

7. Цепков Н. М. О рациональном методе отбора и подбора при селекции норок на укрупнение / Н. М. Цепков, Б. А. Куличков // Разведение пушных зверей и кроликов: научные труды / НИИПЗК.– М., 1980. – Т. 23. – С. 3–8.

Корх О.В. ЭФФЕКТИВНОСТЬ СТАБИЛИЗИРУЮЩЕГО ОТБОРА И УЛУЧШАЮЩЕГО ПОДБОРА ПО ПЛОДОВИТОСТИ, ЖИВОЙ МАССЕ И РАЗМЕРУ ПРИ РАЗВЕДЕНИИ НОРОК

В статье изложен экспериментальный материал по исследованию применения стабилизирующий отбора и улучшающего однородного подбора по плодовитости, живой массе и размеру тела при чистопородном разведении в генофондных стадах норок цветных групп сапфир и голубой ирис. В ходе проведенных исследований не установлено сужение вариабельности основных показателей продуктивности норок этих цветных групп. Стабилизирующий отбор обеспечил получение потомства большей степени подобного своим матерям, что указывает на возможность его широкого использования в изолированных генофондных стадах норок. Действие регрессии при отборе животных модального класса было в 1,5-2 раза ниже чем в вариантах использования худших и лучших самок при однородном и разнородном подборах.

В селекционном ядре норок цветной группы сапфир обнаружено семь и голубого ириса – две перспективные генеалогические группы самцов. Разведение норок при использовании этих генеалогических групп производителей обеспечило стабилизацию селекционных параметров и устранения незапланированных родственных спариваний.

Ключевые слова: отбор, норки, самцы, самки, плодовитость, живая масса, размер, генеалогическая структура.

Korkh O.V. EFFECTIVE STABILIZING SELECTION AND IMPROVING REBOUNDS FOR FERTILITY, LIVE WEIGHT AND SIZE AT A DILUTION MINK

The article presents experimental data on research and application of stabilizing rebound and amending homogeneous rebound for fecundity, body weight and size at thoroughbred breeding in the gene pools herds minks sapphire and blue iris. In the course of the research the variability narrowing of the main indicators of the minks of these color groups has not been found. The stabilizing selection has provided the offspring more similar to their mothers, indicating the possibility of its wide use in the isolated genetic fund herds of minks. The action of regression in the selection of animals of the modal class was 1,5–2,0 times lower than in the variants of using the worst and best females in homogeneous and heterogeneous selection.

Seven perspective genealogical male groups have been discovered in the breeding nucleus of the Sapphire color group, and two in the Blue Iris group. Minks breeding using these genealogical groups of producers provided stabilizing of the selection options and elimination of unplanned copulations.

Key words: selection, mink, males, females, fertility, live weight, size, genealogical structure.

Дата надходження до редакції: 16.04.2015 р.

Рецензент: д.б.н., професор Ю. В. Бондаренко

УДК 636.4: 636.082: 575.827

**ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА ГОРМОНА РОСТА (bGH)
ЮЖНОЙ МЯСНОЙ ПОРОДЫ СКОТА**

А. С. Крамаренко, аспирант, Николаевский национальный аграрный университет;

Е. А. Гладырь, к.б.н.; Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л. К. Эрнста;

В. А. Найдёнова, ГПОХ «Асканийское» НААН Украины, директор;

А. Л. Дубинский, ГПОХ «Асканийское» НААН Украины, главный зоотехник;

Н. А. Зиновьева, д.б.н. профессор, академик РАСХН и РАН, директор Всероссийского научно-исследовательского института животноводства имени академика Л. К. Эрнста.

В статье приведены результаты анализа южной мясной породы крупного рогатого скота в отношении полиморфизма гена гормона роста (bGH). По данному локусу было зарегистрировано наличие двух аллелей (L и V), частоты которых составляли 0,771 и 0,229, соответственно.

Ключевые слова: ген гормона роста (bGH), полиморфизм, южная мясная порода скота

Постановка проблемы в общем виде.

Маркер-ассоциированная селекция (MAS) сельскохозяйственных животных предполагает использование более точной генотипической племенной оценки животных. Важнейший этап при определении такой оценки – поиск локусов коли-

чественных признаков (QTL), анализ их полиморфизма и ассоциаций с хозяйственно ценными признаками.

Анализ последних исследований и публикаций. Одним из перспективных и часто используемых генов-кандидатов мясной продук-

Вісник Сумського національного аграрного університету

тивности крупного рогатого скота (КРС) является гормон роста (*bGH*), который является важнейшим регулятором соматического роста и метаболизма в организме животных. У КРС ген гормона роста локализован на 19-й хромосоме, имеет длину около 2000 п.н. и состоит из пяти экзонов и четырёх интронов [1].

Ранее было отмечено наличие полиморфизма гена *bGH* (номер в GenBank – M57764) в позиции 2141, который выявляется с помощью эндонуклеазы рестрикции *AluI* (*bGH_ex5_C2141G*). Единичная нуклеотидная замена в пятом экзоне в этой позиции представляет собой С→G трансверсию в нуклеотидной последовательности, приводящей к замене аминокислоты лейцин на валин в 127 позиции белка [2]. После рестрикции в зависимости от генотипа животного образуются фрагменты длиной 240, 173 и 67 п.н., при этом фрагмент длиной 240 п.н. соответствует аллелю V, а фрагменты длиной 173 и 67 п.н. соответствуют аллелю L.

Таким образом, основной целью нашей работы была оценка генетического разнообразия скота южной мясной породы различного типа кровности по *AluI* полиморфному сайту гена гормона роста.

Материал и методика исследований. Исследование было проведено по поголовью коров южной мясной породы (всего – 190 голов) ГПОХ «Асканийское» НААН Украины Каховского района Херсонской области. Из них 91 головы принадлежали к животным высококровного подтипа («зебу»), а 99 – к низкокровному подтипу («санта-гертруда»). Материалом для исследования были биологические пробы ткани (ушные выщипы) коров.

Лабораторные исследования проводились в условиях лаборатории молекулярной генетики животных Центра биотехнологии и молекулярной диагностики животных ВИЖ им. Л.К.Эрнста.

Выделение ДНК проводили на колонках Nexttec (Nexttec Biotechnologie GmbH, Germany) согласно рекомендациям производителя и перхлоратным методом по методикам ВИЖ им. Л.К.Эрнста. Анализ полиморфизма *bGH* проводили методом ПЦР-ПДРФ анализа. Для амплификации фрагмента гена, содержащего мутацию *bGH_ex5_C1241G*, использовали праймеры 5'-GCT GCT CCT GAG GGC CCT TCG-3' (forward) и 5'-GCG GCG GCA CTT CAT GAC CCT-3' (reverse). Анализ ДНК и постановку ПЦР осуществляли согласно методическим рекомендациям по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве [3]. Реакции выполняли на термоциклере «Eppendorf» в следующем режиме: первый цикл – 94°C, 4 мин.; последующие 35 циклов – 94°C, 45 с.; 65°C, 45 с.; 72°C, 45 с.; заключительный цикл – 72°C, 7 мин. Продукты амплификации гидролизовали рестриктазой *AluI* в течение 10 часов и разделяли методом электрофореза в 3%-м агарозном геле в буфере TAE при напряжении 120 В. Результаты регистрировали в ультрафиолете с использованием системы документации изображений «UVT-1» (Biometra, Германия).

Статистический анализ проводили с использованием программы GenAlEx [4].

Результаты исследований. Результаты проведённого исследования позволяют установить наличие полиморфизма *bGH_ex5_C1241G* животных южной мясной породы (табл. 1).

Таблица 1

Частоты генотипов и аллелей гена *bGH* у коров южной мясной породы различной кровности

Подтип	n	Частоты генотипов			Частоты аллелей	
		LL	LV	VV	L	V
Низкокровный	99	0,566	0,364	0,070	0,747	0,253
Высококровный	91	0,681	0,231	0,088	0,797	0,203
В целом	190	0,621	0,300	0,079	0,771	0,229

В изученной выборке коров низкокровного подтипа («санта-гертруда») наблюдается значительное преобладание животных с генотипом LL (0,566), тогда как генотип VV был выявлен у 7 коров (0,070). Среди животных высококровного подтипа («зебу») также наблюдалось преобладание животных с генотипом LL (0,681). Генотип VV был отмечен только для 8 коров (0,088).

В целом, достоверные отличия в отношении распределения различных генотипов гена *bGH* среди животных южной мясной породы разной кровности не выявлены (критерий Хи-квадрат Пирсона: $\chi^2 = 3,99$; $df = 2$; $p = 0,136$). Частота аллеля L была незначительно выше среди животных высококровного подтипа (0,797).

В табл. 2 приведены показатели генетиче-

ского разнообразия по гену *bGH* у коров южной мясной породы различной кровности.

Установлено, что распределение генотипов среди животных высококровного подтипа достоверно отклоняется от равновесного состояния по Харди-Вайнбергу (критерий Хи-квадрат Пирсона: $\chi^2 = 6,33$; $df = 1$; $p = 0,012$). Это проявляется в значительном уменьшении доли гетерозигот ($H_o = 0,231$), что приводит к повышению оценки индекса фиксации ($Fis = 0,288$).

Для коров низкокровного подтипа распределение генотипов слабо отклонялось от равновесного состояния. Для всей анализируемой выборки в целом дефицит гетерозигот также статистически не обнаружен (табл. 2).

Показатели генетического разнообразия гена *bGH* у коров южной мясной породы различной кровности

Подтип	<i>n</i>	<i>H_o</i>	<i>H_e</i>	<i>F_{is}</i>	χ^2	<i>p</i>
Низкокровный	99	0,364	0,378	0,037	0,12	0,732
Высококровный	91	0,231	0,324	0,288	6,33	0,012
В целом	190	0,300	0,353	0,150	3,68	0,056

Обсуждение. Южная мясная порода скота Украины выводилась с использованием генетического материала целого ряда мясных пород скота – шортгорн, санта-гертруда, герефорд, шароле и кубинского зебу [5]. Поэтому, особого рассмотрения заслуживает вопрос о том, как проявляется полиморфизм *bGH_ex5_C1241G* среди животных исходных «родительских» пород. В табл. 3 представлены частоты аллелей L и V среди наиболее распространенных мясных пород КРС и пород зебу, разводимых в различных

странах.

У животных породы абердин ангус частота аллеля L варьировала в пределах 0,590-0,800, для особей породы лимузин – 0,639-0,830, шароле – 0,720-0,850, а для животных породы герефорд зафиксирована наибольшая частота данного аллеля в узких пределах варьирования – 0,800-0,900. В то же время среди различных пород южноамериканского зебу частота данного аллеля была значительно выше и варьировала в пределах 0,920-1,000 (табл. 3).

Таблица 3

Частоты аллелей гена *bGH* у различных мясных пород КРС и зебу

Порода	Страна	<i>n</i>	Частота аллеля		Источник
			L	V	
<i>Bos taurus taurus</i>					
Aberdeen Angus	Бразилия	52	0,770	0,230	[8]
Aberdeen Angus	Япония	6	0,590	0,410	[9]
Aberdeen Angus	Бразилия	10	0,700	0,300	[7]
Aberdeen Angus	США	40	0,600	0,400	[10]
Aberdeen Angus	США	40	0,640	0,360	[10]
Aberdeen Angus	Украина	10	0,800	0,200	[6]
Charolais	Литва	-	0,850	0,150	[11]
Charolais	Бразилия	32	0,720	0,280	[12]
Charolais	Бразилия	36	0,736	0,264	[13]
Charolais	Бразилия	30	0,720	0,280	[14]
Charolais	Литва	-	0,850	0,150	[15]
Hereford	Литва	-	0,900	0,100	[11]
Hereford	-	-	0,800	0,200	[9]
Hereford	Литва	-	0,900	0,100	[15]
Limousin	Литва	-	0,639	0,361	[11]
Limousin	Индонезия	6	0,830	0,170	[16]
Limousin	Литва	-	0,639	0,361	[15]
Limousin	-	-	0,670	0,330	[17]
Южная мясная	Украина	21	0,810	0,190	[6]
Южная мясная	Украина	30	0,450	0,550	[5]
Южная мясная	Украина	190	0,771	0,229	собственные данные
<i>Bos taurus indicus</i>					
Nellore	Бразилия	63	1,000	0,000	[12]
Nellore	Бразилия	180	1,000	0,000	[18]
Nellore	Бразилия	189	0,920	0,080	[19]
Nellore	Бразилия	78	1,000	0,000	[7]
Nellore	Бразилия	79	1,000	0,000	[20]
Guzerá	Бразилия	25	1,000	0,000	[12]
Gyr	Бразилия	20	1,000	0,000	[12]
Gyr	Бразилия	39	1,000	0,000	[21]

Соответственно, можно ожидать, что частота аллеля L у коров южной мясной породы будет занимать промежуточное положение, причем у высококровного подтипа («зебу») она теоретически должна быть выше. По нашим данным, частота данного аллеля для всей выборки в целом составляла 0,771, а у коров высококровного подтипа – 0,797 (табл. 1). Таким образом,

наши данные полностью согласуются с результатами, отмеченными ранее для животных данной породы в работе К.В. Копыловой с соавт. [6]. Тогда как результаты, полученные Ю.В. Вдовиченко и др. [5] дают более заниженные оценки частоты данного аллеля (0,450). Хотя оба этих исследования были проведены на животных, содержащихся в ООО «Зеленогорское» Одесской обла-

сти, тогда как в нашем исследовании были использованы животные из ГПОХ «Асканийское» НААН Украины Херсонской области.

В других исследованиях частота аллеля L среди гибридных животных могла варьировать от 0,720 (1/2 абердин ангус + 1/2 Nellore [7]) до 1,000 (1/2 санта-гертруда + 1/2 Nellore [7]).

Выводы. Установлено наличие полимор-

физма *bGH_ex5_C1241G* среди животных южной мясной породы крупного рогатого скота Украины. Рассчитанные частоты генотипов и аллелей достоверно не отличаются у коров различной кровности. В целом, в отношении частоты аллеля L, южная мясная порода является более сходной с мясными породами крупного рогатого скота, чем зебу.

Список использованной литературы:

1. Nucleotide sequence of the bovine growth hormone chromosomal gene. / [D. F. Gordon, D. P. Quick, C. R. Erwin et al.] // *Molecular and Cellular Endocrinology*. – 1983. – V. 33. – P. 81–95.
2. Variants of somatotropine in cattle: Gene frequencies in major dairy breeds and associated milk production / [M. C. Lucy, S. D. Hauser, P. J. Eppard et al.] // *Domestic Animal Endocrinology*. – 1993. – V. 10. – P. 325–333.
3. Методические рекомендации по использованию метода полимеразной цепной реакции в животноводстве / [Н. А. Зиновьева, А. П. Попов, Л. К. Эрнст и др.] – Дубровицы: ВИЖ, 1998. – 47 с.
4. Peakall R. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update / R. Peakall, P. E. Smouse // *Bioinformatics*. – 2012. – V. 28. – P. 2537–2539.
5. М'ясне скотарство в степовій зоні України / [Ю. В. Вдовиченко, В. І. Вороненко, В. О. Найдьонова та ін.] – Нова Каховка: ПИЕЛ, 2012. – 307 с.
6. Копилова К. В. Особливості генетичної структури різних порід великої рогатої худоби за локусами кількісних ознак (QTL) / К. В. Копилова, К. В. Копилов, К. О. Арнаут // *Науковий вісник Національного університету біоресурсів та природокористування України*. – 2009. – Вип. 138. – С. 239–246.
7. Suguisawa L. Identificação de genótipos superiores para crescimento e qualidade de carcaça em bovinos de corte submetidos ao modelo biológico superprecose : Tese (doutorado) / Suguisawa Liliane – Universidade Estadual Paulista, 2005. – 105 с.
8. Genetic characterization of Aberdeen Angus cattle using molecular markers / [L. P. Vasconcellos, D. Tambasco-Talhari, A. P. Pereira et al.] // *Genetics and Molecular Biology*. – 2003. – V. 26. – P. 133–137.
9. Identification of DNA sequence variants for amino acid residues 127 of bovine growth hormone using the polymerase chain reaction method / [K. Chikuni, F. Terada, S. Kageyama et al.] // *Animal Science and Technology*. – 1991. – V. 62. – P. 660–666.
10. Association of single nucleotide polymorphisms in the growth hormone and growth hormone receptor genes with blood serum insulin-like growth factor I concentration and growth traits in Angus cattle / [W. Ge, M. E. Davis, H. C. Hines et al.] // *Journal of Animal Science*. – 2003. – V. 81. – P. 641–648.
11. Krasnopiorova N. Growth hormone gene polymorphism and its influence on milk traits in cattle bred in Lithuania / N. Krasnopiorova, L. Baltreinaite, I. Miceikiene // *Veterinary medicine and zootechnics*. – 2012. – V. 58. – P. 42–46.
12. K-casein, b-lactoglobulin and growth hormone allele frequencies and genetic distances in Nelore, Gyr, Guzera, Caracu, Charolais, Canchim and Santa Gertrudis Cattle / [P. A. Kemenes, L. C. Regitano, A. J. Rosa et al.] // *Genetics and Molecular Biology*. – 1999. – V. 22. – P. 539–541.
13. Selection for breed-specific growth hormone and IGF-I alleles in a synthetic beef cattle cross, Canchim / [L. Regitano, J. Azevedo, R. Vencovsky et al.] // *Genetics and Molecular Biology*. – 1999. – V. 22. – P. 531–537.
14. Garcia M. C. Estudo da diversidade genética entre sete raças de bovinos pelo uso de marcadores microssatélites : PhD Thesis / Garcia Maria Cristina Cabral. – Universidade Estadual Paulista, 2001.
15. Cattle growth hormone and leptin genes influence on fattening traits / [I. Miceikiene, N. Peculaitiene, N. Makstutiene et al.] // *Cuban Journal of Agricultural Science*. – 2013. – V. 47. – P. 261–265.
16. Polymorphism leu/val of growth hormone gene identified from limousin cross local cattle in Indonesia / [T. Hartatik, S. D. Volkandaria, M. P. Rachman et al.] // *Procedia Environmental Sciences*. – 2013. – V. 17. – P. 105–108.
17. Associations between polymorphism of the growth hormone gene and production traits of Limousine cattle / [A. Dybus, M. Kmiec, Z. Sobek et al.] // *Medycyna Weterynaryjna*. – 2003. – V. 59. – P. 133–136.
18. Molecular characterization of a Nellore beef cattle sample using microsatellites and candidate genes / [D. D. Tambasco, M. M. Alencar, L. L. Coutinho et al.] // *Revista Brasileira de Zootecnia*. – 2000. – V. 29. – P. 1044–1049.
19. Associations between growth hormone gene polymorphism and weight traits in Nellore bovines / [M. M. Unanian, C. C. Barreto, A. R. Freitas et al.] // *Revista Brasileira de Zootecnia*. – 2000. – V. 29. – P. 1380–1386.
20. Growth and carcass traits associated with GH1/Alu I and POU1F1/Hinf I gene polymorphisms in Zebu and crossbred beef cattle / [R. A. Curi, D. A. Palmieri, L. Suguisawa et al.] // *Genetics and Molecular*

Biology. – 2006. – V. 29. – P. 56–61.

21. Association of bGH and Pit-1 gene variants with milk production traits in dairy Gyr bulls / [K. K. De Mattos, S. N. del Lama, M. L. Martinez et al.] // Pesquisa Agropecuária Brasileira. – 2004. – V. 39. – P. 147–150.

Крамаренко А.С., Гладирь Е.А., Найдюнова В.О., Дубінський О.Л., Зінов'єва Н.А. ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНА ГОРМОНУ РОСТУ (bGH) ПІВДЕННОЇ М'ЯСНОЇ ПОРОДИ ХУДОБИ

У статті наведено результати аналізу південної м'ясної породи великої рогатої худоби у відношенні кровності щодо поліморфізму гена гормону росту (bGH). За даним локусу було зареєстровано наявність двох алелів (L і V), частоти яких становили 0,771 і 0,229, відповідно.

Ключові слова: ген гормону росту (bGH), поліморфізм, південна м'ясна порода худоби

Kramarenko, A.S., Gladyr, E.A., Naydyonova, V.A., Dubinskiy, A.L., Zinov'eva, N.A. GENETIC POLYMORPHISM IN THE GROWTH HORMONE GENE (bGH) OF THE SOUTHERN MEAT CATTLE BREED

This study aimed to evaluate the genetic polymorphism within growth hormone gene (bGH) in the Southern Meat cattle (SM) breed of the different genealogy. The two alleles for bGH locus were observed in the SM cattle (L and V) and the L allele (0.771) frequency was found to be higher than V allele frequency (0.229).

Key words: bovine growth hormone gene (bGH), polymorphism, the Southern Meat cattle breed

Дата надходження до редакції: 11.02.2015 р.

Рецензент: д.б.н., професор Ю. В. Бондаренко

УДК 636. 2. 033:591. 134. 5 (477)

ВПЛИВ ЖИВОЇ МАСИ БИЧКІВ УКРАЇНСЬКОЇ ЧОРНО-РЯБОЇ МОЛОЧНОЇ ПОРОДИ НА ЇХНЮ М'ЯСНУ ПРОДУКТИВНІСТЬ

О. П. Крук, аспірантка*, Національний університет біоресурсів і природокористування України

За підвищення фактичної живої маси бичків української чорно-рябої молочної породи перед забоєм чистий приріст туш збільшується, а у них частка м'язової (у т. ч. вищого і першого сортів), жирової і сполучної тканин, кісток – зменшується.

Ключові слова: фактична жива маса, забійна маса, забійний вихід, чистий приріст

Постановка проблеми у загальному вигляді. М'ясна продуктивність тварин залежить від живої маси та вгодованості, на які мають вплив вік, порода, стать, умови годівлі та утримання [7]. Головним фактором формування морфологічного складу туш в онтогенезі є їх жива маса [6]. Тому актуальним є визначення оптимальної живої маси тварин перед забоєм.

Аналіз останніх досліджень і публікацій, в яких започатковано розв'язання даної проблеми. Бичків української чорно-рябої молочної породи рекомендують [5] вирощувати до маси 430 – 450 кг. Тварин чорно-рябої породи під час вирощування на м'ясо необхідно годувати вволю від народження до забою, тоді у віці 15 – 18 місяців вони досягають живої маси 420 – 500 кг [3]. За інтенсивного вирощування та відгодівлі молодняку до живої маси 500 – 550 кг перед забоєм бички 18-місячного віку мають нежирні туші масою 299,1 кг, високий забійний вихід (56,1 %), добру повном'ясність, невисокий вміст внутрішнього жиру та товщину жирового поливу лише 2,2 мм.

Виділення невирішених раніше частин загальної проблеми, котрим присвячується дана стаття. Залишається невизначеним співвідношення тканин у тушах бичків української чорно-рябої молочної породи за різної фактичної

живої маси перед забоєм.

Ціль статті – визначити вплив фактичної живої маси бичків української чорно-рябої молочної породи перед забоєм на показники м'ясної продуктивності.

Матеріал і методика досліджень. Дослідження провели впродовж 2014 – 2015 років у ФГ "Журавушка" Київської області Броварського району на молодняку української чорно-рябої молочної породи. Від народження до 4-ох місячного віку телят випоювали молоком та утримували групами по 25 голів. Дорощування та відгодівлю тварин проводили у подібних умовах на відгодівельних майданчиках, забій – у забійному цеху ФГ "Журавушка" (с. Калинівка). Фактичну і прийнятну живу масу, забійну масу і забійний вихід визначали відповідно до ДСТУ 3938 – 99 [8] та ДСТУ 4673:2006 [4], чистий приріст (приріст маси туші * Науковий керівник – доктор с.-г. наук, професор А.М. Угнівенко

із розрахунку на один день життя) – згідно з вимогами ICAR [11]. Для оцінювання м'ясності туш тварин визначали м'язово-кісткове відношення, яке вираховували діленням маси м'язової тканини на масу кісток [2], індекс м'язової тканини, який вираховували діленням маси м'язової тканини на сумарну масу кісток, сполучної та жи-

Вісник Сумського національного аграрного університету