

ҚАЗАҚ ҰЛТТЫҚ АГРАРЛЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ
КАЗАХСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ АГРАРНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

**ІЗДЕНІСТЕР, № 2(86) ИССЛЕДОВАНИЯ,
НӘТИЖЕЛЕР 2020 РЕЗУЛЬТАТЫ**

ТОҚСАН САЙЫН
ШЫҒАРЫЛАТЫН
ҒЫЛЫМИ ЖУРНАЛ
1999 ж. ШЫҒА
БАСТАДЫ

НАУЧНЫЙ ЖУРНАЛ,
ВЫПУСКАЕМЫЙ
ЕЖЕКВАРТАЛЬНО
ИЗДАЕТСЯ
С 1999 г.

- ВЕТЕРИНАРИЯ И ЖИВОТНОВОДСТВО
- ЗЕМЛЕДЕЛИЕ, АГРОХИМИЯ, КОРМОПРОИЗВОДСТВО,
АГРОЭКОЛОГИЯ, ЛЕСНОЕ ХОЗЯЙСТВО
- МЕХАНИЗАЦИЯ И ЭЛЕКТРИФИКАЦИЯ СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА
 - ПЕДАГОГИКА
 - ЭКОНОМИКА

АЛМАТЫ, 2020

АЛГОРИТМ УПРОЩЕННОЙ ДИАГНОСТИКИ АМЕРИКАНСКОГО ГНИЛЬЦА ПЧЕЛ

Батырова К.И., Керимбаев А.К., Ильгекбаева Г.Д.

¹Казахский национальный педагогический университет имени Абая

²Казахский национальный аграрный университет

Аннотация

Упрощенная диагностика американского гнильца пчел представляет собой два этапа: на первом - дифференциация американского гнильца от других видов заболеваний расплода пчел по клинико-эпизоотическим данным с постановкой предварительного диагноза и на втором - бактериологические и укороченные биохимические исследования, позволяющие поставить окончательный диагноз американского гнильца.

Ключевые слова: американский гнилец, европейский гнилец, клещ варроа, упрощенная диагностика.

БАЛ АРАСЫНЫҢ АМЕРИКАЛЫҚ ШІРІМЕСІН БАЛАУДЫҢ ҚАРАПАЙЫМ АЛГОРИТМІ

Батырова К.И., Керимбаев А.К., Ильгекбаева Г.Д.

¹Абай атындағы Қазақ ұлттық педагогикалық университеті,

²Қазақ ұлттық аграрлық университеті

Андатпа

Америкалық шірімені қарапайым балау екі кезеңнен тұрады: біріншіде – америкалық шірімені бал арасы ұясының басқа да ауруларынан клиникалық-індеттанулық деректер бойынша алдын ала балау қою арқылы ажырату, және екіншіде – америкалық шірімеге қорытынды балау қоюға мүмкіндік беретін бактериологиялық және қысқартылған биохимиялық зерттеулер.

Кілт сөздер: Америкалық шіріме, европалық шіріме, варроа кенесі, қарапайым балау.

УДК 636.082

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ЧЕРНО-ПЕСТРОЙ ПОРОДЫ, РАЗВОДИМОЙ НА ТЕРРИТОРИИ КАЗАХСТАНА, ПО ГЕНАМ ГОРМОНА РОСТА И ИНСУЛИНОПОДОБНОГО ФАКТОРА РОСТА-1

Бейшова И.С.¹, Ульянов В.А.², Таипова А.А.³, Алиханов К.Д.³, Поддудинская Т.В.²

¹Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана,

²Костанайский Государственный университет имени А. Байтұрсынова,

³НАО «Казахский национальный аграрный университет»

Аннотация

В данной статье осуществлен анализ генетической структуры группы черно-пестрой породы. Для проведения исследования был произведен отбор биологического материала (волосяные луковицы) от 200 голов КРС черно-пестрой породы (АО «Заря»). Для экстракции геномной ДНК использовали набор реагентов «ДНК-Экстран-2» («Синтол», Россия). Генотипы крупного рогатого скота черно-пестрой породы по полиморфным участкам генов *bGH* и *bIGF-1* устанавливали методом полимеразной цепной реакции с последующим

анализом полиморфизма длин рестриционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ). Полимеразную цепную реакцию проводили на амплификаторе ProFlex PCR System («Applied Biosystems»). На основе полученных данных рассчитывали частоты генотипов и аллелей, соответствие генетическому равновесию популяции по Харди-Вайнбергу методом χ^2 . Статистическую обработку данных проводили по стандартным методикам с использованием программ «Microsoft Excel 2010» и «Statistica 6.0». был осуществлен анализ генетической структуры группы черно-пестрой породы. Для полиморфизма гена *bGH* частота аллеля *bGH-AluI^L* в группах колеблется от 0,625 у коров-рекордисток, до 0,714 у стандартного поголовья. Для полиморфизма гена *bIGF-1* установлено, что у стандартного поголовья черно-пестрых коров наиболее распространенным является аллель *bIGF-1-SnaBI^B* (частота 0,686), в группе коров-рекордисток соотношение аллелей практически 1:1 и разница между стандартным поголовьем черно-пестрых коров и рекордистов статистически значима.

Ключевые слова: генетика, генотип, ДНК, полиморфизм, полимеразная цепная реакция.

Введение

В настоящее время одним из главных приоритетных направлений в экономической политике Республики Казахстан является решение проблем развития агропромышленного комплекса. При этом важным направлением сельского хозяйства является развитие молочного, мясного животноводства и повышение производительности труда в этом секторе экономики [1].

Животноводство Казахстана занимает около 43% от всей валовой продукции сельского хозяйства, является основным источником занятости, питания и доходов сельского населения и его развитие является одной из основных стратегических экономических задач республики [2]. Ведущей отраслью агропромышленного комплекса республики всегда была и остается молочная отрасль.

Высокая молочная продуктивность коров - необходимый, но не решающий фактор конкурентоспособности производства молока, так как рентабельность не обеспечивается лишь количеством надоев на фуражную корову. При сокращении поголовья скота достичь роста валового производства можно только за счет продления срока хозяйственного использования коров, так как это способствует увеличению их пожизненной молочной продуктивности. Кроме того, длительное использование высокопродуктивных коров будет способствовать улучшению экономических показателей.

Для радикального решения проблемы совместимости высокой молочной продуктивности с воспроизводительной способностью необходимо основательное изменение стиля и методов селекционной работы в скотоводстве – селекция на увеличение молочной продуктивности должна быть сопряжена с синхронной селекцией на энергетическое обеспечение этой продукции. Таким образом, перед животноводами и селекционерами встает задача на фоне повышения продуктивности молочного скота повысить его продуктивное долголетие. В условиях современного скоростного развития всех отраслей науки, экономики и производства, для решения таких задач необходима разработка скоростных и эффективных инструментов для селекционного процесса. Одним из таких инструментов являются подходы маркер-ассоциированной селекции, сочетающие информацию об особенностях генотипа животного, реализуемых на уровне фенотипа в виде повышенного уровня продуктивности по тем или иным признакам.

Причиной снижения продуктивного долголетия коров является отрицательный энергетический баланс, когда корова в ранний период лактации продолжает наращивать удой даже после того, как усвоенная с кормом обменная энергии не покрывает ее затраты на молочную продукцию. Как следствие, в ранний период лактации наступает отрицательный энергетический баланс, когда у коровы на определенный период дефицит энергии покрывается за счет резервов тела. В результате снижаются масса тела, упитанность, нарушается обмен веществ со всеми негативными последствиями [3].

Одним из механизмов, регулирующих состояние энергетического баланса, являются метаболические и гормональные изменения в организме. В ранний период лактации у высокопродуктивных коров происходит подъем в крови концентрации гормона роста (GH), тогда как концентрация другого фактора в оси соматотропина - инсулиноподобного фактора роста 1 (IGF-1)- снижается [4].

В качестве потенциальных маркеров молочной и мясной продуктивности крупного рогатого скота могут рассматриваться аллели генов соматотропина (GH), пролактина (PRL), лептина (LEP), тиреоглобулина (TG). Это подтверждается данными многих исследований. Аллельный полиморфизм генов GH, LEP, TG влияет на качество мяса, а также на толщину жировой прослойки между волокнами мышечной ткани у крупного рогатого скота. Все выше сказанное говорит о важности изучения полиморфизма генов GH, PRL, LEP, TG у крупного рогатого скота [5].

С этой точки зрения перспективным является поиск генетических маркеров среди полиморфных вариантов генов-кандидатов, вовлеченных в регуляцию не только интенсивности лактации, но и длительности продуктивного долголетия, каковыми являются гены гормона роста (*bGH*) и инсулиноподобного фактора роста-1 (*bIGF-1*), которые участвуют в регуляции энергетического баланса в период лактации. Исходя из этого, нами была поставлена цель изучить полиморфизм генов *bGH* и *bIGF-1* у черно-пестрой породы, разводимой в Республике Казахстан.

Методы

Молекулярно-генетические исследования проводились на базе отдела молекулярно-генетических исследований научно-исследовательского института прикладной биотехнологии Костанайского государственного университета имени А. Байтурсынова.

Для проведения исследования был произведен отбор биологического материала (волосыные луковицы) от 200 голов КРС черно-пестрой породы (АО «Заря»). Для экстракции геномной ДНК использовали набор реагентов «ДНК-Экстран-2» («Синтол», Россия).

Генотипы крупного рогатого скота черно-пестрой породы по полиморфным участкам генов *bGH* и *bIGF-1* устанавливали методом полимеразной цепной реакции с последующим анализом полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ). Полимеразную цепную реакцию проводили на амплификаторе ProFlex PCR System («Applied Biosystems»).

Для амплификации полиморфного участка гена *bGH* использовали следующие праймеры:

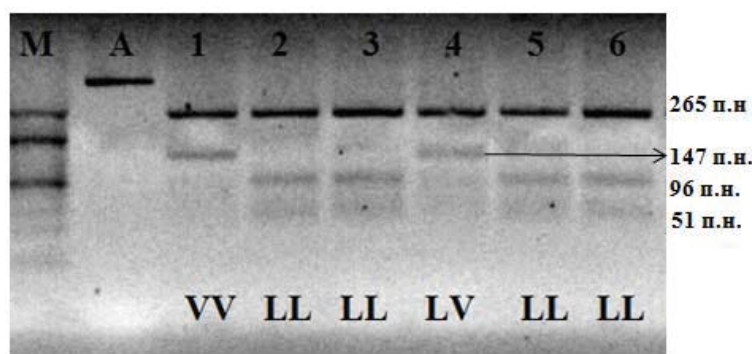
- F: 5'-ccgtgtctatgagaagc-3';
- R: 5'-gttcttgagcagcgcgt-3' [6].

Для амплификации полиморфного участка гена *bIGF-1* использовали следующие праймеры:

- F: 5'- attacaagctgctgcccc -3';
- R: 5'- acctaccgctatgaaaggaatatacgt-3' [7].

Рестриктию полученных амплификатов генов *bGH* и *bIGF-1* проводили с использованием рестриктаз AluI и SnaBI («Thermo Scientific», США). После инкубирования полученные фрагменты разделяли в 3% агарозном геле («Invitrogen», США). Для визуализации результатов электрофореза использовали систему гель-документирования Quantum 1100 (Vilber Lourmat).

Полиморфизм *bGH*-AluI обусловлен транзицией С→G, приводящей к замене аминокислоты лейцин на валин в последовательности белка. Распознаваемый ферментом аллель содержит нуклеотид С и обозначен как *bGH*-AluI^L. В случае присутствия G нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как *bGH*-AluI^V (рисунок 1).

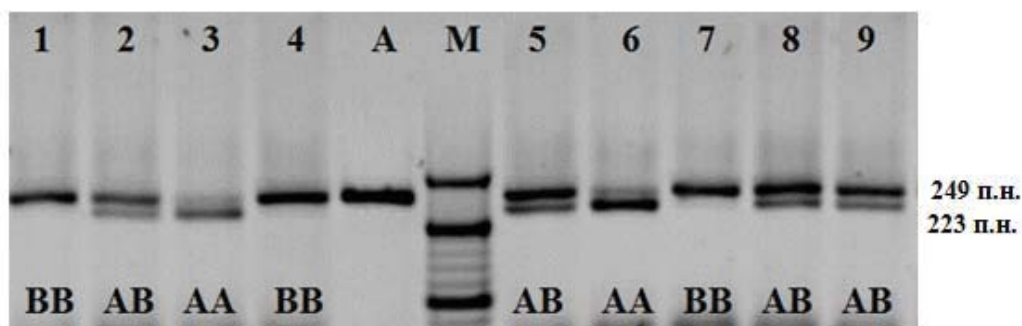


1-6 – номера лунок; А – амплификат полиморфного участка гена *bGH*; М – маркер молекулярных масс O’RangeRuler 20 bp DNA Ladder («Thermo Scientific», США); LL, LV и VV – соответствующие генотипы

Рисунок 1 — Электрофореграмма продуктов ампликации и

рестрикции фрагмента гена *bGH*.

Полиморфизм нуклеотидной последовательности гена *bIGF-1* в области P1 промоторного региона и идентифицирован как Т→С трансверсия. Амплифицируется фрагмент гена *bIGF-1* длиной 249 п.н. Длина фрагментов после рестрикции составляет 223 и 26 п.н (рисунок 2).



1-9 – номера лунок; А – амплификат полиморфного участка гена *bIGF-1*; М – маркер молекулярных масс O’RangeRuler 20 bp DNA Ladder («Thermo Scientific», США); AA, AB и BB – соответствующие генотипы.

Рисунок 2 – Электрофореграмма продуктов ампликации и рестрикции фрагмента гена *bIGF-1-SnaBI*

На основе полученных данных рассчитывали частоты генотипов и аллелей, соответствие генетическому равновесию популяции по Харди-Вайнбергу методом χ^2 . Статистическую обработку данных проводили по стандартным методикам с использованием программ «Microsoft Excel 2010» и «Statistica 6.0».

Результаты

Характер распределения относительных частот аллелей и значение Р статистики для оценки значимости различия групп между собой по критерию Стьюдента приведены в таблице - 1.

Результаты оценки характера распределения относительных частот исследуемых полиморфизмов черно-пестрой породы приведены в таблице - 1.

Таблица 1 – Распределение относительных частот аллелей исследуемых генов в группах коров с 1-3 и 4-8 лактациями черно-пестрой породы ($Q \pm S_Q$)

Полиморфизм	Аллель	Относительные частоты аллелей		Р статистика
		1-3 лактации	4-8 лактаций	
<i>bGH-AluI</i>	<i>bGH-AluI^L</i>	0,714±0,032	0,625±0,006	0,035
	<i>bGH-AluI^V</i>	0,286±0,032	0,375±0,06	
<i>bIGF-1-SnaBI</i>	<i>bIGF-1-SnaBI^A</i>	0,314±0,024	0,500±0,063	0,035
	<i>bIGF-1-SnaBI^B</i>	0,686±0,024	0,500±0,063	

Примечание – различие между породами оценивалось по критерию Стьюдента
Различие между группами значимо при $P < 0,05$.

По данным, приведенным в **таблице-1**, можно отметить, что по обоим полиморфизмам частоты аллелей значительно отличаются в группе коров-рекордисток и у стандартного поголовья.

По полиморфизму *bGH-AluI* в группе коров рекордисток наблюдается снижение относительной частоты аллеля *bGH-AluI^L* (0,625) и повышение частоты аллеля *bGH-AluI^V* (0,375) по сравнению с группой стандартного поголовья: 0,714 и 0,286 для аллелей *bGH-AluI^L* и *bGH-AluI^V* соответственно.

По данным других исследователей, у представителей стандартного поголовья черно-пестрых коров белорусской селекции соотношение частот аллеля *bGH-AluI^L* и *bGH-AluI^V* составило 0,67 и 0,33 [8]. В литовской популяции крупного рогатого скота черно-пестрой породы: соотношение аллелей *bGH-AluI^L* и *bGH-AluI^V* составляет 0,7 и 0,3 соответственно [9].

Таким образом, в данном случае, выявленное различие может свидетельствовать в пользу предпочтительности аллеля *bGH-AluI^V*.

Относительно полиморфизма *bIGF-1-SnaBI* установлено, что поголовье коров-рекордисток также различается со стандартным поголовьем: частота аллеля *bIGF-1-SnaBI^A* 0,500 к 0,314 соответственно, аллеля *bIGF-1-SnaBI^B* 0,500 к 0,686.

Частоты аллелей полиморфизма *bIGF-1-SnaBI*, отличаются от установленных в популяциях стандартного поголовья белорусской черно-пестрой пород, а именно частоты аллелей *bIGF-1-SnaBI^A* и *bIGF-1-SnaBI^B*, по данным этих авторов, составляют 0,58 и 0,42 соответственно.

Нами было проанализировано также соответствие распределения генотипов для исследуемых полиморфных генов соматотропинового каскада теоретически ожидаемому, по закону Харди-Вайнберга, среди стандартного поголовья и коров-рекордисток черно-пестрой породы. Оценка значимости наблюдаемых отклонений проводилась с помощью критерия χ^2 . Полученные данные представлены в **таблице - 2**.

Таблица 2 – Распределение частот генотипов полиморфного гена *bGH* в выборке крупного рогатого скота черно-пестрой породы

Генотип	1-3 лактации			4-8 лактаций		
	п наблюдаемое	п ожидаемое	χ^2	п наблюдаемое	п ожидаемое	χ^2
<i>bGH-AluI^{LL}</i>	55	50	6,13	12	13	0,14
<i>bGH-AluI^{LV}</i>	30	40		16	15	
<i>bGH-AluI^{VV}</i>	13	8		4	5	

Примечание – Отклонение наблюдаемых частот генотипов от теоретически ожидаемых по закону Харди – Вайнберга значимо при $\chi^2 \geq 3,84$.

Из **таблицы - 2** видно, что среди стандартного поголовья коров черно-пестрой породы наблюдается статистически значимое отклонение частот наблюдаемых генотипов от теоретически ожидаемого равновесного распределения Харди-Вайнберга.

В группе коров-рекордисток таких отклонений не наблюдается. Возможно, повышение гетерозиготности среди стандартного поголовья связано с определенными преимуществами гетерозиготных животных по другим признакам, отличным от числа лактаций.

В **таблице - 3** приведены результаты анализа генотипической структуры исследуемых групп по полиморфизму гена инсулиноподобного фактора роста-1.

Таблица 3 – Распределение частот генотипов полиморфного гена *bIGF-1* в выборке крупного рогатого скота черно-пестрой породы

Генотип	1-3 лактации			4-8 лактаций		
	п наблюдаемое	п ожидаемое	χ^2	п наблюдаемое	п ожидаемое	χ^2
<i>bIGF-1-SnaBI^{AA}</i>	26	18	7,16	8	8	0,00

<i>bIGF-1-SnaBI^{AB}</i>	64	80		16	16
<i>bIGF-1-SnaBI^{BB}</i>	95	87		8	8
<i>Примечание – Отклонение наблюдаемых частот генотипов от теоретически ожидаемых по закону Харди – Вайнберга значимо при $\chi^2 \geq 3,84$.</i>					

Результаты, приведенные в **таблице - 3** демонстрируют соответствие числа наблюдаемых генотипов теоретически ожидаемым по закону Харди-Вайнберга в группе черно-пестрых коров-рекордисток. Можно также отметить повышение гетерозиготности в группе стандартного поголовья коров черно-пестрой породы. Наблюдаемая гетерозиготность стандартного поголовья, по сравнению с рекордистками, возможно связана с тем, что гетерозиготные животные более продуктивны по другим признакам, что параллельно приводит к снижению количества лактаций.

Выводы

Таким образом, нами был осуществлен анализ генетической структуры группы черно-пестрой породы. Для полиморфизма гена *bGH* частота аллеля *bGH-AluI^L* в группах колеблется от 0,625 у коров-рекордисток, до 0,714 у коров-рекордисток. Для полиморфизма гена *bIGF-1* установлено, что у стандартного поголовья черно-пестрых коров наиболее распространенным является аллель *bIGF-1-SnaBI^B* (частота 0,686), в группе коров-рекордисток соотношение аллелей практически 1:1 и разница между стандартным поголовьем черно-пестрых коров и рекордисток статистически значима. В генотипической структуре стандартного поголовья черно-пестрого скота по полиморфизмам *bGH-AluI* и *bIGF-1-SnaBI* выявлено значимое отклонение наблюдаемых частот генотипов от ожидаемых по закону Харди-Вайнберга.

Работа выполнялась в рамках проекта грантового финансирования МОН РК на 2018-2020 гг. №AP05135046 «Разработка и внедрение комплексной программы повышения продуктивного долголетия высокоудойных коров отечественной селекции».

Список литературы

1. Усенбеков Е.С. Стратегия использования клеточных репродуктивных технологии в решении актуальных проблем молочного скотоводства республики Казахстан/ Кузьмина Т.И., // Будевич А.И., // Джуланов М.Н., // Буралхияев Б.А./// Журнал КазНАУ, "Ізденістер, нәтижелер - Исследования, результаты". – 2015. – №4. – С. 77.
2. Послание Президента Республики Казахстан - Лидера нации Нурсултана Назарбаева народу Казахстана «Стратегия «Казахстан-2050» - новый политический курс состоявшегося государства» // Казахстанская правда. № 437-438 (27256-27257) – 2012.
3. Butler, W.R., и R.D. Smith. 1989. Взаимосвязь баланса энергии и репродуктивной функции после родов у молочного скота. J. Dairy Sci.vol.72: 767-783
4. Butler, W.R. Соотношения энергетического баланса с развитием фолликулов, овуляция и фертильность у молочных коров после парма. Livest. Prod. Sci., 2003, vol.83, p. 211-218. Radcliff R.P., McCormack B.L., Keisler D.H., Crooker B.A., и Lucy M.C. Ограничение частичной подачи уменьшает экспрессию рецептора роста гормона роста у постпартных молочных коров. J. Dairy Sci., 2006, vol. 89, №2, p. 611-619
5. Молдакаримов А. Изучение полиморфизма гена лептина (LEP) при экспериментальном моделировании эндокринных нарушениях у телят казахской белоголовой породы. / Буралхияев Б.А. // Журнал КазНАУ, "Ізденістер, нәтижелер-Исследования, результаты". – 2015. – №1-1. – С. 157.
6. Skinkytė R., Zwierzchowski L., Riaubaitė L., Baltrėnaitė L., Miceikienė I. Distribution of allele frequencies important to milk production traits in lithuanian black & white and lithuanian red cattle // Veterinarija ir zootechnika. – 2005. - Т. 31(53). – Р. 93-97
7. Siadkowska E., Zwierzchowski L., Oprządek J., Strzalkowska N., Bagnicka E., Krzyżewski E. Effect of polymorphism in IGF-1 gene on production traits in Polish Holstein-Friesian cattle // Animal Science Papers and Reports. - 2006. - V. 24. – P. 225-237

8. Сравнительный анализ генетической структуры белорусских популяций крупного рогатого скота черно-пестрой и голштинской пород по полиморфным вариантам генов соматотропинового каскада (bPit-1, bPRL, bGH, bGHR и bIGF-1) / Белая Е.В., Михайлова М.Е., Волчок Н.М.// Молекулярная и прикладная генетика: сб.науч.тр. – 2011. – Т. 12 – С. 108–114

9. Distribution of Allele Frequencies Important To Milk Production Traits In Lithuanian Black & White And Lithuanian Red Cattle / R. Skinkytė [et al.] // Veterinaria In Zootechnika. – 2005. – Vol. 31. – №3. – P. 93 – 97.

ИНСУЛИНТӨРІЗДІ ӨСУ ФАКТОРЫ-1 ЖӘНЕ ӨСУ ГОРМОНЫ ГЕНИ БОЙЫНША ҚАЗАҚСТАН АУМАҒЫНДА ӨСІРІЛЕТІН ҚАРА-АЛА ТҰҚЫМНЫҢ ГЕНЕТИКАЛЫҚ ҚҰРЫЛЫМЫ СИПАТТАМАСЫ

Бейшова И.С.¹, Ульянов В.А.², Таипова А.А.³, Алиханов К.Д.³,
Поддудинская Т.В.²

¹Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан агро-техникалық университеті

²А. Байтұрсынов атындағы Қостанай мемлекеттік университеті

³«Қазақ ұлттық аграрлық университеті» КЕАҚ

Аңдатпа

Аталған мақалада Қазақстан аумағында өсірілетін қара-ала тұқымның генетикалық құрылымының күрделі талдауы жасалған. Зерттеу жүргізуге 200 бас қара-ала тұқымды («Заря» АҚ) ірі қара малдардан биологиялық материалдар алынды (қыл түбтері). Геномды ДНҚ экстракциясын жүргізу үшін «ДНК-Экстран-2» («Синтол», Россия) реагенттер жинағы қолданылды. Қара-ала тұқымды ірі қара малдардың генотипін *bGH* и полиморфты *bIGF-1* гендер аумағын полимеразды тізбекті реакция әдісімен, рестрикцияны фрагменттер ұзындығы (ПЦР-ПДФ) кейінгі полиморфизмді талдауымен қойылды. Полимеразды тізбекті реакция ProFlex PCR System («Applied Biosystems») амплификаторында жүргізілді. Алынған зерттеу нәтижелеріне сүйене отыра, аллельдер мен генотиптер жиілігі есептелді, популяцияның генетикалық тепе-теңдік сәйкестігі Харди-Вайнберг бойынша χ^2 тәсілімен жүргізілді. Мәліметтерді статистикалық өңдеу «Microsoft Excel 2010» және «Statistica 6.0» бағдарламаларды қолдану арқылы стандартты әдістермен жүргізілді. Қара ала тұқымды топтарының генетикалық құрылымына талдау жүргізілді. *bIGF-1* генінің полиморфизмі, стандартты мал басына қара-ала тұқымды сиырлардың кең таралған аллелі болып *bIGF-1-SnaBI^B* (жиілік 0,686), ал рекордист-сиыр топтарында аллелдер қатынасы 1:1 және стандартты мал басының қара-ала тұқымды сиырлары мен рекордисттердің статистикалық маңызы жоғары.

Кілт сөздер: генетика, генотип, ДНҚ, полиморфизм, полимеразды тізбекті реакция.

CHARACTERISTICS OF THE GENETIC STRUCTURE OF BLACK-motley BREED ON THE TERRITORY OF KAZAKHSTAN, BY THE GENES OF HORMONE GROWTH AND INSULIN-LIKE GROWTH FACTOR-1

Beishova I.¹, Ulyanov V.², Taipova A.³, Alikhanov K.³, Poddudinskaya T.²

¹West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir Khan

²Kostanay State University named after A. Baitursynov

³NAO «Kazakh National Agrarian University»

Abstract

This article analyzes the genetic structure of the black-motley breed group. For the study, a selection of biological material (hair follicles) from 200 heads of cattle of black-motley breed