

13. 13 Yacob, H.T. Gastrointestinal nematodes in dogs from Debre Zeit, Ethiopia. [Text]/ H.T. Yacob [and etc.] // Veterinary Parasitology. -2007.-148(2), P.144–148.
14. 14 Mekonnen, A. Prevalence of gastrointestinal helminthes among dogs and owners perception about zoonotic dog parasites in Hawassa town, Ethiopia. [Text]/ A.Mekonnen [and etc.] // Journal of Public Health and Epidemiology .- 2012.-4(8), P. 205–209.
15. Getahun, Z. Prevalence of gastrointestinal helminthes among dogs in Bahir Dar town, Ethiopia. Text]/ Z. Getahun [and etc.]//World Applied Sciences Journal.- 2012.-19(5), P. 595–601.

РЕЗЮМЕ

В органах и тканях животных могут одновременно паразитировать несколько видов гельминтов, формируя сообщество - гельминтоценоз.

В процессе его формирования в организме хозяина между сочленами гельминтоценоза возникают взаимоотношения, при которых развитие одних видов сдерживается, они вытесняются из биологической ниши или остаются в единичных экземплярах, тогда как другие виды гельминтов интенсивно развиваются и становятся доминирующими. Знание структуры гельминтоценозов, анализ результатов мониторинговых исследований ее изменений, выявление закономерностей формирования и функционирования имеют общебиологическое и прикладное значение.

В результате проведенных нами исследований у всех собак нами было отмечено три вида цестод-тении: *Taenia hydatigena*, *Multiceps multiceps*, из семейства *Dipylidiidae* – тыквовидный цепень *Dipylidium caninum*; из нематод – два вида аскаридат: *Toxocara canis* и *Toxascaris leonina* и один вид анкилостоматид – *Uncinaria stenocephala*. Зараженность собак различными инвазиями составила в среднем в *Post morbi* - 42,0 % и в *In vivo*- 28,2% . При исследовании 75 проб почвы с различных территорий города: детских площадок, школьных дворов, парков, скверов, улиц и мест выгула домашних плотоядных. Больше всего в почве содержаться яйца аскарид 32,1% и токсокар- 21,6%.

ӘОЖ: 619:578.828.11:636.2

ҒТАХР: 68.41.41; 68.41.53; 68.41.63; 68.41.67;68.41.05

Канатбаев С.Г., биология ғылымдарының докторы, профессор, <https://orcid.org/0000-0003-0640-4316>

«Батыс Қазақстан инновациялық-технологиялық университеті», Орал қ, Достық д., 194, 090000, Қазақстан, serik_kg@mail.ru

Петропавловский М.В., ветеринария ғылымдарының докторы, <https://orcid.org/0000-0002-9892-6092>

Ресей ғылым академиясының Урал филиалының Урал федералдық аграрлық ғылыми-зерттеу орталығы, Екатеринбург қаласы, Белинский көшесі, 112а, 620142, Ресей, petropavlovsky_m@mail.ru

Кадыркулова М.М., маман, <https://orcid.org/0009-0007-4927-155>

«Батыс Қазақстан инновациялық-технологиялық университеті», Орал қ, Достық д., 194, 090000, Қазақстан, maralo4ka_81@mail.ru

Кужебаева У.Ж., ветеринария ғылымдарының магистрі, <https://orcid.org/0000-0002-7887-3376>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті», Орал қ, Жәңгір хан 51 көшесі, 090009, Қазақстан, usya_999@mail.ru

Тажбаева Д.Т., ветеринария ғылымдарының магистрі, <https://orcid.org/0000-0001-7429-7781>

«Жәңгір хан атындағы Батыс Қазақстан аграрлық-техникалық университеті», Орал қ, Жәңгір хан 51 көшесі, 090009, Қазақстан, t_dauriya_t@inbox.ru

Мартынов Н.А., геномдық зерттеулер және жануарлар селекциясы кафедрасының лаборанты <https://orcid.org/0000-0001-9251-0056>
Ресей ғылым академиясының Урал филиалының Урал федералдық аграрлық ғылыми-зерттеу орталығы, Екатеринбург қаласы, Белинский көшесі, 112а, 620142, Ресей, martynov_kolya98@mail.ru

Kanatbayev S.G., doctor of Biological Sciences, professor, <https://orcid.org/0000-0003-0640-4316>
West Kazakhstan innovative and technological University, Uralsk, Kazakhstan, serik_kg@mail.ru

Petropavlovskiy M.V., doctor of Veterinary Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-9892-6092>
Ural Federal Agrarian Scientific Research Center of Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Yekaterinburg, 112a Belinsky str., 620142, Russia, Petropavlovsky_m@mail.ru

Kadyrkulova M.M., specialist, <https://orcid.org/0009-0007-4927-155>
West Kazakhstan innovative and technological University, Uralsk, Kazakhstan, maralo4ka_81@mail.ru

Kuzhebayeva U. Zh., Master of Veterinary Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-7887-3376>
NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, usya_999@mail.ru

Tazhbayeva D.T., Master of Veterinary Sciences, <https://orcid.org/0000-0001-7429-7781>
NCJSC «Zhangir Khan West Kazakhstan Agrarian Technical University», Uralsk, Zhangir Khan street, 51, 090009, Kazakhstan, t_dauriya_t@inbox.ru

Martynov N.A., Laboratory assistant at the Department of Genomic Research and Animal Breeding <https://orcid.org/0000-0001-9251-0056>
Ural Federal Agrarian Scientific Research Center of Ural Branch of the Russian Academy of Sciences, Yekaterinburg, 112a Belinsky str., 620142, Russia, martynov_kolya98@mail.ru

ІРІ ҚАРА МАЛДЫҢ BOLA-DRB3.2 ГЕНЕТИКАЛЫҚ МАРКЕРІ БОЙЫНША ГЕНОТИПТЕУ

GENOTYPING OF CATTLE INDIVIDUALS BY THE GENETIC MARKER BOLA-DRB3.2

АНДАТПА

BoLA-DRB3 гені – ірі қара малдың иммундық жауабын ұйымдастыруда маңызды рөл атқаратын, жоғары полиморфты басты гистосәйкестік кешеніне (БГК) кіретін ген. Осы ерекшелігіне байланысты бұл ген лейкоз вирусын (BLV) қоса алғанда, әртүрлі ауруларға генетикалық төзімділікті зерттеуде кандидаттық ген ретінде қарастырылады және популяциялық-генетикалық талдауда қолданылады. BoLA-DRB3 генінің полиморфизмі малдың әртүрлі ауруларға, соның ішінде BLV инфекциясының клиникалық түрі – персистентті лимфоцитозға (PL) сезімталдығын немесе төзімділігін анықтауы мүмкін.

Осы зерттеуде BoLA-DRB3 генінің Қазақстандағы жергілікті ірі қара мал тұқымдарындағы генетикалық өзгергіштігі зерттелді. Аллельдерді анықтау үшін RsaI, BstYI және HaeIII рестриктазаларымен ПТР-ПДРФ әдісі қолданылды. Аллельдік жиіліктер мен ауытқулар есептелді. Идентификацияланған 54 аллельді талдау олардың тұқымдар арасында әртүрлі таралуын көрсетті, бұл зерттелген популяциялардың генетикалық әртүрлілігін дәлелдейді.

BoLA-DRB3 генінің жоғары полиморфизмі, ауруларға төзімділікпен байланысты аллельдердің болуы, сондай-ақ оның өнімділік белгілерімен байланысы бұл генді малды инфекциялық ауруларға төзімділігін арттыруға бағытталған селекциялық бағдарламалар үшін перспективті нысанға айналдырады. BoLA-DRB3.2 локусын талдауда қолданылатын

ПТР-ПДРФ әдісі генетикалық өзгергіштікті тиімді анықтауға, гетерозиготты және гомозиготты аллельдерді ажыратуға мүмкіндік береді, бұл оны ірі қара малдың генетикалық және эволюциялық зерттеулерінде құнды құралға айналдырады.

ANNOTATION

The BoLA-DRB3 gene, part of the major histocompatibility complex (MHC), plays a key role in organizing the immune response in cattle and exhibits high polymorphism. Due to this, it is considered a candidate gene in studies of genetic resistance to diseases, including bovine leukemia virus (BLV), and is used in population genetic analysis. The polymorphism of BoLA-DRB3 may determine an animal's susceptibility or resistance to various diseases, including persistent lymphocytosis (PL), a clinical manifestation of BLV infection.

This study examines the genetic variability of the BoLA-DRB3 gene in local cattle breeds in Kazakhstan. The PCR-RFLP method with restriction enzymes RsaI, BstYI, and HaeIII was used to identify alleles. Allelic frequencies and deviations were calculated. The analysis of 54 identified alleles revealed differences in their distribution among breeds, indicating the genetic heterogeneity of the studied populations.

The high level of polymorphism in BoLA-DRB3, the presence of alleles associated with disease resistance, and its link to productive traits make this gene a promising target for breeding programs aimed at improving cattle resistance to infectious diseases. The PCR-RFLP method used for analyzing the BoLA-DRB3.2 locus effectively detects genetic variability, differentiates heterozygous and homozygous alleles, and serves as a valuable tool in genetic and evolutionary studies of cattle.

Кілт сөздер: лейкоз вирусы, ірі қара мал, генотиптеу, генетикалық маркер, шектеу.
Key words: leukemia virus, cattle, genotyping, genetic marker, restriction.

Кіріспе. Ірі қара малдың лейкозы – Retroviridae тұқымдасының Deltaretrovirus тегіне жататын лейкоз вирусы (BLV) қоздыратын кең таралған созылмалы инфекциялық ауру. Инфекция жұқтырған ірі қара малдарында ауру белгілері ешқандай симптомсыз өтеді, алайда инфекциялық процестің үдеуі ауыр неопластикалық өзгерістерге әкеледі. Вирус иммундық жүйенің жасушаларын, сондай-ақ кейбір деректер бойынша өкпе эпителийінің жасушалары мен тромбоциттерді зақымдайды. Қазіргі уақытта BLV-ге қарсы тиімді дәрілік препараттар мен вакциналар жоқ, алайда молекулалық-генетикалық маркерлер негізінде селекциялық жұмыстар жүргізу аурумен күресудің перспективті бағыты болып табылады [1-3].

Лейкоз қоздырғышымен инфекцияланған жануарлар өмір бойы оның тасымалдаушысы болып қалады. Қазіргі уақытта BLV-ге бағытталған тиімді дәрілік препараттар мен вакциналар жоқ. Дегенменде, жапон ғалымдарының пікірінше, ірі қара мал табындарында аурудың таралуын төмендетудің баламалы әдістерінің бірі – қоздырғышқа төзімділікпен байланысты молекулалық-генетикалық маркерлер негізінде селекциялық жұмыстар жүргізу [4]. Лейкоз қоздырғышына төзімділікпен байланысты мұндай генетикалық маркерлердің бірі – ірі қараның лейкоцитарлық адгезия жүйесі (BoLA).

Ген BoLA адамның HLA (Human Leukocyte Antigen) геніне ұқсас және иммундық жүйе жасушаларына антигендерді танып-білу мен ұсынуға қатысады, осылайша бейімделген иммундық жауаптарды реттейді.

BoLA-DRB3 генінің жоғары полиморфизмі инфекцияларға, соның ішінде вирустық ауруларға әртүрлі деңгейде қорғанысын қамтамасыз етеді [5, 6]. Қазақстандағы ірі қара малдың генетикалық алуандылығы әртүрлі тұқымдардың кеңінен қолданылуы мен түрлі климаттық жағдайларға бейімделуімен байланысты, бұл BoLA-DRB3 генінің полиморфизмін және оның лейкозға бейімділік немесе төзімділікпен байланысын зерттеудің маңыздылығын көрсетеді.

Көптеген елдерде жүргізілген зерттеулерінің нәтижесі бойынша BoLA-DRB3 генінің кейбір аллельдері BLV-ге төзімділік немесе сезімталдықпен байланысты болуы мүмкін екенін айқындады. DRB30902 және DRB31201 аллельдері лейкозға төзімділікпен ассоциацияланған, ал DRB31501 және DRB31101 аллельдері ауруға жоғары сезімталдықпен байланысты. Мұндай аллельдердің тасымалдаушылары тұрақты лимфоцитоз немесе ісік процестерінің даму қауіпінің жоғарылауымен сипатталады. Бұл вирустық антигендердің тиімді ұсынылуының төмендігімен және Т-жасушаларының жеткіліксіз белсендірілуімен түсіндіріледі [7, 8].

Бірқатар зерттеуші ғалымдар BoLA-DRB3 генотипі мен лейкозға төзімділік арасындағы маңызды байланыстың барын анықтады. Бұл геннің белгілі бір аллельдері (*11, *23, *28) бар жануарлардың лейкоздың тұрақты лимфоцитоз (гематологиялық кезең) сатысына ауысу ықтималдығы төмен екені анықталды [9-11]. Керісінше, *22, *24, *16, *8 аллельдерінің тасымалдаушылары аурудың гематологиялық формасы бар жануарлардың арасында жиірек кездеседі [12, 13]. Тұрақты лимфоцитозға төзімділік басым белгі ретінде көрінеді, ал сезімталдық күрделі рецессивті механизм арқылы беріледі. Сонымен қатар, зерттеулер көрсеткендей, жануар генотипіндегі белгілі бір аллельдердің болуы оның өнімділігімен де байланысты [14].

BoLA-DRB3 полиморфизмін зерттеу белгілі бір аллельдерді төзімділік немесе сезімталдық маркерлері ретінде пайдалануға мүмкіндік береді. Бұл, әсіресе, BLV жұқтыру деңгейі жоғары популяцияларда ауруға төзімді жануарларды селекциялық іріктеу мүмкіндігін ашады. Алайда бұл ассоциациялар туралы мәліметтер әлі де қарама-қайшы және, әсіресе, әртүрлі ірі қара популяцияларында қосымша зерттеулерді қажет етеді. Қазақстанда ірі қара малдың генетикалық әртүрлілігі жоғары болғандықтан, аллельдердің таралуын зерттеу эпидемиологиялық жағдайды бағалауға және аймақтық селекциялық бағдарламаларды әзірлеуге көмектеседі.

Зерттеу материалдары мен тәсілдері. Жұмыс жануарлардың инфекциялық ауруларын мониторингтеу және болжау бөліміне қарасты лейкоз зертханасында, сондай-ақ Урал ғылыми-зерттеу ветеринариялық институтының жануарлардың геномдық зерттеулері және селекциясы зертханасында жүргізілді. Бұл институт Ресей Федерациясының Екатеринбург қаласындағы ФГБНУ УрФАНИЦ УрО РАН құрылымдық бөлімшесі болып табылады. Зерттеу нысаны - қазақтың ақбас тұқымды ірі қара малы. Молекулалық-генетикалық және гематологиялық зерттеулер үшін стерильді, бір реттік вакуумдық жүйелі ЭДТА КЗ типті пробиркаларына жануарлардың қан сынамалары алынды.

ДНҚ бөліп алу «Diatom DNA Prep 200» (ЖШҚ «ИзоГен», Ресей) коммерциялық жинағы көмегімен жүзеге асырылды. Зерттелген үлгілердегі ДНҚ концентрациясы Qubit 4 флуориметрі (Invitrogen, АҚШ) және «QuDye dsDNA HS екі тізбекті ДНҚ мөлшерін анықтау жиынтығы» (ЖШҚ "Люмипроб РУС") арқылы өлшенді.

BoLA-DRB3.2 маркерін қолдану арқылы ірі қара малды бастапқы генотиптеу бұрын Ван Эйк және т.б. ұсынған ПТР- ПДРФ әдісі негізінде жүргізілді.

Мақсатты ген фрагментін өндіру келесі олигонуклеотидтерді қолдану арқылы 2 кезеңмен жүргізілді (1-кесте).

1-кесте – BoLA-DRB3.2 күшейту үшін пайдаланылатын праймерлердің нуклеотидтер тізбегі

Олигонуклеотидтердің белгіленуі	Праймерлер (5'-3')	ПТР өнімінің ұзындығы	Әдебиеттер көзі
HL030	ATCCTCTCTCTGCAGCACATTTCC	284 ж.н.	Van Eijk және т.б. [15]
HL031	TTTAAATTCGCGCTCACCTCGCCGC		
HL032	TCGCCGCTGCACAGTGAACCTCTC		

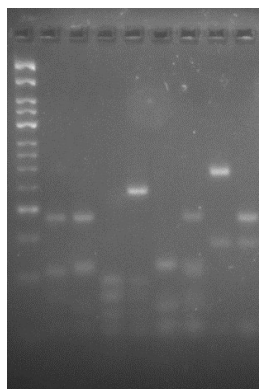
Реакциялық қоспаны дайындау және амплификация параметрлерін анықтау ПТР HS-Taq(2^x) (diaGene, Ресей) экстра-миксін пайдалана отырып, нұсқаулыққа сәйкес жүргізілді.

Генотиптеу үшін алынған ПТР өнімі келесі рестрикция нуклеазаларымен өңдеуге ұшыратылды: *Rsa I*, *BstY I* және *Hae III*. ПТР реакциясы аяқталғаннан кейін зерттелетін үлгі 5 бірлік ферменттік белсенділікпен өңделді.

Rsa I және *Hae III* ферменттерімен өңделген үлгілер 37 °C температурада термостатталды, ал *BstY I* 65 °C температурада инкубацияланды. Реакция 12 сағат бойы жүргізілді. ПТР-ПДРФ талдау өнімдерінің бөлінуі горизонталды электрофорез жүйесі көмегімен 5%-дан 7%-ға дейінгі концентрациядағы агароза гелінде жүзеге асырылды (1, 2, 3-суреттер). Интеркалирлеуші бояу ретінде бромды этидий реагенті қолданылды.

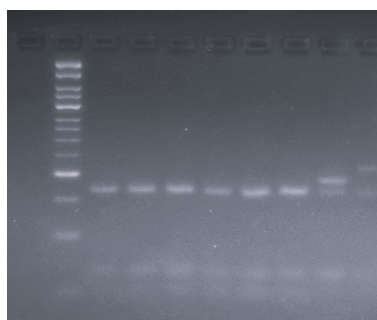
Зерттеу нәтижелері. Ірі қара малдың BoLA-DRB3.2 генетикалық маркері бойынша бастапқы генотиптеуі ПТР-ПДРФ әдісімен жүргізілді. Барлығы 54 ірі қара мал зерттелді, олардың 49-ы коммерциялық тест-жүйені пайдалана отырып жүргізілген ПТР сынағы негізінде оң нәтиже көрсетті.

1-3 суреттерде BoLA-DRB3.2 гені бойынша ірі қара малды типтеу нәтижелерінің электрофореграммасы ұсынылған, ПТР өнімі *Rsa I*, *BstY I* және *Hae III* рестрикциялық эндонуклеазаларымен өңделгеннен кейін.



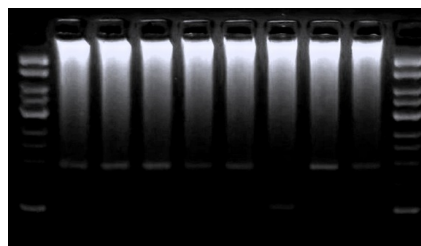
Сурет 1 – BoLA-DRB3.2 гені бойынша ірі қара мал үлгілерінің типтеу нәтижелерінің электрофореграммасы, ПТР өнімі *Rsa I* эндонуклеазасымен өңделгеннен кейінгі рестрикциясы

Белгілеулер: 1-8 – сынама нөмірлері, М – өлшемдік стандарт 50-1500 ж.н., қадам 50 ж.н.



Сурет 2 – *Hae III* гені бойынша ірі қара мал үлгілерінің типтеу нәтижелерінің электрофореграммасы

Белгілеулер: 1-8 – сынама нөмірлері, М – өлшемдік стандарт 50-1500 ж.н., қадам 50 ж.н.



Сурет 3 – BoLA-DRB3.2 гені бойынша ірі қара мал үлгілерін типтеу нәтижелерінің электрофореграммасы, ПТР өнімі BstY I рестрикция эндонуклеазасымен өңделгеннен кейін

Белгілеулер: 1-8 – сынама нөмірлері, М – өлшемдік стандарт 50-1500 ж.н., қадам 50 ж.н.

BoLA-DRB3 полиморфизмін талдау аллельдердің айтарлықтай әртүрлілігін көрсетті. Зерттелген үлгілер арасында BLV-ге төзімділікпен де, бейімділікпен де байланысты аллельдер анықталды. Бұл деректер инфекциялық ауруларға төзімділікті арттыруға бағытталған селекциялық бағдарламаларға генетикалық талдауды енгізудің маңыздылығын растайды.

Ірі қара малдың бастапқы генотиптеуі ПТР-ПДРФ әдісімен жүргізіліп, зерттелген сынамаларда (N=54) ең жиі кездесетін аллельдер *24 (n=16) және *9 (n=14) екені анықталды. Ал *4, *6, *8, *10, *13, *20, *27, *28, *29 аллельдері айтарлықтай сирек кездескендігі көрсетілді (2-кесте).

Кесте 2 – ПТР-ПДРФ әдісі бойынша BoLA-DRB3.2 генетикалық маркеріне ірі қара малды генотиптеу нәтижелері

Сынама №	Коммерциялық ПТР жинағы арқылы лейкозды тексеру нәтижелері	Аллельді нұсқасы BoLA-3.2, ПЦР-ПДРФ	Сынама №	Коммерциялық ПТР жинағы арқылы лейкозды тексеру нәтижелері	Аллельді нұсқасы BoLA-3.2, ПЦР-ПДРФ
1	+	*24/*24	28	теріс	*15/*16
2	+	*23/*8	29	+	*2/*2
3	+	*23/*8	30	+	*24/*29
4	+	*24/*24	31	+	*28/*9
5	+	*24/*22	32	+	*15/*10
6	+	*24/*24	33	+	*9/*9
7	+	*24/*9	34	+	*28/*17
8	+	*24/*9	35	+	*15/*22
9	+	*16/*8	36	+	*15/*22
10	+	*28/*4	37	+	*27/*17
11	+	*24/*9	38	теріс	*27/*23
12	+	*28/*28	39	теріс	*15/*22
13	+	*10/*16	40	+	*15/*22
14	+	*24/*9	41	+	*18/*17
15	+	*24/*9	42	+	*18/*23
16	+	*24/*9	43	+	*23/*24
17	теріс	*18/*8	44	теріс	*23/*9
18	+	*24/*10	45	+	*15/*22
19	+	*24/*18	46	+	*9/*9
20	теріс	*20/*15	47	теріс	*16/*16
21	+	*24/*24	48	+	*23/*24
22	+	*16/*6	49	мәлімет жоқ	*2/*3

23	теріс	*17/*17	50	+	*9/*9
24	теріс	*18/*17	51	+	*2/*2
25	+	*18/*17	52	+	*17/*13
26	теріс	*23/*29	53	+	*18/*23
27	+	*16/*16	54	+	*18/*11

Қорытынды. BoLA-DRB3 гені бойынша ірі қара мал үлгілерін типтеу нәтижелерінің электрофореграммаларында *Rsa I*, *BstY I* және *Hae III* рестрикция эндонуклеазаларымен өңделген ПТР өнімі рестрикция өнімдерін түзді, олар эндонуклеаз рестрикциясымен бөлінген өнімдердің аллельдік нұсқаларына сәйкес келді.

ПТР-ПДРФ әдісі бойынша ірі қара малдарының бірінші реттік генотиптеу жүргізу арқылы зерттелген сынамаларда (N=54) ең жиі кездесетін аллельдер *24 (n=16) және *9 (n=14) екені анықталды. Ал *4, *6, *8, *10, *13, *20, *27, *28, *29 аллельдері айтарлықтай сирек кездескендігі көрсетілді

Зерттеу BoLA-DRB3.2 генінің BLV-ге төзімділік маркері ретіндегі маңыздылығын растады. Алынған нәтижелер ірі қара мал популяцияларында лейкоздың таралуын азайтуға бағытталған селекциялық стратегияларды әзірлеу үшін пайдаланылуы мүмкін.

Бұл протоколдар болашақта Қазақстан Республикасының әртүрлі өңірлерінен алынған биоматериалға қолданылатын болады.

Қаржыландыру. Зерттеу жұмысы Қазақстан Республикасы Ғылым және жоғары білім министрлігі Ғылым Комитетінің гранттық қаржыландыру жобасы шеңберінде 2023-2025 жылдарға арналған AP19678641 «Маркерге бағытталған ірі қара өсірудің ғылыми негізделген тәсілдерін әзірлеу үшін лейкозға төзімділікпен байланысты BoLA - DRB3 генінің полиморфизмін бағалау» (№0123PK00262) жобасы бойынша орындалды.

ӘДЕБИЕТТЕР ТІЗІМІ

1. Bartlett, P. C., et al. Bovine leukemia virus and enzootic bovine leukosis [Text] // Journal of the American Veterinary Medical Association. – 2013. – V. 243(4). – P.475-481.
2. 2 Felmer, R., et al. Association of bovine leukocyte antigen (BoLA) DRB3 alleles with resistance and susceptibility to bovine leukemia virus infection in Holstein cattle [Text] // Veterinary Immunology and Immunopathology. – 2011.-V. 144(1-2). – P.102-110.
3. 3 Salomón-Torres, R., et al. Economic impact of bovine leukemia virus in dairy herds. [Text] // Research in Veterinary Science. – 2019. – V.119. – P.10-16.
4. 4 Rola-Luszczak M. Development of an improved real time PCR for the detection of bovine leukaemia provirus nucleic acid and its use in the clarification of inconclusive serological test results / M. Rola-Luszczak et al. [Text] // Journal of Virological Methods. – 2013. – T. 189. – №. 2. – C. 258-264.
5. 5 Xu, A., et al. BoLA-DRB3 gene polymorphism and its association with disease resistance and production traits in dairy cattle [Text] // Journal of Dairy Science. – 2009. – V. 92(2). – P.596-602.
6. 6 Maillard, J. C., et al. BoLA-DRB3 gene: association with productivity and disease resistance. [Text] // Animal Genetics. – 1999. – V. 30(4). - P. 257-264.
7. 7 Menezes, P. C., et al. Polymorphism of the BoLA-DRB3 gene and its association with enzootic bovine leukosis resistance. Research in Veterinary Science, 119, 115-121.
8. 8 Yoshida, T., et al. (2020). Functional implications of BoLA-DRB3 polymorphism in bovine immunity. [Text] // Immunogenetics. – 2020. – V. 72(3). P.179-189.
9. 9 Juliarena MA, Poli M, Sala L, Ceriani C, Gutierrez S, Dolcini G, Rodríguez EM, Mariño B, Rodríguez-Dubra C, Esteban EN. Association of BLV infection profiles with alleles of the BoLA-DRB3.2 gene [Text] // Anim Genet.- 2008. – V. 39(4). – P.432-440.
10. 10 Nikbakht Brujeni G, Ghorbanpour R, Esmailnejad A. Association of BoLA-DRB3.2 Alleles with BLV Infection Profiles (Persistent Lymphocytosis/Lymphosarcoma) and

Lymphocyte Subsets in Iranian Holstein Cattle [Text] // Biochem Genet. – 2016. – V. 54(2). – P.194-207.

11. Borjigin L, Watanuki S, Hamada R, Bai L, Hirose T, Sato H, Yoneyama S, Yasui A, Yasuda S, Yamanaka R, Mimura M, Baba M, Inokuma M, Fujita K, Shinozaki Y, Tanaka N, Takeshima SN, Aida Y. Effectiveness of integrated bovine leukemia virus eradication strategies utilizing cattle carrying resistant and susceptible major histocompatibility complex class II DRB3 alleles [Text] // J Dairy Sci.- 2023. – V. 106(12). – P.9393-9409.

12. Le TD, Nguyen VS, Lo CW, Dao DT, Bui NV, Ogawa H, Imai K, Sugiura K, Aida Y, Haga T. Association between BoLA-DRB3 polymorphism and bovine leukemia virus proviral load in Vietnamese Holstein Friesian cattle [Text] // HLA. – 2022. – V. 99(2). – P.105-112

13. Nakatsuchi A, Matsumoto Y, Aida Y. Influence of BoLA-DRB3 Polymorphism and Bovine Leukemia Virus (BLV) Infection on Dairy Cattle Productivity [Text] // Veterinary Sciences. – 2023. – V. 10(4). – P.250

14. Galdino A.TE, Scavassini P.M., Fiorotti J., de Souza Bin R, Rodrigues C.A, Connelley T, Ferreira de Miranda S.IK. Graduate Student Literature Review: The DRB3 gene of the bovine major histocompatibility complex-Discovery, diversity, and distribution of alleles in commercial breeds of cattle and applications for development of vaccines [Text] // J Dairy Sci. – 2024. –V. 107(12). – P.11324-11341

15. Van Eijk M. J. T., Stewart-Haynes J. A., Lewin H. A. Extensive polymorphism of the BoLA-DRB3 gene distinguished by PCR-RFLP [Text] // Animal genetics. – 1992. – T. 23. – №. 6. – P. 483-496.

REFERENCES

1 Bartlett, P. C., et al. Bovine leukemia virus and enzootic bovine leukosis [Text] // Journal of the American Veterinary Medical Association. – 2013. – V. 243(4). – P.475-481.

2 Felmer, R., et al. Association of bovine leukocyte antigen (BoLA) DRB3 alleles with resistance and susceptibility to bovine leukemia virus infection in Holstein cattle [Text] // Veterinary Immunology and Immunopathology. – 2011.-V. 144(1-2). – P.102-110.

3 Salomón-Torres, R., et al. Economic impact of bovine leukemia virus in dairy herds. [Text] // Research in Veterinary Science. – 2019. – V.119. – P.10-16.

4 Rola-Luszczak M. Development of an improved real time PCR for the detection of bovine leukaemia provirus nucleic acid and its use in the clarification of inconclusive serological test results / M. Rola-Luszczak et al. [Text] // Journal of Virological Methods. – 2013. – T. 189. – №. 2. – C. 258-264.

5 Xu, A., et al. BoLA-DRB3 gene polymorphism and its association with disease resistance and production traits in dairy cattle [Text] // Journal of Dairy Science. – 2009. – V. 92(2). – P.596-602.

6 Maillard, J. C., et al. BoLA-DRB3 gene: association with productivity and disease resistance. [Text] // Animal Genetics. – 1999. – V. 30(4). – P. 257-264.

7 Menezes, P. C., et al. Polymorphism of the BoLA-DRB3 gene and its association with enzootic bovine leukosis resistance. Research in Veterinary Science, 119, 115-121.

8 Yoshida, T., et al. (2020). Functional implications of BoLA-DRB3 polymorphism in bovine immunity. [Text] // Immunogenetics. – 2020. – V. 72(3). P.179-189.

9 Juliarena MA, Poli M, Sala L, Ceriani C, Gutierrez S, Dolcini G, Rodríguez EM, Mariño B, Rodríguez-Dubra C, Esteban EN. Association of BLV infection profiles with alleles of the BoLA-DRB3.2 gene [Text] // Anim Genet.- 2008. – V. 39(4). – P.432-440.

10 Nikbakht Brujeni G, Ghorbanpour R, Esmailnejad A. Association of BoLA-DRB3.2 Alleles with BLV Infection Profiles (Persistent Lymphocytosis/Lymphosarcoma) and Lymphocyte Subsets in Iranian Holstein Cattle [Text] // Biochem Genet. – 2016. – V. 54(2). – P.194-207.

11 Borjigin L, Watanuki S, Hamada R, Bai L, Hirose T, Sato H, Yoneyama S, Yasui A, Yasuda S, Yamanaka R, Mimura M, Baba M, Inokuma M, Fujita K, Shinozaki Y, Tanaka N,

Takeshima SN, Aida Y. Effectiveness of integrated bovine leukemia virus eradication strategies utilizing cattle carrying resistant and susceptible major histocompatibility complex class II DRB3 alleles [Text] // J Dairy Sci.- 2023. – V. 106(12). – P.9393-9409.

12 Le TD, Nguyen VS, Lo CW, Dao DT, Bui NV, Ogawa H, Imai K, Sugiura K, Aida Y, Haga T. Association between BoLA-DRB3 polymorphism and bovine leukemia virus proviral load in Vietnamese Holstein Friesian cattle [Text] // HLA. – 2022. – V. 99(2). – P.105-112

13 Nakatsuchi A, Matsumoto Y, Aida Y. Influence of BoLA-DRB3 Polymorphism and Bovine Leukemia Virus (BLV) Infection on Dairy Cattle Productivity [Text] // Veterinary Sciences. – 2023. – V. 10(4). – P.250

14 Galdino A.TE, Scavassini P.M., Fiorotti J., de Souza Bin R, Rodrigues C.A, Connelley T, Ferreira de Miranda S.IK. Graduate Student Literature Review: The DRB3 gene of the bovine major histocompatibility complex-Discovery, diversity, and distribution of alleles in commercial breeds of cattle and applications for development of vaccines [Text] // J Dairy Sci. – 2024. – V. 107(12). – P.11324-11341

15 Van Eijk M. J. T., Stewart-Haynes J. A., Lewin H. A. Extensive polymorphism of the BoLA-DRB3 gene distinguished by PCR-RFLP [Text] // Animal genetics. – 1992. – T. 23. – №. 6. – P. 483-496.

РЕЗЮМЕ

Ген BoLA-DRB3, входящий в главный комплекс гистосовместимости (ГКГ), играет ключевую роль в организации иммунного ответа у крупного рогатого скота и обладает высокой полиморфностью. В связи с этим он рассматривается как кандидатный ген в исследованиях генетической устойчивости к заболеваниям, включая вирус лейкемии крупного рогатого скота (BLV), и используется в популяционном генетическом анализе. Полиморфизм BoLA-DRB3 может определять восприимчивость или устойчивость животных к различным заболеваниям, в том числе к персистентному лимфоцитозу (PL) — клинической форме проявления BLV-инфекции.

В данной работе изучена генетическая изменчивость гена BoLA-DRB3 у местных пород крупного рогатого скота в Казахстане. Для идентификации аллелей использован метод ПЦР-ПДРФ с рестриктазами RsaI, BstYI и HaeIII. Были рассчитаны аллельные частоты и отклонения. Анализ 54 идентифицированных аллелей выявил различия в их распределении между породами, что свидетельствует о генетической неоднородности изученных популяций.

Высокий уровень полиморфизма BoLA-DRB3, наличие аллелей, ассоциированных с устойчивостью к заболеваниям, а также его связь с продуктивными признаками делают данный ген перспективным объектом для селекционных программ, направленных на улучшение устойчивости скота к инфекционным заболеваниям. Метод ПЦР-ПДРФ, используемый для анализа локуса BoLA-DRB3.2, позволяет эффективно выявлять генетическую изменчивость, различать гетерозиготные и гомозиготные аллели, что делает его ценным инструментом в генетических и эволюционных исследованиях крупного рогатого скота.

UDC 636.3.033

MRNTI 68.41

Sengaliyev Y.M., candidate of Sciences in Veterinary Sciences, <https://orcid.org/0000-0002-1492-8577>

NJSC «West Kazakhstan Agrarian and Technical University named after Zhangir Khan», Uralsk, st. Zhangir khan 51, 090009, Kazakhstan, s_erbol89@mail.ru.

Kushmukhanov Zh.S., Doctor of Philosophy (PhD), <https://orcid.org/0000-0001-8843-9939>