

складала 96,5 кг, що більше на 2,4-15,5 кг порівняно з ровесницями інших; у 6-місячному – 157,4 (2,8-19,1); 9-місячному – 209,5 (2,6-26,5); 12-місячному – 269,3 (5,5-43,9); 15-місячному – 321,7 (7,5-42,7) та 18-місячному – 368,4 (1,3-36).

Телиці лінії Сітейшна у 18-місячному віці досягли живої маси 367,1 кг та поступились своїм ровесницям лінії Старбака лише на 1,3 кг. Тварини інших ліній росли повільніше і в 1,5-річному віці мали живу масу 332,4-363,9 кг.

Середньодобові прирости телиць різних ліній від народження до 3-місячного віку коливалися в межах 608,1-780,3 г (табл. 3). Найвищі показники мали тварини ліній Старбака (780,3 г) та Рефлекшн Соверінга (738,3). У наступний віковий період (3-6 місяців) найвищими приростами характеризувалися тварини ліній Сітейшна (721,2 г) та Елевейшна (686,7). Починаючи з 6-місячного віку, середньодобові прирости знизилися і становили: 6-9 місяців – 496,6-617,9 г з найвищим показником у телиць лінії Чіфа; 9-12 місяців – 470,9– 663,8 (Старбака); 12-15 місяців – 523,9-596,3 (Чіфа); 15-18 місяців – 509,3-627,2 (Елевейшна). Найвищі прирости від народження до 6-місячного віку та від 6– до 12- місячного мали телиці, отримані від плідників лінії Старбака – 728,6 та 621,7 г відповідно, від 12– до 18-місячного віку – тварини лінії Чіфа (611,5 г).

За весь досліджуваний, період від народження до 18-місячного віку, найвищі прирости мали телиці ліній Старбака (633,6 г) та Сітейшна (630,6).

Отже, дослідженнями встановлено вплив лінійної належності телиць на динаміку росту їхньої живої маси. Середньодобові прирости телиць різних ліній коливалися у межах 470,9-738,3 г та були найвищими у перші шість місяців життя. Інтенсивніше росли телиці, отримані від плідників ліній Старбака та Сітейшна.

УДК 577.21:636.23.082.2

Заяц О. В. – к. с.-х. н., доц., Линник Л. М. – к. с.-х. н., Гасанов Ф. А. – к. с.-х. н., доц., Ковалевская Т. А. – к. с.-х. н., доц., Смок А. – студ.¹
Витебская ордена “Знак Почета” ГАВМ, Витебск, Беларусь

ОЦЕНКА ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ СОМАТОТРОПИНОВОГО КАСКАДА bPit-1, bGH, bGHR, bIGF-1 У КРУПНОГО РОГАТОГО В ПЛЕМЕННЫХ ХОЗЯЙСТВАХ ВИТЕБСКОЙ ОБЛАСТИ

Повышение молочной продуктивности является одним из приоритетных направлений современной селекции крупного рогатого скота. Повысить скорость, точность и эффективность традиционной селекции в настоящее время помогает маркер – сопутствующая селекция (MAS-marker assisted selection). Эта новейшая селекционная технология сочетает информацию о маркерных точках (marker loci) генотипа связанных с участками генома, отвечающими за развитие количественных признаков (QTL-quantitative trait loci) с данными об их реализации в фенотипе.

1 Научный руководитель – Заяц О. В., к. с.-х. н., доц.

В настоящее время поиск генетических маркеров продуктивности для крупного рогатого скота ведется среди полиморфных вариантов генов соматотропного каскада, которые принимают основное участие в регуляции процессов роста и лактации.

Соматотропин (GH), как и пролактин (PRL), синтезируются в передней доле гипофиза. Интенсивность экспрессии генов, отвечающих за их образование, находится под контролем клеток гипоталамической области, выделяющих два регулятора: стимулирующий гипофизарный фактор роста -1 (Pit-1) и угнетающий-соматостатин (SST). В ответ на воздействие этих нейропептидов экспрессия гормона роста клетками гипофиза может либо усиливаться, либо подавляться. Секретированный гормон роста попадает в кровь и распознается клетками-мишенями посредством белков рецептора гормона роста (GHR) расположенных на их поверхности. Рецепторы передают сигнал гормона роста в клетку, где в ответ на раздражение запускается синтез следующих звеньев цепи, опосредующих различные метаболические влияния соматотропина. Рассматриваемый в данной работе лактогенный эффект гормона роста на внутриклеточном уровне реализуется при участии инсулиноподобных факторов -1 и 2 (IGF-1, IGF-2) физиологическое воздействие которых отчасти сходно с инсулином.

Таким образом, любой из генов соматотропного каскада, белковые продукты которого участвуют в регуляции синтеза гормона роста и реализации его метаболических эффектов может рассматриваться как потенциальный ген-кандидат для применения в маркер-сопутствующей селекции. Мутации, приводящие к изменениям в структуре этих генов прямо или опосредованно могут оказывать влияние на молочную продуктивность и интенсивность роста сельскохозяйственных животных.

Нами исследованы следующие полиморфные варианты генов соматотропного каскада:

- HinFI- и StuI-полиморфизмы гена гипофизарного фактора-1 bPit-1, запускающего экспрессию гена гормона роста [1, 2];
- AluI-полиморфизм гена гормона роста bGH – одного из ключевых регуляторов роста и лактации у млекопитающих [3];
- SspI-полиморфизм гена рецептора гормона роста bGHR, белок которого осуществляет передачу гуморального сигнала гормона роста к клеткам мишеням [4];
- SnaBI-полиморфизм гена инсулиноподобного фактора роста-1 bIGF-1, запускающего внутриклеточные метаболические ответы на воздействие соматотропина [5].

Материалом для исследования послужили образцы ДНК, выделенные из проб крови телочек черно-пестрой породы в ОАО “Ольговское” и ОАО “Возраждение”.

Относительные частоты аллелей анализируемых генов (P(A)) определяли методом прямого подсчета по формуле:

$$P(A) = (2N_1 + N_2) / 2n;$$

где N₁ – число гомозиготных особей по исследуемому аллелю;

N₂ – число гетерозигот;

n – объем выборки [9].

Статистическую ошибку (Sp) относительных частот аллелей генов вычисляли по формуле [10]:

$$Sp = (\sqrt{pq})/n;$$

где p – частота исследуемого аллеля;

q = 1 – p

n – объем выборки

Сравнение выборок по распределению частот аллельных вариантов исследуемых генов проводили с помощью критерия χ^2 . Число степеней свободы = 1.

Соответствие фактического распределения генотипов теоретически ожидаемому оценивали с помощью критерия χ^2 . Число степеней свободы равняется числу генотипов минус число аллелей.

$$\chi^2 = \sum (N_o - N_e) / N_e;$$

где N_o – наблюдаемые частоты генотипов;

N_e – ожидаемые частоты генотипов;

$$AA = p^2;$$

$$AB = 2pq;$$

$$BB = q^2 \text{ [11].}$$

Результаты исследования относительных частот аллельных вариантов генов соматотропинового каскада у животных черно-пестрой и голштинской пород представлены в таблице 1.

Таблица 1 – Полиморфизм гена bPit-1

Хозяйство		n	AA		AB		BB		Частота аллелей		χ^2
			n	%	n	%	n	%	A	B	
Возрождение	Н	84	7	8,3	26	31,0	51	60,7	0,24	0,76	0,660
	О		5	5,7	30	36,3	49	58,0			
Ольговское	Н	26	2	7,7	16	61,5	8	30,8	0,38	0,62	-
	О		4	14,8	12	47,3	10	37,9			
Всего	Н	110	9	8,2	42	38,2	59	53,6	0,27	0,73	0,112
	О		8	7,4	44	39,7	58	52,9			

Наиболее ценным генотипом, ассоциированным с повышенным удоем молока является генотип AA-Pit-1. Проведен анализ генетической структуры популяций КРС по племенным хозяйствам Витебской области по гену гипофизарно-специфического фактора транскрипции Pit1. Показано, что частота предпочтительного генотипа AA-Pit1 в исследуемых образцах животных ОАО “Возрождение” составляет 8,3%, а ОАО “Ольговское” – 7,7.

Самая высокая частота встречаемости аллеля А была выявлена в популяции коров ОАО “Возрождение” и составила 38%.

Полиморфизм гена IGF-1 у коров племенных хозяйств представлен в таблице 2.

Из 199 коров 53 коров имели генотип AA, 108 коровы – генотип AB, 38 коров – генотип BB. Частота гомозиготного генотипа AA составила 26,6%,

гетерозиготного генотипа АВ – 54,3%, гомозиготного генотипа ВВ – 19,1%. Частота аллеля А достигла 0,54, аллеля В – 0,46 (табл. 2).

Таблиця 2 – Поліморфізм гену *IGF-1* у коров

Хозяйство		n	AA		AB		BB		Частота аллелей		χ^2
			n	%	n	%	n	%	A	B	
Возрождение	Н	86	20	23,3	47	54,7	19	22,0	0,51	0,49	0,374
	О		22	25,6	43	50,0	21	24,4			
Ольговское	Н	113	33	29,2	61	54,0	19	16,8	0,56	0,43	0,444
	О		36	31,6	56	49,5	21	18,9			
Всего	Н	199	53	26,6	108	54,3	38	19,1	0,54	0,46	0,818
	О		58	28,9	99	49,7	42	21,3			

Результати порівняння розподілення частот алельних варіантів гену *bGHR* в популяціях коров голштинської і чорно-пестрої породи представлені в таблиці 3.

Таблиця 3 – Поліморфізм гену *bGHR* у коров

Хозяйство		n	FF		FY		YY		Частота аллелей		χ^2
			n	%	n	%	n	%	F	Y	
Возрождение	Н	84	73	86,9	10	11,9	1	1,2	0,93	0,07	-
	О		72	85,7	11	13,1	1	1,2			
Ольговское	Н	26	15	57,7	9	34,6	2	7,7	0,75	0,25	-
	О		14	56,3	10	36,0	2	7,7			
Всего	Н	110	88	80	19	17,3	3	2,3	0,89	0,11	-
	О		87	79,1	22	20,1	1	0,8			

В ході вивчення *SsPI*-поліморфізму гену рецептора гормону росту *bGHR* нами виявлені 88 особей з генотипом *bGHR-SspI^{FF}*, 19 особей з генотипом *bGHR-SspI^{FY}* і 3 корови з генотипом *bGHR-SspI^{YY}*. Частота зустрічальності гену *bGHR^F* склала 89,0%, *bGHR^Y* – 11,0%.

Результати порівняння розподілення частот алельних варіантів гену *GH* в популяціях коров голштинської і чорно-пестрої породи представлені в таблиці 4.

Таблиця 4 – Поліморфізм гену *GH* у коров

Хозяйство		n	LL		LV		VV		Частота аллелей		χ^2
			n	%	n	%	n	%	L	V	
Возрождение	Н	2	2	100	-	-	-	-	1	0	-
	О		-	-	-	-	-	-			
Ольговское	Н	87	53	60,9	33	37,9	1	1,2	0,80	0,20	-
	О		56	63,8	28	32,1	3	4,1			
Всего	Н	89	55	61,8	33	37,1	1	1,1	0,80	0,20	-
	О		58	64,5	28	31,6	3	3,9			

Проведений генетический анализ структуры популяций коров по гену GH показало, что частота предпочтительного генотипа GH^{LV} в исследуемых образцах животных составляет 37,1%. Наибольшее количество животных имеют генотипа GH^{LL} на них приходится 61,8%.

Нами проанализирована генетическая структура выборок из популяций двух наиболее распространенных на территории Беларуси пород крупного рогатого скота черно-пестрой и голштинской по полиморфным вариантам генов соматотропинового каскада. Изучены bPit-1 – полиморфизмы гена гипофизарного фактора роста-1, bGHR – полиморфизм гена рецептора гормона роста, bGH-AluI-полиморфизм гена гормона роста и bIGF-1-SnaBI– полиморфизм гена инсулиноподобного фактора роста-1.

Выявленные тенденции в дальнейшем будут учтены при анализе ассоциации полиморфизмов генов соматотропинового каскада с признаками молочной продуктивности у коров голштинской и черно-пестрой пород, разводимых в Республике Беларусь.

Литература

1. Pit1 gene Hinf I RFLP and growth traits in double-musled Belgian Blue cattle / R. Renille [et al.] / J. Anim. Sci. – 1997. – Vol. 75. – № 1. – P. 146-148.
2. Huang, W. A proline-to-histidine mutation POU1F1 is associated with production traits in dairy cattle / W. Huang, C. Maltecca, H. Khatib // Animal Genetics. – 2008. – Vol. 39. – P. 554–557.
3. Growth hormone gene polymorphism and its association with lactation yield in dairy cattle / R.S. Pawar [et al.] // Indian Journal of Animal Sciences. – 2007. – Vol. 11. – №9. – P. 884–888.
4. Distribution of allele frequencies important to milk production traits in lithuanian black & white and lithuanian red cattle / R. Skinkytė [et al.] // Veterinaria In Zootechnika. – 2005. – Vol. 31. – №3. – P. 93-97.
5. Molecular and cellular aspects of insulin-like growth factor action / H. Werner [et al.] // Vitamins and Hormones. – 1994. – Vol. 48. – P. 51-58.

УДК 636. 22/28.082

Зюбіна О. В. – к. с.-г. н., доц., Щербатюк Н. В. – к. с.-г. н., в. о. доц.
Подільський ДАТУ, Кам'янець-Подільський, Україна

МОРФОЛОГІЧНІ ТА БІОХІМІЧНІ ПОКАЗНИКИ КРОВІ МОЛОДНЯКУ ВІТЧИЗНЯНИХ МОЛОЧНИХ ПОРІД

В Україні основним джерелом одержання яловичини поки що є вирощування на м'ясо надремонтного молодняка та відгодівля великої рогатої худоби молочних та комбінованих порід. Підвищення м'ясної продуктивності худоби багато в чому залежить від правильності та своєчасності використання досягнень генетики та селекції.

При вивченні оцінки племінних і продуктивних якостей тварин неабияке значення мають біохімічні показники крові, оскільки усі фізіологічні процеси в тваринному організмі супроводжуються відповідними змінами в крові. Рядом