

ГЕНОТИП ӘРТҮРЛІ ЕТТІ БАҒЫТТАҒЫ ӨНДІРУШІ БҰҚАЛАРДЫҢ ӨСУ ГОРМОНЫ ГЕНДЕРІНІҢ ПОЛИМОРФТЫҚ ҚАСИЕТТЕРІ

Н. Ж. Қажғалиев.¹ – а.ш.ғ.к., доцент

А.Б. Маханбетова¹ – докторант

Ә.С. Шәмшідін.² – а.ш.ғ.к.

Қ. Нұргүлсім.³ – докторант.

¹С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университеті, Нұр-Сұлтан қ., Жеңіс, 62. guldana-72@mail.ru

²«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті», БҚО, Орал қаласы, Жәңгір хан даңғылы, 51

³Солтүстік-батыс ауыл шаруашылығы және орман шаруашылығы университеті, (Сиань қаласы, КНР)

Андатпа.

Мақалада генотипі әртүрлі етті бағыттағы өндіруші бұқалардың GH, CAPN1 өсу гормоны гендерінің полиморфтық қасиеті анықталып талдау нәтижелері баяндалған. Зерттеуге еттің мәрмәрлігіне әсер ететін ген ретінде өсу гормоны – самототропин (GH) және кальпаин (CAPN1) гендерін қарастырылды. Зерттеу нәтижесінде сұрыптау үшін қажетті V аллелінің GH гені локусында жоғары дәрежеде кездесу жиілігі (0,36) геррефорд тұқымдарына тән, ал абердин-ангусс пен қазақтың ақбас тұқымдарында аталмыш аллелдің сирек кездесетіні (0,11-0,22) анықталған. CAPN1 генінің полиморфтығы С және G аллельдері арқылы байқалды, абердин-ангусс және қазақтың ақбас тұқымдарында қажетті С аллелінің кездесу жиілігі (0,13-0,14) салыстырмалы бірдей шамада болса, ал төмен жиілік (0,08) -геррефорд тұқымының өндіруші бұқаларында байқалған. Сұрыптау үдерісіне қажетті аллель иесі өндіруші бұқаларды кеңінен қолдану өз кезегінде олардың табында жылдам жиналуына әсер етіп, селекцияның экономикалық тиімділігін жоғарлатуға мүмкіндік беретіні анықталды.

Түйін сөздер: етті бағыттағы мал, көбеюі, өндіруші-бұқа, ДНҚ, самототропин (GH)гені, кальпаин (CAPN1) гені, полиморфизм, ет өнімділігі, малды сұрыптау.

Кіріспе.

Соңғы жылдары етті асылтұқымдық сұрыптау бағыттағы мал шаруашылығы жұмыстарының тәжірибесінде жақсы дамыған елдердің молекулярлы-генетикалық

маркерлерді қолдану арқылы мал өндіру барысында биотехнологиялық әдістер кеңінен қолданылып келеді. Олар гендердің түрлі жағдайы бойынша (аллельді нұсқаларнегізінде) мәліметтер алуға және нақты қоршаған орта жағдайларында қажетті қасиеттердің кешені бар ағзалар тобында қандай жеке гендер мен гендік жиынтықтардың таралуы басым болып келетінің тікелей тәжірибе жүзінде зерттеуге мүмкіндік береді.

Сұрыптау үдерістерінің критерийлері ретінде сан жағынан үлкен дәрежеде генетикалық маркерлерді қолдану бұл өз кезегінде тұқым, популяция немесе жеке дарақтардың генетикалық потенциалын шынайы бағалауға және табындардағы сұрыптау үдерістеріне нақты бақылау жасап, олардың бағытын дұрыстауға мүмкіндік береді. Мысалы, гендердің максималды санын есепке алу, гомозиготалық деңгейін нақты бағалауға, тиісінше табынның шоғырландыру дәрежесін анықтауға да мүмкіндік береді деген сөз [1].

Заманауи шарттарда ірі қара мал тұқымдарын жетілдіру бойынша атқарылатын жұмыстардың теориялық негізі ретінде жеке табын мен мал тұқымдарының шегінде 28 селекциялық белгілердің өзгергіштігі мен тұқымқуалашылық үдерістерін зерттеуге бағытталған популяциялардың генетикасын қарастыруға болады. Бұл жұмыстың маңызды бөлігі - жануарлардың генотипін өнімділік және шаруашылық қасиеттері

бойынша зерттеу болып табылады. Болашақ ұрпақ сапасы мен популяцияның генетикалық жақсаруы бағалаудың шынайылығы мен дәлдігіне байланысты.

Бүгінгі күні молекулярлық генетиканың жылдам дамуы жануарлардың өсуі мен дамуын бағалау және заманауи нарықтың талаптарына сәйкес келетін малшаруашылық өнімдерін алу үшін ДНҚ полиморфизмін тәжірибелік сұрыптау барысында қолдануға мүмкіндік береді. Бұл мәселенің өзектілігі арнайы етті тұқымдардағы мал басы санының салыстырмалы төмен деңгейде болуына байланысты әсіресе, етті бағыттағы мал шаруашылығында байқалады, ал асылтұқымдық жануарларды тіршілік ету кезінде бағалау олардың генетикалық потенциалының толық сипатын бермейді.

Отандық және шетелдік зерттеушілердің тәжірибесі арқылы биотехнологияның молекулалық және генетикалық әдістері асылтұқымдық сұрыптау жұмыстарының тиімділігін жоғарлатуға әсер ететін жануарлардың генетикалық мүмкіндігін шынайы бағалау жұмыстарының жаңа жолдарын қалыптастыруға атсалысатынын көруге болады [1-4]. Экономикалық маңызды белгілердің негізгі бөлігі барлық геном бойынша таралған көптеген сандық белгілер (Quantitative Trait Loci – QTL) локустарының бақылауында болады. Өнімділігі жоғары жануарлар үшін ең қолайлы аллельдер саны бар QTL

көрсеткіштерінің болуы тән екені дәлелденген [5, 6].

Соған байланысты, экономикалық тұрғыдан қарағанда маңызды белгілер үшін QTL -ге жақын оқшауланған гендерді іздеу өзекті болып табылады. Бұл зерттеулердің тәжірибелік маңызы сұрыптаудың қолданбалы міндеттерін шешуге мүмкіндік беретіндігінде жатыр, ал сол міндеттердің бірі ет өнімділігіне байланысты генетикалық маркерлерді анықтау болып табылады. Өсу (GH) және кальпаин (CAPN1) гормондарының полиморфизм қасиеттеріне негізделген ірі қара малының ет өнімділігі бойынша ДНҚ-маркерлерін үдемелі қолдану, бұл өз кезегінде аталмыш гормондардың ағзадағы функцияларының спектрімен анықталады. Бұл гормондар ағзаның өсу және дамуын реттейді, ет өнімділігінің қалыптасуы мен сапасын тұрақты сақтауға қатысады [7-11].

Ғылыми әдебиеттерде CAPN1 гені протеолитикалық ферменттер кешенің кодтайтын және бұлшықет ұлпалары мен талшықтарын байланыстыратын ген ретінде сипатталады.

Өндіруші бұқалар болашақ табынның генетикалық мүмкіндіктерінің құрылуы кезінде маңызды рөл атқарады. Бұқаларды іріктеу жұмыстары тиянақты орындалса, олардың асылтұқымдық құндылығы нақты анықталған жағдайда және ата-енелік жұптарды таңдау жұмыстары дұрыс жүргізілетін болса ғана, тиісінше, сұрыптау талаптарына

сәйкес келетін төлдерді өндіру мүмкіндігі жоғары болады.

Локустағы аллельдердің орташа саны бір жағынан, талдау жүйесінің ақпараттық көрсеткіштерінің бірі болып табылады, екінші жағынан, зерттеліп отырған жануар тобының генетикалық әр түрлілігін сипаттайтын критерий ретінде қолданылады.

Қазақстанда арнайы етті бағыттағы ірі қара мал шаруашылығына көп көңіл аударылады. Соңғы 10 жыл ішінде малбасы саны 3 есеге ұлғайды. Алайда, осы уақытқа дейін өзінің геномында ет өнімділігі мен ет өнімдерінің сапасын бақылап отыратын маркерлерді алып жүрген жануарларды анықтау мақсатында өндіруші бұқалардың ДНҚ-диагностикасы бойынша терең зерттеулер жүргізілмеген, бұл өз кезегінде зерттеулердің өзектілігін анықтауға мүмкіндік берді.

Зерттеу мақсаты. Етті бағыттағы тұқымдарға жататын өндіруші бұқаларды бағалау үшін өсу гормоны мен кальпаин гендерінің полиморфизм қасиеттерінің өз ішіндегі және тұқымаралық ерекшеліктері мен әсерін анықтау.

Зерттеулер 217 "Ғылымды дамыту" бюджеттік бағдарлама жобасының аясында, 102 "Ғылыми зерттеулерді гранттық қаржыландыру" және 267 "Білім мен зерттеуге қол жетімділікті арттыру" 101 "Ғылыми зерттеулер мен іс-шараларды мақсатты қаржыландыру" бағдарламасы шеңберінде жүргізілді.

Зерттеу әдістері мен материалдары.

Зерттеу нысаны. Қазақтың ақбас тұқымы, геррефорд және абердин-ангус тұқымдарының өндіруші бұқалары. Жануарларды күтіп-бағу мен тәжірибелік зерттеулер нұсқаулықтарға сәйкес орындалды.

Тәжірибенің сызбанұсқасы. Зерттеу жұмыстарын жүргізу үшін Қазақстанның солтүстік аймақтарындағы «Алтындан» ШҚ (геррефорд тұқымы, n=18), «Галицкое» ШҚ (қазақтың ақбас тұқымы, n=30), «Жаксыбай Агро» ШҚ (абдердин-ангус, n=22) шаруашылықтарында өсірілетін бұқалар алынды. Зерттеу биоматериалы негізінде реагент жиынтығын қолдану арқылы өндіруші бұқалардың қан үлгілерінен алынған ДНҚ қолданылды. Өсу гормоны (GH) гены бойынша бұқаларды генотиптендіру ПТР-ПДРФ әдісі арқылы жүзеге асырылды. ПТР – полимеразды тізбекті реакция. ПДРФ – зерттелетін полиморфизмдік бөліктердің амплификация өнімдерінің талдауы сызбанұсқаға сәйкес жүзеге асырылды.

Жабдықтар мен техникалық құралдар. ҚазҰАУ маңындағы Жапон орталығының иммуногенетика және ДНҚ-технологияларының зертханасында жүргізілді. ДНҚ-ын алу үшін «DIAomtm DNA Prep» («IsoGeneLab», Ресей) реагенттер жиынтығы қолданылды. OD 260/280-ның ДНҚ шығымы 3-5 мкг/100мкл, 1,6-дан 2,0 құрады.

ПТР жүргізу үшін «GenePakPCRCore», («IsoGeneLab») жиынтықтары пайдаланылды.

ПТР «ДНҚ-технология» фирмасының көлемі 20 мкл болатын, 10 мкл ПТР-ерітіндісі бар келесі праймерлерді қолдану арқылы: 1,0 мкл (GH-F: 5'- gct-gct-cct-gag- cct-tcg -3' және GH-R: 5'- gcg-gcg-gca-ctt - cat-gac-cct -3') және 5 мкл – ДНҚ-сынамалары бағдарланатын «Терцик» термоциклерінде орындалды. Амплификация GH: 1 саты (95 °C – 5 мин – 1 цикл); 2 саты (94 °C – 45 сек, 65 °C – 45 сек, 72 °C – 45 сек (35 циклов), 3 саты (72 °C – 7 мин – 1 цикл) бағдарламасына сәйкес орындалды. Фрагменттер ұзындығы мен санын шектеу бромды этидимен боялғаннан кейін 2 % агароздық гель мен УФ-жарығында электрфоретикалық түрде анықталды және гелдік құжаттандырудың компьютерлік жүйесінің көмегімен талданды.

Молекулалық массаның маркері ретінде M 50 (Iso Gene Lab стандартты жиынтығы қолданылды. CAPN1 генінің полиморфизмдік қасиетін анықтау үшін «CAPN1» реагенттерінің жиынтығын пайдалану арқылы АНК-32 нуклеин қышқылының талдауышы қолданылды, «CAPN1» реагенттерінің жиынтығы өз кезегінде арнайы зондтардың аллельдерін қолдану барысында шынайы уақыттағы өндіруші бұқалардың геномды ДНҚ-ның (ПЦР-РВ) үлгілерінде С316G

генінің SNP-мутациясының бинарын анықтауға арналған.

Статистикалық өңдеу. «Excel» («Microsoft», АҚШ) бағдарламасын қолдану арқылы «Microsoft Office» офистық

Зерттеу нәтижелері

Әртүрлі тұқымдарға жататын өндіруші бұқаларды генотиптендіру нәтижесінің салыстырмалы талдауы арқылы соматотропин және кальпаин гендерінің, тек қана тұқымның ішінде ғана емес сондай-ақ тұқымаралық полиморфизм ерекшеліктері болатыны анықталды, бұл ерекшеліктер зерттеліп отырған гендердің локустағы аллельдерінің кездесу

1 кесте-Өндіруші бұқаларда GH генінің генотипі мен аллельдерінің кездесу жиілігі

Тұқым	n	Аллель жиілігі		Генотиптердің жиілігі		
		V	L	VV	LV	LL
Қазақтың ақбас тұқымы	30	0,25	0,79	-	0,42	0,55
Абердин-ангус	22	0,13	0,88	-	0,24	0,77
Герефорд	18	0,37	0,63	0,18	0,38	0,43

Сұрыптау үшін қажетті V аллелінің кездесу жиілігінің жоғары көрсеткіші (0,37) герефорд бұқаларына тән, ал төмен көрсеткіш қазақтың ақбас тұқымына тиесілі-(0,25), ал кездесу жиілігінің ең төмен көрсеткіші абердин -ангус тұқымында байқалған-(0,13)

Анықталған көрсеткіштер гомозиготалық (VV; LL) және гетерозиготалық (LV) нұсқаларда кездесу жиілігінен көрініс тапқан. Абердин-ангус және қазақтың

бағдарламалар кешенінің көмегімен жүзеге асырылды. Мәліметтер «Statistica 6.0» («Stat Soft Inc.», США) бағдарламаларында өңдеуден өтті.

өндіруші бұқаларды генотиптендіру жиілігінің әртүрлі болуымен сипатталады. Гель-электрофорезі негізінде жасалған ПТР-диагностика барысында барлық зерттеліп отырған тұқымдарда соматотропин генінің полиморфизм қасиеті кездесу жиілігі әртүрлі V және Lекі аллельдің болуымен көрсетілген (1 кесте).

ақбас тұқымдарының бұқаларында гомозиготалы VV генотипінің болмайтыны, ал герефорд тұқымының бұқаларында кездесетіні (0,18) анықталған.

Гомозиготалы LL генотипінің кездесу жиілігі герефорд бұқаларында 0,43 бастап, ал абердин-ангус тұқымында 0,77-ге дейін өзгеріп отырды. Гетерозиготалы LV генотипі салыстырмалы түрде бірдей кездесу жиілігімен (0,38-0,43)

геррефорд және қазақтың ақбас тұқымдарында байқалды.

Шынайы уақытта ПТР колдану негізінде жүргізілген ДНҚ-диагностикасы арқылы зерттеліп отырған тұқымдардың бұқаларында

CAPN1 генінің локусында полиморфизм қасиеті бар екені анықталды, ол кездесу жиілігі әртүрлі болып келетін С және G екі аллельмен сипатталады (2 кесте).

2 кесте - Генотипі әртүрлі өндіруші бұқаларда CAPN1 генінің генотиптері мен аллельдерінің кездесу жиілігі

Тұқым	n	Аллель жиілігі		Генотиптердің жиілігі		
		C	G	CC	GG	CG
Қазақтың ақбас тұқымы	30	0,11	0,85	0,05	0,77	0,14
Абердин-ангус	22	0,14	0,86	0,06	0,88	0,16
Геррефорд	18	0,09	0,91	0,05	0,78	0,06

CAPN1 генінің локусында сұрыптауға қажетті С аллелінің кездесу жиілігінің тұқым арасында таралуын салыстырмалы талдауы арқылы қазақтың ақбас тұқымымен абердин-ангус бұқаларының арасында аталмыш геннің үлесі бірдей болды (0,11-0,14), ал геррефорд тұқымында аз ғана (0,09) дәрежеде кездесті. G аллеліне келетін болсақ, зерттеліп отырған барлық тұқымдарда оның үлесі жоғары болды (0,85-0,91). Қажетті С аллелінің кездесу жиілігінің төмен көрсеткіші геррефорд тұқымы бұқаларында аз ғана мәнде (0,05) гомозиготалы CC және гетерозиготалы CG генотиптерінің болуымен сипатталды. Гомозиготалы CC генотипі салыстырмалы бірдей кездесу жиілігімен (0,77-0,78) абердин-ангус және қазақтың ақбас тұқымдарында байқалды.

Жоғарыда көрсетілген мәліметтер етті бағыттағы өндіруші бұқалар арасында GH және CAPN1 гендерінің локустарындағы сұрыптауға қажетті V және С аллельдерінің таралуы бірдей болмайтынын көрсетеді. Соматротпин гормоны аллелінің кездесу жиілігінің жоғары мәні 0,36 геррефорд тұқымына тән, ал төмен көрсеткіші 0,11-абердин-ангус тұқымында байқалады. Алайда, кальпаин генінің локусындағы С аллелінің таралу жиілігі геррефорд тұқымында тек қана 0,09 құрады, ал абердин-ангус пен қазақтың ақбас тұқымдарында бұл көрсеткіш – 0,11-0,14-ке тең, бұл өз кезегінде біріншісінен 1,7 есе жиірек болатынын білдіреді. Әртүрлі тұқымға жататын өндіруші бұқалардың GH, CAPN1 гендерінің локустарындағы гомозиготалық деңгейі 3 кестеде берілген.

3 кесте -GH, CAPN1 гендерінің локустарындағы гомозиготалық деңгейі

Тұқым	GH			CAPN1		
	генотип	n	%	генотип	n	%
Қазақтың ақбас тұқымы	VV	-	0,00	CC	2	5,88
	LL	15	55,0	GG	25	77,11
Абердин-ангус	VV	-	0,00	CC	2	5,76
	LL	3	23,0	GG	18	78,55
Герефорд	VV	2	15,9	CC	2	5,22
	LL	8	45,0	GG	17	87,33

GH локусындағы қажетті VV генотипіне ие герефорд тұқымының бұқалар саны 25,06 % құрады, бұл өз кезегінде абердин-ангус пен қазақтың ақбас тұқымында болмайтынын ескерген жағдайда герефорд тұқымының арасында гомозиготалық деңгейінің жоғары көрсеткішіне қол жеткізуге мүмкіндік берді. Зерттеліп отырған етті бағыттағы тұқымдардың

арасында CAPN1 генінің қажетті CC генотипінің таралуы бір деңгейде болды, герефорд пен абердин-ангус тұқымдарында- 16,0 және 15,5 %, тиісінше қазақтың ақбас тұқымында-11,5 % құрады.

Гомо- және гетерозиготалық шамалардың тұқымаралық айырмашылықтары гетерозиготалық тест шамасынан көрініс тапты (4 кесте).

4 кесте - GH және CAPN1 гендері бойынша гетерозиготалық деңгейі

Тұқымы	Гетерозиготалықтың нақты таралуы, бас	Нақты таралу бойынша гетерозигота үлесі, %	Гетерозиготаның теориялық болжалды таралуы, бас	теориялық болжалды таралуы бойынша гетерозигота үлесі, %	Гетерозиготалық тест $\phi=T, \%$
GH					
Қазақтың ақбас тұқымы	6	76,78	5,4400	50,23	+25,49
Абердин-ангус	3	30,33	4,5330	25,45	+5,25

Герефорд	5	65,44	8,3922	88,03	-24,77
CAPN1					
Қазақтың ақбас тұқымы	3	17,88	7,6580	32,90	-14,55
Абердин-ангус	2	19,0	8,9900	28,24	-8,14
Герефорд	4	5,22	5,3280	16,92	-10,35

Осу гормоны (GH) бойынша герефорд тұқымы бұқаларында гетерозиготалық тест көрсеткіші теріс мәнді (-24,77) анықтады, алайда абердин-ангус пен қазақтың ақбас тұқымдарының бұқаларында гетерозиготалық тест нәтижесі оң мәнді көрсетті, сондағы абердин-ангус тұқымының көрсеткіші +5,25 болған жағдайда, артықшылық қазақтың ақбас тұқымында +25,49 болды.

Зерттеліп отырған барлық тұқымдардағы өндіруші бұқаларды CAPN1 генінің локусындағы гетерозиготалық тест нәтижесінің

теріс мәні CAPN1 генінің локусында генотиптердің теориялық саны бойынша анықталған қатысты гетерозиготалықпен салыстырғанда, нақты мәліметтер бойынша алынған қатысты гетерозиготалық шаманың жетіспеушілігінен туындайтыны дәлелденген. Полиморфизм деңгейі соматотропин және кальпаин гендерінің локустарындағы тиімді әрекет ететін аллельдердің саны бұқалардың тұқымына байланысты болды (5 кесте).

5 кесте -GH және CAPN1 гендерінің локустарында тиімді әрекет ететін аллельдердің саны

Тұқымы	Ген	
	GH	CAPN1
Қазақтың ақбас тұқымы	1,53	1,27
Абердин-ангус	1,22	1,25
Герефорд	1,82	1,16

GH локусындағы тиімді аллельдер саны абердин-ангус бұқаларында төмен (1,22) болды, ал 32% артықшылығымен герефорд тұқымы (1,82) жоғары көрсеткішке ие болды. CAPN1 локусындағы

тиімді аллельдер санының көп мөлшері қазақтың ақбас тұқымына тиесілі, герефор пен абердин-ангус тұқымдарымен салыстырғанда 1,27, 1,16 және 1,25 құрайды.

Алынған нәтижелерді талқылау. Геррефорд, абердин-ангус және қазақтың ақбас тұқымдарында анықталған соматотропин және кальпаин гормондарының гендерінің полиморфизмі тұқымаралық ерекшеліктері бұрын алынған отандық және шетелдік ғалымдарының мәліметтерімен сәйкес келеді [5, 6, 8, 9, 11, 12].

Гомо- и гетерозиготалық гендердің болуын талдау барысында СС генотипіне ие жануар тобында едәуір айырмашылық байқалды. GG және GC арасындағы айырмашылық онша байқалмады. Бұл жағдайды СС күйінде берілген полиморфизмнің өсу сипаттамаларына айтарлықтай әсер ету қабілетімен түсіндіруге болады.

Біздің зерттеулерімізде генотиптер жиілігінің таралуы GHLL бойынша – 44,9; 22,2; 56,2, CAPN1GG бойынша – 89,44; 78,54; 78,15 % құрайтыны сипатталған. Геррефорд тұқымының ішінде GHVV бойынша қажетті генотиптері бар жануарлар саны 16,67 % құрады, ал абердин-ангус пен қазақтың ақбас тұқымдарында мүлдем кездеспеді, CAPN1CC бойынша тиісінше – 5,26; 4,76; 6,25 % болды. Соматотропин және кальпаин гендері бойынша зерттеліп отырған тұқымдардың генотиптерінің нақты және теориялық күйде болжалды таралуына негізделген гетерозиготалық деңгейінің талдауы өз кезегінде гомо-және гетерозиготалық деңгейлерінің әр түрлі болатынын дәлелдейді. Осылайша, етті бағыттағы геррефорд, абердин-ангус және

қазақтың ақбас тұқымдарының бұқаларындағы теориялық күйдегі болжамды гетерозиготалық үлесі GH – 89,02; 24,35 және 52,25 %, CAPN1 бойынша – 17,02; 29,23 және 31,96 % құрады, GH бойынша гетерозиготалық тест шамасы : - 25,38; +4,22 және +25,53, CAPN1 бойынша: -11,47; -9,23 және -13,44 болды. Етті бағыттағы тұқымдарға жататын бұқалардың зерттелген мал басының полиморфизм деңгейі мен тиімді әрекет ететін аллельдер саны әр түрлі болып келеді.

GH бойынша ең жоғары тиімді аллельдер саны (1,82), алайда CAPN1 бойынша ең төмен көрсеткіш (1,16) геррефорд тұқымына тән. полиморфтық деңгейі GH (1,22) және CAPN1 (1,25) бойынша төмен полиморфтық деңгейі абердин-ангус тұқымына тиесілі. CAPN1 бойынша тиімді әрекет ететін аллельдер санының жоғары көрсеткіші (1,27) қазақтың ақбас тұқымында байқалды, GH локусында - 1,53 болды.

Жүргізілген молекулалық-генетикалық талдау көрсеткендей отандық және шетелдік етті бағыттағы тұқымдарға жататын ірі қара мал популяциялары генетикалық параметрлері бойынша айырмашылықтарға ие болады. Қазақтың ақбас тұқымы геррефордқа қарағанда аллельдер саны бойынша әртүрлі көрсеткіштерге ие болады, бұл өз кезегінде шығу тегі әр түрлі екі тұқымның генофондтарының бірігуіне байланысты.

Осылайша, GH және CAPN1 гендерінің полиморфизмдік

ерекшеліктері өндіруші бұқалардың тұқымына байланысты болып келеді. Қарастырылып отырған гендердің генетикалық құрылымын талдау жұмыстары, сұрыптауға қажетті аллельдердің таралуы бірдей болмайтынымен

Қорытындыны талқылау және қорытындылау

Молекулалық-генетикалық әдістерді қолдану арқылы алғаш рет Қазақстанның солтүстік аудандарындағы шаруашылықтарда өсірілетін негізгі етті бағыттағы тұқымдардың генетикалық құрылымы бойынша ақпарат алынды. Мұндай зерттеулердің тәжірибелік маңызы ең алдымен, олардың сұрыптаудың қолданбалы міндеттерінің шешімін табуға мүмкіндік бере алатындығында жатыр, сұрыптау міндеттерінің бірі ет өнімділігімен байланысты генетикалық маркерлерді анықтау болып табылады. Қазақстанның солтүстік аудандарындағы мал шаруашылығы тәжірибесінде мұндай зерттеулер жоқтың қасы. Біздің ойымызша, алынған зерттеу

сипатталады. Маркерлі аллельдерді иеленген гендердің скринингі мен оларды сұрыптау үдерісіне кең қолдану асылтұқымдық табындарда ет өнімділігімен байланысты гендердің жиынтығын қалыптастыру мүмкіндігін береді.

нәтижелері тек қана өндіруші бұқалардың ғана емес, сонымен қатар, асылтұқымды табындардағы аналық мал басының да шаруашылыққа пайдалы қасиеттерін бақылайтын гендер бойынша ДНҚ-диагностикасын кеңінен қолданудың бастамасы болады, бұл өз кезегінде қажетті қасиеттерге ие генотиптерді жинақтауға және сақтауға мүмкіндік береді.

Берілген бағыттағы ғылыми зерттеулер біздің еліміз үшін өзекті әрі маңызды болып табылады, оның өзектілігі Қазақстанның солтүстік аудандарындағы бәсекеге қабілетті сиыр етінің өндірістерін құру және етті бағыттағы малдың генетикалық мүмкіндігін жақсарту қажеттігін айқындайды.

Әдбиеттер тізімі

1. Амерханов Х., Калашников В., Левахин В. Мясное скотоводство, проблемы и перспективы // Молочное и мясное скотоводство. 2010. № 1. С. 2-5.
2. Молекулярно-генетические аспекты селекции мясного скота и мраморности мяса / А.А. Шарипов, Ш.К. Шакиров, Ю.Р. Юльметьева, Л.И. Гафурова // Вестник мясного скотоводства. 2014. № 2(85). С. 59-64.
3. Племяшов К. Геномная селекция – будущее животноводства // Животноводство России. 2014. № 5. С. 2-4.
4. Development and characterization of a high density SNP genotyping assay for cattle / L.K Matukumalli, C.T. Lawley, R.D. Schnabel, J.F. Taylor, M.F. Allan, M.P. Heaton et al. // PLoS ONE. 2009. № 4(4): doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005350>.
5. Полиморфизм по генам соматотропина, пролактина, лептина, тиреоглобулинабыковпроизводителей / С.В. Тюлькин, Т.М. Ахматов, Э.Ф.

Валиуллина, Р.Р. Вафин // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2012. Т. 16. № 4/2. С. 1008-1011.

6. Полиморфизм генов bGH, RORC и DGAT1 у мясных пород крупного рогатого скота России / И.Ф. Горлов, А.А. Федюкин, Д.А. Ранделин, Г.Е. Сулимова // Генетика. 2014. Т. 50. № 12. С. 1448-1454.

7. Косян Д.Б. Химический состав, биологическая и энергетическая ценность мясной продукции бычков калмыцкой породы различных генотипов по CAPN1 // Вестник мясного скотоводства. 2015. № 1(89). С. 7-13.

8. Сурундаева Л.Г., Маевская Л.А. Анализ ассоциаций разных генотипов молодняка каргалинского мясного типа крупного рогатого скота по гену гормона кальпаина с мясной продуктивностью // Вестник мясного скотоводства. 2015. № 4(92). С. 12-15.

9. The association of CAPN1, CAST, SCD and FASN polymorphisms with beef quality traits in commercial crossbred cattle in the Czech Republic / K. Kaplanova, A. Dufek, E. Dracková, J. Simeonovova, J. Šubrt, I. Vrtková, J. Dvořák // Czech Journal of Animal Science. 2013. 58. V. 11. P. 489-496.

10. Polymorphisms of growth hormone GH1-Alu1 in Jersey cows and its effect on milk yield and composition / C. Dario, D. Carnicella, F. Ciotola, V. Peretti, G. Bufano // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. 2008. V. 21. P. 1-5.

11. Гетманцева Л.В. Молекулярно-генетические аспекты селекции животных // Молодой ученый. – 2010. – № 12. – Т. 2. – С. 199-201.

12. Effects of polymorphisms in the calpastatin and μ -calpain genes on meat tenderness in 3 French beef breeds / S. Allais, L. Journaux, H. Leveziel, N. Payet-Duprat, P. Raynaud, J.F. Holquette, J. Lepetit, S. Rousse, C. Denoyelle, C. Bernarol-Capel, G. Renand // Journal of Animal Science. 2011. V. 89. P. 1-11.

References

1. Amerkhanov H., Kalashnikov V., Levakhin V. Beef cattle breeding, problems and prospects // Dairy and beef cattle breeding. 2010. No. 1. S. 2-5.

2. Molecular genetic aspects of breeding beef cattle and marbling meat / A.A. Sharipov, Sh.K. Shakirov, Yu.R. Yulmetieva, L.I. Gafurova // Bulletin of beef cattle breeding. 2014. No. 2 (85). S. 59-64.

3. Plemyashov K. Genomic selection - the future of livestock // Livestock of Russia. 2014. No. 5. P. 2-4.

4. Development and characterization of a high density SNP genotyping assay for cattle / L.K Matukumalli, C.T. Lawley, R.D. Schnabel, J.F. Taylor, M.F. Allan, M.P. Heaton et al. // PLoS ONE. 2009. № 4(4): doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005350>.

5. Polymorphism according to the genes of somatotropin, prolactin, leptin, thyroglobulin of the manufacturers / S.V. Tyulkin, T.M. Akhmatov, E.F.

Valiullina, R.R. Vafin // Vavilovsky Journal of Genetics and Breeding. 2012.V. 16. No. 4/2. S. 1008-1011.

6. Polymorphism of the bGH, RORC, and DGAT1 genes in meat breeds of cattle in Russia / I.F. Gorlov, A.A. Fedyukin, D.A. Randelin, G.E. Sulimova // Genetics. 2014.V. 50. No. 12. P. 1448-1454.

7. Kosyan D.B. The chemical composition, biological and energy value of meat products of calves of the Kalmyk breed of various genotypes according to CAPN1 // Bulletin of meat cattle breeding. 2015. No. 1 (89). S. 7-13.

8. Surundaeva L.G., Mayevskaya L.A. Analysis of associations of different genotypes of young Kargaly meat type of cattle according to the gene of the hormone calpain with meat productivity // Bulletin of beef cattle breeding. 2015. No. 4 (92). S. 12-15.

9. The association of CAPN1, CAST, SCD and FASN polymorphisms with beef quality traits in commercial crossbred cattle in the Czech Republic / K. Kaplanova, A. Dufek, E. Dracková, J. Simeonovova, J. Šubrt, I. Vrtková, J. Dvořák // Czech Journal of Animal Science. 2013. 58. V. 11. P. 489-496.

10. Polymorphisms of growth hormone GH1-Alu1 in Jersey cows and its effect on milk yield and, composition / C. Dario, D. Carnicella, F. Ciotola, V. Peretti, G. Bufano // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. 2008. V. 21. P. 1-5.

11. Getmantseva L.V. Molecular genetic aspects of animal breeding // Young scientist. - 2010. - No. 12. - T. 2. - S. 199-201.

12. Effects of polymorphisms in the calpastatin and μ -calpain genes on meat tenderness in 3 French beef breeds / S. Allais, L. Journaux, H. Leveziel, N. Payet-Duprat, P. Raynaud, J.F. Holquette, J. Lepetit, S. Rousse, C. Denoyelle, C. Bernarol-Capel, G. Renand // Journal of Animal Science. 2011. V. 89. P. 1-11.

ОСОБЕННОСТИ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ ГОРМОНА РОСТА БЫКОВ-ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ РАЗНЫХ ГЕНОТИПОВ МЯСНЫХ ПОРОД

*Н.Ж. Кажгалиев.¹ – к.с.х.н., доцент
А.Б. Маханбетова.¹ – докторант
А.С. Шамишдин.² – к.с.х.н.
Қ.Нұргүлсім³ – докторант.*

¹Казахский агротехнический университет им С.Сейфуллина,
г.Нур-Султан, Жеңіс, 62. guldana-72@mail.ru

²«Западно-Казахстанский аграрно-технический университет
имени Жангир хана», ЗКО, г.Уральск, проспект Жәңгір хан 51

³Северо-западный университет сельского и лесного хозяйства,
(г.Сиань, КНР)

Резюме

В статье изложены результаты исследования полиморфизм генов GH, CAPN1 у быков-производителей разных генотипов мясных пород. В качестве позиционных и функциональных генов-кандидатов мраморности мяса рассматривается ген гормона роста – соматотропин (GH) и кальпаин (CAPN1).

В наших исследованиях распределение частот встречаемости генотипа было GHLL - 44,9; 22,2; 56,2, на CAPN1GG - 89,44; 78,54; 78,15%. Среди герефордской породы количество животных с требуемыми генотипами для GHVV составляло 16,67% и не было обнаружено у абердин-ангусской и казахской белоголовой пород, согласно CAPN1CC - 5,26; 4,76; 6,25% соответственно. Анализ гетерозиготных уровней генов соматотропина и кальпаина, основанный на их фактическом и теоретически предсказанном распределении генотипов, подтверждает, что гомо- и гетерозиготные уровни различаются. Так, теоретически прогнозируемая гетерозиготная доля мясного направления герефордских, абердин-ангусских и казахских белоголовых быков GH - 89,02; 24,35 и 52,25%, для CAPN1- 17,02; 29,23 и 31,96%: Гетерозиготный тест по GH составил -25,38; +4,22 и +25,53, на CAPN1: -11,47; -9,23 и -13,44. Полиморфные уровни изучаемых стад быков и количество эффективных аллелей быков мясного направления различаются.

Установлено, что большая частота встречаемости (0,36) предпочтительного для селекции аллеля V в локусе гена GH характерна для быков герефордской породы, реже (0,11-0,22) этот аллель присутствовал у быков абердин-ангусской и казахской белоголовой пород. Полиморфизм гена CAPN1 представлен C и G аллелями с сравнительно одинаковой частотой встречаемости (0,13-0,14) желательного аллеля C у быков-производителей абердин-ангусской и казахской белоголовой пород и очень низкой (0,08) – у герефордской. Сделан вывод, что широкое вовлечение в селекционный процесс быков-производителей носителей желательных аллелей будет способствовать быстрому их накоплению в стадах, повышению экономической эффективности селекции.

Ключевые слова: мясной скот, воспроизводство, бык-производитель, ДНК, ген соматотропин (GH), ген кальпаин (CAPN1), полиморфизм, мясная продуктивность, селекция скота.

FEATURES OF POLYMORPHISM OF GROWTH HORMONE GENES OF BULLS-PRODUCERS OF DIFFERENT GENOTYPES OF MEAT BREEDS

N.ZH Kazhaliev.¹ - candidate of agricultural sciences, associate professor

A.B Makhanbetova.¹ - doctoral candidate

A.S. Shamshidin² - candidate of agricultural sciences

K. Nurgulsim.³ - doctoral candidate

¹«S.Seifullin Kazakh Agro Technical University»,
Nur-Sultan, Zhenis avenue, 62, *guldana-72@mail.ru*

² "Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University", WKO,
Uralsk, Zhangir Khan Street, 51

³ Northwestern University of Agriculture and Forestry
(Xian, China)

Summary

The article presents the results of a study of the polymorphism of GH, CAPN1 genes in bulls of different genotypes of meat breeds. The growth hormone gene, somatotropin (GH) and calpain (CAPN1), is considered as positional and functional candidate marbling candidates for meat.

In our studies, the frequency distribution of the genotype was GHLL - 44.9; 22.2; 56.2; on CAPN1GG, 89.44; 78.54; 78.15%. Among the Hereford breed, the number of animals with the required genotypes for GHVV was 16.67% and was not found in the Aberdeen-Angus and Kazakh white-headed breeds, according to CAPN1CC - 5.26; 4.76; 6.25%, respectively. An analysis of heterozygous levels of somatotropin and calpainin genes based on their actual and theoretically predicted distribution of genotypes confirms that homo and heterozygous levels are different. So, the theoretically predicted heterozygous share of the meat direction of Hereford, Aberdeen Angus and Kazakh white-headed bulls GH is 89.02; 24.35 and 52.25%, for CAPN1-17.02; 29.23 and 31.96%: The heterozygous test for GH was - 25.38; +4.22 and +25.53, for CAPN1: -11.47; -9.23 and -13.44. The polymorphic levels of the studied herds of bulls and the number of effective alleles of bulls of meat direction are different.

It was found that a high frequency of occurrence (0.36) of the V allele, which is preferable for breeding, at the GH gene locus is typical for Hereford bulls, less often (0.11-0.22) this allele was present in Aberdeen-Angus and Kazakh white-headed bulls. Polymorphism of the CAPN1 gene is represented by C and G alleles with a relatively identical frequency of occurrence (0.13-0.14) of the desired allele of the Breeding sires of Aberdeen-Angus and Kazakh white-headed breeds and very low (0.08) in Hereford. It is concluded that the wide involvement of bulls-carriers of carriers of the desired alleles in the breeding process will contribute to their rapid accumulation in herds and increase the economic efficiency of breeding.

Key words: beef cattle, reproduction, producer bull, DNA, somatotropin (GH) gene, calpain gene (CAPN1), polymorphism, meat productivity, livestock selection.