molecular characterization of polymorphisms of s1-casein in Sudanese camel (*Camelus dromedarius*) milk** [Text] / E.S. Shuiep, I. Giambra, I.M. El Zubeir, G. Erhardt, / International Dairy Journal, 2013, vol. 28, no 2, pp. 88-93.
11. Tahmoorespur, M., Sekhavati, M.H., Kahbiri,A.A. and Mohammadhashem, A. **Sequencing and Bioinformatics Analysis of Kappa Exon 4 Gene in Iranian Bacterianus and Dromedaries Camels** [Text] / M. Tahmoorespur, M.H. Sekhavati, A.A. Kahbiri, A.Mohammadhashem / Iranian Journal of Applied Animal Science, 2016, vol. 6, no 1, pp. 219-224.
12. Prasad, S., Ali, S.A., Banerjee, P., Joshi, J., Sharma, U. and Vijh, R. K. **Identification of SNPs and their validation in camel (*Camelus bactrianus* and *Camelus dromedarius*)** [Text] / S. Prasad, S.A. Ali, P. Banerjee, J. Joshi, U.Sharma, R. K. Vijh //Journal of Agriculture and Veterinary Science, 2014, vol. 7, no 2, pp.65-70.
13. Tanegonbadi, R.,Azari, M. A., Zerehdaran S., Khanahmadi A. and Toghdory A. **Study of kappa-casein gene polymorphism association with milk production and composition in Golestan province camels** [Text] / R. Tanegonbadi, M. A. Azari, , S. Zerehdaran, A. Khanahmadi, A.Toghdory / Genetic Engineering and Biosafety Journal, 2016,vol. 5, no 1, pp.61-66.
14. Kiselyova, T.Y., Podoba, B.Y., Zabludovskiy, Y.Y., Terletskiy, V.P., Vorobyev, N.I. and Kantanen, J. **The analysis of 30 microsatellite markers in local cattle populations** [Text] / T.Y. Kiselyova, B.Y. Podoba, Y.Y. Zabludovskiy, V.P. Terletskiy, Vorobyev, N.I. and Kantanen, J. //Agricultural Biology, 2010, no 6, pp. 20-25.

15. Mahrous, K.F., Ramadan, H.A.I., Abdel-Aziem, S.H., Abd-El Mordy, M. and Hemdan D.M. **Genetic variations between camel breeds using microsatellite markers and RAPD techniques** [Text] / K.F. Mahrous, H.A.I. Ramadan, S.H. Abdel-Aziem, M. Abd-El Mordy, D.M. Hemdan / Journal of Applied Biosciences, 2011, vol. 39, pp. 2626-2634.
16. Mehta, S. C., Goyal, A. and Sahani, M. S. **Microsatellite markers for genetic characterisation of Kachchi camel** [Text] / S. C. Mehta, A. Goyal, M. S. Sahani / Indian Journal of Biotechnology, 2007, vol. 6, pp. 336-339.
17. El-Kholy, A.F., Zayed, M.A., Shehata, M.F., Salem, M.A.I., El-Bahrawy, K.A., El-Halawany, N. and Hassanane, M.S. **Association of Single Nucleotide Polymorphisms for Myogenic Factor 5 and Growth Hormone Genes with Meat Yield and Quality Traits in One Humped Camel (Camelus dromedarius)** [Text] / A.F. El-Kholy, M.A. AZayed, M.F. Shehata, M.A.I. Salem, K.A. El-Bahrawy, N. El-Halawany, M.S. Hassanane // Asian Journal of Animal and Veterinary Advances, 2016, vol. 11, no 5, pp. 263-271.
18. Mohamed, A.E., Babiker, I.A. and Mohamed, T.E. **Preparation of fresh soft cheese from dromedary camel milk using acid and heat method** [Text] / A.E. Mohamed, I.A. Babiker, T.E. Mohamed // Research Opinions in Animal and Veterinary Sciences, 2013, vol. 3, no 9, pp. 289-292.
19. Muzzachi, S., Oulmouden, A., Cherifi, Y., Yahyaoui, H., Zayed, M.A., Burger, P., Lacalandra, G. M., Faye, B. and Ciani, E. **Sequence and polymorphism analysis of the camel (Camelus dromedarius) myostatin gene** [Text] / S. Muzzachi, A. Oulmouden, Y. Cherifi, H. Yahyaoui, M.A. Zayed, P., Burger, G. M., B. Lacalandra, Faye, E. Ciani / Emirates Journal of Food and Agriculture, 2015, vol. 27, no 4, pp. 367-373.

REFERENCES:

1. Alim, N., Fondrini, F., Ionizzi, I., Feligini, M. and Enne, G. **Characterization of casein fractions from Algerian dromedary (Camelus dromedarius) milk** [Text] / N. Alim, F. Fondrini, I. Ionizzi, M. Feligini, G. Enne / Pakistan Journal of Nutrition, 2005, vol. 4, pp. 112-116.
2. Nikkhah, A. **Equidae, camel, and yak milks as functional foods: a review, J.** [Text] / Nutrition and Food Science, 2011, vol. 1, no 5, pp. 100-111.
3. Kappeler, S., Farah, Z. and Puhan, Z. **5' Flanking regions of camel milk genes are highly similar to homologue regions of other species and can be divided into two distinct groups** [Text] / S. Kappeler, Z. Farah, Z. Puhan / Journal of Dairy Science, 2003, vol. 86, pp. 498-508.
4. Ereifej, K.I., Aludatt, H.M., AlKhalidy, H.A., Ali, I. and Rababah, T. **Comparison and characterisation of fat and protein composition for camel milk from eight Jordanian locations** [Text] / K.I. Ereifej, H.M. Aludatt, H.A. AlKhalidy, I. Ali, T. Rababah // Food Chemistry, 2011, vol. 127, pp. 282-289.
5. Martin, P., Ferranti, P., Leroux, C. and Addeo, F. **Advanced dairy chemistry. Proteins. Nonbovine caseins: quantitative variability and molecular diversity** [Text] / P. Martin, P. Ferranti, C. Leroux, F. Addeo // NY: Kluwer Academic/Plenum Publisher, 2003, pp. 277-317.
6. Pauciullo, A., Shuiep, E.S., Cosenza, G., Ramunno, L. and Erhardt, G. **Molecular characterization and genetic variability at κ -casein gene (CSN3) in camels** [Text] / A. Pauciullo, E.S. Shuiep, G. Cosenza, L. Ramunno, G. Erhardt // Gene, 2013, vol. 513, no 1, pp. 22-30.
7. Pauciullo, A., Giambra, I.J., Iannuzzi, L. and Erhardt, G. **The β -casein in camels: molecular characterization of the CSN2 gene, promoter analysis and genetic variability** [Text] / A. Pauciullo, G. I. Giambra, I. J. Iannuzzi, G. L. and Erhardt // Gene, 2014, vol. 547, pp. 159-168.
8. Eltanany, M., Elfaroug, S.O. and Distl, O. **Assessment of genetic diversity and differentiation of two major camel ecotypes (Camelus dromedarius) in Sudan using microsatellite markers** [Text] / M. Eltanany, S.O. Elfaroug, O. Distl // Archives Animal Breeding, 2015, vol. 58, no 2, pp. 269-275.
9. Othman, E. O., Nowier, A. M. and El-Denary, M. E. **Genetic Variations in Two Casein Genes Among Maghrabi Camels Reared in Egypt** [Text] / E. O. Othman, A. M. Nowier, M. E. El-Denary // Biosciences biotechnology Research Asia, 2016, vol. 13, no 1, pp. 473-480.
10. Shuiep, E.S., Giambra, I., El Zubeir, I.M. and Erhardt, G. **Biochemical and molecular characterization of polymorphisms of κ -casein in Sudanese camel (Camelus dromedarius) milk** [Text] / E.S. Shuiep, I. Giambra, I.M. El Zubeir, G. Erhardt, / International Dairy Journal, 2013, vol. 28, no 2, pp. 88-93.
11. Tahmoorespur, M., Sekhavati, M.H., Kahbiri, A.A. and Mohammadhashem, A. **Sequencing and Bioinformatics Analysis of Kappa Exon 4 Gene in Iranian Bactrianus and Dromedaries Camels** [Text] / M. Tahmoorespur, M.H. Sekhavati, A.A. Kahbiri, A. Mohammadhashem / Iranian Journal of Applied Animal Science, 2016, vol. 6, no 1, pp. 219-224.
12. Prasad, S., Ali, S.A., Banerjee, P., Joshi, J., Sharma, U. and Vijh, R. K. **Identification of SNPs and their validation in camel (Camelus bactrianus and Camelus dromedarius)** [Text] / S. Prasad, S.A. Ali, P. Banerjee, J. Joshi, U. Sharma, R. K. Vijh // Journal of Agriculture and Veterinary Science, 2014, vol. 7, no 2, pp. 65-70.
13. Tanegonbadi, R., Azari, M. A., Zerehdaran S., Khanahmadi A. and Toghdory A. **Study of kappa-casein gene polymorphism association with milk production and composition in Golestan**

province camels [Text] / R. Tanegonbadi, M. A. Azari, S. Zerehdaran, A. Khanahmadi, A.Toghdory / Genetic Engineering and Biosafety Journal, 2016, vol. 5, no 1, pp.61-66.

14. **Kiselyova, T.Y., Podobya, B.Y., Zabludovskiy, Y.Y., Terletskiy, V.P., Vorobyev, N.I. and Kantanen, J. The analysis of 30 microsatellite markers in local cattle populations** [Text] / T.Y. Kiselyova, B.Y. Podobya, Y.Y. Zabludovskiy, V.P. Terletskiy, Vorobyev, N.I. and Kantanen, J. //Agricultural Biology, 2010, no 6, pp. 20-25.

15. **Mahrous, K.F., Ramadan, H.A.I., Abdel-Aziem, S.H., Abd-El Mordy, M. and Hemdan D.M. Genetic variations between camel breeds using microsatellite markers and RAPD techniques** [Text] / K.F. Mahrous, H.A.I. Ramadan, S.H. Abdel-Aziem, M. Abd-El Mordy, D.M. Hemdan / Journal of Applied Biosciences, 2011, vol. 39, pp. 2626-2634.

16. **Mehta, S. C., Goyal, A. and Sahani, M. S. Microsatellite markers for genetic characterisation of Kachchi camel** [Text] / S. C. Mehta, A.Goyal, M. S. Sahani / Indian Journal of Biotechnology, 2007, vol. 6, pp. 336-339.

17. **El-Kholy, A.F., Zayed, M.A., Shehata, M.F., Salem, M.A.I., El-Bahrawy, K.A., El-Halawany, N. and Hassanane, M.S. Association of Single Nucleotide Polymorphisms for Myogenic Factor 5 and Growth Hormone Genes with Meat Yield and Quality Traits in One Humped Camel (Camelus dromedarius)** [Text] / A.F. El-Kholy, M.A. AZayed, M.F. Shehata, M.A.I. Salem, K.A. El-Bahrawy, N. El-Halawany, M.S. Hassanane // Asian Journal of Animal and Veterinary Advances, 2016, vol. 11, no 5, pp. 263-271.

18. **Mohamed, A.E., Babiker, I.A. and Mohamed, T.E. Preparation of fresh soft cheese from dromedary camel milk using acid and heat method** [Text] / A.E. Mohamed, I.A. Babiker, T.E. Mohamed // Research Opinions in Animal and Veterinary Sciences, 2013, vol. 3, no 9, pp. 289-292.

19. **Muzzachi, S., Oulmouden, A., Cherifi, Y., Yahyaoui, H., Zayed, M.A., Burger, P., Lacalandra, G. M., Faye, B. and Ciani, E. Sequence and polymorphism analysis of the camel (Camelus dromedarius) myostatin gene** [Text] / S. Muzzachi, A. Oulmouden, Y. Cherifi, H. Yahyaoui, M.A. Zayed, P., Burger, G. M., B. Lacalandra, Faye, E.Ciani / Emirates Journal of Food and Agriculture, 2015, vol. 27, no 4, pp. 367-373.

Сведения об авторах:

Терлецкий Валерий Павлович – доктор биологических наук, профессор кафедры «Естествознания и географии», государственное автономное образовательное учреждение высшего образования Ленинградской области, Ленинградский государственный университет им А.С. Пушкина, Российская Федерация, Санкт-Петербург-Пушкин, Петербургское шоссе, дом 10, 196605, valeriter@mail.ru.*

Тыщенко Валентина Ивановна – кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории «Молекулярной генетики», Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных – филиал Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста» (ВНИИГРЖ), Санкт-Петербург – Пушкин, Московское ш. 55а, 196601, tinatvi@mail.ru.

Terletskiy Valery Pavlovich – Doctor of Biological Sciences, Professor of the Department of Natural Science and Geography, State Autonomous Educational Institution of Higher Education of the Leningrad Region, Leningrad State University named after A.S. Pushkin, Russian Federation, St. Petersburg-Pushkin, Petersburg sh. 10, 196601, valeriter@mail.ru.*

Tyshchenko Valentina Ivanovna – Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, All-Russian Research Institute of Genetics and Breeding of Farm Animals – Branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution "Federal Research Center for Animal Husbandry – VIZH named after Academician L.K. Ernst" (VNIIGRZH), St. Petersburg – Pushkin, Moskovskoye sh. 55a, 196601, tinatvi@mail.ru.

Терлецкий Валерий Павлович – биология ғылымдарының докторы, «Жаратылыстану ғылымдары және география», кафедрасының профессоры, Ленинград облысының автономиялық мемлекеттік жоғарғы білім беру мекемесі, А.С. Пушкин атындағы Ленинград мемлекеттік университеті, Ресей Федерациясы, Санкт-Петербург-Пушкин, Петербург шоссесі, үй 10, 196605, valeriter@mail.ru.*

Тыщенко Валентина Ивановна – биология ғылымдарының кандидаты, «Молекулярлық генетика зертханасының» аға ғылыми қызметкері, Бүкілресейлік генетика және ауылшаруашылық малдарын өсіру ғылыми-зерттеу институты, Академик Л.К. Эрнст атындағы Бүкілресейлік мал шаруашылығы институты Федералдық мемлекеттік бюджеттік ғылыми мекемесінің «Федералдық мал шаруашылығы орталығыны» филиалы (БГЖМӨФЗИ), Санкт-Петербург – Пушкин, Московское ш. 55а, 196601, tinatvi@mail.ru.