

The formation of indicators of sexual dimorphism on the biological characteristics of sheep is influenced by the mechanisms of natural and artificial selection. In this regard, dimorphism in the parameters of sexual characteristics persists until the requirements for the selection of animals of each sex are identified. If females increase the level of selection parameters on the signs of animals, then in the future differences of sexual dimorphism gradually approach. Sexual dimorphism is considered one of the many mechanisms of the evolutionary process, not just the way of reproduction. In terms of the size of the bodies of lambs there was a low rate of sexual dimorphism: head wrappers - 0.1-0.4 cm. In other body parameters, the rate of sexual dimorphism was moderate.

УДК 34.23.59

**Наметов А.М.<sup>1</sup>**, доктор ветеринарных наук, профессор

**Бейшова И.С.<sup>1</sup>**, кандидат сельскохозяйственных наук, профессор

**Белая Е.В.<sup>2</sup>**, кандидат биологических наук

**Ковальчук А.М.<sup>1</sup>**, магистр ветеринарных наук

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

УО «Белорусский государственный педагогический университет имени Максима Танка»,  
г.Минск, Республика Беларусь

## **АНАЛИЗ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ ПОГОЛОВЬЯ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА АБЕРДИН - АНГУССКОЙ ПОРОДЫ КАЗАХСТАНСКОЙ СЕЛЕКЦИИ**

### **Аннотация**

Использование идентификации генов, контролирующих количественные признаки, такие как мясная продуктивность, рост и развитие животных позволяют дополнить существующие на сегодняшний день методы селекции животных. Особо важное место для изучения уделяется полиморфизму ДНК в генах транскрипционных факторов. В организме животных транскрипцию генов, участвующих в процессах роста и развития животного осуществляют гены *bGHR* и *IGF-1*, которые можно рассматривать в качестве генов-кандидатов хозяйственно полезных признаков животных. В данной работе представлена частота встречаемости генотипов генов и аллелей *bGHR* и *IGF-1* в выборке поголовья крупного рогатого скота абердин-ангусской породы казахстанской селекции.

Частота встречаемости генотипов у абердин-ангусской породы КРС составила 73,4% для *bGHR-SspI<sup>FF</sup>*, 23,2% для *bGHR-SspI<sup>FY</sup>* и 3,4% для *bGHR-SspI<sup>YY</sup>*, что практически соответствует ожидаемому распределению частот генотипов. Распределение относительных частот *SspI*-полиморфных аллелей гена *bGHR* составила 0,850 для *bGHR-SspI<sup>F</sup>* и 0,150 для *bGHR-SspI<sup>Y</sup>*.

Распределение частот генотипов полиморфного гена *bIGF-1* составило 28,9% для *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>*, 47,98% для *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* и 23,12% для *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*, что также соответствует ожидаемому распределению частот генотипов, как и в случае с полиморфизмом *bGHR-SspI*. Распределение относительных частот *SnaBI*-полиморфных аллелей гена *bIGF-1* в популяции животных породы абердин-ангусс казахстанской селекции составило 0,529 для *bIGF-1-SnaBI<sup>A</sup>* и 0,471 для *bIGF-1-SnaBI<sup>B</sup>*.

**Ключевые слова:** полиморфизм, мясная продуктивность, абердин-ангусс, селекция, гены соматотропного каскада.

**Введение.** На сегодняшний день развитие животноводства во всем мире в целом, и в Республике Казахстан, в частности, невозможно без использования современных методов генетики и молекулярной биологии. Поэтому внедрение молекулярно-генетических методов в селекционную практику животноводческих предприятий является актуальной задачей.

Внедрение молекулярно-генетических методов в селекционную практику дало ряд преимуществ перед традиционными методами селекции [1].

В связи с этим, для повышения мясной продуктивности у крупного рогатого скота, наряду с другими мерами, немаловажное значение имеет разработка современных эффективных методов селекции, в том числе и маркерной, которая может выступать в качестве действенного дополнения к традиционной, благодаря возможности проводить оценку генетического потенциала животного в раннем возрасте и независимо от пола [2].

Оценка животных по генетическим маркерам является более эффективной, если в неё включены гены одного физиологического пути, так как в таком случае экспрессия одного гена влияет на экспрессию всех остальных. Следовательно, при анализе комплексного влияния полиморфизмов на исследуемые признаки, обнаруживаются парные сочетания с потенцирующим действием [3].

Большой интерес для повышения мясной продуктивности крупного рогатого скота представляют гены соматотропинового каскада, белковые продукты которых являются ключевыми звеньями одной гуморальной цепи, участвующей как в процессе лактации, так и в процессах роста и развития млекопитающих (*bGH*, *bGHR*, *bIGF-1*) [4]. Следовательно, изучение полиморфизмов этих генов является перспективным с точки зрения поиска маркеров, ассоциированных с признаками и молочной, и мясной продуктивности у крупного рогатого скота.

Известно, что гормон роста и целый ряд других белков (прямо или косвенно необходимых для его функционирования) обеспечивают разнообразные молекулярные и клеточные эффекты, приводящие, в конечном счёте, к развитию и росту организма. Эти белки составляют своеобразную ось («axis») или систему, которая запускает и контролирует совокупность метаболических процессов, ведущих к росту и связанных с клеточной дифференцировкой.

Таким образом, изучение биологических и генетических закономерностей, влияющих на процессы роста и развития, а также возможность применения полученных знаний в практике современного животноводства и селекционного процесса позволит получить животных с новыми качественными хозяйственно полезными признаками [5].

Исходя из вышесказанного, целью данной работы был анализ генетической структуры поголовья крупного рогатого скота абердин-ангусской породы казахстанской селекции на наличие и частоту полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада: *bGHR-SspI* и *bIGF-1-SnaBI* для оценки и изучения их в качестве генетических маркеров мясной продуктивности.

**Материалы и методы исследования.** Объектом изучения послужила популяция крупного рогатого скота казахстанской селекции абердин-ангусской породы, разводимая на территории Костанайской области (ТОО «Север-Агро Н» и КХ «Сейдахметова»). Всего исследовано в общей сложности 200 голов крупного рогатого скота.

Исследования проведены в период с 2018 по 2019 годы на базе отдела молекулярно-генетических исследований испытательной лаборатории производства продуктов питания научно – инновационного центра Костанайского государственного университета имени А. Байтурсинова.

Материалом для исследования служила цельная кровь. ДНК из крови выделяли при помощи коммерческого набора «PureLink Genomic DNA Kits» (производитель Thermo Fisher Scientific, США), согласно инструкции производителя.

Объем реакционной смеси для исследуемых полиморфных генов соматотропинового каскада составлял 20 мкл и содержал 10x Taq Buffer KCL – 2 мкл, dNTP (10 mM) – 0,4 мкл, праймер F, R (10 pM) – по 1 мкл, Taq DNA Polymerase 5U/μl – 0,3 мкл, MgCl<sub>2</sub> (25 mM) – 2 мкл, деионизированную воду – 12,3 мкл.

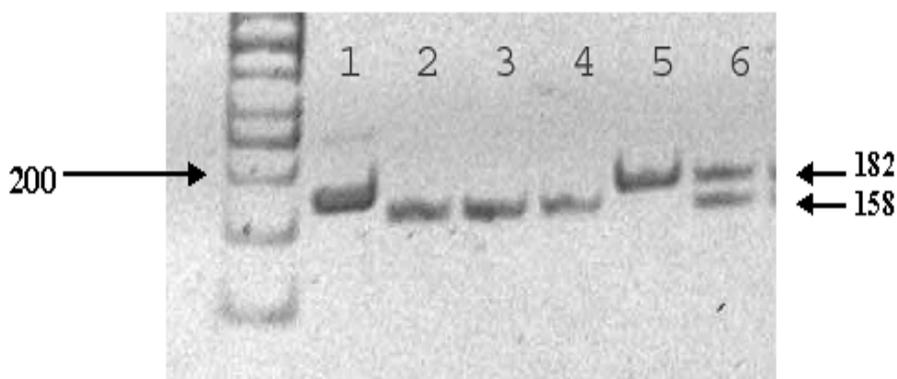
Последовательности праймеров и условия ПЦР для анализа каждого полиморфизма приведены в таблице 1.

Таблица 1 – Индивидуальные характеристики условий ПЦР для исследуемых полиморфных локусов генов соматотропного каскада

Полиморфизм	Условия амплификации	Последовательности праймеров
<i>bGHR</i> -SspI	95°C – 3 мин; (95°C – 30 сек; 63°C – 30 сек; 72°C – 30 сек) x 30 циклов; 72°C – 10 мин; 12°C – 5 мин	F -5'- aatactgggctagcagtgacaatat-3'
		R - 5'-acgtttcactgggtgatga-3'
<i>bIGF-1</i> -SnaBI	95°C – 5 мин; (95°C – 30 сек; 62°C – 30 сек; 72°C – 30 сек) x 40 циклов; 72°C – 10 мин	F - 5'-attacaagctgctgcccc -3'
		R -5'- accttaccctgatgaaggaatatacgt-3'

Детекцию ПЦР-продуктов проводили в 2%-ом агарозном геле в течении 1 часа при 110 V, интерпретацию фрагментов после рестрикции осуществляли в 3%-ом агарозном геле в течении 2 часов при 90V.

Анализ полиморфизма нуклеотидной последовательности гена *bGHR* в экзоне 8 проводился с помощью рестриктазы SspI. Рестриктаза SspI распознает T→A транзицию в экзоне 8. Данная SNP вызывает подстановку полярного, хотя и незаряженного остатка тирозина вместо нейтрального фенилаланина в положении 279 белка. Сайтом узнавания для рестриктазы является последовательность AAT↓ATT. Разрезаемый ферментом амплификат содержит нуклеотид T соответствующий аллелю *bGHR*-SspI<sup>F</sup>. В случае присутствия A-нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как *bGHR*-SspI<sup>Y</sup>. Длина амплифицируемого фрагмента гена *bGHR* составляет 182 п.н. Длина фрагментов после рестрикции 158 и 24 п.н. На электрофореграмме могут быть видны варианты полос определенной длины, характерные для генотипов: одна полоса 182 п.н. (генотип *bGHR*-SspI<sup>YY</sup>), две полосы 158 и 24 п.н. (генотип *bGHR*-SspI<sup>FF</sup>); три полосы – 182, 158 и 24 п.н. (генотип *bGHR*-SspI<sup>FY</sup>). Фрагмент 24 п.н. на агарозном геле не визуализируется (рисунок 1).



дорожка 1 – ПЦР-продукт 182 п.н. фрагмента гена *bGHR*-SspI; дорожки 2, 3, 4 – фрагмент рестрикции 158 п.н., соответствующий генотипу *bGHR*-SspI<sup>FF</sup>; дорожка 5 – фрагмент рестрикции 182 п.н., соответствующий генотипу *bGHR*-SspI<sup>YY</sup>; дорожка 6 – фрагменты рестрикции 182 и 158 п.н., соответствующие генотипу *bGHR*-SspI<sup>FY</sup>. Фрагмент 24 п.н. не визуализируется. Использован маркер молекулярных масс O’RangeRuler™ 50 bp DNA Ladder, Fermentas, Литва. Положение на геле специфических полос показано стрелками. Электрофорез проводили в 2% агарозном геле (SeaKemLEAgarose, Lonza, США)

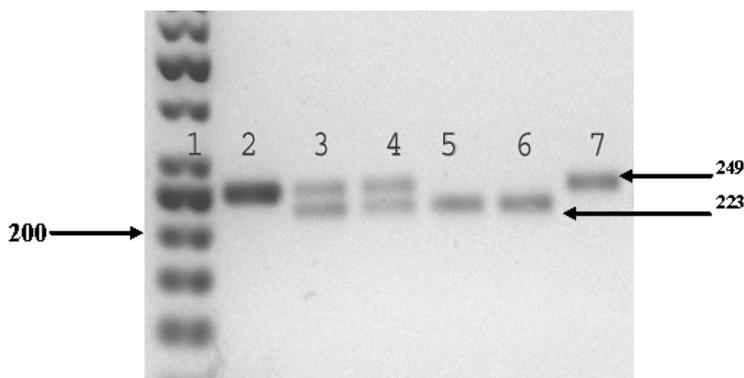
Рисунок 1 – Электрофореграмма ДНК-типирования полиморфизма *bGHR*-SspI [6]

Полиморфизм нуклеотидной последовательности гена инсулиноподобного фактора роста-1 *bIGF-1* в области P1 промоторного региона идентифицирован как T→C трансверсия. Эта замена распознается рестриктазой SnaBI. Было выявлено два аллеля: аллель *bIGF-1*-SnaBI<sup>A</sup> (с нуклеотидом T), разрезаемый ферментом, и аллель *bIGF-1*-SnaBI<sup>B</sup> с нуклеотидом C, характеризующийся отсутствием сайта рестрикции. Амплифицируется фрагмент гена *bIGF-1* длиной 249 п.н. Длина фрагментов после рестрикции составляет 223 и 26 п.н. На

электрофореграмме могут быть видны варианты полос определенной длины, характерные для генотипов: одна полоса 249 п.н. (генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*); две полосы 223 и 26 п.н. (генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>*); три полосы 249, 223 и 26 п.н. (генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*). Фрагмент 26 п.н. на агарозном геле не визуализируется (рисунок 2).

Исследование генетической структуры анализируемых популяций абердин-ангусской породы животных включает сравнение выборок по распределению частот аллельных вариантов генов соматотропинового каскада, а также оценку соответствия распределения частот генотипов теоретически ожидаемому в соответствии с законом Харди-Вайнберга.

Частоты генотипов определяются методом прямого подсчета.



дорожка 1 – маркер молекулярных масс O’Range Ruler™ 50 bp DNA Ladder, Fermentas, Литва; дорожка 2 – ПЦР-продукт 249 п.н. фрагмента гена *bIGF-1-SnaBI*; дорожки 3, 4 – фрагменты рестрикции 249 и 223 п.н., соответствующие генотипу *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*; дорожка 5, 6 – фрагмент рестрикции 223 п.н., соответствующий генотипу *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>*; дорожка 7 – фрагмент рестрикции 249 п.н., соответствующий генотипу *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*. Фрагмент 26 п.н. не визуализируется. Положение на геле специфических полос показано стрелками. Электрофорез проводили в 2% агарозном геле (SeaKemLEAgarose, Lonza, США)

Рисунок 2 – Электрофореграмма ДНК-типирования полиморфизма *bIGF-1-SnaBI* [7]

Относительные частоты аллелей исследуемых генов по формуле 1:

$$Q_{(A)} = (2N_1 + N_2) / 2n, \quad (1)$$

где  $N_1$  – число гомозигот по исследуемому аллелю,  $N_2$  – число гетерозигот,  $n$  – объем выборки [8].

Статистическую ошибку относительных частот аллелей вычисляют по формуле 2:

$$S_Q = \sqrt{Q(1-Q)/2n}, \quad (2)$$

где  $Q$  – относительная частота исследуемого аллеля,  $n$  – объем выборки [9].

Сравнение выборок по распределению частот аллельных вариантов исследуемых генов проводят с помощью критерия  $\chi^2$ , формула 3. Число степеней свободы = 1:

$$\chi^2 = \sum (H_o - H_e) / H_e, \quad (3)$$

где,  $H_o$  – наблюдаемые частоты аллелей,  $H_e$  – ожидаемые частоты аллелей [9].

В случае, если ожидаемые значения численности хотя бы в одном из классов оказывается меньше пяти, то расчет  $\chi^2$  осуществлялся с поправкой Йетса, формула 4:

$$\chi^2 = \sum ((H_o - H_e) - 0,5)^2 / H_e, \quad (4)$$

Соответствие фактического распределения генотипов теоретически ожидаемому в соответствии с законом Харди-Вайнберга оценивается с помощью критерия  $\chi^2$ , формула 5. Число степеней свободы равняется 1 (число генотипов минус число аллелей).

$$\chi^2 = \sum (H_o - H_e)^2 / H_e, \quad (5)$$

где,  $H_o$  – наблюдаемые частоты генотипов,  $H_e$  – ожидаемые частоты генотипов,  $AA=p^2$ ,  $AB=2pq$ ,  $BB=q^2$  [9].

В случае, если ожидаемые значения численности хотя бы в одном из классов оказывается меньше пяти, то расчет  $\chi^2$  осуществляется с поправкой Йетса:

$$\chi^2 = \sum (H_o - H_e - 0,5)^2 / H_e, \quad (6)$$

Допустимое значение  $\chi^2$  для одной степени свободы и 5%-ного уровня значимости составляет 3,84 [9].

**Результаты исследования и обсуждение.** Анализ генетической структуры популяции включает исследование характера распределения генотипов, соответствие его теоретически ожидаемому, по закону Харди-Вайнберга, а также анализ распределения частот аллелей исследуемых полиморфных генов соматотропинового каскада.

Характер распределения генотипов полиморфных генов *bGHR*, *bIGF-1* отражены в таблице 2.

Таблица 2 – Распределение частот генотипов полиморфных генов *bGHR* (n= 177), *bIGF-1* (n= 173) в выборке животных породы абердин-ангусс

Генотип	n наблюдаемое	% от n	n ожидаемое	% от n	$\chi^2$
<i>bGHR-SspI<sup>FF</sup></i>	130	73,4	128	72,3	1,44
<i>bGHR-SspI<sup>FY</sup></i>	41	23,2	45	25,4	
<i>bGHR-SspI<sup>YY</sup></i>	6	3,4	4	2,3	
<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup></i>	50	28,90	48	27,75	1,44
<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i>	83	47,98	87	50,29	
<i>bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>	40	23,12	38	21,96	

Примечание – отклонение наблюдаемых частот генотипов от теоретически ожидаемых по закону Харди – Вайнберга значимо при  $\chi^2 \geq 3,84$

Исходя из данных распределения частот генотипов полиморфных генов *bGHR* в выборке животных породы абердин-ангусс, указанных в таблице 2 следует, что в случае с полиморфизмом *bGHR-SspI* распределение наблюдаемых и ожидаемых частот аллелей находится практически на одинаковом уровне. На первом месте по частоте в данном случае гомозиготы *bGHR-SspI<sup>FF</sup>*, на втором гетерозиготы *bGHR-SspI<sup>FY</sup>* и меньше всего в исследованной популяции наблюдается гомозигот *bGHR-SspI<sup>YY</sup>*. Их процентное соотношение составило 73,4%, 23,2% и 3,4% соответственно. К сожалению, данные по частоте генотипов этого полиморфизма для породы абердин-ангусс в литературе отсутствуют. Тем не менее, можно отметить, что некоторое превышение в популяции частот генотипа *bGHR-SspI<sup>FF</sup>* свидетельствует о положительной ассоциации гомозиготности гена рецептора гормона роста с хозяйственно-полезными признаками. Так же можно предположить, что гетерозиготный генотип *bGHR-SspI<sup>FY</sup>* является предпочтительным по каким-либо качествам фенотипа по сравнению с генотипом *bGHR-SspI<sup>YY</sup>*.

По данным, приведенным в таблице 2 видно, что по данному полиморфизму распределение генотипов в популяции не значимо отклоняется от теоретически ожидаемого по закону Харди–Вайнберга. В частности, наблюдается превышение количества наблюдаемых в популяции гомозигот *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* (28,9% наблюдаемых по отношению к 27,75% теоретически ожидаемых по закону Харди-Вайнберга). Что позволяет предположить ассоциацию этого генотипа с некоторыми селекционными преимуществами у животных носителей. Литературные данные по частоте генотипов полиморфизма *bGHR-SspI* для породы абердин-ангусс в литературе отсутствуют.

Результаты оценки распределения относительных частот *SspI* – полиморфных аллелей гена *bGHR* в популяции животных породы абердин-ангусс казахстанской селекции приведены в таблице 3.

Таблица 3 – Распределение относительных частот SspI-полиморфных аллелей гена *bGHR* в популяции животных породы абердин-ангусс казахстанской селекции ( $Q \pm S_0$ )

Полиморфизм	Аллель	Наблюдаемые частоты аллелей	Относительные частоты аллелей
<i>bGHR</i> -SspI	<i>bGHR</i> -SspI <sup>F</sup>	301	0,850±0,002
	<i>bGHR</i> -SspI <sup>Y</sup>	53	0,150±0,002

Из таблицы 3 видно, что аллель *bGHR*-SspI<sup>F</sup> является наиболее распространенным по сравнению с аллелем *bGHR*-SspI<sup>Y</sup>. К сожалению, как указывалось выше, данные распределения относительных частот SspI-полиморфных аллелей гена *bGHR* у животных породы абердин-ангусс в литературе отсутствуют.

Результаты оценки распределения относительных частот SnaBI – полиморфных аллелей гена *bIGF-1* в популяции животных породы абердин-ангусс казахстанской селекции приведены в таблице 5.

Таблица 4 – Распределение относительных частот SnaBI – полиморфных аллелей гена *bIGF-1* в популяции животных породы абердин-ангусс казахстанской селекции ( $Q \pm S_0$ )

Полиморфизм	Аллель	Наблюдаемые частоты аллелей	Относительные частоты аллелей
<i>bIGF-1</i> -SnaBI	<i>bIGF-1</i> -SnaBI <sup>A</sup>	183	0,529±0,003
	<i>bIGF-1</i> -SnaBI <sup>B</sup>	163	0,471±0,003

Из представленных в таблице 5 данных видно, что соотношение относительных частот аллелей *bIGF-1*-SnaBI<sup>A</sup> и *bIGF-1*-SnaBI<sup>B</sup> составляет 0,529 к 0,471 соответственно. Это несколько отличается от соотношения аллелей по полиморфизму *bGHR*-SspI. Данные по соотношению относительных частот аллелей полиморфизма *bIGF-1*-SnaBI у породы абердин-ангусс у других авторов отсутствуют.

**Выводы.** Таким образом, внутривидовой анализ генетической структуры исследуемой популяции животных породы абердин-ангусс позволил установить следующее.

В казахстанской популяции породы абердин-ангусс наблюдается превышение частоты генотипа *bGHR*-SspI<sup>FF</sup> (73,4% наблюдаемая частота по сравнению с 72,3% теоретически рассчитанных по закону Харди-Вайнберга). Предположительно причиной наблюдаемой разницы между ожидаемой и наблюдаемой частотой генотипов может являться ассоциация генотипа *bGHR*-SspI<sup>FF</sup> с хозяйственно-полезными признаками, что приводит в ходе искусственного отбора к преобладанию этого генотипа в популяции.

По полиморфизму *bIGF-1*-SnaBI имеет место превышение количества наблюдаемых в популяции гомозигот *bIGF-1*-SnaBI<sup>AA</sup> (28,9% наблюдаемых по отношению к 27,75% теоретически ожидаемых по закону Харди-Вайнберга). Что позволяет предположить ассоциацию этого генотипа с некоторыми селекционными преимуществами у животных носителей.

Научная работа выполнена в рамках научного проекта грантового финансирования МОН РК 2018-2020 гг. «Комплексное генетическое маркирование мясной продуктивности у крупного рогатого скота герефордской и ангусской пород казахстанской селекции по генам, регулирующим темпы роста» (№ государственной регистрации 0118РК00396).

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Крюков В.И., Шалимова О.А., Друшляк Н.Г., Пикунова А.В. ДНК-диагностика в селекции крупного рогатого скота // Вестник ОрелГАУ. – 2012. – № 1. – С. 62.
2. Гончаренко Г.М., Гришина Н.Б., Плахина О.В., Герасимчук Л.Д., Бамбух В.И., Панков Е.А., Панков С.А. Влияние голштинизации симментальской породы на изменение полиморфизма генов CSN3, BLG и их связь с продуктивностью и сыропригодностью // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. – 2016. – № 4 (251). – С. 44–53.
3. Белая Е.В., Михайлова М.Е., Батин Н.В. Комбинированные фенотипические эффекты полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада (bPit-1, bPr1, bGH, bGHR и bIGF-1)

на признаки молочной продуктивности у крупного рогатого скота голштинской породы // Молекулярная и прикладная генетика: сб. науч. тр. – 2012. - Т. 13. - С. 36-44.

4. Hines H. Genetic markers for quantitative trait loci in dairy cattle // Genet. Appl. Livest. Prod.: Proc. 4th World Cong – 1990. - Vol. 13. - P. 121-124.

5. Tang L., Yang D., Ouyang W. Association of polymorphisms in the Pit-1 intron 5 with body measurements in Chinese Cattle // Afr. J. Biotech. – 2012. – № 11 (42). – P. 9906–9910.

6. Zhang H. M. A novel allele of the bovine somatotropin gene detected by PCR – RFLP analysis // J. Anim. Sci. – 1993. - Vol. 71. - № 6. - P. 2276.

7. Keady S. M., Kenny D.A., Keane M.G., Waters S.M. Effect of sire breed and genetic merit for carcass weight on the transcriptional regulation of the somatotrophic axis in longissimus dorsi of crossbred steers // Journal of Animal Science. – 2011. - Vol. 89. - P. 4007-4016.

8. Белая Е.В., Михайлова М.Е., Батин Н.В. Оценка индивидуального фенотипического эффекта полиморфных вариантов генов гипофизарного фактора роста-1 (bPit-1) и инсулиноподобного фактора роста-1 (bIGF-1) на признаки молочной продуктивности у черно-пестрого голштинизированного крупного рогатого скота // Молекулярная и прикладная генетика: сб. науч. тр. - Т. 13. - 2012. - С. 30-36.

9. Рокицкий П.Ф. Основы вариационной статистики для биологов // Минск: БГУ, 1961. – 224 с.

### **ТҮЙІН**

Ет өнімділігі, жануарлардың өсуі мен дамуы сияқты сандық белгілерді бақылайтын гендерді сәйкестендіру қазіргі уақытта қолданыстағы мал шаруашылығы әдістерін толықтыруға мүмкіндік береді. Зерттеу үшін транскрипциялық факторлардың гендерінде ДНҚ полиморфизміне ерекше мән беріледі. Ауыл шаруашылығы малдарының экономикалық жағынан пайдалы қасиеттері үшін пайдалы ген ретінде қарастырыла алатын *bGHR* және *IGF-1* гендері жануардың өсуі мен дамуына қатысатын гендердің транскрипциясын жүргізеді. Бұл мақалада қазақстандық асыл тұқымды абердин-ангус тұқымының ірі қара мал популяциясының үлгісінде *bGHR* және *IGF-1* гендерінің және аллелінің генотиптерінің кездесу жиілігі көрсетілген.

Зерттеу нысаны Қостанай облысындағы қазақстандық асыл тұқымды ірі қара малдарының популяциясындағы абердин-ангус тұқымдары болып табылады. Зерттеулер А.Байтұрсынов атындағы Қостанай мемлекеттік университетінің ғылыми-инновациялық орталығында тамақ өнімдерін сынақ зертханасының молекулярлы-генетикалық зерттеулер бөлімі базасында 2018-2019 жылдар аралығында жүргізілді. Жануарлардың генотиптерін талдау ПТР-РФҰП әдісі арқылы жүзеге асырылды. Абердин-ангус ірі қара мал тұқымының талданған популяцияларының генетикалық құрылымын зерттеу – соматотроптық каскад гендерінің аллельдік нұсқаларының таралу жиіліктілігі бойынша үлгілерді салыстырудан және Харди-Вайнберг заңына сәйкес теориялық тұрғыдан күтілетін генотиптердің таралу жиілігінің сәйкестігін бағалаудан тұрады.

Генотиптік жиіліктер тікелей санау арқылы анықталды. Абердин-ангус ірі қара мал тұқымдарының генотиптерінің кездесу жиілігі генотиптердің күтілетін кездесу жиілігіне сәйкес келеді: *bGHR-SspI<sup>FF</sup>* үшін 73,4% -ы, *bGHR-SspI<sup>FY</sup>* үшін 23,2% және *bGHR-SspI<sup>YY</sup>* үшін 3,4% болды. *bGHR* генінің SspI-полиморфты аллельдерінің салыстырмалы жиілігін бөлу *bGHR-SspI<sup>F</sup>* үшін 0,850 және *bGHR-SspI<sup>Y</sup>* үшін 0,150 құрайды.

Полиморфты *bIGF-1* генінің генотиптерінің жиілік үлесі *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* үшін 28,9%, *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* үшін 47,98% және *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>* үшін 23,12% құрады, ал бұл көрсеткіштер генотиптердің күтілетін кездесу жиілігіне сәйкес келеді және *bGHR-SspI* полиморфизмі жағдайында да тура осындай жағдай бақыланды. Қазақстандық асыл тұқымды абердин-ангус ірі қара малдарының *bIGF-1* генінің SnaBI-полиморфты аллельдерінің салыстырмалы жиілігінің үлестірілуі *bIGF-1-SnaBI<sup>A</sup>* үшін 0,529 және *bIGF-1-SnaBI<sup>B</sup>* үшін 0,471 құрады.

### **RESUME**

The use of identification of genes controlling quantitative traits, such as meat productivity, animal growth and development, makes it possible to supplement the currently existing methods of

animal breeding. For studies, a particular importance is given to DNA polymorphism in the genes of transcription factors. In the body of animals, the genes *bGHR* and *IGF-1*, which can be considered as candidate genes for the economically useful traits of animals, carry out the transcription of genes involved in the growth and development of an animal. This study presents the frequency of occurrence of genotypes of the *bGHR* and *IGF-1* genes and alleles in a sample of the livestock of Aberdeen-Angus cattle of Kazakhstan selection.

The object of the study was the cattle population of Kazakh breeding of Aberdeen-Angus cattle in Kostanai region. Studies were conducted from 2018 to 2019 on the basis of the Molecular Genetic Research Department of the food production testing laboratory in Kostanai State University named after A. Baytursynov. Analysis of animal genotypes was carried out by PCR-RFLP.

The study of the genetic structure of the analyzed populations of Aberdeen-Angus animal breed includes a comparison of samples of the frequency distribution of allelic variants of the genes of the somatotrophic cascade, as well as an assessment of the correspondence of the distribution of frequencies of genotypes to the theoretically expected in accordance with Hardy-Weinberg law.

Genotype frequencies are determined by direct counting.

The frequency of occurrence of genotypes in Aberdeen-Angus breed of cattle was 73.4% for *bGHR*-*SspI*<sup>FF</sup>, 23.2% for *bGHR*-*SspI*<sup>FY</sup> and 3.4% for *bGHR*-*SspI*<sup>YY</sup>, which almost corresponds to the expected frequency distribution of genotypes. The distribution of relative frequencies of *SspI*-polymorphic alleles of *bGHR* gene was 0.850 for *bGHR*-*SspI*<sup>F</sup> and 0.150 for *bGHR*-*SspI*<sup>Y</sup>.

The frequency distribution of the genotypes of the polymorphic *bIGF-1* gene was 28.9% for *bIGF-1*-*SnaBI*<sup>AA</sup>, 47.98% for *bIGF-1*-*SnaBI*<sup>AB</sup>, and 23.12% for *bIGF-1*-*SnaBI*<sup>BB</sup>, which also corresponds to the expected frequency distribution of genotypes, and in the case of *bGHR*-*SspI* polymorphism. The relative frequency distribution of *SnaBI* – polymorphic alleles of *bIGF-1* gene in the population of Aberdeen-Angus animals of Kazakhstani breeding was 0.529 for *bIGF-1*-*SnaBI*<sup>A</sup> and 0.471 for *bIGF-1*-*SnaBI*<sup>B</sup>.

УДК 636.2.81

**Несипбаев Т.Н.<sup>1</sup>**, доктор биологических наук

**Мука Ш.Б.<sup>2</sup>**, кандидат сельскохозяйственных наук

**Бвай Д.Д.<sup>1</sup>**, кандидат биологических наук

**Апеев К.Б.<sup>1</sup>**, магистр ветеринарных наук

<sup>1</sup>НАО «Казахский национальный аграрный университет», г.Алматы, Республика Казахстан

<sup>2</sup>ТОО «Казахский научно – исследовательский институт животноводства и кормопроизводства, г. Алматы, Республика Казахстан

## **УДОЙ МОЛОКА ИМПОРТНЫХ ГОЛШТИНСКИХ КОРОВ И СКОРОСПЕЛОСТЬ МОЛОДНЯКА В УСЛОВИЯХ ЮГО - ВОСТОКА КАЗАХСТАНА**

### **Аннотация**

Установлено, что коровы с молочным типом 7 баллов имеют высоту в холке 138,2±2,9 см, ширину груди 48,7±3,2см, ширину задних долей вымени 18,3±0,6 см. Несмотря на это удой молока за 5 месяцев лактации составил 4168,4±75,1 кг, что достоверно ниже в сравнении со сверстницами с молочным типом 8 баллов 4792,8±110,4.

Коровы с молочным типом 8 баллов имеют высоту в холке 142,7±3,4 см, ширину груди 53,9±3,8 см, ширину задних долей вымени 19,2±0,4 см.

Проведена оценка влияния технологического показателя молочного типа в баллах на удой молока за 5 месяцев лактации. Установлено, что чем выше показатель молочного типа в баллах, тем выше удой молока в течении суток, так и за 5 месяцев лактации. Коровы оцененные по молочному типу 6 баллов (1 группа) продуцируют молока в течение суток 22,1 кг, 7 баллов – 29,5 кг (2 группа) , 8 баллов – 33,2 кг (3 группа). За 305 дней лактации надоено молока у коров первой группы 6740,5±121,6 кг, второй группы 8997,5±130,8 кг, третьей группы 10126,8±160,3 кг.