

# АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФНЫХ ГЕНОВ СОМАТОТРОПИНОВОГО КАСКАДА С ПРИЗНАКАМИ МЯСНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ У КОРОВ АУЛИЕКОЛЬСКОЙ И КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОД

## THE ASSOCIATION OF POLYMORPHIC GENES SOMATOTROPONOGO CASCADE WITH CHARACTERISTICS OF MEAT PRODUCTIVITY OF COWS OF AULIEKOLSKOY AND KAZAKH WHITE BREEDS

**I. Beyshova  
E. Belaya  
B. Traisov  
A. Kovalchuk**

Summary.. Since the mid 60-ies of XX century in population and evolutionary studies and in plant breeding increasingly began to use the data on biochemical polymorphism of proteins. Later, the progress in biotechnology and molecular genetics made it possible to attract information directly on the variability of DNA molecules. This allowed to identify the presence of various allelic variants, i.e., gene polymorphisms and genotypes with artificial and natural populations, is a necessary condition for successful breeding.

*Keywords:* auliekol breed and Kazakh white-head breed, somatotropinomas cascade, cattle.

**Бейшова Индира Салтановна**

К.с.-х.н., доцент, Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова, г. Костанай, Республика Казахстан  
indira\_bei@mail.ru

**Белая Елена Валентиновна**

К.б.н., н.с., Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Беларусь  
kolyuchka005@rambler.ru

**Траисов Балуаш Бакишевич**

Д.с.-х.н., профессор, академик Каз.АСХН, академик КазНАЕН, директор департамента животноводства НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет им. Жангир хана  
btraisov@mail.ru

**Ковальчук Александр Михайлович**

Н.с., преподаватель, Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова, г. Костанай, Республика Казахстан  
kovalchuk\_s89@mail.ru

*Аннотация.* Начиная с середины 60-х годов XX века в популяционных и эволюционных исследованиях, а также в селекции всё шире стали использовать данные о биохимическом полиморфизме белков. Позже прогресс в биотехнологии и молекулярной генетике позволил привлекать сведения об изменчивости непосредственно молекул ДНК. Это позволило выявить наличие разнообразных аллельных вариантов, т.е. полиморфизм генов и генотипов искусственных и природных популяций, — необходимое условие успешной селекции.

*Ключевые слова:* аулиекольская порода, казахская белоголовая порода, соматотропиновый каскад, крупный рогатый скот.

## Введение

**В** 1999 году Aggrey et al. при изучении голштинских быков области региона было выявлено три полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (RFLP) с использованием рестриктаз AluI, StuI, и AclI в. Рестриктаза AclI распознает транзицию С→Т в положении –887. Аллелю AclI (+), разрезаемому рестриктазой, соответствует нуклеотид С. Полиморфизм по StuI рестриктазе выявляет транзицию С→Т в положении — 232. Рестриктаза AluI распознает А→Т замену в положении –1177 [1]. Аллелю AluI (+), разрезаемому рестриктазой, соответствует нуклеотид А. Ассоциация данных полиморфизмов с признаками продуктивности изучалась впоследствии различными учеными.

Относительно GHR-AluI полиморфизма, у голштинской породы Aggrey et al было показано, что животные с генотипом AluI (+/+) имеют более высокое содержание жира в молоке, по сравнению с животными, с генотипами AluI (+/-) и AluI (-/-) [1]. В работах A Maj при изучении ассоциации полиморфизма GHR-AluI с признаками мясной продуктивности у животных польской черно-пестрой породы, показано, что животные носители аллеля AluI (-) обладали более высокими показателями по таким параметрам, как вес тела и масса вырезки A Maj. При этом наибольшие результаты по этим признакам были характерны для животных с генотипом AluI (-/-) [2].

При исследовании полиморфизма по GHR-AclI Maj A и соавт. обнаружил, что животные, мясных пород, обла-

давшие  $Ascl$  (+/-) генотипом, имели больший ежедневный прирост по сравнению с  $Ascl$  -/- животными, а также давали наибольшее содержание полезной вырезки по сравнению с  $Ascl$  +/- животными [3]. В то же время у животных молочной, польской черно-пестрой породы, никакой ассоциации с мясной продуктивностью выявлено не было [2].

Новый полиморфизм был обнаружен  $A$   $Maj$  и соавт. в положении -1104 5'фланкирующей области и представляет собой транзицию  $C \rightarrow T$ . Данный полиморфизм обнаруживается с помощью рестриктазы  $Fnu4HI$  / $Tsel$ :  $Fnu4HI$  (+) соответствует аллель, содержащий в данном положении нуклеотид  $C$  [7].

В ходе исследования мясных пород, таких как лимузинская, ангусская и герефорды, было показано, что животные с генотипом  $Fnu4HI$  +/+ обладали большим суточным приростом и большей конверсией корма по сравнению с животными, обладателями генотипа  $Fnu4HI$  +/- и  $Fnu4HI$  -/-. Генотип +/+ был ассоциирован со значительно более высокой скоростью роста между 13-м и 15-м месяцами жизни [4]. При исследовании данного полиморфизма на представителях молочной породы, польской черно-пестрой, не было выявлено ассоциации ни с признаками мясной [2], ни с признаками молочной продуктивности [3].

В 1999 году  $Ge$   $W.$  и соавт. при исследовании популяции ангусского скота была обнаружена одиночная нуклеотидная замена (SNP) в области промоторной зоны первого экзона, которая в последствии была идентифицирована как  $A \rightarrow G$  транзиция в положении -154 и распознается рестриктазой  $Nsil$ . Аллель  $Nsil$  (+) в данном положении содержит нуклеотид  $G$ .  $Maj$   $A.$ , исследовал данный полиморфизм на мясных породах, таких как ангусский скот, лимузинский и герефорды.  $FLP-Nsil$  генотип оказался ассоциированным с ежедневным поглощением корма. Генотип -/- или +/- был ассоциирован с меньшим потреблением корма, а также у животных с генотипом  $Nsil$  -/- был более высокий показатель процента постной вырезки по сравнению с другими генотипами [4]. Ассоциация данного полиморфизма с признаками мясной продуктивности была так же исследована группой  $Maj$   $A$  на молочной черно-пестрой породе польского скота. И в этом случае положительная ассоциация по мясным показателям была характерна для аллеля  $Nsil$  (+). Хотя ассоциация была выявлена по другим параметрам, например, вес холодной туши и т.д. [2]. При изучении на данной породе параметров молочной продуктивности, предпочтительным оказался аллель  $Nsil$  (-). Животные с генотипом  $Nsil$  -/-, по сравнению с животными с генотипом  $Nsil$  +/+, давали больше молока с большим содержанием основных белковых компонентов, таких как жир, белок и лактоза [5].

Исследования кодирующей части гена рецептора гормона роста. Исследования кодирующей части гена рецептора гормона роста проводились параллельно с исследованиями регуляторных зон. В 2000 году  $Ge$   $W.$  и соавт. было выявлено несколько полиморфных вариантов гена, обусловленных наличием одиночных нуклеотидных замен (SNP) в области экзона 10. Из них нуклеотидная замена  $G \rightarrow A$  приводит к замене аминокислот в последовательности белка  $Ala$  ( $GCC$ )  $\rightarrow$   $Thr$  ( $ACC$ ). В случае данного полиморфизма рестриктаза  $NarI$  узнает нуклеотид  $G$ . Другая замена  $A \rightarrow G$  приводит к замене  $Ser$  ( $AGC$ )  $\rightarrow$   $Glu$  ( $GGC$ ) и может быть идентифицирована с помощью рестриктазы  $AluI$  [6]. Однако, ассоциация этих полиморфных вариантов с признаками продуктивности (ни мясной, ни молочной) не изучалась.

Кодирующая часть гена была так же исследована в 2003  $Blott$  и соавт. на предмет выявления SNP у джерсейского, голштино-фризского и черно-пестрого скота. Было выявлено несколько полиморфных вариантов, два из которых изменяют аминокислотную последовательность рецептора гормона роста [7].

$A \rightarrow T$  замена в  $X$  экзоне приводит так же к замене аспарагина на треонин ( $N528T$ ) в цитоплазматическом домене. Обе аминокислоты являются полярными незаряженными остатками. Эти остатки являются менее консервативными в ходе эволюции и могут заменяться или аспарагином (человек, кролик, свинья и куры), либо серином (овцы, мыши и крысы). Однако данные по ассоциации этого полиморфизма с признаками продуктивности отсутствуют [7].

Замена  $T \rightarrow A$  в  $XIII$  экзоне вызывает неконсервативную замену нейтрального фенилаланина на незаряженный, но полярный остаток тирозина ( $F279Y$ ). Соответствующий остаток фенилаланина локализован в трансмембранном домене гена рецептора гормона роста и является консервативным для всех изученных млекопитающих. Мутация  $F279Y$  была исследована  $Luca$   $Fontanesi$  и соавт 2007 на животных итальянской голштино-фризской породы, итальянской черной, итальянской симментальской, джерсейской пород. Была отмечена довольно высокая частота предпочтительного аллеля у представителей итальянских популяций исследованных пород [8]. Предполагается, что обнаруженная мутация является одной из причин, объясняющих QTL 20-й хромосомы, обнаруженные при ее картировании. В 2006 году  $Viitala$   $S.$  и соавт. так же была подтверждена положительная роль мутации  $F279Y$  на общую продуктивность и состав молока при исследовании популяции финского аурширского скота (Finnish Ayrshire) [9].

Замена нуклеотидов  $T \rightarrow A$  в экзоне 8 гена рецептора гормона роста вызывает замену аминокислот-

Таблица 1. Индивидуальные характеристики условий ПЦР для исследуемых полиморфных локусов генов соматотропинового каскада

Полиморфизм	Условия амплификации	Последовательности праймеров
bPit-1-Hinfl	95 °С — 5 мин; (95 °С — 45 сек; 55,3 °С — 45 сек; 72 °С — 45 сек) x 34 цикла; 72 °С — 10 мин; 12 °С — 10 мин	Hinfl-F: 5'-aaaccatcatctcccttctt-3'
		Hinfl-R: 5'-aatgtacaatgtcttctgag-3'
bGH-AluI	95 °С — 5 мин; (95 °С — 30 сек; 64 °С — 30 сек; 72 °С — 60 сек) x 35 циклов; 72 °С — 10 мин	AluI -F: 5'-ccgtgtctatgagaagc-3'
		AluI-R: 5'-gttcttgagcagcgct-3'
bGHR-SspI	95 °С — 3 мин; (95 °С — 30 сек; 62 °С — 30 сек; 72 °С — 30 сек) x 30 циклов; 72 °С — 10 мин; 12 °С — 5 мин	SspI-F: 5'-aatatgtagcagtgacaatat-3'
		SspI-R: 5'-acgtttcactgggttgatga-3'

ной последовательности от фенилаланина к тирозину и идентифицируется эндонуклеазой рестрикции SspI. В настоящее время практически не изучено влияние bGHR-SspI полиморфизма на мясные признаки крупного рогатого скота, однако рядом ученых доказана ассоциация данного полиморфизма с молочной продуктивностью. Исследованиями, проводимыми на разных породах, было выявлено, что замена аминокислотной последовательности от фенилаланина к тирозину приводит к снижению содержания жира и белка в молоке. Исследование Rahmatalla S. A. подтверждает влияние полиморфизма bGHR-SspI на удой, а также на содержание белка и жира в молоке немецкой популяции голштинского скота, так, гомозиготные коровы с генотипом bGHR-SspI<sup>YY</sup> (p<0,05) имеют более высокое содержание жира и белка по сравнению с животными других генотипов.

Учитывая значительную роль рецептора гормона роста в формировании внутриклеточного ответа на воздействие гормона роста, необходимость исследования данной проблемы становится абсолютно очевидной. Причем, такие данные представляют не только теоретический интерес, направленный на выявление механизмов взаиморегуляции генов, но и практический интерес для развития маркер-зависимой селекции. Для нашего исследования мы выбрали полиморфизм T→A в XIII экзоне, приводящий к замене фенилаланина на тирозин в трансмембранном домене. Так как, во-первых, данный полиморфизм достоверно приводит к изменению структуры белка, во-вторых ассоциация его с признаками молочной продуктивности практически не изучена ни на голштинской, ни на черно-пестрой породе.

#### Материалы и методы исследований

Объектом исследования послужили выборки коров Аулиекольской породы. Предмет исследования — полиморфные гены соматотропинового каскада (bPit-1, bGH, bGHR). Материал исследования — образцы ДНК, выделенной из крови коров Аулиекольской пород.

Определение генотипов животных осуществлялось методом ПЦР-ПДРФ. Последовательности праймеров и условия ПЦР для анализа каждого полиморфизма приведены в таблице 1.

Анализ полиморфизма длин рестрикционных фрагментов включал обработку ампликата сайт-специфической рестриктазой и последующее разделение полученных фрагментов с помощью гель-электрофореза. Использовали маркер молекулярных масс O'RangeRuler™ 50 bpDNALadder, Thermo Fisher Scientific, Литва). Электрофорез проводили в 2% агарозном геле (SeaKem LE Agarose, Lonza, США).

Анализ полиморфизма нуклеотидной последовательности гена bPit-1 в экзоне 6 проводился с помощью рестриктазы Hinfl. Полиморфизм обусловлен A→G нуклеотидной заменой, не приводящей к изменению аминокислотной последовательности. Сайтом узнавания для рестриктазы Hinfl является последовательность G↓ANTC. Разрезаемый в ходе ферментации фрагмент содержит нуклеотид A соответствующий аллелю bPit-1-Hinfl<sup>B</sup> [10]. В случае присутствия G нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как bPit-1-Hinfl<sup>A</sup>.

Анализ полиморфизма нуклеотидной последовательности гена bGH в экзоне 5 проводился с помощью рестриктазы AluI. Полиморфизм обусловлен транзицией C→G, приводящей к замене аминокислоты лейцин на валин в последовательности аминокислот белка. Сайтом узнавания для рестриктазы AluI является последовательность AG↓CT. Распознаваемый ферментом аллель содержит нуклеотид C и обозначен как bGH-AluI<sup>L</sup>. В случае присутствия G нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как bGH-AluI<sup>V</sup>.

Анализ полиморфизма нуклеотидной последовательности гена bGHR в экзоне 8 проводился с помощью рестриктазы SspI. Рестриктаза SspI распознает T→A транзицию в экзоне 8. Данная замена вызывает подстановку полярного, хотя и незаряженного остатка тиро-

зина вместо нейтрального фенилаланина в положении 279 белка. Сайтом узнавания для рестриктазы является последовательность AAT↓ATT. Разрезаемый ферментом амплификат содержит нуклеотид T, соответствующий аллелю bGHR-Sspl<sup>f</sup>. В случае присутствия A-нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как bGHR-Sspl<sup>f</sup>.

Определение предпочтительного и нежелательного аллелей проводилось путем сравнения показателей живой массы у телок с разными генотипами при рождении, а также в возрасте 3, 6, 9, 12, 18 и 24 месяца. Также в возрастах 12, 18 и 24 месяца была исследована ассоциация генотипов с индексами телосложения, которые характеризуют мясную продуктивность животных: сбитость, костистость, растянутость и массивность, и репродуктивную функцию животных: шилозадость.

Статистическая обработка результатов исследования проведена с использованием стандартного пакета программ «STATISTICA 6.0» (StatSoft, Inc. 1994–2001), при этом были использованы модули Basic Statistic / tables, Nonparametric Statistics. Сравнение выборок по распределению частот аллелей исследуемых генов, а также оценку соответствия фактического распределения генотипов теоретически ожидаемому по закону Харди-Вайнберга проводили с помощью критерия  $\chi^2$ . Различия во всех случаях рассматривались как статистически достоверные при уровне значимости  $P < 0,05$ .

### Результаты исследований

Как следует из непараметрической характеристики живой массы в возрастах от рождения до 24 месяцев у аулиекольских коров, в основной группе животных на всех возрастах предпочтительным является более редкий генотип *bPit-1-HinFI<sup>AA</sup>*

Достоверная разница между средними значениями веса в группах с предпочтительным и альтернативными генотипами наблюдается в возрастах 18 и 24 месяца. Что делает целесообразным рассмотрение этого генотипа в качестве генетического маркера.

В контрольной группе в этих возрастных категориях значительной разницы между носителями генотипов *bPit-1-HinFI<sup>AA</sup>*, *bPit-1-HinFI<sup>AB</sup>* и *bPit-1-HinFI<sup>BB</sup>* не наблюдается, что вероятно связано с недостаточным количеством наблюдений.

Из полученных характеристик индексов телосложения в основной и контрольной группах коров с разными генотипами полиморфизма *bPit-1-HinFI* аулиекольской породы (Me (25%; 75%)), можно отметить, что в основной группе животных, достоверное различие между живот-

ными с генотипами *bPit-1-HinFI<sup>AA</sup>*, *bPit-1-HinFI<sup>AB</sup>* и *bPit-1-HinFI<sup>BB</sup>* наблюдается по индексу шилозадости в возрасте 18 и 24 месяца. В частности можно отметить, что индекс шилозадости у коров с генотипом *bPit-1-HinFI<sup>AA</sup>* ниже по сравнению с группами *bPit-1-HinFI<sup>AB</sup>* и *bPit-1-HinFI<sup>BB</sup>*. Медиана и интерквартильный размах значения индекса шилозадости в этих группах составляют 218,75 (205,882; 233,333), 228,571 (213,333; 246,154), и 233,333 (218,75; 247,059) в возрасте 18 месяцев, 222,222 (200; 231,579), 225 (211,111; 244,444) и 230 (211,111; 247,059) в возрасте 24 месяца для генотипов *bPit-1-HinFI<sup>AA</sup>*, *bPit-1-HinFI<sup>AB</sup>* и *bPit-1-HinFI<sup>BB</sup>* соответственно. Данный индекс имеет значение в возрасте первого отела. В частности, чем ниже индекс, тем легче проходит отел.

В контрольной группе аналогичная тенденция наблюдается в возрасте 12 месяцев. Однако результаты статистической обработки не подтверждают достоверность значимости наблюдения.

По полученным характеристикам продуктивности в основной и контрольной группах коров с разными генотипами полиморфизма *bGH-AluI* аулиекольской породы (Me (25%; 75%)) можно отметить, что достоверные различия между животными с генотипами *bGH-AluI<sup>LL</sup>*, *bGH-AluI<sup>LV</sup>* и *bGH-AluI<sup>VV</sup>* не наблюдается ни в основной, ни в контрольных выборках.

Наблюдается тенденция к повышению живой массы у телят с генотипом *bGH-AluI<sup>LV</sup>* в возрастах 12 и 18 месяцев в основной группе и у телят с генотипом *bGH-AluI<sup>LL</sup>* в возрасте 12, 18 месяцев у телят контрольной группы. Однако эти данные не являются достоверными с точки зрения статистики.

Из полученных характеристик индексов телосложения в основной и контрольной группах коров с разными генотипами полиморфизма *bGH-AluI* аулиекольской породы (Me (25%; 75%)) можно отметить, что в основной выборке по признаку шилозадости наблюдается статистически значимая разница между группами коров с генотипами *bGH-AluI<sup>LL</sup>*, *bGH-AluI<sup>LV</sup>* и *bGH-AluI<sup>VV</sup>* в возрастах 18 и 24 месяца. Предпочтительным в обоих возрастах является генотип *bGH-AluI<sup>VV</sup>*, с более низким значением индекса, так как чем ниже данный индекс, тем легче происходит первый отел. Так, в возрасте 18 месяцев значение индекса шилозадости у коров с генотипом *bGH-AluI<sup>VV</sup>* составляет 218,750 (206,787; 242,810) по сравнению с коровами с генотипами *bGH-AluI<sup>LL</sup>*, *bGH-AluI<sup>LV</sup>* (233,333 (218,750; 246,667) и 223,529 (211,111; 246,154)) соответственно. В возрасте 24 месяца значение индекса шилозадости у коров с генотипом *bGH-AluI<sup>VV</sup>* составляет 211,765 (200,000; 240,972) по сравнению с коровами с генотипами *bGH-AluI<sup>LL</sup>*, *bGH-AluI<sup>LV</sup>* (231,579 (211,111; 247,059) и 224,265 (211,111; 242,105)) соответственно.

В дальнейшем данный генотип был проанализирован относительно показателя продуктивности общей выборки.

В контрольной группе статистически значимых различий между группами с разными генотипами не выявлено.

По данным полученным при определении характеристики продуктивности в основной и контрольной группах коров с разными генотипами полиморфизма *bGHR-Sspl* аулиекольской породы (Me, (25%; 75%)) можно отметить тенденцию к более низким показателям веса в возрастах 3, 9, 18 и 24 месяца у гетерозиготных телят с генотипом *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>* в основной группе. Однако данное наблюдение не подтверждается данными статистической обработки и значениями продуктивности у гетерозигот в контрольной группе.

При оценке групп коров с генотипами *bGHR-Sspl<sup>FF</sup>*, *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>* и *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>* по индексам телосложения было установлено, что в основной выборке по признаку шилозадости наблюдается значительная разница между группами коров с генотипами *bGHR-Sspl<sup>FF</sup>*, *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>* и *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>* в возрастах 18 и 24 месяца. Предпочтительным в обоих возрастах является генотип *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>*, с более низким значением индекса. Тем не менее данное наблюдение не является значимым с точки зрения статистической значимости.

В контрольной группе животных признаков, по которым коровы с генотипами *bGHR-Sspl<sup>FF</sup>*, *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>* и *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>* значимо различались бы между собой также не выявлено.

Из полученных характеристик продуктивности в основной и контрольной группах коров с разными генотипами полиморфизма аулиекольской породы (Me, (25%; 75%)) очевидно, что в основной выборке по признаку живой массы в возрасте 6, 9, 12, 18 и 24 месяца наблюдается статистически значимое различие между группами коров с генотипами *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>*, *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* и *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*. Во всех возрастных категориях предпочтительным является гетерозиготный генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*, а альтернативным гомозиготный *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*.

Необходимо отметить, что среди животных контрольной группы предпочтительным является генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>*, а альтернативным остается генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*. Хотя наблюдаемая тенденция не является статистически значимой.

Анализ индексов телосложения в основной группе показал, что по индексам телосложения достоверная разница между генотипами *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>*, *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*

и *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*, наблюдается по всем индексам и во всех возрастных категориях, за исключением показателя сбитости в возрасте 12 месяцев. Хотя характер изменения сохраняется. Так по всем индексам максимальные значения характерны для гетерозигот с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*. Этот же генотип был предпочтительным по признакам живая масса в возрасте 6, 9, 12, 18 и 24 месяца. Полученные данные демонстрируют, что животные с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* обладают более высоким темпами роста и характеристиками конституции. Исключение составляет индекс шилозадости, который у этой группы животных также выше по сравнению с генотипами *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* и *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*. Однако повышение данного индекса ведет к повышению рисков осложнений при первом отеле.

Наблюдаемое явление может быть объяснено тем, что у гетерозигот экспрессируются оба вида белков инсулиноподобного фактора роста, что повышает его диапазон реактивности и делает более масштабным биохимический отклик на выброс гормона роста.

Альтернативным генотипом во всех случаях является гомозигота по аллелю *bIGF-1-SnaBI<sup>B</sup>*. Эта же тенденция сохраняется в контрольной группе.

Таким образом, в результате сравнения животных аулиекольской пород с разными генотипами в пределах полиморфизмов *bPit-1*, *bGH*, *bGHR*, и *bIGF-1* были выявлены случаи статистически значимого различия в продуктивности у животных с разными генотипами. В таких случаях, генотипы, характеризующиеся повышенной продуктивностью, принимались как предпочтительные, а со сниженной продуктивностью — альтернативные.

Для аулиекольской породы установлено следующее.

Полиморфизм *bPit-1-HinFI* ассоциирован с признаками:

- ◆ живая масса в возрасте 18 и 24 месяца (предпочтительный генотип *bPit-1-HinFI<sup>AA</sup>*);
- ◆ индекс шилозадость в возрасте 18, 24 месяца (наибольшее значение генотип *bPit-1-HinFI<sup>BB</sup>*).

Полиморфизм *bGH-AluI* ассоциирован с признаком шилозадость в возрасте 18, 24 месяца (наибольшее значение генотип *bGH-AluI<sup>LL</sup>*).

Полиморфизм *bIGF-1-SnaBI* ассоциирован с признаками:

- ◆ живая масса в возрасте 6, 9, 12, 18, 24 месяца (наибольшее значение генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*, альтернативный *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*);
- ◆ Сбитость в возрасте 18,24 месяца (наибольшее значение генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*, альтернативный *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*);

- ◆ Костистость в возрасте 12, 18, 24 месяца (наибольшее значение генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*, альтернативный *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*);
- ◆ Растянutosть в возрасте 18, 24 месяца (наибольшее значение генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*, альтернативный *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*);
- ◆ Массивность в возрасте 12, 18, 24 месяца (наибольшее значение генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*, альтернативный *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*);
- ◆ Шилозадость в возрасте 12, 18, 24 месяца (наибольшее значение генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*, альтернативный *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*).

ЛИТЕРАТУРА

1. Aggrey S. E., Yao J., Sabour M. P., Lin C. Y., Zadworny D., Hayes J. F., Kuhnlein U., Markers within the regulatory region of the growth hormone receptor gene and their association with milk-related traits in Holstein // *J. Hered.* — 1999. — № 90. — P. 148–151
2. Maj A., Oprzadek J., Dymnicki E., Zwierzchowski L. Association of the polymorphism in the 5'-noncoding region of the bovine growth hormone receptor gene with meat production traits in polish black-and-white cattle // *Meat Sci.* — 2006. — № 72. — P. 539–544
3. Maj A., Zwierzchowski L. Molecular evolution of coding and non-coding sequences of the growth hormone receptor (GHR) gene in the family bovidae // *Folia Biol.* — Krakow, 2006. — № 54. — P. 31–36
4. Canalis E. Effect of insulin-like growth factor 1 on DNA and protein syndiesis in cultured rat cavaria // *J. Clin. hivist.* — 1980. — № 66. — 709 p
5. Maj A., Strzałkowska N., Stoniewski K., Krzyzewski J., Oprzadek J., Zwierzchowski L. Single nucleotide polymorphism SNP in the 50-noncoding region of the bovine growth hormone receptor gene and its association with dairy production traits in Polish Black-and-White cattle // *Czech Journal of Animal Science.* — 2004. — № 49. — P. 419–429
6. Ge W., Davis M. E., Hines H. C., Irvin K. M. Rapid Communication: Single nucleotide polymorphisms detected in exon 10 of the bovine growth hormone receptor gene // *J. Anim. Sci.* — 2000. — № 78. — P. 2229–2230
7. Blott S., Kim J. J., Moio S., Schmidt-Kuntzel A., Cornet A., Berzi P., Cambisano N., Ford C., Grisart B., Johnson D., Karim L., Simon P., Snell R., Spelman R., Wong J., Vilkki J., Georges M., Farnir F., Coppieters W., Molecular Dissection of a Quantitative Trait Locus. A phenylalanine-to-tyrosine substitution in the transmembrane domain of the bovine growth hormone receptor is associated with a major effect on milk yield and composition // *Genetics.* — 2003. — № 163. — P. 253–266
8. Fontanesy L., Scotti E., Tazzoli M., Davoli R. Investigation of allele frequencies of the growth hormone receptor (GHR) F279Y mytation in dairy and dual purpose cattle breeds // *Ital. J. Anim. Sci.* — 2007. — Vol. 6. — P. 415–420
9. Viitala S., Szyda J., Blood S., Schulman N., Lidauer M., Mäki-Tanila A., Georges M., Vilkki J. H., The role of the bovine growth hormone receptor and prolactin receptor genes in milk, fat and protein production in Finnish Ayrshire cattle // *Genetics.* — 2006. — № 173. — P. 2151–2164
10. Lemay D. G., Lynn D. J., Martin W. F. et al. The bovine lactation genome: insights into the evolution of mammalian milk // *Genome Biology* — 2009. — Vol. 10, issue 4

© Бейшова Индира Салтановна (indira\_bei@mail.ru), Белая Елена Валентиновна (kolyuchka005@rambler.ru), Траисов Балуаш Бакишевич (btraisov@mail.ru), Ковальчук Александр Михайлович (kovalchuk\_s89@mail.ru).  
Журнал «Современная наука: актуальные проблемы теории и практики»



Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова