

ЗАРИМ ҮҮЛДЭР, ОМГИЙН ЯМААН СҮРГИЙН УДАМЗҮЙН БҮТЭЦ, ЯЛГАА

С.Болормаа¹, А.Рувинский¹, Б.Мандах²

1-Шинэ Инглэндийн Их Сургуулийн харьяа Орчин зүй ба Хөдөө Судлалын Сургууль, Австрали
2-МАНЭШХ, Монгол улс.

b_mandakh@yahoo.com

ХУРААНГУЙ

Микросателлитууд (MS) нь үүлдэр, омгийн мал, амьтны сүрэг доторх хийгээд хоорондох удамзүйн ялгааг тодорхойлох, ойр төрлийн холбоотой популяциудын эволюцийн уялдааг илэрхийлэхэд чухал ач холбогдолтой. Судалгаагаар Монголын зарим үүлдэр (Говь Гурван Сайхан), омгийн (Баяндэлгэрийн улаан, Завханы буурал) ямааны хоорондох удамзүйн зай, филогенетикийн уялдааг 14 микросателлит ашиглан гаргав. Судалгаанд хамрагдсан үүлдэр, омгийн ямааны ангид эвсэл үрт байдал, полиморф шинж өндөр, харин тэдгээрийн хоорондох удамзүйн зай (ялгаа) бага (0.026-0.031) ажээ.

ТҮЛХҮҮР ҮГ: микросателлит, ангид эвсэл үрт байдал, полиморф шинж, удамзүйн зай

ОРШИЛ

Молекул маркерууд олон тоогоор бий болсоор байгаагийн хэрээр бүлэг болон сүрэг малын удамшлын бүтцийг судлаж, тогтоох ажил эрчимтэй хийгдэж байна. Тухайлбал, полиморф шинж өндөртэй микросателлитууд (MS) ойр төрлийн холбоотой үүлдэр, омгуудын эволюц хөгжлийн хоорондын холбоог тогтооход өргөн ашиглагдаж байна. Үүлдэр, омгийн мал сүргийн доторх хийгээд тэдгээрийн хоорондох удамзүйн ялгааны түвшин нь тэдгээрийн удамзүйн төст ба ялгаат байдлыг илэрхийлэх үнэ цэнтэй мэдээлэл юм. Эволюц хөгжлийн хөдөлгөгч хүч болох мутац, рекомбинац, шилэн сонголт, генийн нүүдэл, урсгал нь популяцын (сүрэг мал) өвөр дотор болон популяц хоорондын генетик хувьсалд нөлөөлж, тусгалаа олж байдаг билээ. Европ, Африк, Азийн ямааны үүлдэр хоорондох удамзүйн ялгаа үхрийн үүлдрийнхтэй харьцуулахад бага болохыг метохондрийн ДНХ (mtDNA)-ийн судалгаа харуулсан байна (Luikart et al., 2001). Ямааны янз бүрийн популяц хоорондох удамзүйн бүтэц, ялгааны талаарх микросателлитийн маркерт үндэслэсэн хэд хэдэн

судалгаагаар тэдгээрийн генетик ялгарал багаас дунд зэрэг хэмээн тодорхойлогджээ (Barker et al., 2001; de Agaъjo et al., 2006). Ямааны популяц хоорондох удамзүйн ялгаа харьцангуй бага түвшинд байгаа нь эрт дээр үеэс нүүдэлчид ямааг хаа сайгүй зөөвөрлөж байсантай холбоотой байж болох юм. Монголд үржүүлж байгаа зарим үүлдэр, омгийн ямааны генетик үзүүлэлт болох аллелийн давтамж, гетерозигот байдал (ангид эвсэл үрт байдал), полиморф шинж (PIC), Харди-Вайнбергийн тэнцэтгэлийн (HWE) хазайлт, удамзүйн зайг тодорхойлох үндсэн дээр үүлдэр, омог доторх болон тэдгээрийн хоорондох удамзүйн ялгааг тогтоох зорилгоор энэ судалгааг явуулав.

СУДАЛГААНЫ ХЭРЭГЛЭГДЭХҮҮН, АРГА ЗҮЙ

Үүлдэр, омгийн ямааны популяц

Судалгаанд Монголд үржүүлж байгаа зарим үүлдэр (Говь Гурван Сайхан, GGS), омог (Баяндэлгэрийн улаан BD, Завханы буурал ZB) хамрагдав. Дээрх үүлдэр, омгийн ямаанаас санамсаргүй түүврийн аргаар цусны наалдас дээж авч ДНХ-ийн шинжилгээ хийв.

Микросателлитийн шинжилгээ

Популяц бүрээс авсан цусны дээжнээс Sambrook et al. (1989) нарын боловсруулсан аргагүйн дагуу ДНХ-г ялгав. Нийтдээ 14 микросателлитийн маркер ашиглав.

Популяцийн генетикийн үзүүлэлт

Үүлдэр, омгийн ямааны доторх болон тэдгээрийн хоорондох удамзүйн ялгааг тогтооход ARLEQUIN програм (Schneider et al., 2000) ашиглан аллелийн давтамж, локус бүрийн бодит ба онолоор тооцсон ангид эвсэл үрт байдал, полиморф шинж (PIC) зэрэг үзүүлэлтийг тооцов.

Харди-Вайнбергийн тэнцэтгэлийн (HWE) хазайлт тооцоход GENEPOP програм (Raymond and Rousset, 1995) хэрэглэв.

Популяц доторх болон тэдгээрийн хоорондох удамзүйн ялгааг *F* илтгэлцүүрээр (*FIS* ба *FST*) тооцов. *F* илтгэлцүүр түүний стандарт хазайлт, итгэмжлэгдэх мужыг GENEPOP. програмаар бодов. Популяц хоорондын генетик зай, стандарт алдааг (Nei, 1978) олоход DISPAN програм ашиглав (Ota, 1993).

СУДАЛГААНЫ ҮР ДҮН**Үүлдэр, омог доторх удамзүйн ялгаа**

Судалгаанд авсан 14 локуст хамрагдах нийт аллелийн тоо ГГС үүлдрийнх 137, Завханы буурал ба Баяндэлгэрийн улаан омгийнх, мөн дарааллаар 127, 120 байна. (Хүснэгт 1.). Аллелийн дундаж тоо 8.57-9.57 хэлбэлзэж байгаагаас үзэхэд Баяндэлгэрийн улаан омог үлдсэн хоёр популяцтай жишихэд хувьсал бага ажээ.

Гурван популяцын ямаанд тус тусынх нь “өөрийн” өвөрмөц аллель ажиглагдав. (Хүснэгт 2.).

Ийм өвөрмөц аллель найман локуст илэрчээ. Өвөрмөц аллелийн тоо Завхан буурал, Баяндэлгэр омогт 3, харин ГГС үүлдэрт 2 байна. Судлагдсан үүлдэр, омгийн хүрээнд өвөрмөц аллелийн давтамж бага ажээ. Ямааны популяц бүрээр Харди-Вайнбергийн тэнцэтгэлийн (HWE) хазайлтыг тооцоход нийт далан сорьцоос зөвхөн хоёрхон тохиолдолд бүртгэлзүйн хувьд бодитой ($p < 0.05$) хазайлт ажиглагдав (Хүснэгт 1.). Бодит хазайлт ГГС үүлдрийн *BM1818*, Завхан буурал омгийн *OarCP73* локуст тус тус тэмдэглэгдлээ.

Дээрх гурван популяцид генийн бодит ангид эвсэл үрт (гетерозигот) байдал (*Ho*) ойролцоо, өндөр хэмжээнд Завхан бууралд 0.711, ГГС үүлдэрт 0.744 байна.

Бодит ангид эвсэл үрт байдалтай (*Ho*) харьцуулахад генийн онолоор тооцсон нь (*He*) бага зэрэг доогуур, хэлбэлзэл нь Баяндэлгэр омогт 0.723, ГГС үүлдрийнх 0.734 хооронд байна.

Ангид эвсэл үрт байдлын дутмагшил ба илүүдлийн (Rousset and Raymond, 1995) тухайд онолын ба бодит ангид эвсэл үрт байдлын давтамжийн хоорондох ялгаа бодитой эсэхийг *f*- статистикаар шалгахад хоёр сөрөг *f*- үзүүлэлт (ГГС үүлдэрт *SRCSRSP07*, Баяндэлгэр омогт *LSCV44* локус) илэрсэн нь ангид эвсэл үрт байдлын илүүдэл бодитой ($p < 0.01$) бөгөөд өндөр түвшинд байна. Ангид эвсэл үрт байдлын бодит дутмагшил ($p < 0.01$) Баян-дэлгэрийн улаан омогт илэрсэн *OarCP73* ба *BM1818* локуст ажиглагдаж байна. (бодит эерэг *f* үзүүлэлт Хүснэгт 3.). Полиморф шинжийн үзүүлэлт нь ангид эвсэл үрт байдалтай ерөнхийдөө тохирч байна. (Хүснэгт 1.). Полиморф шинжийн дундаж үзүүлэлт бүх локусын хүрээнд 0.686 (Баяндэлгэр), 0.699 (ГГС) хооронд байна.

Хүснэгт 2

Өвөрмөц аллелийн хэмжээ (bp) ба давтамж

Маркер	ГГС	Завхан буурал	Баяндэлгэрийн улаан
<i>RM096</i>			126:0.042
<i>ILSTS11</i>		262:0.021	
<i>TGLA53</i>			133:0.031
<i>INRABERN185</i>			
<i>OarCP73</i>	188:0.021	212:0.021	242:0.042
<i>BM1258</i>	130:0.021		
<i>INRABERN172</i>		248:0.042	

Хоёр цэгийн өмнөх тоо нь аллелийн хэмжээ бол ардах нь түүний давтамж

Хүснэгт 1

Монголын зарим үүлдэр, омгийн ямааны локус бүрт илэрсэн микросателлит аллелийн тоо, бодит ба онолоор тооцсон ангид эвсэл үрт байдал, Харди-Вайнбергийн тэнцэтгэлийн хазайлт

	ГТС үүлдэр (47*)					Завхан буурал омог (47*)					Баяндэлгэрийн улаан омог (48*)							
	n	H ₀	H _c	PIС	HWE	(bp)	n	H ₀	H _c	PIС	HWE	(bp)	n	H ₀	H _c	PIС	HWE	(bp)
oaгFCB020	9	0.702	0.730	0.687	0.762	82-110	7	0.660	0.759	0.717	0.157	96-124	6	0.723	0.740	0.686	0.634	96-124
ILSTS029	9	0.617	0.678	0.644	0.200	154-186	10	0.553	0.608	0.579	0.099	154-182	7	0.563	0.487	0.451	0.977	154-182
SRCRSP07	5	0.596	0.492	0.453	0.526	119-129	6	0.511	0.499	0.454	0.402	123-133	5	0.563	0.535	0.494	0.278	119-129
RM096	12	0.745	0.810	0.778	0.395	100-122	10	0.702	0.784	0.751	0.353	100-124	9	0.875	0.800	0.764	0.797	98-126
LSCV44	11	0.957	0.847	0.819	0.893	112-134	12	0.936	0.892	0.872	0.505	112-134	9	0.938	0.821	0.790	0.609	112-130
ILSTS11	9	0.702	0.741	0.701	0.538	260-282	9	0.809	0.757	0.709	0.057	262-284	9	0.750	0.741	0.687	0.986	260-282
TGLA53	11	0.723	0.700	0.666	0.687	117-141	7	0.617	0.713	0.673	0.274	117-131	9	0.813	0.797	0.763	0.749	117-139
INRA063	5	0.739	0.714	0.652	0.827	164-172	5	0.766	0.712	0.655	0.111	164-172	5	0.702	0.672	0.628	0.738	164-172
INRABERN185	5	0.340	0.353	0.332	0.630	256-282	6	0.426	0.412	0.383	0.102	266-282	5	0.479	0.439	0.399	0.626	256-282
SRCRSP05	11	0.894	0.855	0.830	0.865	160-182	10	0.702	0.736	0.708	0.481	158-180	11	0.688	0.754	0.715	0.881	158-180
OarCP73	21	0.872	0.904	0.886	0.101	154-210	18	0.851	0.921	0.905	0.048**	154-216	17	0.854	0.902	0.885	0.121	154-242
BM1258	8	0.915	0.826	0.794	0.535	102-130	12	0.936	0.869	0.845	0.170	102-136	11	0.813	0.866	0.841	0.711	102-128
BM1818	11	0.891	0.863	0.838	0.034*	250-270	9	0.830	0.805	0.777	0.344	252-268	10	0.750	0.790	0.756	0.263	250-270
INRABERN172	7	0.723	0.760	0.713	0.345	236-250	6	0.660	0.704	0.650	0.612	236-246	7	0.813	0.782	0.743	0.687	236-252
MNA	9.57	0.744	0.734	0.699			9.	0.711	0.727	0.691			8.	0.737	0.723	0.686		
N							07						57					670

n- Аллелийн тоо

(bp)- Аллелийн далайц

N- Нийт генотип

* Ямааны тоо.

**Харди- Вайнбергийн тэнцэтгэлээс бодитой хазайсан HWE

(p<0.05);

MNA=Аллелийн дундаж тоо ; H₀=Бодит ажиглагдсан ангид эвсэл

үрт байдал;

H_c= Онолоор тооцсон ангид эвсэл үрт байдал; PIС= Полиморф

шинж .

Хүснэгт 3

Микросателлит локус бүрийн төрөл ойртолтын илтгэлцүүр (F_{IS})

Локус	Ямааны үүлдэр, омог					
	ГГС үүлдэр		Завхан буурал		Баяндэлгэрийн улаан	
	тоо	f	тоо.	f	тоо	f
<i>OarPCB020</i>	47	0.038	50	0.132	47	0.022
<i>ILSTS029</i>	47	0.091	50	0.091	48	-0.157
<i>SRCRSP07</i>	47	-0.213*	50	-0.024	48	-0.052
<i>RM096</i>	47	0.082	50	0.105	48	-0.095
<i>LSCV44</i>	47	-0.132	50	-0.050	48	-0.143*
<i>ILSTS11</i>	47	0.053	50	-0.069	48	-0.012
<i>TGLA53</i>	47	-0.034	50	0.135	48	-0.020
<i>INRA063</i>	46	-0.036	50	-0.076	48	-0.045
<i>INRABERNI85</i>	47	0.037	50	-0.053	48	-0.092
<i>SRCRSP05</i>	47	-0.045	50	0.047	48	0.088
<i>OarCP73</i>	47	0.036	50	0.077	48	0.054**
<i>BMI258</i>	47	-0.109	50	-0.078	48	0.062
<i>BMI1818</i>	46	-0.034	50	-0.031	48	0.052**
<i>INRABERNI72</i>	47	0.049	50	0.064	48	-0.040

*Ангид эвсэл үрт байдал бодитой илүүдсэн (-) ($p < 0.01$), ** Ангид эвсэл үрт байдал бодитой дутмагшилд орсон (+) ($p < 0.01$)

Үүлдэр, омгийн хоорондох удамзүйн ялгаа

Популяц хоорондох удамзүйн ялгарлыг Weir, Cockerham (Weir, Cockerham, 1984). нарын аргачлалаар F_{ST} статистикийн дундаж үзүүлэлтийг хооронд нь харьцуулж гаргав (Хүснэгт 4.). Судлаж байгаа үүлдэр, омгийн ямааны хоорондох F_{ST} статистикийн дундаж үзүүлэлт маш бага (0.009-0.012) байна.

Мөн дээрх популяцуудыг нэг бүлэг болгон F_{ST} статистик үзүүлэлтээр нь удамзүйн ялгарлыг үнэлэх өөр арга байдаг (Хүснэгт 5:). Судлаж буй гурван популяцийг нэг бүлэг болгон авч үзэхэд мөн л F_{ST} статистик үзүүлэлт маш бага (0.011) байгаа нь тэдгээрийн хоорондох генетик төст байдал өндөр болохыг харуулж байна. Өөрөөр хэлбэл, гурван популяцийн хоорондох ялгаа нийт генетик хувьслын дөнгөж 1.1 % болж байна.

Хүснэгт 4

Хослолын дүрэмд үндэслэж гаргасан үүлдэр, омгийн ямааны удамзүйн ялгааны илтгэлцүүр (F_{ST})

	ГГС	Завхан буурал	Баяндэлгэрийн улаан
ГГС		0.011	0.012
Завхан буурал			0.009

Хүснэгт 5

Судалгаанд ашигласан 14 микросателлит локусын удамзүйн ялгааны илтгэлцүүр (F_{st})

Маркер	Аллелийн тоо	F_{st} Гурван популяцийн хүрээнд
<i>OarPCB020</i>	10	0.003
<i>ILSTS029</i>	14	0.013
<i>SRCRSP07</i>	8	0.003
<i>RM096</i>	15	0.000
<i>LSCV44</i>	12	0.015
<i>ILSTS11</i>	11	0.017
<i>TGLA53</i>	14	0.005
<i>INRA063</i>	5	0.015
<i>INRABERNI85</i>	9	0.001
<i>SRCRSP05</i>	13	0.023
<i>OarCP73</i>	27	0.010
<i>BM1258</i>	15	0.009
<i>BM1818</i>	11	0.020
<i>INRABERNI72</i>	10	0.007
Нийт локусын тоо	174	0.011
Стандарт хазайлт		0.002
Итгэмжлэгдэх муж		0.0073-0.0148

Түүнчлэн стандарт удамзүйн зай (Nei, 1978) нь эдгээр үүлдэр, омгууд өөр хоорондоо баттай генетик холбоо хэлхээтэй болохыг илтгэж байна (Хүснэгт 6.) Популяц хоорондын удамзүйн зай маш бага буюу 0.026-0.031 байна. Хослолын дүрмээр Завхан буурал

ба Баяндэлгэрийн улаан омгуудын хоорондох удамзүйн зай 0.026 бол түүний стандарт алдаа ч бас бага байна. Иймд судлаж буй гурван ямаан сүрэг нь хэдийгээр тусдаа сүргүүд боловч удамзүйн хувьд өөр хооронд нь ялгахад бэрх ажээ.

Хүснэгт 6

Үүлдэр, омгийн ямааны хоорондох удамзүйн зай (Nei, 1978)

	ГГС	Завхан буурал	Баяндэлгэр улаан
ГГС		0.012	0.010
Завхан буурал	0.030		0.009
Баяндэлгэр улаан	0.031	0.026	
Удамзүйн зай (диагоналийн доор), стандарт алдаа (диагоналийн дээр)			

ШҮҮН ХЭЛЭЛЦЭХҮЙ

Популяц бүр арван дөрвөн локус дах аллелийн тоо, далайцаар өөр хоорондоо мэдэгдэм ялгаатай ажээ. Нэг локуст ноогдох аллелийн тооноос үзэхэд Завхан буурал омог, ГГС үүлдэр (9.07-9.57 аллель) нь Баяндэлгэр омог (8.57 аллель) мөн Хятадын (Li et al., 2002) ямааны арван хоёр популяцийнхтай (5.24 – 7.77) жишэхэд илүү полиморф шинжтэй ажээ. Гэхдээ, аллелийн дундаж тоо судлаж буй популяц, микросателлитийн маркерийн төрлөөс хамаарч ялгаатай байж болно.

Аливаа үүлдэр, омгийн малд өөрийн гэсэн өвөрмөц аллель илрэх нь тэдгээрийн хоорондох ялгаат байдлыг харуулах боловч үүнд аллелийн давтамж хамаатай. Өвөрмөц аллелийн давтамж өндөр байх нь ерөнхийдөө популяц хооронд генийн урсгал бага буйг харуулна. Популяц хооронд генийн шилжилт ихэсхэд өвөрмөц аллелийн давтамж буурдаг. Завхан буурал, Баяндэлгэрийн улаан омгуудад наад зах нь тус бүр нэг харьцангуй өндөр давтамж бүхий өвөрмөц аллель (дээрх дарааллаар, *INRABERNI72* маркерийн 248

аллель; *OurCP73* маркерийн 242 аллель) илэрсэн нь дурьдсан популяц хооронд генийн урсгал бага болохыг илтгэж байна.

Үүлдэр, омгийн ямааны популяцийн хүрээнд арван дөрвөн локус дахь бодит ба онолоор тооцсон ангид эвсэл үрт байдлын хэмжээ, онцлог болон полиморф шинж өндөр байгаа нь генетик судалгаанд ашигласан маркеруудын илрүүлэх чадвар өндөр болохын гэрчилж байна.

Хятад (Li et al., 2002), монголын нутгийн болон ангор (Турк) ямааны (Luikart et al., 1999) популяцид явуулсан бусад судлаачдынхаар ангид эвэл үрт байдал, полиморф шинж ойролцоо байжээ.

Швейцарийн ямааны үүлдүүд, мөн хоёр ферал зүйлийн ямааны (Creole and Bezoar) генетик хувьсал бага болох нь ажиглагджээ (Saitbekova et al., 1999). Судлаж байгаа үүлдэр, омгийн ямааны популяц хоорондох F_{ST} статистикийн дундаж үзүүлэлт маш бага (0.009-0.012) байна. Гурван популяцийг нэг бүлэг болгон авч үзэхэд мөн л F_{ST} статистик үзүүлэлт маш бага (0.011) байгаа нь тэдгээрийн хоорондох генетик төст байдал өндөр болохыг харуулж байна. Өөрөөр хэлбэл, гурван популяцийн

хоорондох ялгаа нийт генетик хувьслын 1.1 % болж байна.

Энэ нь урьд явуулсан судалгаатай харьцуулбал тийм ч гайхах зүйл биш. Тухайлбал, Luikart ба бусад (2001) митохондрийн ДНХ-ийн шинжлэгээгээр өөр өөр тивийн (Европ, Африк, Ази, Ойрх болон Дундад дорнод) ямааны үүлдүүдийн хоорондох ялгааны 10.7% нь удамзүйнх байжээ

1954 ба 1970 онд Монголд Оросын Дон хавийн болон Уулын Алтайн кашгор хэвшлийн ноолууртай ямаа авчирч тус орны өмнөт ба баруун хэсгийн нутгийн ямааг эрчимтэй эрлийзжүүлсэн билээ. Иймд нутгийн болон дээрх кашгор үүлдрийн хооронд ямар нэг хэмжээгээр генийн урсгал явагдсан гэх үндэстэй. Судалгаанд авсан ямааны үүлдэр, омгийн доторх полиморф шинж өндөр (ойролцоогоор 99%) харин популяц хооронд тийм биш ажээ. Энэ нь тэдгээрийн хооронд генийн урсгал их байсныг харуулж байна. Нөгөөтэйгүүр, судалж байгаа ямааны популяциуд генетикийн хувьд бие даасан бус нэг популяц болохыг давхар нотлож буй хэрэг. Монголын ямааны удамзүйн холбоог биохимийн генетикийн 33 маркерт үндэслэн судалсан Д.Нямсамба дээрхийн ижил (удамзүйн ялгаа бага) дүгнэлтэд хүрчээ.

НОМ ЗҮЙ

1. Barker, Tan, Moore, Mukherjee, Matheson and Selvaraj. 2001. Genetic variation within and relationships among populations of asian goats (*capra hircus*). J. Anim. Breed. Genet. 118:213-233.
2. De Агаџо, А. М., S. E. F. Guimarras, T. M. M. Machado, P. S. Lopes, G. S. Pereira, F. L. R. da Silva, M. T. Rodrigues, V. D. S. Columbiano and C. G. da Fonseca. 2006. Genetic diversity between herds of alpine and saanen dairy goats and the naturalized brazilian moxoty breed. Genetics and Molecular Biology 29:67-74.
3. Li, M. H., S. H. Zhao, C. Bian, H. S. Wang, H. Wei, B. Liu, M. Yu, B. Fan and S. L. Chen. 2002. Genetic relationships among twelve chinese indigenous goat populations based on microsatellite analyses. Genetics Selection Evolution 34:729-744.
4. Luikart, G., M.-P. Biju-Duval, O. Ertugrul, Y. Zagdsuren, C. Maudet and P. Taberlet. 1999. Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*capra hircus*). Anim. Genet. 30:431-438.
5. Luikart, G., L. Gielly, L. Excoffier, J. Vigne, J. Bouvet and P. Taberlet. 2001. Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. Proceedings of the National Academy of the Sciences 98:5927-5932.
6. Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics 89:583-590.
7. Nyamsamba, D., K. Nomura, K. Nozawa, M. Yokhama, Y. Zagdsuren and T. Amano. 2003. Genetic relationship among mongolian native goat populations estimated by blood protein polymorphism. Small Rumin. Res. 47:171-181.
8. Raymond, M. and F. Rousset. 1995. Genepop (version 1.2): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. Journal of Heredity 86:248-249.
9. Saitbekova, N., C. Gaillard, G. Obexer-Ruff and G. Dolf. 1999. Genetic diversity in swiss goat breeds based on microsatellite analyses. Anim. Genet. 30:36-41.
10. Schneider, S., D. Roessli and L. Excoffier. 2000. Arlequin version 2.0: A software for population genetics data analysis. Retrieved on the 5th of April, 2004 from <http://anthro.unige.ch/arlequin>

GENETIC STRUCTURE AND DIFFERENTIATION AMONG SOME BREED AND STRAINS OF GOAT POPULATIONS IN MONGOLIA

S. Bolormaa¹, A. Ruvinsky¹ and B.Mandakh²

1-School of Environmental and Rural Sciences, University of New England, Australia

2-Institute for Animal Science, Mongolia

Microsatellites (MS) are useful for quantifying genetic variation within and between populations and for describing the evolutionary relationships of closely related populations. The main objectives of this work were to estimate genetic parameters, measure genetic distances and reconstruct phylogenetic relationships between three Mongolian fleece bearing goat (Bayandelger /BD/, Zavkhan Buural /ZB/, and Gobi Gurvan Saikhan /GGS/) populations based on variation at fourteen MS loci. The level and pattern of observed and expected heterozygosity and polymorphic information content of the fourteen loci studied across the populations were quite similar and high. Except for SRCRSP07, all studied microsatellites were in Hardy-Weinberg Equilibrium ($p < 0.001$). The lowest distances were between the Mongolian fleece bearing goat populations (0.026-0.031). According to a three-factorial correspondence analysis (CA), they could hardly be distinguished from each other.