С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университетінің 60 жылдығына арналған **«Сейфуллин оқулары– 13: дәстүрлерді сақтай отырып, болашақты құру»** атты Республикалық ғылыми-теориялық конференциясының **материалдары** = **Материалы** Республиканской научно-теоретической конференции **«Сейфуллинские чтения – 13: сохраняя традиции, создавая будущее»**, посвященная 60-летию Казахского агротехнического университета имени С.Сейфуллина. - **2017. - Т.I, Ч.2.** - С.250-252

ИЗУЧЕНИЕ НАСЛЕДУЕМОСТИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ЗАБОЛЕВАНИЯ ГЛИКОГЕНЕЗА КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОДЫ

Айтанатов А. М., Доманов Д.И., Муханбеткалиев Е.Е.

Для формирования здорового племенного и высокопродуктивного поголовья животных важной задачей является своевременная диагностика и искоренение источника, вызывающего генетически обусловленные заболевания. В современных условиях разведения животных, когда генотип производителя за короткое время может быть репродуцирован тысячами его потомков, ущерб от рождения аномального приплода, снижения его плодовитости и жизнеспособности может быть больше улучшающего эффекта по продуктивности, если производитель является носителем вредных генов. При использовании в разведении быков, содержащих в генотипе вредные гены, их самих, а также их сыновей и внуков частота генетической аномалии быстро возрастает [1]. В то же время Республике Казахстан исследования по генетическим заболеваниям крупного рогатого скота не проводятся, хотя данное направление является актуальным и способствует дальнейшему развитию науки и производства.

Так, в связи с использованием искусственного осеменения постоянно сокращается число производителей; следовательно, степень влияния каждого из них на генофонд стада, распространение наследственных дефектов значительно увеличилась [2]. Поэтому особо важное значение при организации крупномасштабной селекции приобрела оценка генотипов быков, используемых в интенсивном воспроизводстве. Контроль воспроизводительных способностей производителей общепринятыми методами по качеству потомства не дает полных сведений о возможности генетического влияния их на оплодотворяемость, эмбриональную смертность, рождение аномального и нежизнеспособного, подверженного заболеваниям плода. Ситуация осложняется тем, что большинство аномалий и уродств - это рецессивно наследуемые генные мутации, фенотипически проявляющиеся только в гомозиготном состоянии.

В ходе проведения мониторинговых исследований на наличие рецессивных алле-лей генетических заболеваний у племенных быков производителей нами был выявлен один бык, казахской белоголовой породы

(инв. № KZC109168663), который является носителем генетических заболеваний – гипотрихоз и гликогенез.

Гликогеноз –GlycogenstoragediseasetypeV (GSD-V или болезнь McArdle) является наиболее распространенным нарушением скелетных мышц углеводного обмена и одним из наиболее частых генетических миопатии (распространенность ~ 1: 100000). GSD-V обусловлена отсутствием фермента мышечной гликогенфосфорилазы (миофосфорилазы). Хотя симптомы обычно начинаются в течение первых десяти лет жизни, возраст диагноза может значительно различаться. Характерные симптомы GSD-V являются толерантность к физической нагрузке, миалгия (боль в мышцах), жесткость мышцы контрактуры, быстрая утомляемость, а также гиперемия и миоглобинурия (темные, бордовый цвета мочи из-за присутствия миоглобина, белка, обнаруженного в сердце и мышцы). GSD-V вызывается мутациями в карликовом (гликогенфосфорилазы, мышечная форма) гене, который кодирует фермент миофосфорилазу. Ген PYGM локализован на хромосоме 11 в 11q13 положении.

Исходя из этого нашей следующей задачей было произвести сбор данных о потомках данного быка с целью отбора животных для проведения генетических исследований на возможность передачи потомкам данного наследственного заболевания.

При этом было установлено, что сперма быка с инв. № KZC109168663, довольно востребована на рынке Казахстана. Так за последние 3 года сперма этого быка продавалась практически во все регионы Казахстана, в хозяйства где занимаются разведением крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

Данные о реализации спермы быка с инв. № KZC109168663 за 2015 год и начало 2016 года представлены в таблице 1.

Таблица 1 – Сведения о реализации спермодоз быка с инв. № KZC109168663 за 2015-2016 гг. (на 01.05.2016 г.)

Область	Район	Хозяйство/ покупатель	Количество приобретенных доз спермы
Акмолинская	Аккольский	ТОО «Урюпинский и К»	50
Акмолинская	Ерейментауский	КХ «Жана береке»	250
Восточно-Казахстанская	Бородулихинский	ТОО «Лазарев и К»	750
	Уланский	КХ «Батай»	225
Западно-Казахстанская	Бокейординский	КХ «Есет»	300
Карагандинская	г. Караганда	ТОО «Скобарь»	1400
Костанайская	Алтынсаринский	ТОО «Жанабек»	442
Костанайская	Тарановский	ТОО «Адлет-Т»	200

Костанайская	Карасуский	ТОО «Караман-К»	400

Как видно из таблицы, основными покупателями спермы изучаемого быка на данный период времени, являются хозяйства Акмолинской, Восточно-Казахстанской, Западно-Казахстанской, Карагандинской и Костанайской областей. За этот период времени только по учтенным данным было реализовано более 5000 доз спермы.

Для проведения генетических исследований на возможность передачи потомкам аномальных генетических признаков нами были отобраны животные, телята, полученные быка с инв. № KZC109168663. Всего были отобраны 300 голов животных (телята 2016 года рождения), которые документально являются потомками изучаемого быка. Для определения и изучения общего состояния животного и с целью выявления видимых клинических признаков гипотрихоза, все отобранные животные были исследованы клинически. По итогам исследования были отобраны 100 голов от которых был произведен забор биологических образцов. От каждого животного в стерильных условиях отбиралась цельная кровь из яремной вены в объеме – 4 мл., также отбирались волосы из кончика хвоста. Все отобранные пробы направлены в лабораторию для выделения ДНК проведения генетического анализа. Генетические исследования на факт передачи наследственной аномалии будут сопровождаться с обязательным подтверждением отцовства. От самого быка-производителя (инв. № KZC109168663) было взято биологический образец (семя) для подтверждения отцовства отобранных животных.

Отбор образцов волос животных осуществляется из кисти хвоста, для исследований ДНК используются чистые волосы с фолликулами (луковицы корней) в количестве не менее 50 шт.

Хранение и транспортировка образцов волос осуществляется при комнатной температуре и не требует дополнительного охлаждающего оборудования и условий хранения. Доставку образцов в лабораторию осуществляли в течении 5 суток, с целью предотвращения естественной сушки волос и возможного выпадения части фолликулов, в которых содержится ДНК.

Выделение ДНК из волос проводили по методу фенол-хлороформной экстракции (по Glowatski).

Проведено секвенирование 100 образцов ДНК казахской белоголовой породы, по результатам анализа установлено, что у всех изучаемых образцов изменение нуклеотидной последовательности по генетическим заболеваниям г и г не наблюдалось, пример графического результата анализа представлен на рисунке 1.

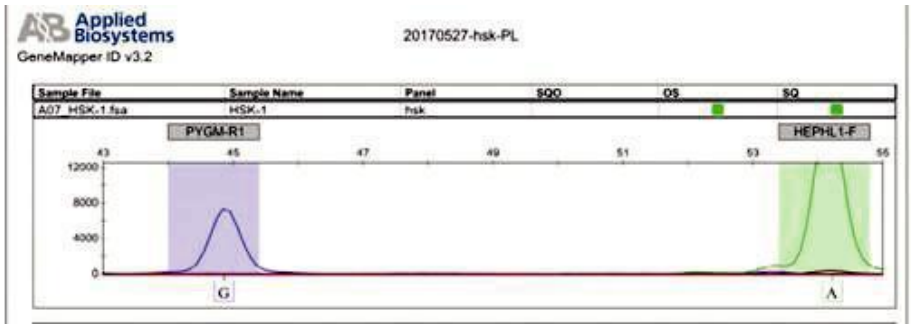

Рисунок 1 – График секвенирования

Детекция результатов анализа проводилась сотрудникамиBeijingMicroreadGenetic sCo., Ltd. (Китай).

Сайт SNP показывающий генетическое заболевание гликогенезаPYGM-RI (C489T).

Результаты общего анализа представлены в таблице 2.

Таблица 2 –Статистические результаты

Сайт SNP	Количество изученных образцов, ед.	Наличие мутации
PYGM-RI (C489T)	100	отсутствует

Полученные результаты указывают на отсутствие замены нуклеотидных последовательностей генетического заболевания гликогенеза. Из данной таблицы видно, что все исследуемые образцы в своем составе не имеют данных мутаций, что говорит об отсутствии изучаемой генетической патологии данного поголовья крупного рогатого скота мясного направления продуктивности.

Список литературы

1 Oner. Y., A. Keskin, C. Elmaci.Identification of BLAD, DUMPS, Citrullenamia and Factor XI Deficiency in Holstein Cattle in Turkey// Asian Journal of Animal and Veterinary Advances.– 2010.– Vol.5. – P. 60-65.

2 Гераськин С.А., Сарапульцева Е.И., Цаценко Л.В. и др. Биологический контроль окружающей среды. Генетический мониторинг. – М.: Академия, 2010. – 208 с.