

## Влияние полиморфизма генов соматотропинового каскада на мясную продуктивность казахской белоголовой породы

**И.С. Бейшова**, к.с.-х.н., **Т.В. Поддудинская**, магистр, Костанайский ГУ; **Б.Б. Трансов**, д.с.-х.н., профессор, НАО Западно-Казахстанский АТУ; **В.И. Косилов**, д.с.-х.н., профессор, ФГБОУ ВО Оренбургский ГАУ

Важным ресурсом увеличения производства высококачественного, биологически полноценного мяса-говядины является специализированное мясное скотоводство [1–3]. В настоящее время достижения молекулярной генетики предоставили возможность анализа генов, связанных с хозяйственно полезными признаками крупного рогатого скота. Выявление предпочтительных вариантов форм генов позволяет наряду с существующими вариантами селекции животных иметь дополнительную характеристику их генотипов на уровне ДНК.

Одними из генов, характеризующих хозяйственно полезные признаки крупного рогатого скота, являются гены соматотропинового каскада. В настоящее время ведётся много работ по изучению ассоциации этих генов как с молочной, так и с мясной продуктивностью [4–8].

Ген гормона роста (*bGH*) расположен на участке хромосомы 19 крупного рогатого скота (National Center for Biotechnology Information). Гормон роста синтезируется в гипофизе и кодируется одним геном, состоящим из пяти экзонов, разделённых интервалом интронов. Шесть участков переменного нуклеотида определены в 5'-фланговом регионе гена и один – в интроне I, позже обнаружены и секвенированы 14 различных гаплотипов GH посредством SSCP-генных технологий [9].

Ещё одним геном-кандидатом обмена веществ является ген инсулиноподобного фактора-1 (*bIGF-1*). Он регулирует рост, развитие, лактацию и участвует в реализации различных физиологических функций в ряду тканей и специфических клеток. Ген *bIGF-1* состоит из шести экзонов и составляет 90 кб хромосомальной ДНК [10]. Для гена *bIGF-1* характерно два лидирующих экзона, а также наличие в области 5'-фланкирующих регионов первого и второго экзонов нескольких сайтов старта транскрипции.

В связи с тем что результаты исследований по генам *bGH* и *bIGF-1* имеют разноплановый характер и установлены различия в зависимости от породной принадлежности и направления продуктивности, в нашем исследовании мы оценили влияние парных сочетаний различных вариантов генов гормона роста и инсулиноподобного фактора-1 на мясную продуктивность крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

**Материал и методы исследования.** Исследования проводили в научно-инновационном центре

при Костанайском государственном университете им. А. Байтурсынова в рамках научного проекта по грантовому финансированию МОН РК № 0115РК01596 «Скрининг на носительство мутаций, детерминирующих развитие наследственных заболеваний, и разработка генетических маркеров для выявления мясной продуктивности племенного крупного рогатого скота отечественной селекции».

Объектом исследования послужила группа животных казахской белоголовой породы (296 гол., ТОО «Жанабек»). Источником информации являлись племенные карты животных и карты учёта продуктивности, предоставленные хозяйствами.

Для всех животных было проведено определение генотипа по полиморфным участкам генов соматотропинового каскада (*bGH*, *bIGF-1*). В соответствии с генотипом животные были разделены на соответствующие группы.

Затем в пределах каждого полиморфизма были установлены предпочтительные и альтернативные генотипы путём сравнения продуктивности групп между собой. Для тех полиморфизмов, у которых различия между предпочтительными и альтернативными генотипами были статистически достоверны, была проведена оценка продуктивности относительно общей выборки. Те генотипы, которые характеризовались достоверно повышенной или достоверно пониженной продуктивностью относительно общей выборки, могут быть рекомендованы в качестве генетических маркеров по данному признаку.

Следующим этапом была оценка продуктивности групп животных с различными парными сочетаниями аллелей исследуемых генов. В исследование парных сочетаний были включены все аллели независимо от их предпочтительности или продуктивности относительно общей выборки.

Оценку темпов роста проводили по параметрам: живая масса новорождённых животных, а также в возрасте 6, 12, 18 и 24 мес. Кроме того, в возрасте 12, 18 и 24 мес. анализировали основные индексы, характеризующие пропорциональность телосложения и позволяющие выявить особенности телосложения, степень развития организма – сбитости, костистости, растянутости, шилозадости и массивности.

Так как характер распределения анализируемых признаков в исследованных группах не имел приближенно нормального распределения и число выявленных животных с редкими генотипами в некоторых случаях было меньше 20, то вся обработка

и интерпретация данных, а также предоставление результатов проводились методами непараметрической статистики. Данные представлены в виде  $M_e$  (25%; 75%), где  $M_e$  – медиана (срединное значение) признака; 25 и 75% – интерквартильный размах признака, характеризующий разброс распределения признака.

Определение предпочтительного и нежелательного генотипов проводилось путём сравнения показателей живой массы у тёлочек с разными генотипами при рождении, а также в возрасте 3, 6, 9, 12, 18 и 24 мес. Также в возрасте 12, 18 и 24 мес. была исследована ассоциация генотипов с индексами телосложения, которые характеризуют мясную продуктивность животных: сбитости, костистости,

растянутости и массивности, и репродуктивную функцию животных: шилозадости.

**Результаты исследования.** Оценка ассоциации генотипа с живой массой по полиморфизму *bGH-AluI* показала, что начиная с 9 мес. группа коров с генотипом *bGH-AluI<sup>LL</sup>* превышала по живому весу группу коров с генотипом *bGH-AluI<sup>LV</sup>*. В возрасте 24 мес. этот показатель различался у групп статистически значимо, что делает возможным рассматривать генотип *bGH-AluI<sup>LL</sup>* как предпочтительный, а генотип *bGH-AluI<sup>LV</sup>* как альтернативный.

Анализ влияния генотипов гормона роста на индексы телосложения по полиморфизму *AluI* выявил, что в группе прослеживались тенденция к снижению индекса шилозадости и повышению

1. Непараметрические характеристики живой массы коров казахской белоголовой породы с разными генотипами по полиморфизму *bIGF-1-SnaBI*

Возраст, мес.	Генотип	$M_e$	Доверительный интервал для медианы		Интерквартильный размах, %	
			ДИ1	ДИ2	25	75
12	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup></i>	307	284	341	284	340
	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i>	326	321	332	289	343
	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>	326	321	332	304	345
	Общая выборка	325	324	326	293	340
18	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup></i>	346	321	387	326	384
	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i>	370	365	376	327	398
	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>	373	365	376	341	401
	Общая выборка	370	367	372	329	384
24	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup></i>	381	363	465	369	435
	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i>	414	383	425	375	435
	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>	411	383	425	377	447
	Общая выборка	411	405	420	374	435

2. Парные сочетания генотипов, ассоциированные с живой массой коров казахской белоголовой породы

Структура диплотипов	Количество животных, гол.	$M_e$	95% доверительный интервал $M_e$		Интерквартильный размах, %	
			ДИ1	ДИ2	25	75
Живая масса в возрасте 9 мес.						
<i>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>	53	253	240	268	231	272
<b><i>bGH-AluI<sup>LV</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i></b>	<b>15</b>	<b>274</b>	<b>274</b>	<b>285</b>	<b>274</b>	<b>285</b>
<b><i>bGH-AluI<sup>LV</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i></b>	<b>31</b>	<b>274</b>	<b>274</b>	<b>280</b>	<b>273</b>	<b>283</b>
Общая выборка	297	270	268	272	240	276
Живая масса в возрасте 12 мес.						
<i>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i>	44	321	289	325	285	326
<i>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>	53	318	293	322	287	326
<b><i>bGH-AluI<sup>LV</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i></b>	<b>15</b>	<b>334</b>	<b>332</b>	<b>351</b>	<b>332</b>	<b>351</b>
<b><i>bGH-AluI<sup>LV</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i></b>	<b>31</b>	<b>334</b>	<b>332</b>	<b>342</b>	<b>329</b>	<b>347</b>
Общая выборка	297	325	324	326	293	340
Живая масса в возрасте 18 мес.						
<i>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>	53	352	329	367	326	372
<b><i>bGH-AluI<sup>LV</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i></b>	<b>15</b>	<b>380</b>	<b>376</b>	<b>405</b>	<b>376</b>	<b>405</b>
<b><i>bGH-AluI<sup>LV</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i></b>	<b>31</b>	<b>381</b>	<b>376</b>	<b>395</b>	<b>375</b>	<b>404</b>
Общая выборка	297	370	367	372	329	384
Живая масса в возрасте 24 мес.						
<i>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup></i>	9	374	363	405	363	385
<i>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>	41	382	374	397	342	405
<b><i>bGH-AluI<sup>LV</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i></b>	<b>13</b>	<b>456</b>	<b>435</b>	<b>492</b>	<b>435</b>	<b>481</b>
<b><i>bGH-AluI<sup>LV</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i></b>	<b>26</b>	<b>447</b>	<b>434</b>	<b>475</b>	<b>431</b>	<b>478</b>
Общая выборка	257	411	405	420	374	435

индекса массивности у коров с генотипом *bGH-AluI<sup>LL</sup>* по сравнению с коровами с генотипом *bGH-AluI<sup>LV</sup>*. Это характеризовало данную группу как более мясную с улучшенной репродуктивной функцией. Однако результаты статистической обработки не подтверждают значимости сделанных наблюдений.

По полиморфизму *bIGF-1-SnaBI* были найдены статистически значимые различия по признаку живой массы в возрасте 12, 18 и 24 мес. между животными с генотипами *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>*, *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* и *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*. Предпочтительными генотипами являются генотипы *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* и *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*. Генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>* у коров казахской белоголовой породы является альтернативным и характеризуется сниженной живой массой коров в возрасте 12, 18 и 24 мес.

Животные казахской белоголовой породы с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* характеризовались более низкими значениями индексов растянутости и массивности в возрасте 18 и 24 мес., что свидетельствует в пользу более низкой мясной продуктивности при одинаковой живой массе с другими группами. В то же время эти животные отличались

более низким индексом шилозадости, что в свою очередь является преимуществом для реализации репродуктивной функции у коров.

Далее был применён способ дополнительной оценки фенотипического эффекта генотипов для полиморфизмов, которые являются потенциальными генетическими маркерами продуктивности. Он предполагает после определения предпочтительного и нежелательного генотипов для данного полиморфизма сопоставление показателей продуктивности этих групп животных с показателями продуктивности общей выборки.

Данные, характеризующие продуктивность казахских белоголовых коров по признаку живой массы, приведены в таблице 1.

Из приведённых в таблице данных следует, что коровы с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* во всех возрастах характеризовались пониженной живой массой по отношению к животным с генотипами *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* и *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*. Так, в возрасте 12 мес. этот показатель колебался в пределах 284–341 кг для коров с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* по сравнению с 321–332 кг у коров с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* и *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*. В возрасте 18

3. Парные сочетания генотипов, ассоциированные с индексом костистости коров казахской белоголовой породы

Структура диплотипа	Количество животных, гол.	M <sub>c</sub>	95% доверительный интервал M <sub>c</sub>		Интерквартильный размах, %	
			ДИ1	ДИ2	25	75
Индекс костистости в возрасте 12 мес.						
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></b>	<b>53</b>	<b>14,159</b>	<b>14,035</b>	<b>14,679</b>	<b>13,913</b>	<b>15,044</b>
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	15,789	15,517	16,071	15,517	16,071
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	15,789	15,596	15,929	15,517	16,071
Индекс костистости в возрасте 18 мес.						
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></b>	<b>53</b>	<b>14,530</b>	<b>14,407</b>	<b>14,783</b>	<b>14,407</b>	<b>15,652</b>
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	16,102	16,102	16,379	16,102	16,379
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	16,102	16,102	16,239	16,102	16,379
Общая выборка	297	15,385	14,783	15,789	14,407	16,239
Индекс костистости в возрасте 24 мес.						
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></b>	<b>41</b>	<b>15,000</b>	<b>14,634</b>	<b>15,000</b>	<b>13,934</b>	<b>15,126</b>
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	13	16,667	16,667	16,949	16,667	16,807
Общая выборка	257	15,254	15,126	15,625	14,876	16,667

4. Парные сочетания генотипов, ассоциированные с индексом массивности коров казахской белоголовой породы

Структура диплотипа	Количество животных, гол.	M <sub>c</sub>	95% доверительный интервал M <sub>c</sub>		Интерквартильный размах, %	
			ДИ1	ДИ2	25	75
Индекс массивности в возрасте 12 мес.						
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></b>	<b>53</b>	<b>97,345</b>	<b>94,737</b>	<b>100,000</b>	<b>93,750</b>	<b>103,774</b>
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	109,483	107,080	120,536	107,080	120,536
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	109,649	107,080	116,379	106,195	118,421
Общая выборка	297	102,655	100,000	104,425	94,737	111,404
Индекс массивности в возрасте 18 мес.						
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></b>	<b>53</b>	<b>100,855</b>	<b>98,305</b>	<b>101,739</b>	<b>96,610</b>	<b>106,140</b>
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	114,407	110,169	125,000	110,169	125,000
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	115,254	110,169	121,186	109,483	123,684
Общая выборка	297	105,932	102,542	106,838	98,305	116,949

и 24 мес. это соотношение составляло 321–387 к 365–376 кг и 363–465 к 383–425 кг соответственно.

Однако группа с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* деконсолидирована, и её размах признака находился за пределами и верхнего, и нижнего доверительного интервала медианы общей выборки. Причём данная тенденция прослеживается на всех возрастных категориях.

Таким образом, необходимо констатировать, что для коров казахской белоголовой породы генетических маркеров мясной продуктивности среди полиморфных генов соматотропинового каскада не выявлено.

Тем не менее все обнаруженные генотипы были включены в анализ парных сочетаний полиморфизмов независимо от результатов этого этапа исследования.

В результате анализа парных сочетаний генотипов полиморфных генов соматотропинового каскада удалось выявить диплотипы, значимо ассоциированные со всеми исследуемыми признаками.

В таблице 2 представлены структуры и непараметрические характеристики диплотипов, ассоциированных с живой массой коров казахской белоголовой породы.

Из данных, приведённых в таблице 2, видно, что присутствие в диплотипе генотипа *bGH-AluI<sup>LV</sup>* повышает живую массу телят в возрасте 9–24 мес.

В таблице 3 приведены характеристики диплотипов, значимо ассоциированных с индексом костистости в возрасте 12–24 мес. у коров казахской белоголовой породы.

По данным таблицы 3 можно отметить, что так же, как и по признаку живой массы, присутствие в диплотипе генотипа *bGH-AluI<sup>LV</sup>* приводило к повышению индекса костистости относительно общей выборки. Также выявлено, что присутствие

в диплотипе генотипа *bGH-AluI<sup>LL</sup>* снижало индекс костистости у таких коров.

В таблице 4 приведены результаты исследования диплотипов группы коров казахской белоголовой породы на предмет ассоциации с индексом массивности.

Характер влияния полиморфизма *bGH-AluI* на индекс массивности у казахской белоголовой сохранялся, как и для других индексов. А именно присутствие генотипа *bGH-AluI<sup>LL</sup>* превращало диплотип в понижающий массивность животных в возрасте 18, 24 мес., а присутствие генотипа *bGH-AluI<sup>LV</sup>* превращало диплотип в повышающий массивность у животных.

Диплотипы, ассоциированные с индексом растянутости, приведены и охарактеризованы в таблице 5.

Анализ таблицы 5 показал, что присутствие в диплотипе генотипа *bGH-AluI<sup>LV</sup>* приводило к повышению индекса, а присутствие генотипа *bGH-AluI<sup>LL</sup>* приводило к снижению данного индекса.

В таблице 6 указан анализ структуры диплотипов, ассоциированных с индексом сбитости у коров казахской белоголовой породы.

По данным таблицы 6 можно отметить, что, как и в вышеописанных случаях, присутствие генотипа *bGH-AluI<sup>LL</sup>* превращало диплотип в понижающий сбитость животных в возрасте 12 и 18 мес., а присутствие генотипа *bGH-AluI<sup>LV</sup>* превращало диплотип в повышающий сбитость.

Диплотипы, значимо ассоциированные с индексом шилозадости относительно общей выборки, приведены и описаны в таблице 7.

По данным, приведённым в таблице 7, можно отметить, что диплотипы, в структуру которых входит генотип *bGH-AluI<sup>LL</sup>* ассоциированы с пониженным индексом шилозадости у казахских белоголовых коров в возрасте 12, 18 и 24 мес., а

5. Парные сочетания генотипов, ассоциированные индексом растянутости коров казахской белоголовой породы

Структура диплотипа	Количество животных, гол.	M <sub>c</sub>	95% доверительный интервал M <sub>c</sub>		Интерквартильный размах, %	
			ДИ1	ДИ2	25	75
Индекс растянутости в возрасте 12 мес.						
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></b>	<b>53</b>	<b>115,652</b>	<b>112,963</b>	<b>117,593</b>	<b>111,304</b>	<b>120,175</b>
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	123,684	122,321	127,103	122,321	127,103
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	123,894	122,414	125,893	121,818	126,852
Общая выборка	297	119,643	118,103	120,721	112,963	124,545
Индекс растянутости в возрасте 18 мес.						
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></b>	<b>53</b>	<b>118,644</b>	<b>117,241</b>	<b>119,492</b>	<b>115,254</b>	<b>122,034</b>
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	127,966	124,561	137,288	124,561	137,288
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	128,696	124,576	131,897	123,684	135,088
Общая выборка	297	120,690	119,658	122,034	117,241	130,508
Индекс растянутости в возрасте 24 мес.						
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup></b>	<b>9</b>	<b>118,852</b>	<b>111,111</b>	<b>126,891</b>	<b>111,864</b>	<b>125,833</b>
<b>bGH-AluI<sup>LL</sup>-bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></b>	<b>41</b>	<b>124,576</b>	<b>117,797</b>	<b>126,667</b>	<b>108,333</b>	<b>127,119</b>
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	13	139,496	137,705	153,846	137,705	147,656
bGH-AluI <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	26	138,655	137,500	141,525	137,500	144,167
Общая выборка	257	127,966	126,891	131,092	120,313	138,333

6. Парные сочетания генотипов, ассоциированные с индексом сбитости коров казахской белоголовой породы

Структура диплотипа	Количество животных, гол.	M <sub>c</sub>	95% доверительный интервал M <sub>c</sub>		Интерквартильный размах, %	
			ДИ1	ДИ2	25	75
Индекс сбитости в возрасте 12 мес.						
bGH-Alu <sup>LL</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	53	84,375	82,353	85,401	82,031	86,538
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	89,344	88,281	92,398	88,281	92,398
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	89,431	88,281	90,984	88,060	92,216
Общая выборка	297	86,131	85,507	86,567	82,353	89,552
Индекс сбитости в возрасте 18 мес.						
bGH-Alu <sup>LL</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	53	84,375	83,140	85,326	82,270	87,050
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	89,404	88,636	90,476	88,636	90,476
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	89,474	88,636	90,071	88,235	90,278
Общая выборка	297	86,765	85,475	87,500	83,140	89,744
Индекс сбитости в возрасте 24 мес.						
bGH-Alu <sup>LL</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AA</sup>	9	81,457	79,870	84,242	79,894	83,553
bGH-Alu <sup>LL</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	41	82,836	81,098	83,889	79,394	84,375
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	13	89,944	88,636	93,939	88,667	92,121
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	26	89,543	87,879	91,453	87,586	91,515
Общая выборка	257	85,000	84,242	85,714	81,457	88,816

7. Парные сочетания генотипов, ассоциированные с индексом шилозадости коров казахской белоголовой породы

Структура диплотипа	Количество животных, гол.	M <sub>c</sub>	95% доверительный интервал M <sub>c</sub>		Интерквартильный размах, %	
			ДИ1	ДИ2	25	75
Индекс шилозадости в возрасте 18 мес.						
bGH-Alu <sup>LL</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	53	212,500	205,882	218,750	200,000	227,778
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	244,444	237,500	258,824	237,500	258,824
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	244,444	237,500	253,333	235,714	258,824
Общая выборка	297	223,529	220,000	228,571	205,882	250,000
Индекс шилозадости в возрасте 12 мес.						
bGH-Alu <sup>LL</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	53	213,333	208,333	220,000	206,250	230,769
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	15	247,059	238,462	258,824	238,462	258,824
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	31	247,059	240,000	253,333	235,714	256,250
Общая выборка	297	226,667	222,222	233,333	208,333	250,000
Индекс шилозадости в возрасте 24 мес.						
bGH-Alu <sup>LL</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AA</sup>	9	207,143	200,000	218,750	200,000	211,111
bGH-Alu <sup>LL</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	41	210,526	206,667	214,286	200,000	220,000
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>AB</sup>	13	253,333	242,857	285,714	243,750	275,000
bGH-Alu <sup>LV</sup> -bIGF-1-SnaBI <sup>BB</sup>	26	250,000	241,176	271,429	240,000	271,429
Общая выборка	257	222,222	218,750	227,778	207,143	244,444

диплотипы, содержащие в своей структуре генотип bGH-Alu<sup>LV</sup>, значимо ассоциированы с повышенным индексом шилозадости.

**Выводы.** По результатам оценки ассоциации парных сочетаний генотипов полиморфных генов соматотропинового каскада с признаками мясной продуктивности в группе казахской белоголовой породы можно отметить следующее.

1. Присутствие в диплотипах генотипа bGH-Alu<sup>LL</sup> приводило к снижению признаков мясной продуктивности относительно общей выборки, а присутствие генотипа bGH-Alu<sup>LV</sup> к повышению, несмотря на то, что отдельно для этих генотипов ассоциация с признаками мясной продуктивности не установлена.

2. Анализ влияния отдельных полиморфизмов на мясную продуктивность показал, что характер

ассоциации может меняться в разных возрастах, а диплотипы, ассоциированные с повышенной или пониженной продуктивностью, сохраняли свою динамику от возраста к возрасту.

3. Генотипы, которые по отдельности не ассоциированы с признаками мясной продуктивности, в парных сочетаниях могут проявлять повышенный или пониженный, статистически значимый фенотипический эффект по сравнению с общей выборкой. Такие сочетания могут быть применены в качестве генетических маркеров продуктивности в селекционных программах. В структуру диплотипов, ассоциированных как с повышенной, так и с пониженной продуктивностью, входят полиморфизмы, для которых не только не выявлена ассоциация с продуктивностью, но даже и гомо- и гетерозиготы по продуктивности не отличаются между собой.

4. Генетические маркеры, представляющие собой диплоиды, зачастую характеризовались более выраженным фенотипическим эффектом, чем отдельные маркирующие генотипы.

### Литература

1. Мироненко С.И., Косилов В.И., Жукова О.А. Особенности воспроизводительной функции тёлочек и первотёлочек на Южном Урале // Вестник мясного скотоводства. 2009. Т. 2. № 62. С. 48–56.
2. Косилов В.И., Губашев Н.М., Насамбаев Е.Г. Повышение мясных качеств казахского белоголового скота путём скрещивания // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2007. № 1 (13). С. 91–93.
3. Бозымов К.К. Приоритетное развитие специализированного мясного скотоводства – путь к увеличению производства высококачественной говядины / К.К. Бозымов, Р.К. Абжанов, А.Б. Ахметалиева, В.И. Косилов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2012. № 3 (35). С. 129–131.
4. Михайлова М.Е., Белая Е.В. Влияние полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада bGH, bGHR и bIGF-1 на признаки молочной продуктивности у крупного рогатого скота голштинской породы // Доклады Национальной академии наук Беларуси. 2011. Т. 55. № 2. С. 63–69.
5. Adams L.J., Madox J. F. A dinucleotide repeat polymorphism in the ovine insulin-like growth factor-I gene 5'-flanking region // Animal Genetics. 1994. № 25. P. 61–65.
6. Adam C.L., Gadd T.S., Findlay P.A., Wathes D.C. IGF-I stimulation of luteinizing hormone secretion, IGF-binding proteins and expression of mRNAs for IGFs, IGF receptors and IGF-BPs in the bovine pituitary gland // Journal Endocrinology. 2000. V. 166. P. 247–254.
7. Hines H.C., Ge W, Zhao Q., Davis M.E. Association of genetic markers in growth hormone and insulin-like growth factor I loci with lactation traits in Holsteins // Animal Genetics. 1998. V.29. P. 69–76.
8. Седых Т.А. Полиморфизм генов гормона роста и диацилглицерол-ацилтрансферазы у бычков мясных пород // Ученые записки УО ВГАВМ. 2017. Т. 53. № 1. С. 266–269.
9. Shimatsu A., Rotwein P. Sequence of two rat insulin-like growth factor I mRNAs differing within the 5'-untranslated region // Nucleic Acids Research. 1987. V. 15. P. 7196–7205.
10. Hammami H., Rekik B., Soyeurt H. Genotype x environment interaction for milk yield in Holsteins using Luxembourg and Tunisian populations // Journal of Dairy Science. 2008. V. 91. № 9. P. 3661–3671.