

15 Muniraju, M. Rescue of a vaccine strain of peste des petits ruminants virus: In vivo evaluation and comparison with standard vaccine [Text] / M. Muniraju, M. Mahapatra, H. Buczkowski, [et. al.] //Vaccine. – 2015. – Vol. 33. – P. 465–471.

16 Mahapatra, M. Matrix protein and glycoproteins F and H of Peste-des-petits-ruminants virus function better as a homologous complex [Text] / M. Mahapatra, S. Parida, M. D. Baron, [et. al.] // J. Gen. – 2006. –Virol. – Vol. 87. – P. 2021–2029.

17 Mahapatra, M. Comparison of Immunogenicity and Protective Efficacy of PPR Live Attenuated Vaccines (Nigeria 75/1 and Sungri 96) Administered by Intranasal and Subcutaneous Routes [Text] / M. Mahapatra, M. Selvaraj, S. Parida //Vaccines. – 2020. – Vol. 8(2):168. <https://doi.org/10.3390/vaccines8020168>

18 Rojas, J. M. A New Look at Vaccine Strategies Against PPRV Focused on Adenoviral Candidates [Text] / J. M. Rojas, N. Sevilla, V. Martín // Frontiers in veterinary science. –Vol. 8:729-879. <https://doi.org/10.3389/fvets.2021.729879>

19 Kumar, N. Advances in peste des petits ruminants vaccines [Text] / N. Kumar, S. Barua, T. Riyesh, B. N. Tripathi // Veterinary microbiology. – 2017. – Vol. 206. – P. 91–101. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.01.010>

20 Diallo, A. Differentiation of rinderpest and peste des petits ruminants viruses using specific cDNA clones [Text] / A. Diallo, T. Barrett, M. Barbron, [et. al.] // J. Virol. Methods. – 1989. – Vol. 23. – P. 127–136.

ТҮЙІН

Ұсақ күйіс қайыратын малдар обасы (ҰКҚМО) – үй (қой мен ешкі) және жабайы ашатұяқты жануарларының өте жұқпалы вирустық ауруы. ҰКҚМО өзінің трансшекаралық табиғаты мен жоғары жұқпалылығына байланысты әлемдегі кедейлік деңгейін арттыра отырып, әрбір елдің мал шаруашылығы секторына экономикалық зиян келтіретін ұсақ малдардың аса маңызды инфекциясы болып табылады. Біріккен Ұлттар Ұйымының Азық-түлік және ауыл шаруашылық ұйымы мен Дүниежүзілік жануарлар денсаулығын қорғау ұйымының (ДДСҰ) бірлесіп жаһандық ауқымда ҰКҚМО-мен күресті бастады және 2015 жылдан бастап 2030 жылға қарай ҰКҚМО-ны бақылау мен жоюдың жаһандық стратегиясын (ЖСБЖ) жүзеге асыруға кірісті. ХЭБ жерүсті жануарлар саулығы кодексінде сипатталған талаптарға сәйкес бүкіл әлемде өндірілетін ҰКҚМО-на қарсы вакциналардың сапасын мұқият бақылау ЖСБЖ ҰКҚМО шеңберінде жоспарланған вакцинациялау науқандарының қауіпсіздігі мен тиімділігін қамтамасыз ету үшін қажетті шарт болып табылады. Nigeria 75/1 гомологиялық штамынан әзірленген вакциналар, бүкіл әлемде ұсақ малдардың обасымен күресуде ең көп қолданылатын құрал болып табылады. Осыған байланысты Қазақстанда БҚПҒЗИ атынан II линияға жататын Nigeria 75/1 әлсіретілген штамынан ҰКҚМО-на қарсы тірі вакцина әзірленді. Жергілікті тұқымды қойлар мен ешкілерде әзірленген вакцинаның иммуногенділігін бағалау үшін мақсатты зерттеулер жүргізілді. Жасы 6-8 айлық ұсақ малдарға эксперименттер жүргізу барысында $1,0 \times 10^{3,0}$ Ig ТЦД₅₀/бас. дозасында жануарларды тірі әлсіретілген ҰКҚМО вакцинасымен бір реттік имундеу кезінде қой мен ешкілердің қанында жоғары титрлерде вирусты бейтараптандыратын антиденелердің (ВБА) түзілуін тудыру арқылы имунделінген жануарларда ҰКҚМО вирусына қарсы қорғаныш имунитетін қалыптастырады. Алынған нәтижелер әзірленген вакцинаның иммуногенділігі жоғары және Қазақстанда ҰКҚМО-на қарсы қолданылатын коммерциялық вакциналарға жақсы балама бола алатындығын дәлелдеді.

ӨОЖ: 575.17, 619:616.9

DOI 10.52578/2305-9397-2023-3-1-61-77

ҒТАХР: 34.23.59, 68.41.53

Бейшова И. С., ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты, биология ғылымдарының докторы, қауымдастырылған профессор, **негізгі автор**, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>, «Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қ., Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, indira_bei@mail.ru

Нургалиев Б.Е., ветеринария ғылымдарының кандидаты, қауымдастырылған профессор, <https://orcid.org/0000-0000-1599-88250>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қ., Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, nurgaliev.79@mail.ru

Жолдасбекова А. Ж., докторант, <https://orcid.org/0000-0002-8612-1940>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қ., Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан,, aizhan.urazova@mail.ru

Белая Е. В., биология ғылымдарының кандидаты, доцент, <https://orcid.org/0000-0003-1786-0341>,

«Максим Танк атындағы Беларусь мемлекеттік педагогикалық университеті»БМ, Минск қ., Советская к-сі, 18, 220030, Беларусь, kolyuchka005@rambler.ru

Ульянова Т. В., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қ., Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, tatyana.poddudinskaya@gmail.com

Ульянов В. А., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-7500-1601>

Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті» КеАҚ, Орал қ., Жәңгір хан көшесі 51, 090009, Қазақстан, vadimkst@mail.ru

Beishova I. S.- candidate of Agricultural Sciences, Doctor of Biological Sciences, Associate Professor, **main author**, <https://orcid.org/0000-0001-5293-2190>

NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, indira.bei@mail.ru

Nurgaliyev B. E. - candidate of Veterinary Sciences, Associate Professor, <https://orcid.org/0000-0000-1599-88250>

NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, nurgaliev.79@mail.ru

Zholdasbekova A. Zh. - PhD student,, <https://orcid.org/0000-0002-8612-1940>

NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, aizhan.urazova@mail.ru

Belaya A. V., candidate of biological sciences, docent, <https://orcid.org/0000-0003-1786-0341>

«Belarusian State Pedagogical University Named after Maxim Tank», Minsk, Sovetskaya street 18, 220030, Belarus, kolyuchka005@rambler.ru

Ulyanova T. V., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-4814-2601>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, tatyana.poddudinskaya@gmail.com

Ulyanov V.A., PhD, <https://orcid.org/0000-0002-7500-1601>

NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, vadimkst@mail.ru

TLR-9, MBL1 ЖӘНЕ LTF ГЕНДЕРІНІҢ ХЛАМИДИОЗ АУРУЫНА БІРІКТІРІЛГЕН ФЕНОТИПТІК ӘСЕРІ COMBINED PHENOTYPIC EFFECT OF TLR9, MBL1 AND TF GENES ON CHLAMYDIA

Аннотация

Қазіргі уақытта мал шаруашылығына орасан зор экономикалық зиян келтіретін әртүрлі жұқпалы аурулардың ішінде ірі қара мал хламидиозы маңызды орын алады. Тек қана жануарлардың ғана емес, сондай-ақ адам денсаулығына да айтарлықтай қауіп төндіреді. Осы орайда ірі қара малдың бактериялық инфекцияларға төзімділігін генетикалық маркерлеу өте маңызды іс-шаралардың бірі болып табылады. Зерттелетін Жануарлар топтарында генотиптер анықталды. Голштинн тұқымының сау жануарлар тобында генотиптердің *TLR9* және *MBL1* полиморфты гендеріне таралуы Харди-Вайнберг заңы бойынша теориялық күтілгенге сәйкес келетіні анықталды. Хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында байқалған генотип жиіліктерінің теориялық тұрғыдан күтілетін Харди-Вайнберг заңынан статистикалық маңызды ауытқуы бар екендігі анықталды. *TLR9-BfaI* полиморфизмі бойынша *TLR9-BfaI*^{AG} гетерозиготалары мен *LTF-EcoRI* полиморфизмі бойынша *LTF-EcoRI*^{AB} гетерозиготалары санының артуы байқалады. Бұл хламидиозға төзімділіктің төмендеуімен *TLR9-BfaI*^{AG} және *LTF-EcoRI*^{AB} генотиптерінің ассоциациясын ұсынады. Хламидиозға төзімділіктің жоғарылауының генетикалық маркері *TLR9-BfaI*^{AA} және *MBL1-HaeIII*^{CC} генотиптерін шығарды.

Хламидиоз ауруының жоғары қаупінің генетикалық маркері *TLR9-BfaI^{AG}* және *MBL1-HaeIII^{TT}* генотиптерін шығарды. Хламидиозға төзімділіктің генетикалық маркерлері *TLR9-BfaI^{GG}-MBL1-HaeIII^{TC}* және *TLR9-BfaI^{GG}-LTF-EcoRI^{AA}* генотиптерінің жұптасқан комбинациясы болып табылады. Хламидиоз ауруының жоғары генетикалық қаупін белгілеу жүйесіне келесі маркерлер кіреді: *TLR-9-BfaI^G*, *MBL1-HaeIII^T* аллельдері, *TLR-9-BfaI^{AG}* генотипі, *LTF-EcoRI^A* аллелі, *LTF-EcoRI^{AB}-MBL1-HaeIII^{CC}* біріктірілген генотипі. Туа біткен хламидиозға төзімділікті белгілеу жүйесіне *TLR9-BfaI^{GG}-LTF-EcoRI^{AA}* және *TLR9-BfaI^{GG}-MBL1-HaeIII^{TC}* біріктірілген генотиптері сияқты генетикалық маркерлер кіреді.

ANNOTATION

Currently, among the various infectious diseases that cause huge economic damage to livestock, chlamydia of cattle occupies an important place. It poses a serious danger not only to the health of animals, but also to humans. In this regard, genetic labeling of cattle resistance to bacterial infections is one of the very important measures. Genotypes of the studied groups of animals were established. It was revealed that normally, in a group of healthy animals of the Holstein breed, the distribution of genotypes by polymorphic genes *TLR9* and *MBL1* corresponds to theoretically expected according to the Hardy-Weinberg law. It was found that in the group of animals with chlamydia, there is a statistically significant deviation of the observed genotype frequencies from the theoretically expected one according to the Hardy-Weinberg law. There is an excess of the number of *TLR9-BfaI^{AG}* heterozygotes by *TLR9-BfaI* polymorphism, and *LTF-EcoRI^{AB}* heterozygotes by *LTF-EcoRI* polymorphism. This suggests an association of *TLR9-BfaI^{AG}* and *LTF-EcoRI^{AB}* genotypes with a decrease in resistance to chlamydia. The genotypes *TLR9-BfaI^{AA}* and *MBL1-HaeIII^{CC}* were identified as a genetic marker of increased resistance to chlamydia. The genotypes *TLR9-BfaI^{AG}* and *MBL1-HaeIII^{TT}* were identified as a genetic marker of an increased risk of chlamydia. Genetic markers of resistance to chlamydia are paired combinations of genotypes *TLR9-BfaI^{GG}-MBL1-HaeIII^{TC}* and *TLR9-BfaI^G-LTF-EcoRI^{AA}*. The system of labeling increased genetic risks of vomiting with chlamydia includes the following markers: allele *TLR-9-BfaI^G*, allele *MBL1-HaeIII^T*, genotype *TLR-9-BfaI^{AG}*, allele *LTF-EcoRI^A*, combined genotype *LTF-EcoRI^{AB}-MBL1-HaeIII^{CC}*. The system of marking congenital resistance to chlamydia includes such genetic markers as combined genotypes *TLR9-BfaI^{GG}-LTF-EcoRI^{AA}* and *TLR9-BfaI^{GG}-MBL1-HaeIII^{TC}*.

Түйін сөздер: ірі қара мал, голштин тұқымы, туа біткен иммунитет, бактериалды инфекциялар, хламидиоз, гендердің полиморфизмі

Key words: cattle, Holstein breed, innate immunity, bacterial infections, chlamydia, gene polymorphism

Кіріспе. Қазіргі уақытта мал шаруашылығына орасан зор экономикалық зиян келтіретін әртүрлі жұқпалы аурулардың ішінде ірі қара мал хламидиозы маңызды орын алады. Тек қана жануарлардың ғана емес, сондай-ақ адам денсаулығына да айтарлықтай қауіп төндіреді [1].

Ветеринарлық тәжірибеде хламидиоз жедел, созылмалы және жасырын аурулар, энзоотиялық түсік түрінде көрінеді, әлсіз және өміршең емес жас жануарлардың тууы; пневмония, артрит, энтерит, энцефаломиелит және конъюнктивит, сондай-ақ жыныс мүшелерінің аурулары сиырлар мен бұқалар [2,3].

Хламидиозды инфекцияның таралу факторларын және оның салдарын зерттейтін ғалымдар сиырларды жұқтырған сперматозоидтар арқылы жұқтырудың жеткілікті жағдайларын сипаттады, ірі қара малдың көбею мүшелеріне хламидиоздың әсер ету салдарын зерттеді. Сонымен қатар, хламидиоздың асыл тұқымды бұқалардың эякуляциясында көбею қабілеті анықталды. Осы аурудың кең таралуына және аурудың салдарының ауырлығына байланысты ірі қара малдың репродуктивті денсаулығы проблемасы туындайды, оны қамтамасыз етуде плацентарлы тосқауыл маңызды орын алады [4,5].

Хламидиоз – адамдарда, сүтқоректілерде және құстарда әртүрлі ауруларды тудыратын грам-теріс облигатты жасушаішілік бактериялар. Қазіргі уақытта Chlamydiaceae тұқымдасының 13 түрі белгілі [6]. Chlamydia abortus және Chlamydia pecorum түрлері күйіс қайыратын жануарларға әсер етеді, аборт пен репродуктивті проблемаларды тудырады, бұл айтарлықтай экономикалық шығындарға әкеледі [7,8]. Аурудың спецификалық емес клиникалық көрінісі бар

және пневмония, энтерит, полиартрит, спорадикалық энцефаломиелит, түсік түсіру, вагинит, эндометрит, қайта көбею, әлсіз бұзау синдромы, перинаталдық өлім және құнарлылықтың бұзылуы сияқты клиникалық белгілер туралы біраз ақпарат бар [9,10]. Инфекция түсік тастаған ұрықтың немесе плацентаның қалдықтарымен ластанған жайылымдарды ингальциялау немесе тұтыну арқылы пайда болады [11].

Ірі қара малдың репродуктивті ауруларындағы хламидиоздың рөлі әлі анық емес; сондықтан қосымша зерттеулер қажет. Ірі қара малдың жұмыртқа жолында хламидиоздың болуы олардың ірі қара малдағы бедеулік мәселелеріне қатысуы туралы мәселені көтерді. Хламидиоз инфекциясы субклиникалық түрде де көрінуі мүмкін, бұл организмдердің шынымен комменсальды қоздырғыштар екендігі туралы пікірталасқа әкеледі. *Chlamydia abortus* басқа қоздырғыштар болмаған кезде оңтайлы емес мал өндірісінде анықталды. Бұл бақылаулар хламидиоздың вируленттілігі төмен патогендердің өзара әрекеттесуін, қоректік заттардың жетіспеушілігін, нашар басқару мен гигиенаны және хост генетикасын қамтитын көп факторлы аурулардағы рөлін көрсетті [12].

Ірі қара малға хламидиоздың екі түрі әсер етеді: *C. abortus* және *C. pecorum* [13]. Инфекция құнарлылықтың бұзылуы, түсік түсіру, өлі немесе өміршең емес бұзаулардың мерзімінен бұрын босануы, босанудың кешігуі, метрит, вагинит, спорадикалық энцефаломиелит, керато-конъюнктивит, хламидиозды бронхопневмония, энтерит және полиартрит түрінде көрінуі мүмкін [14]. *C. Psittaci* ДНҚ болса да түсік тастаған күйіс қайыратын жануарларда, үй жануарларында және жабайы жануарларда, соның ішінде аралас инфекциялар да болуы мүмкін, хламидиоздың бұл түрі тек респираторлық инфекциялардың қоздырғышы болып саналады («зоонозды» хламидиозды пневмония) [15,16]. Инфекциялардың жедел көріністерінен басқа, малда симптомсыз урогенитальды хламидиоз инфекциясы болуы мүмкін [17], оның асқынуы негізінен табынның денсаулығы мен өнімділігінің нашарлауымен байланысты. Сонымен, Wehrend A., Failing K., Hauser B. және басқалар [18] сүтті бағыттағы сиырлардың урогенитальды трактінің материалында хламидиозды антиген болған жағдайда аналық без кисталары мен ірі қара малдың репродуктивті функциясының бұзылуының жоғары қаупін анықтады, ал Jaeger J., Liebler-Tenorio E., Kirschvink N. және т.б. [19], Reinhold P., Jaeger J., Liebler-Tenorio E. және т.б. [20] жасырын хламидиозды респираторлық инфекция 2-7 айлық бұзаулардағы тыныс алу жолдарының бітелуімен және өкпенің қабынуымен байланысты екенін көрсетті. Kemmerling K., Müller U., Mielenz M., Sauerwein H. [21] серопозитивті сүт табындарында сүт өнімділігі мен репродуктивті қабілетінің күрт төмендегенін анықтады. Хламидиозды инфекцияның жануарлардың денсаулығы мен өнімділігінің аталған бұзылуларымен байланысының тікелей дәлелі *C. abortus* және *C. pecorum* штаммдарымен ірі қара малды эксперименталды түрде жұқтырған кезде көрсетілді [22].

Хламидиоз қоздырғышының көзі ауру жануарлар мен тасымалдаушылар болуы мүмкін, олар хламидиозды 8-12 ай ішінде көзден, мұрыннан, сондай-ақ нәжіспен, зәрмен, түсік түсіретін материалмен, амниотикалық сұйықтықпен, сүтпен және сперматозоидтармен босата алады.

Хламидиоздың жыныстық инфекциямен және эндометрит, түсік түсіру және өлі туылу сияқты репродуктивті бұзылулармен себеп-салдарлық байланысы эксперименталды түрде анықталды. Жақында *C. trachomatis*-тің жыныс мүшелерінің хламидиозды инфекциясын және ІҚМ хламидиозды түсік түсіру қабілеті туралы хабарланды [23,24], жеке шаруа қожалықтарының немесе фермерлік қожалықтардың иелеріндегі трахома [25].

Ірі қара малдағы хламидиозды инфекцияның негізгі берілу жолдары: алиментарлы (көбінесе жас малды жұқтырған сүтпен азықтандыру кезінде), контактті (ірі қара малдың ластанған қалдықтарымен, сондай-ақ жұқтырған қоқыстармен және т.б.), аэрогендік, жатырышілік, жыныстық. Хламидиозға қолайсыз асыл тұқымды кәсіпорындардан өндірушілердің сперматозоидтарымен қолдан ұрықтандыру нәтижесінде инфекция берілуі мүмкін [26]. Сырқаттанушылық және өлім-жітім: респираторлық формада 70-80 және 15-25% дейін; ішекте – 30-70 және 20-30%; генитальды формада сырқаттанушылық –25-60 дейін %; энцефалитті формада өлім-жітім – 100% дейін [27].

Клиникалық көріністер хламидиоз инфекциясының түріне байланысты (ішек, тыныс алу, жыныс мүшелері, энцефалит, конъюнктивальды және аралас формалар). Хламидиоздың түріне байланысты инкубациялық кезең 3-тен 20 күнге дейін. Әдетте, ірі қара мал хламидиозымен

бұзауларда асқазан-ішек жолдары, тыныс алу жолдары, буындар, көздер зардап шегеді. Энцефалит, тыныс алу және ішек формаларында температура 40°C және одан жоғары көтеріліп, тамақтан бас тарту, жалпы депрессия байқалады. Энцефалит түріндегі негізгі белгілер – жануардың ОЖЖ зақымдану белгілері. Ішек формасы диареямен, эрозия мен жараның пайда болуымен ауыз қуысының шырышты қабаттарының гиперемиясымен бірге жүруі мүмкін. Тыныс алу формасы жөтелмен, мұрыннан серозды, содан кейін шырышты-іріңді бөліну түрінде ағып кетумен, мұрын қуысының шырышты қабаттарының гиперемиясымен және ісінуімен, тахипноэмен, тахикардиямен, конъюнктивитпен сипатталады. Жыныстық формада түсік түсіру, босануды ұстау және әлсіз және өміршең емес жас жануарлардың туылуы жетекші белгілер болып табылады. Конъюнктивальқ форма лакримация, кератит және конъюнктивит түрінде көрінеді.

Әдетте, диагноз эпизоотологиялық мәліметтер, клиникалық көріністер және зертханалық зерттеулердің нәтижелері негізінде қойылады. Патогенді сәйкестендіру ПТР әдісімен ауру немесе жанасатын жануарлардан алынған клиникалық үлгілерде хламидиоздың генетикалық материалының болуы немесе болмауы, сондай-ақ сарысулардағы антихламидиалды антиденелер титрлерінің олардың иммуносерологиялық әдістерімен қолжетімді коммерциялық жиынтықтарды қолдана отырып анықталады. Созылмалы және жасырын хламидиоз инфекциясы негізінен антихламидиалды антиденелердің болуымен анықталады.

Ірі қара мал табындарында серопозитивті жануарлардың, яғни құрамында хламидиозға қарсы антиденелер бар жануарлардың пайызы тұрақты көрсеткіш емес деп саналады. Сонымен, тәуелсіз зерттеулер табындардағы серопозитивті жануарлардың таралуы өте төменнен (<5%) жоғарыға (50-100%) дейін өзгеретінін көрсетті. Серопозитивтіліктің жоғары көрсеткіштері негізінен жануарлардың үлкен үлгісімен, жоғары сезімтал диагностикалық сынақтарды қолданумен, табынның жоғары тығыздығымен, нашар гигиенамен, нашар тамақтанумен және жалпы ауылшаруашылық жануарларын ұстау ережелерін бұзумен байланысты, яғни. ірі қара малдың хламидиозды инфекцияларға бейімділігін арттыруға және олардың одан әрі таралуына ықпал ететін факторлармен.

Сонымен, қорыта айтқанда, аурудың пайда болу формасына байланысты оның белгілері де ерекшеленеді:

- жыныс формасы жүктіліктің тұрақты үзілістерінде, жатыр қабырғасының және оның шырышты қабығының қабыну процестерінде көрінеді, босанғаннан кейін плацента толық және уақтылы шықпайды;

- ішек – сұйық нәжіс арқылы көрінеді, депрессияға ұшыраған және жалпы жағдайы әлсіз, тамақ ішуге құлықсыздық, ауыз қуысының шырышты қабығында қызару мен жаралар бар, дене температурасы 40 - 40,50 С дейін көтерілуі мүмкін;

- респираторлық – серозды мұрын секрециясы, жөтел, конъюнктивит, температураның 41,0С дейін қысқа мерзімді жоғарылауы, мұрын шырышты қабығының ісінуі, безгегі;

- энцефалит – жүйке жүйесінің зақымдануы, аяқ-қолдың, бастың дірілі, жүрістің бұзылуы, үйлесімсіздік, бұлшықет құрысулары. Барлық мүмкін формалардың ішіндегі ең ауыры. Іс жүзінде әрбір жағдай өліммен аяқталады.

- бірқатар басқа аурулар арқылы (мастит, ринит, гастроэнтерит және т.б.).

Хламидиоз, басқалармен қатар, келесі формалардың бірінде болуы мүмкін:

1. жедел (алты айға дейінгі жас адамдар);
2. созылмалы (6 айдан асқан жас жануарлар және ересектер);
3. жасырын (жас ерекшеліктеріне қарамастан);
4. аборт (сирек кездесетін түрі, барлық жас топтары арасында).

Хламидиоздың дұрыс диагностикасын жүргізу үшін клиникалық көріністі дәл және сапалы жинау, зертханада бірқатар талдаулар жасау, эпизоотология деректерін, патологиялық метаморфоздарды, серологиялық және «вирусологиялық» зерттеулердің, биологиялық сынаманың және микроскопияның көрсеткіштерін ескеру қажет.

Осы орайда ірі қара малдың бактериялық инфекцияларға төзімділігін генетикалық маркерлеу өте маңызды іс-шаралардың бірі болып табылады. Бүкіл әлемде ауылшаруашылық жануарларының аурушандығын реттеу халықаралық ұйымдардың қолдауымен жиі жүзеге асырылатын ауқымды зерттеу бағдарламаларының тақырыбы болып табылады. Вакцинация және антибиотиктер арқылы патогендермен күресудің жалпы тиімділігіне қарамастан, дәріге

төзімді патогендердің пайда болуы бірқатар асқынулар тудырды. Адам медицинасымен қатар терапия мен алдын алу үшін қол жетімді антибиотиктердің бірқатар кластары шектеулі болады.

Демек, ауылшаруашылық жануарларының иммунитетінің толық әлеуетін пайдалану жануарлардың денсаулығы мен әл-ауқатына шешуші үлес қоса алады. Туа біткен (табиғи) иммунитетке қатысатын генетикалық факторлардың полиморфизмі бұл қабілетті жақсартуға шынайы көзқарасты қамтамасыз етеді. Жеке иммунологиялық тарих адаптивті иммунитетке қарағанда туа біткен иммунитеттің жұмысына аз әсер ететіндіктен, жауап күші негізінен негізгі гендердің полиморфизмімен анықталады. Бұл мүмкіндік генетикалық вариацияны зерттеуді де, асыл тұқымды қанауды да жеңілдетеді.

ДНҚ технологиясының дамуы ДНҚ тізбегі деңгейінде көптеген генетикалық полиморфизмдерді анықтауға және оларды байқалған генетикалық және фенотиптік вариацияны бағалау үшін маркер ретінде пайдалануға мүмкіндік берді. ДНҚ тестілеуінің пайда болуы және молекулалық маркерлерді қолдану ірі қара мен жануарлардың басқа түрлерінде бір нуклеотидті полиморфизмдердің (SNP) көп санын анықтауға әкелді. Мал шаруашылығын жақсартуда молекулалық маркерлерді қолдану дәстүрлі өсіру стратегияларымен қатар қарастырылды. Молекулалық маркерлердің дамуындағы Прогресс оларды жануарлардың генетикалық әлеуетін жақсарту үшін әлеуетті пайдалануды болжайды. Сүтті мал шаруашылығы бағдарламаларында маркер-көмекші селекция (MAS) селекционерлерге генетикалық жағынан жоғары жануарларды әлдеқайда ерте жаста анықтауға мүмкіндік береді. Шын мәнінде, ДНҚ сынағынан өткен Жануарлар жыныстық жетілуге жеткенге дейін экономикалық пайдалы белгілер мен ауруларға төзімділік бойынша өмір бойы баға ала алады.

Полиморфизмдерді іздеу, ең алдымен, туа біткен иммунитеттің негізгі компоненттерін кодтайтын гендерге бағытталған

Осы ретте, зерттеу мақсаты – сүт бағытындағы ірі қара малдың хламидиозға шалдығуын алдын алу, MPL1 және LTF гендерінің полиморфизмінің негізінде сүттің сапасы мен қауіпсіздігін арттыру әдістерін жетілдіру.

Зерттеу жұмыстарының мақатына орай келесі міндеттер орын алды:

- биологиялық материал үлгілерінің генетикалық банкін қалыптастыру;
- зерттелетін полиморфизмдерді анықтау үшін ПТР-РФҰП әдістемесін талдау;
- сүт бағытындағы ірі қара малдың хламидиозға шалдығуының алдын алу;
- хламидиозға төзімді/резистентті әрбір жеке полиморфизм ассоциациясын талдау;
- TLR4, TLR6 және TLR9 гендерінің полиморфизмдерінің аралас фенотиптік әсерін талдау;
- MPL 1 және LTF гендерінің полиморфизмінің негізінде сүттің сапасы мен қауіпсіздігін арттыру.

Зерттеу материалдары мен әдістері. Ауру малдарды диагностикалау ҚРҰ Қолданбалы биотехнология ҒЗИ базасында жүзеге асырылды. Молекулярлық-генетикалық зерттеулер, сондай-ақ алынған нәтижелерді өңдеу Жәңгір хан атындағы БҚАТУ сынау орталығының биотехнология және жұқпалы ауруларды балау зертханасының негізінде жүргізілді.

Зерттеу нысаны голштин тұқымының ірі қара малы.

Зерттеуге арналған материал жүн талшықтары, қан, сүт.

Сынамаларды іріктеу және талдауға дайындау кезінде үлгілердің ластануын болдырмайтын шаралар сақталды. Сынама дайындау және одан кейінгі барлық кезеңдер ерітіндінің микро тамшыларының тамшуырға түсуіне жол бермеу үшін бір реттік шығын материалдарын: пробиркаларды, қолғаптарды, сүзгісі бар ұштарды – аэрозольді тосқауылды пайдалана отырып жүргізілді.

Жануарлардың генотипін анықтау мақсатында биопроба ретінде жүн талшықтары қолданылды. Қабылдау барысында әр сынамаға жеке нөмірмен қол қойылды, сынама алу әдісі жасалды. Зертханада үлгіге бірегей зертханаішілік сәйкестендіру нөмірі берілді, бұл талдаудың әрбір кезеңінде осы үлгімен жұмысты одан әрі сәйкестендіруге мүмкіндік береді. Осы сандармен жануарлар жұмыс базасына енгізіледі. Жұмыстың деректер базасына әр жануардың тіркеу мәліметтері енгізілді.

Эксперименттік іріктеменің құрамына бір тұқымды, жынысты, туған жылы мен ұстау, азықтандыру, өсіру жағдайлары біркелкі мал таңдалды.

Қан сарысуын, ірі қара малдың сүтін серологиялық, бактериологиялық зерттеу жалпы қабылданған әдістерге сәйкес жүргізілді. ІҚМ хламидиозының диагностикасы ИФА әдісімен зерттелді.

ДНҚ өндірушінің нұсқауларына сәйкес «ДНК-Экстрен-2» коммерциялық жиынтығын қолданумен жүргізілді. Алынған ДНҚ концентрациясы мен сапасын анықтау үшін ерітіндіде спектрофотометриялық әдіс қолданылды.

Гендердің полимеразды тізбекті реакциясы Proflex PCR system, «Applied Biosystems» амплификаторында жүргізілді.

ПТР жүргізуге арналған праймерлерді «Синтол» компаниясы синтездеді.

Зерттеу нәтижелері. Зерттеудің бастапқы кезеңінде популяциядағы талданған полиморфизмдердің пайда болу жиілігін бағалау ерекше маңызды. Аллельдер мен генотиптердің салыстырмалы жиілігін бағалау, популяциядағы генотиптердің таралуының сәйкестігін талдау тәжірибе кезіндегі оның жағдайын, табиғи сұрыптау қысымының бағытын және осы полиморфизмдерге сәйкес селекциялық әлеуетті сипаттайды. Белгілі генотиптері бар жануарлардың жалпы саны 1-кестеде келтірілген.

Кесте 1 – *TLR-9 I*, *MBL1* және *LTF* генотиптері бар жануарлардың жалпы саны

Жануарлар топтарының атауы	<i>TLR9</i> , генотиптер	<i>LTF</i> , генотиптер	<i>MBL-1</i> , генотиптері
Хламидиоз	94	93	94
Сау	93	92	93
Барлығы	187	185	187

Жоғарыдағы кестеде келтірілген мәліметтерге сәйкес, хламидиоз анықталған жануарлардың ішінде *TLR9* генотиптері 94 баста, *LTF* – 93 баста, *MBL-1* – 94 баста анықталды. Аталмыш гендер сау жануарлардың ішінде сәйкесінше *TLR9* генотиптері 93 баста, *LTF* – 92 баста, *MBL-1* – 93 баста анықталды.

Сонымен қатар зерттелетін соматотропин каскадының полиморфты гендері үшін генотиптердің таралуының Харди-Вайнберг заңы бойынша теориялық тұрғыдан күтілгенге сәйкестігін талдадық. Байқалған ауытқулардың маңыздылығын бағалау χ^2 критерийі арқылы жүргізілді.

2-кестеде генотиптердің байқалатын жиіліктері және сау жануарлар тобында Харди-Вайнберг заңы бойынша теориялық тұрғыдан күтілетін жиіліктер келтірілген. Бұл критерий зерттелетін топтардағы жасанды іріктеу қысымын бағалауға мүмкіндік береді.

Кесте 2 – Сау жануарлар тобында *TLR9*, *MBL1* және *LTF* полиморфты гендерінің генотиптік жиіліктерінің таралуы

Ген	Генотип	Байқалатын n	Күтілетін n	χ^2
<i>TLR-9 BfaI</i>	<i>TLR9-BfaI^{AA}</i>	17	18	0,12
	<i>TLR9-BfaI^{AG}</i>	47	45	
	<i>TLR9-BfaI^{GG}</i>	29	29	
<i>MBL1-HaeIII</i>	<i>MBL1-HaeIII^{TT}</i>	11	16	3,77
	<i>MBL1-HaeIII^{TC}</i>	54	45	
	<i>MBL1-HaeIII^{CC}</i>	28	33	
<i>LTF-EcoRI</i>	<i>LTF-EcoRI^{AA}</i>	51	56	6,23*
	<i>LTF-EcoRI^{AB}</i>	41	32	
	<i>LTF-EcoRI^{BB}</i>	0	5	

Ескертпе: 0,05 маңыздылық деңгейі үшін χ^2 мәні 3,84 құрайды, * χ^2 мәндері Йетс түзетуімен есептелген

Сау сиырларды бақылау тобындағы деректерді талдау *TLR9-BfaI* және *LTF-EcoRI* полиморфизмдері бойынша байқалған генотип жиіліктерінің Харди-Вайнберг заңы бойынша теориялық күтілетін сәйкестігін көрсетеді.

LTF-EcoRI полиморфизмі бойынша сау жануарлар тобында *LTF-EcoRI*^{AB} гетерозиготаларының көбеюіне қарай нормадан айтарлықтай ауытқу байқалады. Бұл гетерозиготалы генотиптің бактериялық инфекцияларға төзімділікпен байланысты болуы мүмкін екенін көрсетеді.

3-кестеде хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында байқалған генотиптік жиіліктер және теориялық тұрғыдан Харди-Вайнберг заңы бойынша күтілетін жиіліктер келтірілген. Бұл критерий зерттелетін топтардағы жасанды іріктеу қысымын бағалауға мүмкіндік береді.

Кесте 3 – Хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында *TLR9*, *MBL1* және *LTF* полиморфты гендерінің генотиптік жиіліктерінің таралуы

Ген	Генотип	Байқалатын n	Күтілетін n	χ^2
<i>TLR9</i> -BfaI	<i>TLR9</i> -BfaI ^{AA}	5	16	4,39
	<i>TLR9</i> -BfaI ^{AG}	65	46	
	<i>TLR9</i> -BfaI ^{GG}	24	32	
<i>MBL1</i> -HaeIII	<i>MBL1</i> -HaeIII ^{TT}	29	28	0,12
	<i>MBL1</i> -HaeIII ^{TC}	50	49	
	<i>MBL1</i> -HaeIII ^{CC}	15	17	
<i>LTF</i> -EcoRI	<i>LTF</i> -EcoRI ^{AA}	45	50	3,07*
	<i>LTF</i> -EcoRI ^{AB}	48	36	
	<i>LTF</i> -EcoRI ^{BB}	0	7	

Ескертпе: 0,05 маңыздылық деңгейі үшін χ^2 мәні 3,84 құрайды, * χ^2 мәндері Йетс түзетуімен есептелген

3-кестеден хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында байқалған генотип жиіліктерінің теориялық тұрғыдан күтілетін Харди-Вайнберг заңынан ауытқуы *TLR9-BfaI* полиморфизмі бойынша *TLR9-BfaI*^{AG} гетерозиготалар санының асып кеткенін көруге болады (17 теориялық есептелгенмен салыстырғанда 23 байқалды).

Бұл бақылау *TLR9-BfaI*^{AG} генотипі зерттелетін жануарлар тобында хламидиозға төзімділіктің төмендеуімен байланысты екенін көрсетеді.

Табынның генетикалық құрылымына селекциямен (таңдау, іріктеу, жарамсыздыққа шығару және т.б.) және жануарлардың өміршеңдігін қамтамасыз ететін жағдайлармен байланысты әртүрлі факторлар әсер етеді. Сондықтан бір тұқым табындарында генотиптік құрылым айтарлықтай айырмашылықтарға ие болуы мүмкін. Зерттеу жұмыстарына іріктеп алынған азықтандыру жағдайлары бойынша тураланған шаруашылықтардан шыққан бір жыныстағы, әрі туған жылы бірдей мал бастары кірді.

Генотиптің бактериялық инфекциялармен сырқаттанушылыққа әсер ету сипатын бағалау мақсатында ауру және сау жануарлар топтарында генотиптердің кездесу жиілігіне салыстырмалы бағалау жүргізілді. Сандық деректер 4-кестеде келтірілген.

Кесте 4 – Голштин тұқымды ауру және сау сиырлар топтарында *TLR9*, *MBL1* және *LTF* полиморфты гендерінің генотиптерінің кездесу жиілігі (тексерілген мал басынан %)

Ген	Генотип	Хламидиоз	Сау
<i>TLR9</i> -BfaI	<i>TLR9</i> -BfaI ^{AA}	5,88	18,28
	<i>TLR9</i> -BfaI ^{AG}	67,65	50,54
	<i>TLR9</i> -BfaI ^{GG}	26,47	31,18
<i>MBL1</i> -HaeIII	<i>MBL1</i> -HaeIII ^{TT}	31,58	11,83
	<i>MBL1</i> -HaeIII ^{TC}	52,63	58,06
	<i>MBL1</i> -HaeIII ^{CC}	15,79	30,11
<i>LTF</i> -EcoRI	<i>LTF</i> -EcoRI ^{AA}	48,48	55,43
	<i>LTF</i> -EcoRI ^{AB}	51,52	44,57
	<i>LTF</i> -EcoRI ^{BB}	0,00	0,00

4-кестеде келтірілген деректер сау жануарлар тобымен салыстырғанда ауру жануарлар топтарындағы генотиптерді қайта бөлу сипатын санмен көрсетеді.

Хламидиоз анықталған жануарларда *TLR9* генінде гетерозиготалы жануарлардың үлесі *TLR9-BfaI^{AG}* генотипі бойынша сау жануарлармен салыстырғанда 17,11%-ға жоғары екендігі көрсетілген.

MBL1-HaeIII генінде гетерозиготалы жануарлардың үлесі *MBL1-HaeIII^{TC}* генотипі бойынша сау жануарлармен салыстырғанда 5,43%-ға төмен екендігі анықталды.

LTF-EcoRI генінде гетерозиготалы жануарлардың үлесі *LTF-EcoRI^{AB}* генотипі бойынша сау жануарлармен салыстырғанда 6,95%-ға төмен жоғары анықталды.

Жоғарыдағы келтірілген кестедегі мәліметтерге сәйкес, *MBL1* полиморфты генінің хламидиозы бар науқастар тобында *MBL1*-HaeIIITT генотиптерінің пайда болу жиілігінің жоғарылауы және сау жануарлар тобымен салыстырғанда *MBL1*-HaeIIICC генотиптерінің пайда болу жиілігінің төмендеуі байқалады.

LTF генінің EcoRI-полиморфизміне қатысты сау жануарлар тобынан полиморфты генотиптердің үлесі бойынша айырмашылықтар хламидиозбен ауыратын жануарлар тобымен салыстырғанда байқалмайтынды.

4-кестегедегі мәліметтеге сәйкес, хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында *TLR9-BfaI^{AG}* гетерозиготалы жануарлардың үлесінің жоғарылауы байқалады (67,65% ауру және 50,54% сау), ал сау жануарлар тобында *TLR9-BfaI^{AA}* генотиптерінің жиілігі едәуір артады (5,88% ауру және 18,28% сау жануарларда).

Сонымен, *TLR9-BfaI^{AG}* генотипін хламидиоз қаупінің жоғарылауының генетикалық маркері, ал *TLR9-BfaI^{AA}* генотипін голштин ірі қара малындағы хламидиозға төзімділіктің генетикалық маркері ретінде қарастыруға болады.

MBL1 генінің полиморфизміне қатысты 6-кестегеде, хламидиозбен ауыратын жануарлар тобындағы *MBL1*-HaeIIIT және *MBL1*-HaeIIIC аллельдерінің жиілік қатынасы $0,58 \pm 0,03$ және $0,42 \pm 0,03$, ал сау жануарлар тобында сәйкесінше $0,41 \pm 0,01$ және $0,59 \pm 0,01$ екенін атап өтуге болады.

4-кестеге сәйкес, хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында *MBL1*-HaeIIITT гетерозиготалы жануарлардың үлесі жоғарылайды (31,58% ауру және 11,83% сау), ал сау жануарлар тобында *MBL1*-HaeIIICC генотиптерінің жиілігі едәуір артады (15,79% ауру және 30,11% сау).

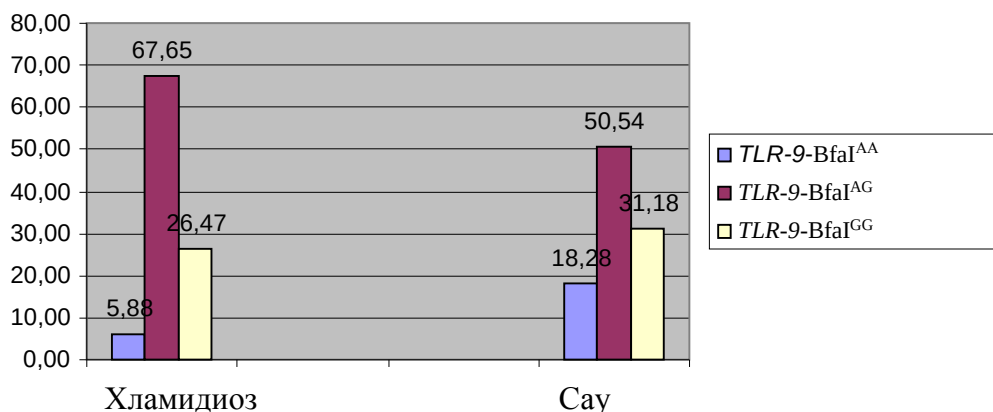
Осылайша, *MBL1*-HaeIIITT генотипін хламидиоз қаупінің жоғарылауының генетикалық маркері ретінде, ал *MBL1*-HaeIIICC генотипін голштинн ірі қара малындағы хламидиозға төзімділіктің генетикалық маркері ретінде қарастыруға болады.

Хламидиозға төзімділігі бар *TLR9*, *MBL1* және *LTF* гендерінің аллельді нұсқаларының ассоциациясын бағалау ауру жануарлардың топтары мен сау жануарлардың бақылау тобында зерттелетін гендердің аллель жиіліктерінің таралуындағы байқалған айырмашылықтардың дұрыстығын салыстыру және бағалау негізінде жүргізілді.

Осы орайда әр топтағы аллельдік нұсқалардың салыстырмалы жиіліктері есептеліп, содан кейін t-критерийі және Стюденттің еркіндік дәрежесінің таралу кестесінің негізінде Р есептік дәрежесінің деңгейі анықталды. Үлгілер арасындағы айырмашылық $P > 0,05$ болғанда сенімді мән көрсетінін айқын.

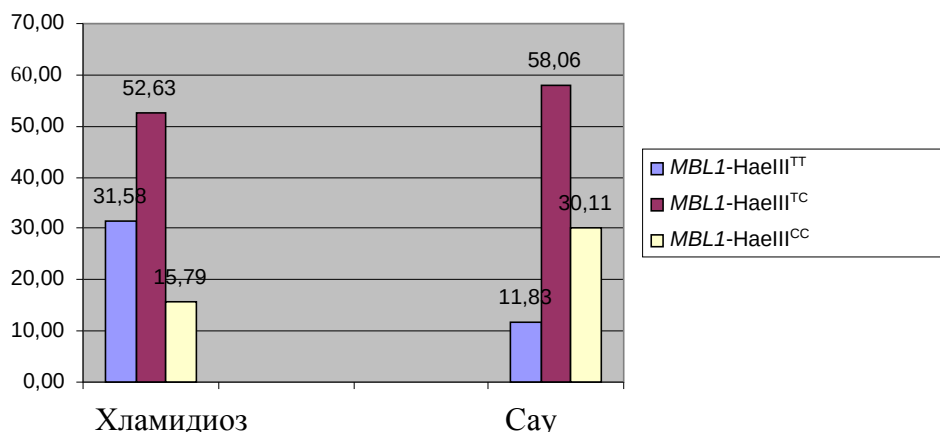
TLR9 генінде *tlr9-BfaI^{AG}* гетерозиготалы жануарлардың пайызы сау топпен салыстырғанда 17% жоғары екендігі көрсетілген (1-сурет).

Генотип жиіліктерінің TLR-9 гені бойынша қайта бөлінуі



Сурет 1 – *TLR9* гені бойынша сау жануарларға қатысты генотип жиіліктерінің қайта бөліну дәрежесі

Сондай-ақ, 6-кестеде келтірілген мәліметтерге сәйкес, *MBL1* полиморфты гені бойынша хламидиозбен ауыратын науқастардың топтарында *MBL1-HaeIII^{TT}* генотиптерінің пайда болу жиілігінің жоғарылауы және сау жануарлар тобымен салыстырғанда *MBL1-HaeIII^{CC}* генотиптерінің пайда болу жиілігінің төмендеуі байқалады (2-сурет).

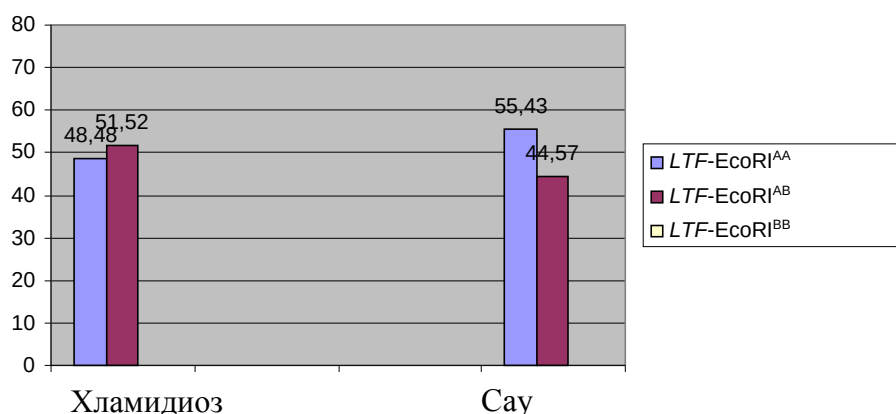
Генотип жиіліктерінің *MBL1* гені бойынша қайта бөлінуі

Сурет 2 – *MBL1* гені бойынша сау жануарларға қатысты генотип жиіліктерінің қайта бөліну дәрежесі

LTF генінің *EcoRI*-полиморфизміне қатысты хламидиозбен ауыратын жануарлар тобынан полиморфты генотиптердің үлесі бойынша сау жануарлар тобынан айырмашылықтар айтарлықтай ерекшеленбейтінін атап өткен жөн (3-сурет).

Сау жануарлар тобында ауру жануарлар тобымен салыстырғанда *LTF-EcoRI^{AA}* гомозиготалар санының шамалы өсуі байқалады, бұл генотиптің жануарлардың хламидиозға төзімділігіне оң фенотиптік әсерін көрсетуі мүмкін.

Бактериялық инфекцияға төзімділігі бар *TLR9*, *MBL1* және *LTF* гендерінің аллельді нұсқаларының ассоциациясын бағалау ауру жануарлар топтарында және сау сиырларды бақылау тобында зерттелетін гендердің Аллель жиіліктерінің таралуындағы байқалған айырмашылықтардың дұрыстығын салыстыру және бағалау арқылы жүргізілді.

Генотип жиіліктерінің *LTF* гені бойынша қайта бөлінуі

Сурет 3 – *LTF* гені бойынша сау жануарларға қатысты генотип жиіліктерінің қайта бөліну дәрежесі

Ол үшін әр топтағы аллельдік нұсқалардың салыстырмалы жиіліктері есептелді, содан кейін *t*-критерийінің мәні мен студенттің тарату кестелеріндегі еркіндік дәрежелерінің саны бойынша *P* мәнінің есептік деңгейі болды. Үлгілер арасындағы айырмашылық $P > 0,05$ -ге сенімді.

TLR9, *MBL1* және *LTF* полиморфты гендерінің аллельдерінің салыстырмалы жиіліктерінің таралу сипаттамасы 5-кестеде көрсетілген.

Кесте 5 – Голштин сиырларының сау және хламидиозбен ауыратын топтарындағы *TLR9*, *MBL1* және *LTF* полиморфты гендері аллельдерінің салыстырмалы жиіліктерінің таралуы ($Q \pm S_Q$)

Полиморфизм	Аллель	Аллельдердің салыстырмалы жиіліктері	
		хламидиоз	сау
<i>TLR9-BfaI</i>	<i>TLR9-BfaI</i> ^A	0,39±0,01	0,44±0,01
	<i>TLR9-BfaI</i> ^G	0,61±0,01	0,57±0,01
<i>MBL1-HaeIII</i>	<i>MBL1-HaeIII</i> ^T	0,58±0,03	0,41±0,01
	<i>MBL1-HaeIII</i> ^C	0,42±0,03	0,59±0,01
<i>LTF-EcoRI</i>	<i>LTF-EcoRI</i> ^A	0,74±0,01	0,78±0,00
	<i>LTF-EcoRI</i> ^B	0,26±0,01	0,22±0,00

5-кестеде әр топтағы аллельдік нұсқалардың салыстырмалы жиіліктері келтірілді. Осы ретте, *t*-критерийі және Студенттің таралу кестесінің негізінде *P* есептік дәрежесінің деңгейі анықталды. Есеп нәтижелері 5-кестеде берілді.

TLR9 гені үшін 5-кестеге сәйкес хламидиозбен ауыратын жануарлар тобындағы *TLR9-BfaI*^A және *TLR9-BfaI*^G аллельдерінің жиілік қатынасы 0,39±0,01 және 0,61±0,01, ал сау жануарлар тобында сәйкесінше 0,44±0,01 және 0,57±0,01 құрады.

Кесте 6 – *TLR9*, *MBL1* және *LTF* полиморфты гендерінің аллельдерін бөлу сипаты бойынша ауру жануарлар үлгілерінің бақылау тобынан айырмашылығының статистикалық дұрыстығын бағалау үшін *P* маңыздылығының есептік деңгейінің мәні

Полиморфизм	Хламидиоз
<i>TLR9-BfaI</i>	0,05
<i>MBL1-HaeIII</i>	0,04
<i>LTF-EcoRI</i>	0,56

Ескертпе: топтар арасындағы айырмашылық $P > 0,95$ болғанда сенімді

6-кестеде келтірілген мәліметтерден хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында TLR-9 және MBL1 гендерінің аллельді нұсқаларының салыстырмалы жиіліктерінің таралуы сау жануарлар тобындағы түрлерден айтарлықтай айырмашылықтары байқалады.

TLR-9, MBL1 және LTF полиморфты гендік генотиптердің жұптасқан комбинацияларының фенотиптік әсерлерін зерттеу бақыланатын жиіліктерді, салыстырмалы үлестерді, салыстырмалы талдауды және ауру әрі сау жануарлар тобындағы жұптасқан генотиптік комбинациялардың жиілік айырмашылықтарының сенімділігін статистикалық бағалауды қамтыды (9-кесте).

Кесте 7 – Хламидиозбен ауыратын және сау голштин тұқымды сиырлар топтарындағы мал басының саны және TLR-9, MBL1 және LTF полиморфты гендерінің жұптасқан генотиптерінің үлесі (зерттелген малдың n және %)

Диплотип №	Генотиптердің тіркесімі	Хламидиоз		Сау		$\phi^*_{эмп}$
		n	%	n	%	
1	TLR9-BfaI ^{AA} - LTF-EcoRI ^{AA}	7	7,53	8	8,60	0.139
2	TLR9-BfaI ^{AA} - LTF-EcoRI ^{AB}	14	15,05	9	9,68	1.202
3	TLR9-BfaI ^{AA} - MBL1-HaeIII ^{TT}	1	1,08	1	1,08	0
4	TLR9-BfaI ^{AA} - MBL1-HaeIII ^{TC}	9	9,68	10	10,75	0.127
5	TLR9-BfaI ^{AA} - MBL1-HaeIII ^{CC}	12	12,90	6	6,45	0.536
6	TLR9-BfaI ^{AG} - LTF-EcoRI ^{AA}	25	26,88	27	29,03	0.116
7	TLR9-BfaI ^{AG} - LTF-EcoRI ^{AB}	23	24,73	19	20,43	0.809
8	TLR9-BfaI ^{AG} - MBL1-HaeIII ^{TT}	9	9,68	4	4,30	1.445
9	TLR9-BfaI ^{AG} - MBL1-HaeIII ^{TC}	31	33,33	27	29,03	0.74
10	TLR9-BfaI ^{AG} - MBL1-HaeIII ^{CC}	9	9,68	15	16,13	1.179
11	TLR9-BfaI ^{GG} - LTF-EcoRI ^{AA}	7	7,53	16	17,20	1.804
12	TLR9-BfaI ^{GG} - LTF-EcoRI ^{AB}	9	9,68	12	12,90	0.601
13	TLR9-BfaI ^{GG} - MBL1-HaeIII ^{TT}	4	4,30	5	5,38	0.266
14	TLR9-BfaI ^{GG} - MBL1-HaeIII ^{TC}	6	6,45	16	17,20	2.104
15	TLR9-BfaI ^{GG} - MBL1-HaeIII ^{CC}	6	6,45	7	7,53	0.231
16	LTF-EcoRI ^{AA} - MBL1-HaeIII ^{TT}	5	5,38	6	6,45	0.243
17	LTF-EcoRI ^{AA} - MBL1-HaeIII ^{TC}	24	25,81	28	30,11	0.393
18	LTF-EcoRI ^{AA} - MBL1-HaeIII ^{CC}	11	11,83	17	18,28	1.041
19	LTF-EcoRI ^{AB} - MBL1-HaeIII ^{TT}	7	7,53	4	4,30	0.971
20	LTF-EcoRI ^{AB} - MBL1-HaeIII ^{TC}	22	23,66	26	27,96	0.451
21	LTF-EcoRI ^{AB} - MBL1-HaeIII ^{CC}	20	21,51	11	11,83	1.838

* топтар арасындағы айырмашылық $\phi \geq 1,64$ болғанда дәйекті

Ауру және сау голштин сиырларының топтарындағы TLR-9, MBL1 және LTF полиморфты гендерінің жұптасқан генотиптік комбинацияларының фенотиптік әсерлерін талдау нәтижелері олардың жеке фенотиптік әсерлерін талдау кезінде жасалған болжамдар мен бақылаулардың жарқын дәлелі болып табылады.

Сонымен, салыстырмалы талдау 3 жұптасқан генотипті анықтады, оған сәйкес ауру жануарлар тобы сау жануарлар тобымен статистикалық тұрғыдан айтарлықтай ерекшеленеді.

№14 TLR9-BfaI^{GG}-MBL1-HaeIII^{TC} және №11 TLR9-BfaI^{GG}-LTF-EcoRI^{AA} жұптасқан екі комбинация хламидиозбен ауыратындармен салыстырғанда сау жануарлар тобында айтарлықтай жоғары жиілікпен сипатталады. Бұл жұптық комбинациялардың құрылымына хламидиозға төзімділік факторлары болып табылатын генотиптер кіреді: TLR9-BfaI^{GG}, MBL1-HaeIII^{TC}, LTF-EcoRI^{AA}.

LTF-EcoRI^{AB}-MBL1-HaeIII^{CC} жұптасқан генотипі сау жануарлармен салыстырғанда хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында айтарлықтай жоғары жиілікпен сипатталды.

Қорытынды. Хламидиоз анықталған жануарлардың ішінде TLR9 генотиптері 94 баста, LTF – 93 баста, MBL-1 – 94 баста анықталды. Аталмыш гендер сау жануарлардың ішінде сәйкесінше TLR9 генотиптері 93 баста, LTF – 92 баста, MBL-1 – 93 баста анықталды. Сау сиырларды бақылау тобындағы деректерді талдау TLR9-BfaI және LTF-EcoRI полиморфизмдері бойынша байқалған генотип жиіліктерінің Харди-Вайнберг заңы бойынша теориялық күтілетін сәйкестігін көрсетеді. LTF-EcoRI полиморфизмі бойынша сау жануарлар тобында LTF-EcoRI^{AB} гетерозиготаларының көбеюіне қарай нормадан айтарлықтай ауытқу байқалады. Хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында байқалған генотип жиіліктерінің теориялық тұрғыдан күтілетін Харди-Вайнберг заңынан ауытқуы TLR9-BfaI полиморфизмі бойынша TLR9-BfaIAG гетерозиготалар санының асып кеткенін көруге болады (17 теориялық есептелгенмен салыстырғанда 23 байқалды). Бұл бақылау TLR9-BfaIAG генотипі зерттелетін жануарлар тобында хламидиозға төзімділіктің төмендеуімен байланысты екенін көрсетеді.

Хламидиоз анықталған жануарларда TLR9 генінде гетерозиготалы жануарлардың үлесі TLR9-BfaI^{AG} генотипі бойынша сау жануарлармен салыстырғанда 17,11%-ға жоғары. MBL1-HaeIII генінде гетерозиготалы жануарлардың үлесі MBL1-HaeIII^{TC} генотипі бойынша сау жануарлармен салыстырғанда 5,43%-ға төмен. LTF-EcoRI генінде гетерозиготалы жануарлардың үлесі LTF-EcoRI^{AB} генотипі бойынша сау жануарлармен салыстырғанда 6,95%-ға төмен.

Хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында TLR9-BfaIAG гетерозиготалы жануарлардың үлесінің жоғарылауы байқалады (67,65% ауру және 50,54% сау), ал сау жануарлар тобында TLR9-BfaI^{AA} генотиптерінің жиілігі едәуір артады (5,88% ауру және 18,28% сау жануарларда). TLR9-BfaI^{AG} генотипін хламидиоз қаупінің жоғарылауының генетикалық маркері, ал TLR9-BfaI^{AA} генотипін голштин ірі қара малындағы хламидиозға төзімділіктің генетикалық маркері болып табылады. MBL1 генінің полиморфизміне қатысты хламидиозбен ауыратын жануарлар тобындағы MBL1-HaeIII^{TT} және MBL1-HaeIII^{CC} аллельдерінің жиілік қатынасы $0,58 \pm 0,03$ және $0,42 \pm 0,03$, ал сау жануарлар тобында сәйкесінше $0,41 \pm 0,01$ және $0,59 \pm 0,01$.

Хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында MBL1-HaeIII^{TT} гетерозиготалы жануарлардың үлесі жоғарылайды (31,58% ауру және 11,83% сау), ал сау жануарлар тобында MBL1-HaeIII^{CC} генотиптерінің жиілігі едәуір артады (15,79% ауру және 30,11% сау). MBL1-HaeIII^{TT} генотипін хламидиоз қаупінің жоғарылауының генетикалық маркері ретінде, ал MBL1-HaeIII^{CC} генотипін голштин ірі қара малындағы хламидиозға төзімділіктің генетикалық маркері болып табылады.

TLR9 гені үшін хламидиозбен ауыратын жануарлар тобындағы TLR9-BfaI^A және TLR9-BfaI^G аллельдерінің жиілік қатынасы $0,39 \pm 0,01$ және $0,61 \pm 0,01$, ал сау жануарлар тобында сәйкесінше $0,44 \pm 0,01$ және $0,57 \pm 0,01$ құрады. Хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында TLR-9 және MBL1 гендерінің аллельді нұсқаларының салыстырмалы жиіліктерінің таралуы сау жануарлар тобындағы түрлерден айтарлықтай айырмашылықтары байқалады.

№14 TLR9-BfaI^{GG}-MBL1-HaeIII^{TC} және №11 TLR9-BfaI^{GG}-LTF-EcoRI^{AA} жұптасқан екі комбинация хламидиозбен ауыратындармен салыстырғанда сау жануарлар тобында айтарлықтай жоғары жиілікпен сипатталады. Бұл жұптық комбинациялардың құрылымына хламидиозға төзімділік факторлары болып табылатын генотиптер кіреді: TLR9-BfaI^{GG}, MBL1-HaeIII^{TC}, LTF-EcoRI^{AA}, LTF-EcoRI^{AB}-MBL1-HaeIII^{CC} жұптасқан генотипі сау жануарлармен салыстырғанда хламидиозбен ауыратын жануарлар тобында айтарлықтай жоғары жиілікпен сипатталды.

ӘДЕБИЕТТЕР ТІЗІМІ

1 Хусаинов Ф.М. Клинико-эпизоотологические особенности и разработка средств специфической профилактики хламидиоза сельскохозяйственный животных [Текст] / Ф.М. Хусаинов, В.В. Евстифеев, Л.А. Барбарова, Р.Х. Хамадеев, А.З. Равилов // Ветеринарный врач. – 2005. – № 2. – С. 42-49.

2 П.М. Митрофанов, Хламидиоз крупного рогатого скота и меры борьбы с ним [Текст]/ П.М. Митрофанов, В.А. Семенов, Р.Х. Хамадеев // Методические рекомендации. –

Чебоксары, 2001. – 54 с.

3 Мильштейн, И.М. Распространение хламидиоза сельскохозяйственных животных на территории Свердловской и Челябинской областей [Текст] / И.М. Мильштейн, О.Г. Петрова // Аграрный вестник Урала. – 2012. – № 11-2 (106). – С. 19-20.

4 Петрова, О. Г. Распространение болезней легких инфекционной этиологии крупного рогатого скота и наносимый экономический ущерб [Текст] / О. Г. Петрова, С. А. Марковская, И. М. Мильштейн // Агропродовольственная политика России. – 2012. – № 4. – С. 58–61.

5 Мильштейн, И. М. Хламидиоз сельскохозяйственных животных на территории Урала [Текст] / И. М. Мильштейн, О. Г. Петрова // Агропродовольственная политика России. – 2012. – № 10. – С. 64-66.

6 Everett, K.D.E. Chlamydia and Chlamydiales: more than meets the eye [Text] / K.D.E. Everett // Vet. Microbiol. – 2000. – V 5 (2). – pp. 109-126

7 Appino, S. Chlamydia abortus in cows oviducts, occasional event or causal connection? [Text] / S. Appino, L. Vincenti, A. Rota, S. Pellegrini, M.N. Chieppa, V. Cadoni, P. Pregel // Reprod. Domest. Anim. – 2015. – V.50 (3). – pp. 526-528

8 Godin, A.C. Investigation of Chlamydia spp. in dairy cows with reproductive disorders [Text] / A.C. Godin, C. Björkman, S. Englund, K.E. Johansson, R. Niskanen, S. Alenius // Acta Vet. Scand. – 2008. – V.50 (1). – pp. 2-7

9 Kaltenboeck, B. Bovine Chlamydia spp. infection: do we underestimate the impact on fertility? [Text] / Kaltenboeck B., Hehnen H.R., Vaglenov A. // Vet. Res. Commun. – 2005. – V.29 (SUPPL. 1). – pp. 1-15

10 Wehrend, A. Bostedt H. Production, reproductive, and metabolic factors associated with chlamydial seropositivity and reproductive tract antigens in dairy herds with fertility disorders ? [Text] / Wehrend A., Failing K., Hauser B., Jäger C., Bostedt H. // Theriogenology. – 2005. – V 63 (3). – pp. 923-930

11 Kauffold, J. The prevalence of chlamydiae of bulls from six bull studs in Germany [Text] / J. Kauffold, K. Henning, R. Bachmann, H. Hotzel, F. Melzer // Anim. Reprod. Sci. – 2007. – V.102 (1-2). – pp. 111-121

12 Reinhold, P., Sachse K., Kaltenboeck B. Chlamydiaceae in cattle: commensals, trigger organisms, or pathogens? [Text] / P. Reinhold, K. Sachse, B. Kaltenboeck // Vet. J. – 2011. – 189 (3). – pp. 257-267

13 Poudel, A., Elsasser T.H., Rahman Kh.S. et al. Asymptomatic endemic Chlamydia pecorum infections reduce growth rates in calves by up to 48 percent [Text] / A. Poudel et al. // PLoS One. – 2012. – Vol. 7(9). – P. e44961.

14 De Graves, F.J. Reinfection with Chlamydia abortus by uterine and indirect cohort routes reduces fertility in cattle preexposed to Chlamydia [Text] / F.J. De Graves, T. Kim, J. Jee et al. // Infect. Immun. – 2004. – Vol. 72. – P. 2538-2545.

15 Harkinezhad, T. Chlamydia psittaci infections in birds: a review with emphasis on zoonotic consequences [Text] / T. Harkinezhad, T. Geens, D. Vanrompay // Veterinary Microbiology. – 2009. – Vol. 135(1-2). – 68 p.

16 Roca, B. Chlamydial infections [Text] / B. Roca // An. Med. Interna. 2007. – Vol. 24(6). – P. 292-299.

17 Sachse, K. Emendation of the family Chlamydiaceae: Proposal of a single genus, Chlamydia, to include all currently recognized species [Text] / K. Sachse, P.M. Bavoil, B. Kaltenboeck // Systematic and Applied Microbiology. – 2015. – Vol. 38(2). – P. 99-103.

18 Wehrend, A. Production, reproduction, and metabolic factors associated with chlamydial seropositivity and reproductive tract antigens in dairy herds with fertility disorders [Text] / A. Wehrend, K. Failing, B. Hauser et al. // Theriogenology. – 2005. – Vol. 63(3). – P. 923-930.

19 Jaeger, J. A clinically silent respiratory infection with Chlamydia spp. in calves is associated with airway obstruction and pulmonary inflammation [Text] / J. Jaeger et al. // Vet. Res. – 2007. – Vol. 38(5). – P. 711-728.

20 Kemmerling, K. Chlamydia species in dairy farms: polymerase chain reaction prevalence, disease association, and risk factors identified in a cross-sectional study in western Germany [Text] / K. Kemmerling et al // J. Dairy Sci. – 2009. – Vol. 92(9). – P. 4347-4354.

21 Biesenkaup-Uhe, C. Therapeutic Chlamydia abortus and C. pecorum vaccination

transiently reduces bovine mastitis associated with Chlamydia infection [Text] / Uhe C. Biesenka et al. // Infect. Immun. – 2007. – Vol. 75. – P. 870-877.

22 Ozbek, A. Can Chlamydia trachomatis human biovars cause abortion in cattle. An immunohistochemical study on a new host-pathogen relationship [Text] / A. Ozbek, E. Ozbek, Y. Kalkan, A. Temur, O.F. Küçükkalem // Mikrobiol. Bul. – 2008. – Vol. 42(4). – P. 599-605.

23 Федорова, В.А. Детекция Chlamydia trachomatis у овец с энзоотическим хламидийным абортom [Текст] / В.А. Федорова, Т.И. Полянина, Ю.В. Салтыков, С.С.Зайцев, В.Н. Ласкавый, О.В. Ульянова, В.Л. Мотин // Ветеринария. – 2016. – № 1. – С. 22-25.

24 Ngondi, J. Prevalence of risk factors and severity of active trachoma in southern Sudan: an ordinal analysis [Text] / J. Ngondi, F. Matthews, Reacher, M. et al. // Am. J. Trop. Med. Hyg. – 2007. – Vol. 77(1). – P. 126-132.

25 Eckert, T. Interaction of different Chlamydiae species with bovine spermatozoa [Text] / T. Eckert, S. Goerick-Pesch, C. Heydel et al. // BMC Microbiol. – 2019. – Vol. 19(1). – P. 23.

26 Московский ветеринарный вебцентр. [Текст] /Электронный ресурс. Дата обращения 01.07.2023. Режим доступа [http://webmvc.com/bolezni/livestock/infect/shared/chlamid.php]

27 Livingstone M., Longbottom D. What is the prevalence and economic impact of chlamydial infections in cattle? The need to validate and harmonise existing methods of detection[Текст] // Vet. J. – 2006. – Vol. 172(1). – P. 3-5.

REFERENCES

1 Husainov F.M. Kliniko-epizootologicheskie osobennosti i razrabotka sredstv specificheskoy profilaktiki hlamidioza sel'skohozyajstvennykh zhivotnykh [Tekst] / F.M. Husainov, V.V. Evstifeev, L.A. Barbarova, R.H. Hamadeev, A.Z. Ravilov // Veterinarny vrach. – 2005. – № 2. – S. 42-49.

2 P.M. Mitrofanov, Hlamidioz krupnogo rogatogo skota i mery bor'by s nim [Tekst]/ P.M. Mitrofanov, V.A. Semenov, R.H. Hamadeev // Metodicheskie rekomendacii. – CHEBOKSARY, 2001. – 54 s.

3 Mil'shtejn, I.M. Rasprostranenie hlamidioza sel'skohozyajstvennykh zhivotnykh na territorii Sverdlovskoy i Chelyabinskoy oblastej [Tekst] / I.M. Mil'shtejn, O.G. Petrova // Agrarny vestnik Urala. – 2012. – № 11-2 (106). – S. 19-20.

4 Petrova, O. G. Rasprostranenie boleznej legkih infekcionnoj etiologii krupnogo rogatogo skota i nanosimy ekonomicheskij ushcherb [Tekst] / O. G. Petrova, S. A. Markovskaya, I. M. Mil'shtejn // Agropodovol'stvennaya politika Rossii. – 2012. – № 4. – S. 58–61.

5 Mil'shtejn, I. M. Hlamidioz sel'skohozyajstvennykh zhivotnykh na territorii Urala [Tekst] / I. M. Mil'shtejn, O. G. Petrova // Agropodovol'stvennaya politika Rossii. – 2012. – № 10. – S. 64-66.

6 Everett, K.D.E. Chlamydia and Chlamydiales: more than meets the eye [Text] / K.D.E. Everett // Vet. Microbiol. – 2000. – V 5 (2). – pp. 109-126

7 Appino, S. Chlamydia abortus in cows oviducts, occasional event or causal connection? [Text] / S. Appino, L. Vincenti, A. Rota, S. Pellegrini, M.N. Chieppa, V. Cadoni, P. Pregel // Reprod. Domest. Anim. – 2015. – V.50 (3). – pp. 526-528

8 Godin, A.C. Investigation of Chlamydia spp. in dairy cows with reproductive disorders [Text] / A.C. Godin, C. Björkman, S. Englund, K.E. Johansson, R. Niskanen, S. Alenius // Acta Vet. Scand. – 2008. – V.50 (1). – pp. 2-7

9 Kaltenboeck, B. Bovine Chlamydia spp. infection: do we underestimate the impact on fertility? [Text] / Kaltenboeck B., Hehnen H.R., Vaglenov A. // Vet. Res. Commun. – 2005. – V.29 (SUPPL. 1). – pp. 1-15

10 Wehrend, A. Bostedt H. Production, reproductive, and metabolic factors associated with chlamydial seropositivity and reproductive tract antigens in dairy herds with fertility disorders ? [Text] / Wehrend A., Failing K., Hauser B., Jäger C., Bostedt H. // Theriogenology. – 2005. – V 63 (3). – pp. 923-930

11 Kauffold, J. The prevalence of chlamydiae of bulls from six bull studs in Germany [Text] / J. Kauffold, K. Henning, R. Bachmann, H. Hotzel, F. Melzer // Anim. Reprod. Sci. – 2007. – V.102 (1–2). – pp. 111-121

12 Reinhold, P., Sachse K., Kaltenboeck B. Chlamydiaceae in cattle: commensals, trigger organisms, or pathogens? [Text] / P. Reinhold, K. Sachse, B. Kaltenboeck // Vet. J. – 2011. – 189 (3). – pp. 257-267

- 13 Poudel, A., Elsasser T.H., Rahman Kh.S. et al. Asymptomatic endemic Chlamydia pecorum infections reduce growth rates in calves by up to 48 percent [Text] / A.Poudel et al. // PLoS One. – 2012. – Vol. 7(9). – P. e44961.
- 14 De Graves, F.J. Reinfection with Chlamydophila abortus by uterine and indirect cohort routes reduces fertility in cattle preexposed to Chlamydophila [Text] / F.J. De Graves, T. Kim, J. Jee et al. // Infect. Immun. – 2004. – Vol. 72. – P. 2538-2545.
- 15 Harkinezhad, T. Chlamydophila psittaci infections in birds: a review with emphasis on zoonotic consequences [Text] / T. Harkinezhad, T. Geens, D. Vanrompay // Veterinary Microbiology. – 2009. – Vol. 135(1-2). – 68 p.
- 16 Roca, B. Chlamydial infections [Text] / B. Roca // An. Med. Interna. 2007. – Vol. 24(6). – P. 292-299.
- 17 Sachse, K. Emendation of the family Chlamydiaceae: Proposal of a single genus, Chlamydia, to include all currently recognized species [Text] / K. Sachse, P.M. Bavoil, B. Kaltenboeck // Systematic and Applied Microbiology. – 2015. – Vol. 38(2). – P. 99-103.
- 18 Wehrend, A. Production, reproduction, and metabolic factors associated with chlamydial seropositivity and reproductive tract antigens in dairy herds with fertility disorders [Text] / A. Wehrend, K. Failing, B. Hauser et al. // Theriogenology. – 2005. – Vol. 63(3). – P. 923-930.
- 19 Jaeger, J. A clinically silent respiratory infection with Chlamydophila spp. in calves is associated with airway obstruction and pulmonary inflammation [Text] / J. Jaeger et al. // Vet. Res. – 2007. – Vol. 38(5). – P. 711-728.
- 20 Kemmerling, K. Chlamydophila species in dairy farms: polymerase chain reaction prevalence, disease association, and risk factors identified in a cross-sectional study in western Germany [Text] / K. Kemmerling et al // J. Dairy Sci. – 2009. – Vol. 92(9). – P. 4347-4354.
- 21 Biesenkamp-Uhe, C. Therapeutic Chlamydophila abortus and C. pecorum vaccination transiently reduces bovine mastitis associated with Chlamydophila infection [Text] / Uhe C. Biesenkamp- et al // Infect. Immun. – 2007. – Vol. 75. – P. 870-877.
- 22 Ozbek, A. Can Chlamydia trachomatis human biovars cause abortion in cattle. An immunohistochemical study on a new host-pathogen relationship [Text] / A. Ozbek, E. Ozbek, Y. Kalkan, A. Temur, O.F. Küçükkalem // Mikrobiol. Bul. – 2008. – Vol. 42(4). – P. 599-605.
- 23 Fedorova, V.A. Detekciya Chlamydia trachomatis u ovec s enzooticheskim hlamidijnym abortom [Tekst] / V.A. Fedorova, T.I. Polyanina, YU.V. Saltykov, S.S. Zajcev, V.N. Laskavyj, O.V. Ul'yanova, V.L. Motin // Veterinariya. – 2016. – № 1. – S. 22-25.
- 24 Ngondi, J. Prevalence of risk factors and severity of active trachoma in southern Sudan: an ordinal analysis [Text] / J. Ngondi, F. Matthews, Reacher, M. et al. // Am. J. Trop. Med. Hyg. – 2007. – Vol. 77(1). – P. 126-132.
- 25 Eckert, T. Interaction of different Chlamydiae species with bovine spermatozoa [Text] / T. Eckert, S. Goerick-Pesch, C. Heydel et al. // BMC Microbiol. – 2019. – Vol. 19(1). – P. 23.
- 26 Moskovskij veterinarnyj vebcentr. [Tekst] / Elektronnyj resurs. Data obrashcheniya 01.07.2023. Rezhim dostupa □ <http://webmvc.com/bolezni/livestock/infect/shared/chlamid.php>
- 27 Livingstone M., Longbottom D. What is the prevalence and economic impact of chlamydial infections in cattle? The need to validate and harmonise existing methods of detection [Tekst] // Vet. J. – 2006. – Vol. 172(1). – P. 3-5.

РЕЗЮМЕ

В настоящее время среди различных инфекционных заболеваний, наносящих огромный экономический ущерб животноводству, важное место занимает хламидиоз крупного рогатого скота. Представляет серьезную опасность не только для здоровья животных, но и человека. В этой связи генетическое маркирование устойчивости крупного рогатого скота к бактериальным инфекциям является одним из очень важных мероприятий. Установлены генотипы у исследуемых групп животных. Выявлено, что в норме, в группе здоровых животных голштинской породы распределение генотипов по полиморфным генам *TLR9* и *MBL1* соответствует теоретически ожидаемым по закону Харди-Вайнберга. Установлено, что в группе животных, больных хламидиозом имеет место статистически значимое отклонение наблюдаемых частот генотипов от теоретически ожидаемого по закону Харди-Вайнберга. Наблюдается превышение числа гетерозигот *TLR9-BfaI*^{AG} по полиморфизму *TLR9-BfaI*,

и гетерозигот LTF -EcoRI^{AB} по полиморфизму LTF -EcoRI. Что позволяет предположить ассоциацию генотипов $TLR9$ -BfaI^{AG} и LTF -EcoRI^{AB} со снижением устойчивости к хламидиозу. Генетическим маркером повышенной устойчивости к хламидиозу вывлены генотипы $TLR9$ -BfaI^{AA} и $MBL1$ -HaeIII^{CC}. Генетическим маркером повышенного риска заболеваемости хламидиозом вывлены генотипы $TLR9$ -BfaI^{AG} и $MBL1$ -HaeIII^{TT}. Генетическими маркерами устойчивости к хламидиозу являются парные сочетания генотипов $TLR9$ -BfaI^{GG}- $MBL1$ -HaeIII^{TC} и $TLR9$ -BfaI^{GG}- LTF -EcoRI^{AA}. В систему маркирования повышенных генетических рисков заболеваемости хламидиозом входят следующие маркеры: аллели $TLR9$ -BfaI^G, $MBL1$ -HaeIII^T, генотип $TLR9$ -BfaI^{AG}, аллель LTF -EcoRI^A, комбинированный генотип LTF -EcoRI^{AB}- $MBL1$ -HaeIII^{CC}. В систему маркирования врожденной резистентности к хламидиозу входят такие генетические маркеры, как комбинированные генотипы $TLR9$ -BfaI^{GG}- LTF -EcoRI^{AA} и $TLR9$ -BfaI^{GG}- $MBL1$ -HaeIII^{TC}.

ӘОЖ:636.09.576.89(045)

DOI 10.52578/2305-9397-2023-3-1-77-86

FTAXP: 66.41.55 DOI

Лидер Л.А., ветеринария ғылымдарының кандидаты, доцент, негізгі автор
<https://orcid.org/0000-0001-5842-0751>

«С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті»КеАҚ, Астана қ., Жеңіс д., 62, 010011, Қазақстан Республикасы, l.lider@kazatu.kz

Ақмамбаева Б. Е., <https://orcid.org/0000-0002-9427-6432>

«С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті»КеАҚ, Астана қ., Жеңіс д., 62, 010011, Қазақстан Республикасы, akmambaeva70@mail.ru

Мұханбетқалиев Е.Е., ветеринария ғылымдарының кандидаты, қауымд. профессор,
<https://orcid.org/0000-0003-3320-7182>

«С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті»КеАҚ, Астана қ., Жеңіс д., 62, 010011, Қазақстан Республикасы, ersyn_1974@mail.ru

Әкібеков Ә.С., ветеринария ғылымдарының кандидаты, қауымд. профессор,
<https://orcid.org/0000-0002-8647-0083>

«С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті»КеАҚ, Астана қ., Жеңіс д., 62, 010011, Қазақстан Республикасы, orken.a.s@mail.ru

Мұханбетқалиева А.Ә., ветеринария ғылымдарының кандидаты, доцент, <https://orcid.org/0000-0001-8232-345X>

«С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті»КеАҚ, Астана қ., Жеңіс д., 62, 010011, Қазақстан Республикасы, aizada.1970@mail.ru

Бегмат Г. А., магистрант, <https://orcid.org/0009-0002-7930-4885>

«С. Сейфуллин атындағы Қазақ агротехникалық зерттеу университеті»КеАҚ, Астана қ., Жеңіс д., 62, 010011, Қазақстан Республикасы, gulzaira.1993@mail.ru

Lider L., Candidate of Veterinary Sciences, Associate Professor, the main author,
<https://orcid.org/0000-0001-5842-0751>

NCJSC «S.Seifullin Kazakh Agrotechnical Research», Astana, 62 Zhenis Ave., 010011, Republic of Kazakhstan, l.lider@kazatu.kz

Mukhanbetkaliyev Y., Candidate of Veterinary Sciences, Associate Professor, <https://orcid.org/0000-0003-3320-7182>

NCJSC «S.Seifullin Kazakh Agrotechnical Research», Astana, 62 Zhenis Ave., 010011, Republic of Kazakhstan, Astana, 62 Zhenis Ave., 010011, Republic of Kazakhstan, ersyn_1974@mail.ru

Akmambayeva B., <https://orcid.org/0000-0002-9427-6432>

NCJSC «S.Seifullin Kazakh Agrotechnical Research», Astana, 62 Zhenis Ave., 010011, Republic of Kazakhstan, Astana, 62 Zhenis Ave., akmambaeva70@mail.ru

Akibekov O., Candidate of Veterinary Sciences, Associate Professor, <https://orcid.org/0000-0002-8647-0083>

NCJSC «S.Seifullin Kazakh Agrotechnical Research», Astana, 62 Zhenis Ave., 010011, Republic of Kazakhstan, Astana, 62 Zhenis Ave., orken.a.s@mail.ru