

In the course of studies on the nature of feed digestibility and metabolism, the highest indicators were noted in the 2 experimental group, the bulls from which surpassed their peers from the control and 1 experimental groups.

In the course of studies on the nature of feed digestibility and metabolism, the highest indicators were noted in the 2 experimental group, the bulls from which surpassed their peers from the control and 1 experimental groups in the digestion of dry matter by 1.89% and 0.55%, organic matter-by 2.36% and 0.69%, crude protein-by 2.66% and 1.46%, crude fat-by 4.31% and 1.46%, crude fiber-by 3.31% and 1.43%, BEV-by 4.40% and 1.53%. The level of nitrogen, calcium and phosphorus balance was also higher in the bulls of the 2 experimental group, which received substandard chickpea grain: they exceeded their counterparts in nitrogen deposition by 16.13% and 3.56%, calcium-by 2.07% and 0.84%, phosphorus-by 2.30% and 1.05%, which also reflects the feasibility of using legumes. Hematological and clinical parameters were also at the level of acceptable physiological norms. Based on the conducted studies, the positive effect of chickpeas on the digestibility of feed and metabolism was established. Diets using leguminous crops (peas and chickpeas of Volgograd selection) also not only provided the animals with nutrients, but also helped to strengthen the physiological state and activate the reproductive abilities of bulls.

УДК 34.23.59

Бейшова И.С.¹, доктор биологических наук

Ульянова Т.В.², магистр сельскохозяйственных наук

Сидарова А.Ж.¹, магистрант специальности 7М05100 «Биотехнология»

¹НАО «Западно – Казахстанский аграрно – технический университет имени Жангир хана», г.Уральск, Республика Казахстан

²НАО «Костанайский региональный университет имени А.Байтурсынова», г.Костанай, Республика Казахстан

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ АБЕРДИН-АНГУССКОЙ ПОРОДЫ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МИКРОСАТЕЛЛИТНЫХ МАРКЕРОВ

Аннотация

В статье представлены результаты анализа генетического разнообразия абердин-ангусской породы по 15-ти локусам микросателлитов ДНК, включая ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006 и CSRM60. В качестве биологического материала для исследований использовались волосные луковичи 214 голов крупного рогатого скота абердин-ангусской породы (Актюбинская область).

Целью работы было охарактеризовать генетическую структуру бычков абердин-ангусской породы по микросателлитным STR-локусам. Генотипирование животных проводили методом ПЦР, разделение и детекцию продуктов амплификации осуществляли в автоматическом режиме методом капиллярного электрофореза на 8-капиллярном генетическом анализаторе 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, США). *Расшифровка графических результатов осуществлялась в программе GeneMapper*, статистическую обработку проводили с использованием программы «Microsoft Excel 2010». Рассчитывали следующие параметры: частоты встречаемости аллелей, уровень полиморфности (A_e), степень наблюдаемой (H_o) и теоретически рассчитанной (H_e) гетерозиготности, индекс фиксации (F_{is}). В результате генотипирования бычков абердин-ангусской породы, разводимой в Актюбинской области по изучаемым микросателлитным локусам были получены данные, характеризующие полиморфизм каждого из маркеров. По 15 локусам микросателлитной ДНК у бычков абердин-ангусской породы было выявлено 103 аллеля. Число аллелей в локусе варьировало от 4 до 11. Наиболее информативными для исследуемого стада явились локусы с наибольшим числом аллелей от 9 до 11 (CSSM66, TGLA122, TGLA53), наименее информативными - с минимальным от 4 до 6 (BM1818, ETH3, INRA23, TGLA126, SPS115, BM1824 и ETH10). Наибольшая наблюдаемая гетерозиготность была в локусе BM2113 (0,804), наибольшая ожидаемая гетерозиготность – также в локусе BM2113 (0,801). Средний уровень наблюдаемой гетерозиготности составлял 0,679, ожидаемой – 0,672, индекс фиксации имел величину, равную минус 0,010. Таким образом, выявлены характерные особенности полиморфизма по всем исследованным показателям изученных микросателлитных локусов ДНК крупного рогатого скота абердин-ангусской породы.

Ключевые слова: абердин-ангусская порода, микросателлиты, локус, ДНК

Введение. Для ведения селекционно-племенной работы обязательным условием является контроль происхождения (отцовства) животных. В настоящее время для этого используется иммуногенетические и молекулярно-генетические методы анализа [1]. Для установления происхождения сельскохозяйственных животных был разработан метод анализа ДНК по STR-локусам, который является более информативным и основным методом для установления происхождения животных [2].

Микросателлитные маркеры для индивидуальных локусов являются tandemно повторяющимися последовательностями. Эти маркеры имеют несколько названий: микросателлиты, STMS (Sequence Tagged Microsatellite Site), STR (Short Tandem Repeat), SSR (simple sequence repeat). Микросателлиты широко распространены, так как имеют высокий уровень полиморфизма и легко выявляются [3-5]. Микросателлиты ДНК являются идеальными генетическими маркерами благодаря высокой полиморфности (в среднем 6-8 аллелей на локус), кодоминантному характеру наследования, постоянства в онтогенезе и известной локализации в геноме [6]. В настоящее время микросателлиты ДНК нашли практическое применение при контроле происхождения крупного рогатого скота, оценке разнообразия популяций и изучении генетического сходства пород.

Исходя из вышеизложенного, цель нашей работы – охарактеризовать генетическую структуру бычков абердин-ангусской породы по микросателлитным STR-локусам.

Материалы и методы исследования. Исследования проводили в лаборатории биотехнологии и диагностики инфекционных болезней Испытательного центра НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет им. Жангир хана». Объектом исследования являлись бычки абердин-ангусской породы ($n=214$), разводимые в Актюбинской области. Для выделения ДНК из волосных луковиц использовали коммерческий набор «ДНК-Экстран-2» фирмы «Синтол» (г. Москва). Амплификацию ДНК проводили методом ПЦР с использованием коммерческого набора «Cordis Cattle» компании «Гордиз» (г. Москва) в амплификаторе Proflex (Thermo Fisher Scientific) согласно рекомендациям производителя. Разделение и детекцию продуктов амплификации осуществляли в автоматическом режиме методом капиллярного электрофореза на генетическом 8-капиллярном анализаторе 3500 Genetic Analyzer производства Applied Biosystems. Результаты обрабатывали при помощи программы GeneMapper™. При проведении генетико-популяционного анализа рассчитывали следующие параметры: частоты встречаемости аллелей, уровень полиморфности (A_e), степень наблюдаемой (H_o) и теоретически рассчитанной (H_e) гетерозиготности, индекс фиксации (Fis) [7-9].

Результаты исследования и обсуждение. Важными факторами, определяющими необходимость сохранения видов, является количество животных и их генетическая уникальность. Первым шагом в разработке программ по сохранению видов является выявление уникального генетического биоразнообразия, определение принципов и методов их сохранения. К современным методам исследования генетического разнообразия являются использование молекулярно-генетических маркеров, которые открывают новые перспективы в изучении происхождения домашних видов животных, их географическое распространение и генетическое разнообразие [10].

В настоящее время для изучения генетического разнообразия в качестве генетических маркеров используются микросателлитные локусы ДНК.

В результате проведенных нами исследований полиморфизма 15 локусов микросателлитной ДНК у бычков абердин-ангусской породы было выявлено 103 аллеля (таблица 1). Число аллелей в локусе варьировало от 4 до 11. Наиболее информативными для исследуемого стада явились локусы с наибольшим числом аллелей от 9 до 11 (CSSM66, TGLA122, TGLA53), наименее информативными, с минимальным от 4 до 6 (BM1818, ETH3, INRA23, TGLA126, SPS115, BM1824 и ETH10).

Исследования микросателлитных локусов показывают, что для животных одной породы в разных стадах генетический профиль индивидуален. Так, при исследовании абердин-ангусов, разводимых в Колумбии, Alba E Montoya были выявлены наиболее информативные локусы SPS115, BM2113 и ETH225, что расходится с нашими результатами [11]. По данным Нурбаева, в популяциях абердин-ангусов 11 хозяйств различных регионов Казахстана, среднее количество аллелей в 11 локусах, которые были проанализированы и в нашей работе, составляло 12,27, при этом в локусе TGLA122 было 24 аллеля, а в локусе TGLA53 – 19 аллелей [12]. В нашей работе эти локусы тоже были наиболее информативными, однако содержали 10 и 11 аллелей, соответственно. В работе Кошчаева А.Г. у крупного рогатого скота абердин-ангусской породы, разводимой в Краснодарской

крае, наиболее информативными оказались локусы CSSM66, TGLA122 и ETH3, однако максимально число аллелей составляло не более шести [13]

Таблица 1 - Полиморфизм микросателлитных локусов в абердин-ангусской породе (n=214)

Локусы	Показатель	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
BM1818	Аллели	258	262	264	266	268	270					
	n	18	109	30	96	17	92					
	Частота	0,042	0,313	0,075	0,259	0,040	0,271					
ETH3	Аллели	117	119	121	125	127						
	n	298	20	49	25	32						
	Частота	0,696	0,047	0,122	0,058	0,077						
CSSM66	Аллели	179	183	185	187	189	193	197	199	205		
	n	1	55	6	89	74	2	147	1	1		
	Частота	0,002	0,131	0,014	0,222	0,182	0,005	0,439	0,002	0,002		
INRA23	Аллели	200	202	206	208	216						
	n	14	46	165	123	18						
	Частота	0,033	0,107	0,530	0,287	0,043						
ILSTS6	Аллели	286	288	290	292	294	296	298	300			
	n	1	115	56	107	112	22	13	2			
	Частота	0,002	0,269	0,131	0,250	0,262	0,051	0,030	0,005			
TGLA227	Аллели	81	83	87	89	91	93	97				
	n	73	16	47	199	22	22	49				
	Частота	0,171	0,037	0,110	0,465	0,051	0,051	0,115				
TGLA126	Аллели	113	115	117	121	123						
	n	21	182	102	1	25						
	Частота	0,049	0,594	0,297	0,002	0,058						
TGLA122	Аллели	141	143	151	153	155	157	161	177	183	185	
	n	1	22	177	1	56	5	34	1	1	1	
	Частота	0,002	0,187	0,573	0,002	0,136	0,012	0,082	0,002	0,002	0,002	
SPS115	Аллели	240	248	252	254	256	260					
	n	1	199	38	160	3	27					
	Частота	0,002	0,465	0,089	0,374	0,007	0,063					
ETH225	Аллели	130	140	142	144	146	148	150				
	n	1	18	1	132	43	126	107				
	Частота	0,002	0,042	0,002	0,309	0,101	0,294	0,25				
TGLA53	Аллели	154	158	160	162	164	168	170	172	176	178	184
	n	11	3	173	20	8	81	75	1	54	1	1
	Частота	0,026	0,007	0,404	0,047	0,019	0,189	0,176	0,002	0,126	0,002	0,002
CSRM60	Аллели	88	92	96	98	100	102	104	106			
	n	5	38	3	19	186	38	137	2			
	Частота	0,012	0,089	0,007	0,044	0,434	0,089	0,32	0,005			
BM2113	Аллели	125	127	131	133	135	137	139	141			
	n	101	7	1	90	94	27	92	16			
	Частота	0,236	0,016	0,002	0,21	0,22	0,063	0,215	0,038			
BM1824	Аллели	178	180	182	188							
	n	211	71	129	17							
	Частота	0,493	0,166	0,301	0,04							
ETH10	Аллели	215	217	219	221							
	n	26	247	53	102							
	Частота	0,061	0,577	0,124	0,238							

Для оценки изменчивости используемых в работе 15 микросателлитных локусов проведен анализ аллельного и генетического разнообразия, индексов полиморфности, фиксации для каждого локуса (таблица 2).

Таблица 2 – Характеристика полиморфизма микросателлитных STR-локусов крупного рогатого скота абердин-ангусской породы (n=214)

STR-локус	Ожидаемая гетерозиготность (H_E)	Наблюдаемая гетерозиготность (H_O)	Индекс фиксации (F_{is})	Ожидаемая гомозиготность (C_d)	Уровень полиморфности (A_E)
BM1818	0,753	0,692	0,081	0,247	4,041
ETH3	0,489	0,495	-0,013	0,511	1,958
CSSM66	0,707	0,748	-0,057	0,293	3,419
INRA23	0,622	0,640	-0,029	0,378	2,648
ILSTS6	0,776	0,743	0,042	0,224	4,460
TGLA227	0,723	0,762	-0,054	0,277	3,605
TGLA126	0,553	0,542	0,020	0,447	2,238
TGLA122	0,611	0,636	-0,040	0,389	2,573
SPS115	0,632	0,621	0,032	0,368	2,717
ETH225	0,744	0,729	0,020	0,256	3,906
TGLA53	0,751	0,780	-0,045	0,249	4,016
CSRM60	0,692	0,720	-0,040	0,308	3,247
BM2113	0,801	0,804	-0,004	0,199	5,025
BM1824	0,636	0,701	-0,094	0,364	2,747
ETH10	0,591	0,575	0,036	0,409	2,445
Среднее	0,672	0,679	-0,010	0,328	3,270

Нами было рассчитано число эффективных аллелей (A_E) для оценки уровня полиморфности. Известно, чем меньше число эффективных аллелей, тем ниже генетическое разнообразие популяции. В нашей работе число эффективных аллелей колебалось от 1,958 в локусе ETH3 до 5,025 в локусе BM2113. Средний показатель уровня полиморфности составил 3,270 (таблица 2). В исследованной выборке абердин-ангусской породы из 15 идентифицированных STR-локусов семь имели количество аллелей больше среднего уровня полиморфности, и оставшиеся восемь – меньше (от 1,958 до 3,247).

Нами была проведена оценка гетерозиготности исследованных животных, так как она является важным параметром в вопросах динамики генетического состояния популяций. Гетерозиготность служит мерой генетической изменчивости популяции и определяется как средняя частота гетерозиготных особей по определенным локусам. Увеличение гомозиготности сопровождается снижением генетического и фенотипического разнообразия и приводит к повышению однородности популяций. В исследуемой группе абердин-ангусской породы наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность по всем локусам не отличаются. Наибольшим уровнем наблюдаемой (0,804) и ожидаемой (0,801) гетерозиготности обладал локус BM2113, а наименьшим – локус ETH3 (0,495 и 0,489, соответственно). Средний показатель наблюдаемой гетерозиготности составил 0,679, а ожидаемой был меньше и составил 0,672.

Для каждого локуса нами были рассчитаны значения индекса фиксации Райта. Индекс фиксации Райта позволяет установить отклонение гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой. Значение индекса может иметь как положительные, так и отрицательные значения, в первом случае это указывает на нехватку гетерозигот, во втором – на их избыток. Для исследуемой группы абердин-ангуссов нехватка гетерозигот наблюдалась по локусам BM1818, ILSTS6, TGLA126, SPS115, ETH225, ETH10, при этом величины индексов были незначительными и находились в пределах от 0,020 до 0,081. По остальным девяти локусам наблюдался избыток гетерозигот, где индекс фиксации колебался от минус 0,094 по локусу BM1824 до минус 0,004 по локусу BM2113. В среднем по всем исследованным 15 STR-локусам индекс фиксации был отрицательным и составил минус 0,010, что свидетельствует о незначительном избытке гетерозигот, и, соответственно, о высоком уровне генетического разнообразия в стаде абердин-ангусского скота.

Выводы. Таким образом, для абердин-ангусской породы было характерно в 15 STR-локусах 103 аллеля, при этом выявлено от 4 до 11 аллелей на локус. Наибольшим уровнем полиморфности характеризовался локус BM2113, а наименьшим – ETH3. Исследуемая группа абердин-ангусской породы характеризовалась высоким уровнем генетического разнообразия. Средний уровень наблюдаемой гетерозиготности составлял 0,679, ожидаемой гетерозиготности – 0,672, индекса фиксации – минус 0,010. Таким образом, в исследованной популяции абердин-ангусской породы обнаружен высокий «запас» генетического разнообразия по микросателлитным локусам, что свидетельствует о возможности их использования для паспортизации, идентификации,

подтверждения происхождения отдельных индивидов и изучения генетического разнообразия пород и популяций абердин-ангусского крупного рогатого скота.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Букаров Н.Г., Хрунова А.И., Новиков А.А., Мишина Н.С., Политкин Д.Ю. Оценка быков-производителей по генетическим маркерам групп крови // Зоотехния. – 2010. – № 11. – С. 2-3.
2. Сердюк Г.Н. Использование иммуногенетических маркеров в селекции животных // Современные методы генетики и селекции в животноводстве: международная научная конференция. - Санкт-Петербург, 26-28 июня, 2007. - С. 240-245.
3. Сулимова Г.Е. ДНК-маркеры в генетических исследованиях: типы маркеров, их свойства и области применения // Успехи современной биологии. – 2004. - Т. 124. - № 3. – С. 260-271.
4. Litt M., Luty J.A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene // American Journal of Human Genetics. - 1989. - V. 44 (3). P. 397-401.
5. Tautz D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers // Nucleic Acids Research. - 1989. V. 17 (16). - P. 6463-6471.
6. Ниятшин Ф.И. Популяционно-генетическая характеристика лошадей башкирской породы // дисс.на соискание ученой степени к.с.-х.н., специальность 06.02.07 Разведение, селекция и генетика сельскохозяйственных животных. – Уфа, 2018. – 140 с.
7. Меркурьева Е.К. Генетические основы селекции в скотоводстве // М.: Колос, 1977. - 239 с.
8. Животовский Л.А. Популяционная биометрия // М.: Наука, 1991. - 270 с.
9. Вейр Б. С. Анализ генетических данных: Дискретные генетические признаки // – М.: Мир, 1995. - 400 с.
10. Гузеев Ю.В., Мельник О.В., Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А. Полиморфизм пяти микросателлитных локусов ДНК при изучении серой украинской и серой болгарской пород крупного рогатого скота // Разведения і генетика тварин. - 2016. - № 52. - С. 202-211.
11. Montoya A., Cerón-muñoz M., Moreno M., Martínez E., Corrales A., Tirado J., Calvo C. Genetic characterization of the Hartón del Valle, Angus, Brangus, Holstein, and Senepol cattle breeds in Colombia, using ten microsatellite markers // Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias. - 2010. – V. 23. – P. 283-291.
12. Нурбаев С.Д., Омбаев А.М., Карымсаков Т.Н., Каратаева М.Б., Хамзина Ж.М. Характеристика генофонда крупного рогатого скота абердин-ангусской породы по микросателлитам ДНК // Доклады Национальной академии наук Республики Казахстан, серия аграрные науки. – 2015. - № 6. - С. 144-148.
13. Кошаев А.Г., Шуклин С.Ю., Щукина И.В. Генетическое разнообразие крупного рогатого скота, разводимого в Краснодарском крае // Аграрный вестник Урала. - 2017. - №. 12-1 (166). - С. 29-38.

ТҮЙІН

Мақалада ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006 және CSRM60 қоса алғанда, ДНҚ микросателлиттерінің 15 локусы бойынша абердин-ангус тұқымының генетикалық сипаттамаларын талдау нәтижелері берілген. Зерттеу үшін биологиялық материал ретінде 214 бас абердин-ангус тұқымы ірі кара малының шаш үлгілері қолданылды (Ақтөбе облысы).

Жұмыстың мақсаты микросателлиттік STR-локустары бойынша абердин-ангус тұқымы малдарының генетикалық құрылымын сипаттау болды.

Жануарларды генотиптеу ПТР әдісімен, амплификация өнімдерін бөлу және анықтау 3500 Genetic Analyzer 8-капиллярлық генетикалық талдағышта капиллярлық электрофорез әдісімен жүргізілді (Applied Biosystems, АҚШ). Графикалық нәтижелерді түсіндіру GeneMapper бағдарламасында жүзеге асырылды, статистикалық өңдеу "Microsoft Excel 2010" бағдарламасын қолдана отырып жүргізілді. Келесідей көрсеткіштер есептеленді: аллельдердің кездесу жиілігі, полиморфтылық деңгейі (*Ae*), бақыланатын (*Ho*) және күтілетін гетерозиготалық дәрежесі (*H_e*), фиксация индексі (*Fis*).

Ақтөбе облысында өсірілетін абердин-ангус тұқымын генотиптеу нәтижесінде зерттелетін микросателлиттік локустар бойынша маркерлердің әрқайсысының полиморфизмін сипаттайтын деректер алынды. Абердин-ангус тұқымында микросателлиттік ДНҚ-ның 15 локусы бойынша 103 аллель анықталды. Локустағы аллельдер саны 4-тен 11-ге дейін өзгерді. Зерттелетін табын үшін ақпараттылығы жоғары 9 - дан 11-ге дейінгі аллельдердің ең көп саны бар CSSM66, TGLA122,

TGLA53, ақпараттылығы төмен 4-тен 6-ға дейін BM1818, ETH3, INRA23, TGLA126, SPS115, BM1824 және ETH10 локустары анықталды. Ең жоғары бақыланатын гетерозиготалық деңгей BM2113 (0,804) локусында, ең жоғары күтілетін гетерозиготалық деңгей BM2113 (0,801) локусында болды. Бақыланатын гетерозиготалық орташа деңгейі 0,679, күтілетін гетерозиготалық деңгей – 0,672, фиксация индексі минус 0,010-ға тең болды. Осылайша, абердин-ангус тұқымы ірі қара малдарының ДНҚ-ның зерттелген микросателлиттік локустарының барлық зерттелген көрсеткіштері бойынша генетикалық әртүрлерігі анықталды.

RESUME

The article presents the results of the analysis of the genetic diversity of the Aberdeen Angus breed for 15 loci of DNA microsatellites, including ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818, CSSM66, ILSTS006 and CSRM60. Hair follicles of 214 heads of cattle of the Aberdeen Angus breed (Aktobe region) were used as biological material for research.

The aim of this work was to characterize the genetic structure of Aberdeen-Angus bull calves by microsatellite STR loci.

Animals were genotyped by PCR, and amplification products were separated and detected automatically by capillary electrophoresis using an 8-capillary 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA). The decoding of graphical results was performed in the GeneMapper software, statistical processing was performed using the «Microsoft Excel 2010» program. The following parameters were calculated: the frequency of alleles, the level of polymorphism (A_e), the degree of observed (H_o) and expected heterozygosity (H_e), and the fixation index (F_{is}).

As a result of genotyping of Aberdeen Angus bull calves bred in the Aktobe region based on the studied microsatellite loci, data were obtained that characterize the polymorphism of each of the markers. 103 alleles were identified for 15 microsatellite DNA loci in Aberdeen Angus bulls. The number of alleles in the locus varied from 4 to 11. The most informative loci for the studied herd were those with the highest number of alleles from 9 to 11 (CSSM66, TGLA122, TGLA53), and the least informative - with a minimum of 4 to 6 (BM1818, ETH3, INRA23, TGLA126, SPS115, BM1824, and ETH10). The highest observed heterozygosity was at the BM2113 locus (0,804), and the highest expected heterozygosity was also at the BM2113 locus (0,801). The average level of observed heterozygosity was 0.679, the expected level was 0.672, and the fixation index was minus 0.010. Thus, the characteristic features of polymorphism for all the studied indicators of the studied microsatellite loci of the Aberdeen Angus cattle DNA were revealed.

УДК: 636.084.1:636.2

Досжанова А.О., докторант

НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана», г. Уральск, Республика Казахстан

ДИНАМИКА ЖИВОЙ МАССЫ И СРЕДНЕСУТОЧНОГО ПРИРОСТА ПОМЕСНЫХ БЫЧКОВ, ПОЛУЧЕННЫХ МЕТОДОМ ПОРОДОПРЕОБРАЗОВАТЕЛЬНОГО СКРЕЩИВАНИЯ

Аннотация

В статье приводятся результаты сравнительного изучения живой массы бычков до 15-месячного возраста. Полученные данные показывают, что чистопородные бычки казахской белоголовой породы и в 15-месячном возрасте имели превышение над своими помесными сверстниками 1 – го поколения на 50,1 кг (12,33 %, $P>0,999$), 2 – го поколения – 31,2 кг (7,67 %, $P>0,999$). Чистопородные бычки герефордской породы КХ «Жаныс» в 15-месячном имели превосходство над своими помесными сверстниками 1-го и 2-го поколений соответственно на 50,1 кг (12,19 % $P>0,999$) и 35,4 кг (8,61 % $P>0,999$). Живая масса бычков 2-го поколения во все возрастные периоды превышает средний показатель живой массы бычков 1-го поколения и соответствует стандарту казахской белоголовой породы, так в 15-месячном возрасте они превышали стандарт породы на 10,4 кг (2,84 %). Исследования показали, что живая масса чистопородных бычков аулиекольской породы в возрасте 15 месяцев превышала стандарт породы на 41,6 кг (9,98 %), и соответствовала классу – элита. В то же время, живая масса помесных бычков 1-го поколения только в возрасте 15 месяцев, также, соответствовала стандарту породы (384,4 кг). Установлено также то,