

«Сейфуллин оқулары – 18: « Жастар және ғылым – болашаққа көзқарас» халықаралық ғылыми -практикалық конференция материалдары = Материалы международной научно-практической конференции «Сейфуллинские чтения – 18: « Молодежь и наука – взгляд в будущее» - 2022.- Т.І, Ч.ІІІ. - Б. 192-194

ДНҚ-ТЕХНОЛОГИЯСЫ АРҚЫЛЫ АУЫЛ ШАРУАШЫЛЫҒЫ МАЛДАРЫН БАҒАЛАУ

*Адильбекова Э.К., PhD доктор, аға оқытушы
С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университеті, Нұр-
Сұлтан қ.*

*Абдиева Н.Т., т.ғ.м., ассистент
С.Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық университеті, Нұр-
Сұлтан қ.*

Қазіргі кезде дүние жүзіндегі халықтар саны күннен күнге артып келеді. Демек, өсіп жатқан халықтарды тамақ және киіммен қамтамасыз ету әрбір мемлекеттің бірінші стратегиялық міндеті.

Мал шаруашылығы көптеген шет елдерде, соның ішінде қазақ елінде азық өнімін өндіруші дәстүрлі сала. Көптеген аймақтар ауа-райының қолайсыздығымен сипатталады. Сондықтан, мал басын көбейту арқылы олардың өнімділігін арттыру үшін, осы аймақтарға бейімделген көптеген мал түрлері және тұқымдары шығарылды. Әсіресе, ХІХ ғасырдың ортасынан бастап осы уақытқа дейін жүзден астам әртүрлі ауыл шаруашылығы малдар түрі шығарылды [1]. Алайда, дүние жүзілік ауылшаруашылығы саласындағы болып жатқан индустриализациялану тенденциясы – малдар мен өсімдіктердің ұлттық қорын немесе гендік қорының азайуына үлкен әсерін тигізуде.

Осыған орай, қазіргі таңда ауылшаруашылығы малдарының түрі мен тұқымын сақтау және көбейту мәселесінің маңыздылығы артуда. Осы уақытқа дейінгі малдар тұқымын генетикалық тұрғыдан жетілдіруге бағытталған селекциялық жұмыстар, олардың өнімдік белгілерінің мутациялық (өзгеруі) және комбинациялық (жаңа белгілердің пайда болуына немесе олардың жаңаша үйлесуі) өзгеріске ұшырау нәтижелеріне негізделіп келген [2]. Яғни, өнімділігі жақсы дараларды іріктеп алу жұмыстары популяциялық генетика заңдылықтарына сүйенген. Малдардың сапалық деңгейін, олардың ата-енелерінің және ұрпақтарының фенотиптік белгілері бойынша талдап бағалау әдістемелері, қазіргі кездегі асылдандыру жұмыстарының селекциялық талаптарын толық қанағаттандырмай жүр. Бұған себеп, біріншіден, көптеген мал түрлері және тұқымдары дара ұрпақтыға жатады, яғни олардың өсімталдығы баяу екендігін білдіреді. Демек, өнімдік белгілері сапалы ұрпақтар алу ұзақ мерзімді талап етеді [3].

Екіншіден, қазіргі кезде жеке мал шаруашылықтарының өте көп көбейе бастауы, ішке және сыртқа асыл тұқымды малдарды қымбат бағаға сату, сондай-ақ, малдарды өз төлінен биотехнологиялық әдістемелер арқылы көбейту жұмыстары белең ала бастады. Сондықтан, малдардың шығу тегін ұқсастандыру және бақылаудың сенімді жүйесін жасау ерекше маңызды.

Осыған байланысты, XIX ғасырдың орта тұсынан бастап иммуногенетикалық талдауды ауылшаруашылығы малдарының көптеген түрлеріне міндетті түрде жүргізілді. Бұл тәсілді жалпы биологиялық бірнеше мәселелерді шешуде, сонымен қатар практикалық селекциядағы – малдардың аталық, шетке шығарылатын малдардың шежіресін және малдардың генотипін үйлестіру кезінде кеңінен қолданылды. Бірақ, тек қанның биохимиялық көрсеткіштері бойынша малдарды іріктеудің тиімділігі өте жоғары бола бермейтіндігін көптеген зертеу нәтижелерінде келтірілген. Сондықтан іріктеу кезінде жақсы нәтиже алу үшін екі немесе одан да көп қан көрсеткіштерін пайдаланудың қажеттілігі ұсынылды. Бұған мынандай түсініктеме беруге болады, яғни ағзадағы қанның әртүрлі құрам бөліктері алуан түрлі қызмет атқаратындықтан, зат алмасу процесінің қалыпты жүруіне және барлық ағзалар мен жүйелердің қызмет жасауына толық жағдай жасай отырып олардың өнімділік белгілерінің кейбірінің өзгеруіне байланысты биохимиялық көрсеткіштер айтарлықтай өзгеріске ұшырайды [4]. Сонымен бірге, қан топтарының жүйесін анықтаушы иммуногенетикалық әдістемелері әліде толық жетілмегендіктен әртүрлі малдар түріне қолданудың тиімділігі айтарлықтай бола бермейді [5]. Мысалы, қазіргі кезде ірі қара малдарда 12, шошқаларда 17, қойларда 8, жылқыларда 9 және құстарда 14 қан тобы жүйесі белгілі. Осыған қарамай, қан жүйесінің белгілі сандық құрамы хромосома санынан әлде қайда аз екенін білдіреді. Алайда, бұл қанның генетикалық құрылымдары хромосоманың аз ғана бөлігін таңбалауды (маркировкалауды) қамтамасыз етсе, геномның қалған айтарлықтай бөлігі белгіленбей қалады. Әрине, осыған байланысты, иммундық жүйеге байланысы жоқ, гендер құрылымдарын маркер ретінде пайдалану қажеттілігі туындады [6]. Тек мұндай мүмкіндік 1953 жылы американдық және ағылшын ғалымдары Джеймс Уотсон мен Фрэнсис Крик ашқан ДНҚ –ның қос спиралды моделін, одан кейінгі жылдары ДНҚ–ның нуклеотидтік тізбегін анықтап оқуға болғаннан кейін ғана болды. Бұл қазіргі биологияның тек ең маңызды жаңалығы болса, сонымен бірге жаңа молекулярлық биология ғылымының ашылуына себепкер болды [7]. Міне, осыдан кейін ғана биолог-ғалымдар ДНҚ-ның көпшішінділігін (полиморфизмділігін) ауылшаруашылығы малдар геномының эволюциялық заңдылықтарын, генетикалық өзгергіштілігін және көпшішінділік нұсқаларының тұқым қуалашылығын зерттеулерде пайдалануға болатындығы туралы айта бастады.

Бүгінгі таңда, селекциялық жұмыстардың тиімділігінің жоғарлауы ДНҚ-технологияның қарқынды дамуымен тікелей байланысты.

Жалпы, ДНҚ-маркер дегеніміз бұл қазіргі күнге дейін қызметі белгісіз, бірақ хромосомада белгілі орны бар ДНҚ-ның полиморфты бөлігі.

Көптеген алуан түрлі генетикалық маркерлердің ішінен кең тарағаны тандемдік қайталану, яғни белгілі бір тізбектің басынан аяғына қарай қайталану жиілігі. Демек, мұндай тізбектер бір локуста дәл сол тізбек бірнеше рет қайталануы және бұндай қайталану тізбектері сателлиттер деп аталады.

Сателлиттердің негізгі ерекшелігі әртүрлі қайталану санының есебінен олардың ұзындығы өзгеріп тұруында. Себебі сателлиттердің қайталану саны өте жоғары және 90 пайыздан жоғары гетерозиготтық деңгейімен сипатталады. Міне, олардың осы ерекшеліктерін жоғары информатикалық генетикалық маркер ретінде ауылшаруашылығы малдарына және құстарға пайдалана бастады.

Сателлиттер геномның өн бойына таралуымен және менделдік тұқым қуалау типімен сипатталады. Оларды қайталану бөліктері бойынша бірнеше класстарға бөледі: ұзын (макси), орташа (мини) және қысқа (микро) сателлиттер.

Генетикалық полиморфизмді анықтау үшін микросателлиттерді кеңінен пайдаланады. Себебі басқа маркерлермен салыстырғанда микросателлиттер жоғары деңгейлі полиморфизмділігімен сипатталады (мысалы, күйіс қайыратын малдарда бір локуста орта есеппен 8 аллелден келеді), мұндай маркерлер малдардың геномын зерттеуде үлкен рөл атқарады.

Қазіргі кезде ауылшаруашылық малдарында микросателлиттердің көп саны анықталған. Үй малдарының барлық ұқсастандырылған микросателлиттері халықаралық геномдық қорға тіркелген (GenBank немесе EMBL). Мысалы, қойлардың гендік қор жинағында 300 астам микросателлиттік маркерлер бар.

Микросателлиттік талдаудың жоғары дәлдігі көптеген зерттеу бағытында қолданысқа ие болды, әрі қан тобы және биохимиялық маркерлерді ығыстырды. Микросателлиттер маркерлік жүйе ретінде мынандай мәселелердің шешімін табуда қолданылып келеді: мал мен құстардың шығу тегін бақылауда, геномдық карта жасауда, популяцияның генетикалық құрылымын және инбредтік деңгейін сипаттауда, популяциялар, тұқымдар, линиялар арасындағы генетикалық алшақтықты, филогенетикалық зерттеулерде [8].

Қазіргі кезде көптеген шет елдерде ДНҚ көпшішінділік тізбектер нұсқаларын гендерді, хромосома бөліктерін, геномды, дараларды, популяцияны және әртүрлі малдар түрлерін генетикалық тұрғыдан таңбалау үшін пайдаланып жүр [9]. Олардың ішінен келесі мыналарды ерекше бөліп айтуға болады: генетикалық карта жасау (картирование генов) тұқым қуалайтын аурулардың дамуына жауапты гендер ақаулығын және инфекцияға диагноз қою, генетикалық полиморфизмді бағалау (популяцияның гетерозиготалық деңгейін, микроэволюцияны), даралардың, гендер тармақтарының (линий), аналық ұялардың (семейств), популяцияның, түрлердің гендерін типтеу (генотипирование) ДНҚ- технологиясы және селекцияда қолдану.

Пайдаланылган әдебиеттер тізімі

- 1 Эрнст Л.К. Фундаментальные и прикладные проблемы сельскохозяйственной биотехнологии [текст]// Вестник российской академии сельскохозяйственных наук. - 2006. - № 1. - С.9-11.
- 2 Эрнст Л.К. Биологические проблемы животноводства в XXI веке [текст]/Эрнст Л.К., Зиновьева Н.А.// – М.: РАСХН, 2008. – 508 с.
- 3 Paszek A.A. Livestock variation of linked microsatellite markers in diverse swine breeds [text] /Paszek A.A., Flickinger G.H., Fontanesi L., Rohrer G.A., Alexander L., Beattie C.W., Schook L.B. // J. Animal Biotechnology. – 1998. – Vol. 9(1). – P. 55-56.
- 4 Жебровский Л.С. Прогнозирование молочной продуктивности крупного рогатого скота. [текст] /Жебровский Л.С., Комиссаренко А.Д., Митютько В.Е. // – М.: Колос, 1980. – 107 с.
- 5 Глазко В.И. Биохимическая генетика овец. [текст]/– Новосибирск: Наука, 1985. – 133 с.
- 6 Кленовицкий П.М. Генные карты сельскохозяйственных животных. /Кленовицкий П.М., Багиров В.А., Зиновьева Н.А., Марзанов Н.С. – [текст]/Дубровицы: ВИЖ, 2003. – 91 с.
- 7 Пухальский В.А. Введение в генетику. [текст]- М.: Колос, 2007. – 224 с.
- 8 Калашникова Л.А. ДНК-маркеры и возможности их использования в селекции сельскохозяйственных животных [текст] /Калашникова Л.А., Рыжова Н.В., Голубина Е.П.// Современные аспекты селекции, биотехнологии, информатизации в племенном животноводстве: матер.науч.-практ. конф. ВНИИплем. – М., 1997. – С. 248-257.
- 9 Гладырь Е.А. Анализ овец с использованием ДНК-микросателлитов [текст]// Методы исследований в биотехнологии сельскохозяйственных животных. - 2003. – Вып. 2. - С. 12-13.