



МРНТИ 34.23.35

DOI:<https://doi.org//10.32523/2616-7034-2024-147-2-58-68>

Научная статья

## Оценка генофонда собак породы тазы с использованием микросателлитного анализа

А.В. Перфильева<sup>1</sup>, К.Б. Беспалова<sup>1\*</sup>, Е.Б. Кузовлева<sup>1</sup>, С.В. Беспалов<sup>2</sup>,  
М.О. Бегманова<sup>1</sup>, Г.М. Абылкасымова<sup>1</sup>, А.С. Сейсенбаева<sup>1</sup>, О.В. Вишнякова<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, Алматы, Казахстан

<sup>2</sup>Институт зоологии КН МНВО РК, Алматы, Казахстан

<sup>3</sup>ПРАОООиСОХ "КАНСОНАР", Алматы, Казахстан

\*Автор для корреспонденции: [kira.b.bespalova@gmail.com](mailto:kira.b.bespalova@gmail.com)

**Аннотация.** Собаки породы тазы появились на территории Казахстана более семи тысяч лет назад и с тех пор стали национальным достоянием казахского народа. По неофициальным оценкам ПРАОООиСОХ "КАНСОНАР", в настоящее время осталось всего около 3000 собак тазы, но не более 350 высококлассных собак с родословными до четвертого поколения. Сохранение и управление такими ценными и редкими породами требует изучения их генофонда и системного контроля популяционно-генетических параметров. В Казахстане, как и во всем мире, ранее генетических исследований собак породы тазы не проводилось. Целью настоящего исследования являлось изучение параметров генетического разнообразия для популяций тазы с различных регионов Казахстана. Был проведен микросателлитный анализ 19 локусов с использованием набора Thermo Scientific Canine Genotypes Panel 1.1, который включал 19 рекомендованных Международным обществом генетики животных локусов (АНТк211, СХХ279, REN169O18, INU055, REN54P11, INRA21, АНТ137, REN169D01, АНTh260, АНТк253, INU005, INU030, Amelogenin, FH2848, АНТ121, FH2054, REN162C04 АНTh171 and REN247M23) В результате были получены генетические профили для тазы с Южного, Северного и Восточного регионов Казахстана. Достаточно высокая генетическая изменчивость и сравнительно невысокий уровень инбридинга, количественно определенный полиморфными микросателлитами у тазы Южного, и, в меньшей степени, Северного и Восточного регионов Казахстана, могут быть связаны с большой генетической изменчивостью у животных-основателей этой породы либо с метизацией породы. Полученные результаты в перспективе могут служить для разработки научно-обоснованных селекционных программ по управлению и разведению этой породы.

**Ключевые слова:** порода тазы, микросателлитный маркер, генетический профиль, генофонд, популяционная генетика, генетическое разнообразие, уровень инбридинга.

## Введение

Одной из приоритетных задач отечественной науки является сохранение и поддержание биологического разнообразия национальных пород животных. Тазы, или казахская борзая, - одна из древнейших пород собак, официально признанная национальным достоянием Республики Казахстан и являющаяся настоящим памятником культуры и истории казахского народа. По неофициальным оценкам ПРАОООиСОХ "КАНСОНАР", в настоящее время осталось всего около 3000 собак тазы, но не более 350 высококлассных собак с родословными до четвертого поколения. Как поясняют специалисты, вымирание казахских пород борзых началось под воздействием социально-экономических факторов: после революции и голода 1930-х годов казахи перешли от кочевого к оседлому образу жизни, теряя традиции, сокращая охотничьи угодья и уменьшая масштабы овцеводства. В результате нужда в хороших собаках уменьшилась. Кроме того, местные породы стали вымирать и под воздействием биологических факторов: ввоз и разведение других пород собак, новые заразные болезни, высокая смертность молодняка, использование отравленных приманок для волков, лисиц и других животных, близкородственное разведение, особенно метизированных собак [1].

Сложившаяся в настоящее время ситуация требует принятия мер по сохранению породы тазы. Многовековая практика ведения собаководства выработала различные методы разведения, сохранения и улучшения пород, суть которых сводится к выявлению и интенсивному использованию животных с желательными признаками. Такой подход достаточно долго обеспечивал эффективность селекционного процесса. Однако становится все более очевидным, что одни лишь традиционные методы разведения не могут обеспечить ощутимого селекционного прогресса в породе. Современные подходы к сохранению и совершенствованию породы основаны на оценке генотипа животных и генетического разнообразия популяций с помощью маркерных технологий.

Одними из таких маркеров являются высокополиморфные микросателлитные локусы. Микросателлит, или Short Tandem Repeats (STR), – это участок ДНК, в котором последовательно повторяется фрагмент длиной от 2 до 9 нуклеотидов. Общая длина такого повтора составляет обычно 300–400 пар нуклеотидов. Таким образом, в основе полиморфизма микросателлитов лежит количество повторов фрагментов в участке. Из-за большого разнообразия аллелей и высокого уровня гетерозиготности STR являются удобным инструментом для исследования микроэволюционных процессов [2], генетической структуры популяций и взаимодействий между популяциями.

Использование STR-маркеров уже вошло в практику собаководства многих стран и стало обязательным элементом разведения, улучшения и сохранения пород. Характеризуя состояние подобных генетических исследований в Республике Казахстан в области собаководства в целом и для породы тазы, в частности, следует отметить, что подобные исследования в нашей стране не проводятся. Применение современных стандартизированных методик, принятых в мире для изучения отечественных пород собак, является в высшей степени необходимым. Можно предположить, что проведение генетических исследований национальных пород будет прорывным

этапом для собаководства республики, а использование генетических маркеров станет привлекательной стратегией повышения эффективности работ по сохранению и улучшению собак породы тазы.

Исходя из вышесказанного, целью данного исследования являлось изучение параметров генетического разнообразия для популяций тазы из различных регионов Казахстана с использованием STR-маркеров.

## **Материалы и методы**

Проект получил одобрение Локальной этической комиссии РГП «Институт физиологии человека и животных» КН МОН РК (Протокол ЛЭК №3(3) от 15.09.2020).

Объектом исследования являлись собаки породы тазы. Сбор биоматериала у особей тазы на выставках или специальных мероприятиях и их кинологическая оценка проводилась с поддержкой и непосредственным участием ПРАОООиСОХ «КАНСОНАР» по г. Алматы.

Биоматериал представлял образцы периферической крови либо буккальные соскобы. Кровь бралась опытным ветеринаром из внутренней бедренной вены или передней подкожной вены предплечья или латеральной подкожной вены голени собак. Перед взятием крови на исследование проводилась обработка спиртом для обеззараживания поверхности кожи. Кровь забиралась в количестве 5 мл стерильными иглами с помощью вакуумной системы непосредственно в специальные пробирки. Забор буккального эпителия проводился с использованием стерильного ватного тампона в индивидуальной пластиковой упаковке. Пробирки с собранной кровью и буккальными соскобами были транспортированы в Институт общей генетики и цитологии с использованием переносного контейнера-холодильника в течение нескольких часов и заморожены при -80С для дальнейшего молекулярно-генетического исследования.

Сбор биоматериала сопровождался фотосъемкой особи тазы и анкетированием владельцев собак. Анкета была разработана на базе Института генетики и физиологии КН МОН РК и включала сведения о заводчике, возрасте, поле, месте рождения и проживания собаки, историю болезни, информацию об участии в выставках, полученных оценках и титулах, данные о потомстве и рабочих качествах. Анкетные данные были обработаны и внесены в электронную базу данных. Помимо анкетирования проводилось также оформление информированного согласия владельца на проведение генетического исследования его собаки.

Выделение ДНК из собранного биоматериала проводилось с использованием готового набора "QIAamp Fast DNA Tissue Kit" (Qiagen) в соответствии с прилагаемым протоколом.

Микросателлитный анализ проводился на генетическом анализаторе Applied Biosystems 310 Genetic Analyzer с использованием набора Thermo Scientific Canine Genotypes Panel 1.1, который включал 19 рекомендованных Международным обществом генетики животных (International Society of Animal Genetics, ISAG) локусов (АНТк211, СХХ279, REN169018, INU055, REN54P11, INRA21, АНТ137, REN169D01, АНTh260, АНТк253, INU005, INU030, Amelogenin, FH2848, АНТ121, FH2054, REN162C04 АНTh171 и REN247M23).

Генетическую оценку по частотам аллелей проводили с помощью программы GenAlEx 6.5[3] и Cervus [4]. Оценивали такие показатели, как коэффициент полиморфизма PIC (polymorphic information content), среднее количество аллелей в каждом локусе  $N_a$ , среднее эффективное количество аллелей в каждом локусе  $N_e$ , ожидаемая гетерозиготность  $H_e$  и наблюдаемая гетерозиготность  $H_o$ , F-статистики Райта.

## Результаты

Характеристика объектов исследования. Всего был собран биоматериал у 135 особей тазы (61 кобель и 74 суки). После отбора родственных особей осталось 109 собак (51 кобель и 58 сук), представлявших Южный Казахстан (далее TSK,  $n=85$ ), Северный Казахстан (далее TNK,  $n=14$ ) и Восточный Казахстан (далее ТЕК,  $n=10$ ). Средний возраст собак составил  $4,20 \pm 22,70$ . Все собаки были оценены как соответствующие стандарту породы.

Результаты микросателлитного анализа. Для всех отобранных для исследования 109 особей тазы были получены гаплотипы по 19 STR локусам. На основании полученных аллельных частот локусов были определены основные показатели генетической изменчивости для общей популяции, а также отдельно для субпопуляций TSK, TNK и ТЕК. Процент полиморфных локусов составил 100%, выявлено от 3 до 12 аллелей на локус. Среднее количество аллелей на локус  $N_a$  для общей популяции составило  $9,33 \pm 0,36$ , а среднее эффективное число аллелей -  $4,83 \pm 0,41$ . Значение этих показателей варьировало: субпопуляция ТЕК имела самые низкие показатели ( $N_a=5,06 \pm 0,37$  и  $N_e=3,35 \pm 0,32$ ), субпопуляция TSK - самые высокие ( $N_e=9,06 \pm 0,37$  и  $N_e=4,83 \pm 0,39$ ).

В целом во всей популяции и отдельно в субпопуляциях наблюдался высокий уровень полиморфизма. Рассчитанное среднее значение коэффициента полиморфизма PIC составило  $0,74 \pm 0,09$  для общей популяции, в диапазоне от  $0,61 \pm 0,14$  до  $0,74 \pm 0,09$  для субпопуляций ТЕК и TSK, соответственно. Самый высокий уровень полиморфизма (более 80%) был обнаружен для локусов ANТ137, REN169D01, ANТ121, FH2054 и ANTh171. Самый низкий полиморфизм (54%) отмечен в локусе REN247M23.

В среднем в общей популяции и субпопуляции TSK ожидаемая гетерозиготность превышала наблюдаемую ( $0,77$  vs  $0,75$ ), в субпопуляциях TNK и ТЕК, напротив, наблюдаемая была выше ожидаемой ( $0,77$  vs  $0,74$  и  $0,75$  vs  $0,66$ , соответственно).

Об этом также свидетельствовали значения коэффициента инбридинга  $F$ : положительные для общей популяции и для субпопуляции TSK ( $0,02$  и  $0,03$ , соответственно) и отрицательные для TNK и ТЕК ( $-0,05$  и  $-0,12$ , соответственно).

Для оценки степени генетической подразделённости популяций и выявления, за счёт каких факторов (случайных или неслучайных) в подразделённой популяции происходит возрастание гомозиготности (инбридинга), были измерены индексы фиксации Райта: FIS, FIT и FST. Получены отрицательные средние значения индексов FIS ( $-0,05 \pm 0,02$ ) и FIT ( $-0,01 \pm 0,02$ ). Среднее значение коэффициента FST составило  $0,04 \pm 0,00$ .

Оценка равновесия Харди – Вайнберга (HWE), показала отсутствие равновесия в субпопуляции TSK для семи локусов (REN54P11, ANТk253, INU005, FH2848, FH2054,

REN162C04 и REN247M23 на уровне  $P < 0,001$ ,  $0,001$ ,  $0,001$ ,  $0,01$ ,  $0,001$ ,  $0,05$  и  $0,01$ , соответственно).

## Обсуждение

Анализ STR-маркеров дает ценную информацию о генетическом разнообразии различных видов и пород животных. Здесь приведены результаты исследований параметров генетического разнообразия 109 собак тазы из Южного, Северного и Восточного регионов Казахстана. Для молекулярного тестирования использовалась панель из 19 STR-локусов, рекомендованных ISAG для собак.

Полученное среднее количество аллелей на локус Na как в общей популяции (4,83), так и в субпопуляциях (3,35-4,83) указывало на достаточную изменчивость в анализируемой породе и превышало аналогичные показатели, полученные для других пород собак при исследовании тех же локусов: 3,3 для немецкой овчарки, 3,5 для мальтийской болонки, 3,2 для бивер-йоркширского терьера, 3,5 для йоркширского терьера [5].

Полученное среднее значение степени полиморфизма PIC составило 0,74, что было выше значений, полученных для польской борзой 0,555 [6] и для итальянской легавой 0,589 [7] на основе использования коммерческой панели из 21 локусов. Исследования польских татранских овчарок на основе анализа 18 STR локусов и немецких овчарок на основе анализа 15 STR также показали более низкие значения PIC (0,598 и 0,558, соответственно) [8]. О менее высоких значениях PIC сообщалось и для лабрадор-ретриверов (0,614) на основе анализа 15 микросателлитных маркеров [9], для мальтийской болонки (0,640) и йоркширского терьера (0,654) на основе анализа 21 локусов [5]. Таким образом, по сравнению со всеми этими породами, тазы имеет более высокую степень микросателлитного полиморфизма. Аналогичные высокие уровни полиморфизма в литературе встречались только для дзиндо в Южной Корее - 0,88 [10]. Также Канг и др. сообщали об индексе PIC для собак породы английская борзая на уровне 0,73 [10].

При анализе коэффициента PIC в отдельных локусах полиморфизм, превышающий 80%, был обнаружен для ANТ137, REN169D01, ANТ121, FN2054 и ANTh171. Ранее Radko A. et al. для породы польская борзая также выявили высокий полиморфизм локусов FN2054 и ANТ171 со значением PIC 0,801 и 0,815, соответственно [11].

Рассчитанная для 19 STR в общей популяции средняя наблюдаемая гетерозиготность  $H_o$  составила 0,75. Исследование, основанное на 33 STR у итальянских борзых, показало более низкие значения  $H_o$  у собак европейского происхождения и из США (0,62 и 0,61, соответственно) [12]. При исследовании 21 STR у польских борзых данный показатель был тоже ниже полученного нами (0,66). Для других чистопородных борзых также сообщалось о более низких значениях  $H_o$  [13].

При описании индексов фиксации Райта для тазы, можно отметить, что все они указывают на генетически благополучное равновесие в породе. Среднее значение FIS имело низкое отрицательное значение ( $-0,05 \pm 0,02$ ), что предполагает отсутствие инбридинга. Избыток гетерозиготных генотипов ранее был отмечен и у других пород собак: у польской борзой (FIS =  $-0,018$ ) [14], у татранской овчарки (FIS =  $-0,005$ ) [8], у

лабрадор ретривера (FIS = -0,023)[9], а также леонбергера (FIS = -0,041), ньюфаундленда (FIS = -0,051), спаниеля (FIS = -0,053), добермана (FIS = -0,054), бультерьера (FIS = -0,101) и ряда других пород [15].

Полученное отрицательное значения индекса FIT (-0,01±0,02) указывает на то, что в популяциях изменения частот генов (в сторону уменьшения или увеличения гетерозиготности) обусловлены не близкородственными спариваниями, а случайными генетико-автоматическими процессами, в то время как полученное низкое значение коэффициента FST (0,04) свидетельствует о слабой дивергенции между субпопуляциями и практически равных частотах аллелей.

Таким образом, по показателям аллельного разнообразия, наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности, отмечалось высокое генетическое разнообразие собак тазы как в общей исследованной популяции, так и отдельно в Южном регионе и, в меньшей степени, в Северном и Восточном регионах Казахстана.

Достаточно высокая генетическая изменчивость и низкий уровень инбридинга, количественно определенный полиморфными микросателлитами в общей популяции тазы, может иметь два объяснения. Во-первых, он может быть связан с метизацией породы. Кроме того, возможно, что животные-основатели этой породы обладали большой генетической изменчивостью, которая могла сохраняться несмотря на генетически узкие места, с которыми столкнулась эта порода [16].

## Заключение

Казахская национальная порода собак тазы представляет собой бесспорное генетическое и культурное наследие Казахстана. Генетическая структура и геном этой уникальной породы при помощи современных статистических методов и приемов генетического анализа до настоящего времени не была изучена. Целью настоящего исследования являлось изучение параметров генетического разнообразия тазы из различных регионов Казахстана с использованием данных микросателлитного анализа. С использованием панели из 19 STR локусов, рекомендованных ISAG для собак, были получены генетические профили для тазы из Южного, Северного и Восточного регионов Казахстана. Высокая генетическая изменчивость и невысокий уровень инбридинга, определенный у собак породы тазы Южного, и, в меньшей степени, Северного и Восточного регионов Казахстана, могут быть связаны с большой генетической изменчивостью у животных-основателей этой породы и/или с метизацией породы. Полученные результаты в перспективе могут служить для разработки научно-обоснованных селекционных программ по управлению и разведению этой уникальной породы.

**Конфликт интересов.** Все авторы прочитали и ознакомлены с содержанием статьи и не имеют конфликта интересов.

**Благодарности.** Авторы благодарят ПРАООиСОХ "КАНСОНАР" за организацию, экспертную оценку и помощь в сборе биоматериала, Общественный фонд «Хвостатый Рай» и владельцев собак тазы.

**Источник финансирования** – Работа выполнена в рамках грантов BR21881977, 2023-2025 и AP09258895, 2021-2023.

### **Вклад авторов**

**А.В. Перфильева** – концептуализация, администрирование проекта, биоинформатический анализ, написание текста статьи; **К.Б. Беспалова** – концептуализация, курирование данных, биоинформатический анализ, методология, администрирование проекта, критический пересмотр статьи; **Е.Б. Кузовлева** – микросателлитный анализ; **С.В. Беспалов** – сбор биоматериала; **М.О. Бегманова** – курирование данных, выделение ДНК; **Г.М. Абылкасымова** – подготовка сертификатов по данным микросателлитного анализа; **А.С. Сейсенбаева** – решение вопросов, связанных с достоверностью данных; **О.В. Вишнякова** – организация сбора биоматериала, связь с владельцами тазы.

### **Список литературы**

1. Плахов К.Н. Современная история породы борзых собак – казахская тазы в Казахстане // Вестник РГАЗУ. – 2017. – Т. 23. № 28. – С. 25-32.
2. Bowcock A.M., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J., Minch E., Kidd J.R., Cavalli-Sforza L. L. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites // Nature. – 1994. – Vol. 368. № 6470. – P. 455-457.
3. Peakall R., Smouse P.E. GenALEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update // Bioinformatics. – 2012. – Vol. 28. № 19. – P. 2537-2539.
4. Kalinowski S.T., Taper M.L., Marshall T.C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment // Mol. Ecol. – 2007. – Vol. 16. № 5. – P. 1099-1106.
5. Radko A., Podbielska A. Microsatellite DNA analysis of genetic diversity and parentage testing in the popular dog breeds in Poland // Genes (Basel). – 2021. – Vol. 12. № 4. – P. 485. DOI: <https://doi.org/10.3390/genes12040485>.
6. Goleman M., Balicki I., Radko A., Jakubczak A., Fornal A. Genetic diversity of the Polish Hunting Dog population based on pedigree analyses and molecular studies // Livest Sci. Elsevier. – 2019. – Vol. 229. – P. 114-117. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.09.017>.
7. Ciampolini R., Cecchi F., Bramante A. et al. Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism // Ital. J. Anim. Sci. – 2011. – Vol. 10. – P. 267-270. DOI: <https://doi.org/10.4081/ijas.2011.e59>.
8. Radko A., Rubiś D., Szumiec A. Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog. // J. Appl. Anim. Res. – 2018. – Vol. 46 – P. 254-256. DOI: <https://doi.org/10.1080/09712119.2017.1292912>.
9. Tahir M.S., Hussain T., Babar M.E., Nadeem A., Naseer M., Ullah Z., Intizar M., Hussain S.M. A panel of microsatellite markers for genetic diversity and parentage analysis of dog breeds in Pakistan // J. Anim. Plant Sci. – 2015. – Vol. 25. №2. – P. 351-356.
10. Kang Byeong-Teck, Kim Kyung-Seok, Min Mi-Sook, Chae Young-Jin, Kang Jung-Won, Yoon Junghee, Choi Jihye, Seong Je-Kyung, Park Han-Chan, An Junghwa, Lee Mun-Han, Park Hee-Myung, Lee Han.

Microsatellite loci analysis for the genetic variability and the parentage test of five dog breeds in South Korea // *Genes Genet. Syst.* – 2009. – Vol. 84. № 3. – P. 245-251. DOI: <https://doi.org/10.1266/ggs.84.245>.

11. Radko A., Słota E. Application of 19 microsatellite DNA markers for parentage control in Borzoi dogs // *Pol. J. Vet. Sci.* – 2009. – Vol. 12. № 1. – P. 113-117.

12. Pedersen N.C., Liu H., Leonard A., Griffioen L. A search for genetic diversity among Italian Greyhounds from Continental Europe and the USA and the effect of inbreeding on susceptibility to autoimmune disease // *Canine Genet Epidemiol.* – 2015. – Vol. 2. № 17. – P. 5-15. DOI: <https://doi.org/10.1186/s40575-015-0030-9>.

13. Irion D.N., Schaffer A.L., Famula T.R., Eggleston M.L., Hughes S.S., Pedersen N.C. Analysis of Genetic Variation in 28 Dog Breed Populations With 100 Microsatellite Markers // *Journal of Heredity.* – 2003. – Vol. 94. № 1. – P. 81-87. DOI: <https://doi.org/10.1093/jhered/esg004>.

14. Goleman M., Balicki I., Radko A., Rozempolska-Rucińska I., Zieba G. Pedigree and Molecular Analyses in the Assessment of Genetic Variability of the Polish Greyhound // *Animals.* – 2021. – Vol. 11. № 2. – P. 353. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani11020353>.

15. Leroy G. Genetic diversity, inbreeding and breeding practices in dogs: Results from pedigree analyses // *Veterinary Journal.* – 2011. – Vol. 189. № 2. – P. 177-182. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2011.06.016>.

16. Perfilieva A., Bepalova K., Bepalov S., Begmanova M., Kuzovleva Y., Vishnyakova O., Nazarenko I., Abylkassymova G., Perfilieva Y., Plakhov K., Djansugurova L., Bekmanov B. Homozygosity mapping in the Kazakh national dog breed Tazy // *Scientific Reports.* – 2023. – Vol. 13. № 1. – P. 1-12. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-023-37990-5>.

**А.В. Перфильева<sup>1</sup>, К.Б. Беспалова<sup>1</sup>, Е.Б. Кузовлева<sup>1</sup>, С.В. Беспалов<sup>2</sup>, М.О. Бегманова<sup>1</sup>, Г.М. Абылкасымова<sup>1</sup>, А.С. Сейсенбаева<sup>1</sup>, О.В. Вишнякова<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>ҚР БҒМ ҒК Генетика және физиология институты, Алматы, Қазақстан

<sup>2</sup>ҚР БҒМ ҒК Зоология институты, Алматы, Қазақстан

<sup>3</sup>«Кансонар», Алматы, Қазақстан

### **Микросателлиттік талдау арқылы тазы тұқымды иттердің генофондын бағалау**

**Аңдатпа.** Тазы тұқымды иттер Қазақстан аумағында жеті мың жылдан астам бұрын пайда болып, содан бері қазақ халқының ұлттық қазынасына айналды. «ҚАНСОНАР» бейресми есебі бойынша қазіргі таңда 3000-ға жуық тазы иттері қалған, бірақ төртінші ұрпаққа дейінгі асыл тұқымды жоғары сапалы иттердің саны 350-ден аспайды. Мұндай бағалы және сирек тұқымды сақтау және басқару олардың генофондын зерттеуді және популяциялық генетикалық параметрлерін жүйелі бақылауды талап етеді. Бүкіл әлемде және Қазақстанда тазы иттеріне бұрын генетикалық зерттеулер жүргізілген жоқ. Бұл зерттеудің мақсаты Қазақстанның әртүрлі аймақтарындағы тазы популяцияларының генетикалық әртүрлілігінің параметрлерін зерттеу болды. Құрамында Халықаралық жануарлар генетикасы қоғамы ұсынған 19 локус (АНТк211, СХХ279, REN169018, INU055, REN54P11, INRA37, АНТ20 АНТк211, СХХ279, REN169018, INU055, REN54P11, INRA21, АНТ137, REN169D01, АНТh260, АНТк253, INU005, INU030, Amelogenin, FH2848,

АНТ121, FH2054, REN162C04 АНTh171 және REN247M23) құрамына кіретін Thermo Scientific Canine Genotypes Panel 1.1 пайдалану арқылы 19 локусқа микросателлиттік талдау жасалды. Нәтижесінде Қазақстанның Оңтүстік, Солтүстік және Шығыс аймақтарынан тазыдан генетикалық профильдер алынды. Полиморфты микросателлиттермен анықталған тазылардағы өте жоғары генетикалық өзгергіштік және салыстырмалы түрде төмен инбридинг деңгейі Қазақстанның Оңтүстігінде, аз дәрежеде Қазақстанның Солтүстік және Шығыс өңірлерінде байқалды. Бұл генетикалық өзгергіштік осы тұқымның негізін-қалаушы жануарлардың метизациясымен байланысты болуы мүмкін. Алынған нәтижелерді болашақта осы тұқымды басқару және өсірудің ғылыми негізделген селекциялық бағдарламаларын жасауға пайдалануға болады.

**Түйін сөздер:** Тазы тұқымы, микросателлиттік маркер, генетикалық профиль, генофонд, популяциялық генетика, генетикалық әртүрлілік, инбридинг деңгейі.

A.V. Perfilyeva<sup>1</sup>, K.B. Bepalova<sup>1</sup>, Y.B. Kuzovleva<sup>1</sup>, S.V. Bepalov<sup>2</sup>, M.O. Begmanova<sup>1</sup>,  
G.M. Abylkassymova<sup>1</sup>, A.S. Seisenbayeva<sup>1</sup>, O.V. Vishnyakova<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Institute of Genetics and Physiology, CS MES RK, Almaty, Kazakhstan

<sup>2</sup>Institute of Zoology KN MES RK, Almaty, Kazakhstan

<sup>3</sup>Association "Kansonar"

### Evaluation of the gene pool of the Tazy dog breed using microsatellite analysis

**Abstract.** Tazy dogs appeared on the territory of Kazakhstan more than seven thousand years ago, and since then have become the national treasure of the Kazakh people. According to unofficial estimates from "KANSONAR", there are currently only about 3000 Tazy dogs left, but no more than 350 high-class dogs with pedigrees up to the fourth generation. The conservation and management of such valuable and rare breeds requires the study of their gene pool and systematic control of population genetic parameters. In Kazakhstan, as well as globally, genetic studies of dogs of the Tazy breed have not been conducted previously. The aim of this study was to analyse the parameters of genetic diversity for Tazy populations from different regions of Kazakhstan. Microsatellite analysis of 19 loci was conducted using Thermo Scientific Canine Genotypes Panel 1. The first locus, АНТk211, was selected from a list of 19 loci recommended by the International Society of Animal Genetics (ISAG). These included CXX279, REN169018, INU055, REN54P11, INRA21, АНТ137, REN169D01, АНTh260, АНТk2, and others. As a result, genetic profiles were obtained for Tazys from the southern, northern and eastern regions of Kazakhstan. The sufficiently high genetic variability and relatively low level of inbreeding quantitatively determined by polymorphic microsatellites in Tazys from the southern and to a lesser extent from the northern and eastern regions of Kazakhstan could be related to a large genetic variability in the foundation animals of this breed or to the metisation of the breed. The results obtained could potentially be used for the development of scientifically based breeding programmes for the management and breeding of this breed.

**Keywords:** tazy breed, microsatellite markers, genetic profile, gene pool, population genetics, genetic diversity, inbreeding level.

## References

1. Plakhov K. N. Sovremennaya istoriya porody borzyh sobak – kazahskaya tazy v Kazakhstane [Modern history of the breed of greyhound dogs – kazakh tazy in Kazakhstan], Vestnik RGAZU, 23(28), 25–32 (2017). [in Russian]
2. Bowcock A.M., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J., Minch E., Kidd J. R., Cavalli-Sforza L.L. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites, Nature, 368(6470), 455–457 (1994).
3. Peakall R., Smouse P.E. GenALEX 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update, Bioinformatics, 28(19), 2537–2539 (2012).
4. Kalinowski S.T., Taper M.L., Marshall T.C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment, Mol. Ecol., 16(5), 1099–1106 (2007).
5. Radko A., Podbielska A. Microsatellite DNA analysis of genetic diversity and parentage testing in the popular dog breeds in Poland, Genes (Basel), 12(4), 485 (2021). DOI: <https://doi.org/10.3390/genes12040485>.
6. Goleman M., Balicki I., Radko A., Jakubczak A., Fornal A. Genetic diversity of the Polish Hunting Dog population based on pedigree analyses and molecular studies, Livest Sci. Elsevier, 229, 114–117 (2019). DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.09.017>.
7. Ciampolini R., Cecchi F., Bramante A. et al. Genetic variability of the Bracco Italiano dog breed based on microsatellite polymorphism, Ital. J. Anim. Sci., 10, 267–270 (2011). DOI: <https://doi.org/10.4081/ijas.2011.e59>.
8. Radko A., Rubiś D., Szumiec A. Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog., J. Appl. Anim. Res., 46, 254–256 (2018). DOI: <https://doi.org/10.1080/09712119.2017.1292912>.
9. Tahir M.S., Hussain T., Babar M.E., Nadeem A., Naseer M., Ullah Z., Intizar M., Hussain S.M. A panel of microsatellite markers for genetic diversity and parentage analysis of dog breeds in Pakistan, J. Anim. Plant Sci., 25(2), 351–356 (2015).
10. Kang Byeong-Teck, Kim Kyung-Seok, Min Mi-Sook, Chae Young-Jin, Kang Jung-Won, Yoon Junghee, Choi Jihye, Seong Je-Kyung, Park Han-Chan, An Junghwa, Lee Mun-Han, Park Hee-Myung, Lee Han. Microsatellite loci analysis for the genetic variability and the parentage test of five dog breeds in South Korea, Genes Genet. Syst., 84(3), 245–251 (2009). DOI: <https://doi.org/10.1266/ggs.84.245>.
11. Radko A., Słota E. Application of 19 microsatellite DNA markers for parentage control in Borzoi dogs, Pol. J. Vet. Sci., 12(1), 113–117 (2009).
12. Pedersen N.C., Liu H., Leonard A., Griffioen L. A search for genetic diversity among Italian Greyhounds from Continental Europe and the USA and the effect of inbreeding on susceptibility to autoimmune disease, Canine Genet Epidemiol, 2(17), (2015). DOI: <https://doi.org/10.1186/s40575-015-0030-9>.
13. Irion D.N., Schaffer A.L., Famula T.R., Eggleston M.L., Hughes S.S., Pedersen N.C. Analysis of Genetic Variation in 28 Dog Breed Populations With 100 Microsatellite Markers, Journal of Heredity, 94(1), 81–87 (2003). DOI: <https://doi.org/10.1093/jhered/esg004>.
14. Goleman M., Balicki I., Radko A., Rozempolska-Rucińska I., Zieba G. Pedigree and Molecular Analyses in the Assessment of Genetic Variability of the Polish Greyhound, Animals, 11(2), 353 (2021). DOI: <https://doi.org/10.3390/ani11020353>.
15. Leroy G. Genetic diversity, inbreeding and breeding practices in dogs: Results from pedigree analyses, Veterinary Journal, 189(2), 177–182 (2011). DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2011.06.016>.

16. Perfileyeva A., Bepalova K., Bepalov S., Begmanova M., Kuzovleva Y., Vishnyakova O., Nazarenko I., Abylkassymova G., Perfileyeva Y., Plakhov K., Djansugurova L., Bekmanov B. Homozygosity mapping in the Kazakh national dog breed Tazy, *Scientific Reports*, 13(1), (2023). DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-023-37990-5>.

#### **Сведения об авторах:**

**Перфильева А.В.** – кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, пр. аль-Фараби, 93, Алматы, Казахстан.

**Беспалова К.Б.** – магистр, научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, пр. аль-Фараби, 93, Алматы, Казахстан.

**Кузовлева Е.Б.** – старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, пр. аль-Фараби, 93, Алматы, Казахстан.

**Беспалов С.В.** – магистр, младший научный сотрудник лаборатории териологии, Институт зоологии КН МНВО РК, пр. аль-Фараби, 93, Алматы, Казахстан.

**Бегманова М.О.** – научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, пр. аль-Фараби, 93, Алматы, Казахстан.

**Абылкасымова Г.М.** – научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, пр. аль-Фараби, 93, Алматы, Казахстан.

**Сейсенбаева А.С.** – магистр, научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики, Институт генетики и физиологии КН МНВО РК, пр. аль-Фараби, 93, Алматы, Казахстан.

**Вишнякова О.В.** – эксперт-кинолог, Ассоциация «Консонар», Манаса, 22Б, Алматы, Казахстан.

**Perfileyeva A.V.** – Candidate of Biological Sciences, Leading Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Institute of Genetics and Physiology, al-Farabi Ave., 93, Almaty, Kazakhstan.

**Bepalova K.B.** – Master, Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Institute of Genetics and Physiology, al-Farabi Ave., 93, Almaty, Kazakhstan

**Kuzovleva Y.B.** – senior researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Institute of Genetics and Physiology, al-Farabi Ave., 93, Almaty, Kazakhstan

**Bepalov S.V.** – Master, Junior Researcher, Laboratory of Theriology, Institute of Zoology, al-Farabi Ave., 93, Almaty, Kazakhstan.

**Begmanova M.O.** – Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Institute of Genetics and Physiology, al-Farabi Ave., 93, Almaty, Kazakhstan

**Abylkassymova G.M.** – Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Institute of Genetics and Physiology, al-Farabi Ave., 93, Almaty, Kazakhstan

**Seisenbayeva A.S.** – Master, Researcher, Laboratory of Molecular Genetics, Institute of Genetics and Physiology, al-Farabi Ave., 93, Almaty, Kazakhstan

**Vishnyakova O.V.** – expert cynologist, Association “Kansonar”, Manasa, 22B, Almaty, Kazakhstan.