

УДК 577.21:636.234.1.082.2

М. Е. МИХАЙЛОВА, Е. В. БЕЛАЯ

**ВЛИЯНИЕ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ  
СОМАТОТРОПИНОВОГО КАСКАДА *bGH*, *bGHR* И *bIGF-1*  
НА ПРИЗНАКИ МОЛОЧНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ  
У КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ**

(Представлено академиком Н. А. Картелем)

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск

Поступило 31.01.2011

**Введение.** Маркер-сопутствующая селекция (marker assisted selection MAS) является одним из современных направлений, сочетающих информацию о молекулярно-генетических полиморфизмах генов, отвечающих за количественные признаки, и маркерных точках (marker loci) с данными об их фенотипическом проявлении. Редкие полиморфные варианты генов, которые ассоциированы с повышенной продуктивностью животных по тем или иным признакам, рассматриваются в качестве генетических маркеров. В настоящее время широко ведутся работы по исследованию полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада в качестве потенциальных генов-кандидатов, которые принимают основное участие в формировании признаков мясной и молочной продуктивности у крупного рогатого скота. Однако эти исследования фрагментированы, проводятся на разных породах, рассматривают различные признаки, поэтому полученные результаты являются трудно сопоставимыми, а в некоторых случаях противоречивыми. Нами предпринята попытка комплексного изучения полиморфизмов ряда генов соматотропинового каскада, белковые продукты которых являются ключевыми звеньями этой гормональной цепи. Исследованы AluI-полиморфизм гена гормона роста *bGH*, одного из ключевых регуляторов роста и лактации у млекопитающих [1], SspI-полиморфизм гена рецептора гормона роста *bGHR*, белок которого осуществляет передачу гуморального сигнала гормона роста к клеткам-мишеням [2] и SnaBI-полиморфизм гена инсулиноподобного фактора роста-1 (*bIGF-1*), запускающего внутриклеточные метаболические ответы на воздействие соматотропина [3].

Цель работы – изучение влияния полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада *bGH*, *bGHR* и *bIGF-1* на признаки удоя, жирномолочности и белковомолочности у коров голштинской породы для оценки возможности использования их в качестве генетических маркеров молочной продуктивности.

Для этого были поставлены следующие задачи:

1. Определить для каждого гена из двух аллельных вариантов предпочтительный. Под предпочтительным аллелем мы понимаем тот, носители которого (в гомо- или гетерозиготном состоянии) характеризуются более высокой продуктивностью по отношению к обладателям альтернативного аллеля.

2. Выявить те генотипы, которые характеризуются повышенными показателями продуктивности по сравнению с общей выборкой. В некоторых случаях продуктивность животных – носителей предпочтительного аллеля находится в пределах срединного уровня продуктивности выборки в целом, что снижает эффективность ДНК-типирования и отбора животных по таким генотипам. Такие генотипы мы обозначаем как повышающие по определенному признаку. В случае, если генотип оказывает значительный повышающий эффект одновременно на три исследуемых признака (удой, жирномолочность, белковомолочность), мы определяем его как комплексно повышающий генотип.

**Материал и методы исследования.** Объект исследования – белорусская популяция голштинского скота, являющаяся несомненным лидером среди пород молочного направления и активно используемая селекционерами для улучшения показателей молочной продуктивности крупного рогатого скота в Беларуси. Материалом для исследования послужили образцы ДНК, выделенные из проб крови 168 коров, предоставленных СПК АК «Снов». В качестве источника информации о молочной продуктивности использованы племенные карты исследуемых животных.

Определение генотипа особи осуществлялось методом ПЦР–ПДФ. Последовательности праймеров и условия амплификации для анализа каждого полиморфизма приведены в табл. 1.

Т а б л и ц а 1. Индивидуальные характеристики условий ПЦР для амплификации исследуемых полиморфных локусов генов *bGH*, *bGHR* и *bIGF-1*

Полиморфизм	Условия амплификации	Последовательность праймеров
<i>bGH</i> -AluI [1]	95° – 5 мин; (95° – 30 с; 64° – 30 с; 72° – 60 с) × 30 циклов; 72° – 10 мин	AluI-F: 5'-ccgtgtctatgagaagc-3' AluI-R: 5'-gtcttgagcagcgct-3'
<i>bGHR</i> -SspI [2]	95° – 5 мин; (95° – 30 с; 60° – 30 с; 72° – 30 с) × 30; 72° – 10 мин	SspI-F: 5-aatactgggctagcagtgacaatat-3' SspI-R: 5'-acgtttcactgggtgatga-3'
<i>bIGF-1</i> -SnaBI [3]	95° – 5 мин; (95° – 30 с; 64° – 30 с; 72° – 30 с) × 35; 72° – 10 мин	SnaBI-F: 5'-attacaagctgcctgcccc-3' SnaBI-R: 5'-accttaccgtatgaaaggaact-3'

Схемы рестрикционного анализа продуктов амплификации исследуемых генов *bGH*, *bGHR* и *bIGF-1* представлены в табл. 2.

Т а б л и ц а 2. Схемы ПДФ-анализа продуктов амплификации исследуемых полиморфных участков генов *bGH*, *bGHR* и *bIGF-1*

Полиморфизм / положение	Рестриктаза	Замена нуклеотида / замена аминокислоты	Распознаваемый нуклеотид / аллель	Генотип и соответствующая длина рестрикционных фрагментов
<i>bGH</i> -AluI / экзон 5	AluI	C → G / Leu → Val	C / <i>bGH</i> -AluI <sup>L</sup>	<i>GH</i> -AluI <sup>VV</sup> : 208; <i>GH</i> -AluI <sup>LL</sup> : 172 + 35; <i>GH</i> -AluI <sup>LV</sup> : 208 + 172 + 35
<i>bGHR</i> -SspI / экзон 8	SspI	T → A / Phe → Val	T / <i>bGHR</i> -SspI <sup>F</sup>	<i>GHR</i> -SspI <sup>VY</sup> : 182; <i>GHR</i> -SspI <sup>FF</sup> : 158 + 24; <i>GHR</i> -SspI <sup>FY</sup> : 182 + 158 + 24
<i>bIGF-1</i> -SnaBI / экзон 1	SnaBI	T → C	T / <i>bIGF-1</i> -SnaBI <sup>A</sup>	<i>IGF-1</i> SnaBI <sup>BB</sup> : 249; <i>IGF-1</i> SnaBI <sup>AA</sup> : 223 + 26; <i>IGF-1</i> SnaBI <sup>AB</sup> : 249 + 223 + 26

Продуктивность животных с определенным генотипом оценивалась по таким параметрам, как удой, жирномолочность, белковомолочность. Удой – молочная продуктивность в литрах в пересчете на лактацию длительностью 305 сут. Жирномолочность и белковомолочность – абсолютный показатель производительности жира (белка), выраженный в кг в пересчете на среднюю продолжительность лактации 305 сут. [4].

Для выявления предпочтительного аллеля животные были сгруппированы в соответствии с генотипом. Затем проводилось сравнение срединных значений показателей продуктивности в группах животных, гомозиготных по обоим аллельным вариантам исследуемого гена. В случае низкой частоты одного из аллелей, при отсутствии или незначительном количестве гомозигот по этому аллелю, оценка продуктивности осуществлялась по гетерозиготам – носителям редкого аллеля, а оценка предпочтительности аллелей – по каждому признаку.

Для выявления повышающего эффекта полиморфизма сравнивалось срединное значение продуктивности по удою, жирномолочности и белковомолочности в группе животных с определенным генотипом и срединное значение продуктивности по этим признакам по общей выборке.

Так как в некоторых исследуемых группах характер распределения количественных признаков не соответствовал нормальному, и число выявленных животных с редкими генотипами было меньше 20, то статистическая оценка достоверности полученных данных осуществлялась методами непараметрической статистики. Данные представлены с помощью меры центральной тен-

денции, характеризующей срединное положение признака в вариационном ряду ( $M_c$ ). Интерквартильный размах признака описывается с помощью 25 и 75 перцентилей – верхняя граница 1-го и нижняя граница 4-го квартилей.

Статистическая достоверность выявленных различий оценивалась с помощью непараметрического критерия серий Вальда–Вольфовица для двух независимых выборок, который применяется в тех случаях, когда число наблюдений слишком невелико, чтобы применять критерий  $\chi^2$  со многими степенями свободы, а также критерий Колмогорова–Смирнова. Серийный критерий выявляет различия в распределении признака в сравниваемых группах, не показывая в чем они состоят. Проверяется нулевая статистическая гипотеза о том, что группы животных с анализируемыми генотипами и общая выборка получены из одной и той же генеральной совокупности. Если нулевая гипотеза отклоняется (при  $p < 0,05$ ), то принимается альтернативная гипотеза о существовании различий [5; 6]. Полученные данные во всех случаях рассматривались как статистически значимые при  $p < 0,05$ .

Статистическая обработка данных выполнена с помощью стандартного пакета программ STATISTICA 6.0 (StatSoft, Ink. 1994–2001).

**Результаты и их обсуждение.** В ходе ДНК-типирования животных по полиморфизму *bGH-AluI* гена гормона роста были выявлены особи с генотипами *bGH-AluI<sup>LL</sup>* и *bGH-AluI<sup>LV</sup>*. Значения медианы и интерквартильный размах признаков молочной продуктивности для этих групп и выборки в целом, а также значения  $p$  для статистической оценки значимости отличия групп животных с разными генотипами от общей выборки, полученные с применением серийного критерия Вальда–Вольфовица, приведены в табл. 3. Животных с генотипом *bGH-AluI<sup>VV</sup>* выявлено не было.

Т а б л и ц а 3. Анализ влияния генотипа по полиморфизму *bGH-AluI* на показатели молочной продуктивности у коров голштинской породы.  $M_c$  (25 %; 75 %)

Показатель	Генотип		
	<i>bGH-AluI<sup>LV</sup></i> (n = 14)	<i>bGH-AluI<sup>LL</sup></i> (n = 154)	Полная выборка (n = 168)
Удой (кг)	9749 (9029; 11276)	10153 (9339; 10935)	10074 (9328; 10925)
Значение $p$ статистики	0,21	0,00*	–
Жирномолочность (кг)	371(333;393)	363 (340; 393)	363 (339; 392)
Значение $p$ статистики	0,47	0,00*	–
Белковомолочность (кг)	303(284; 326)	312 (293; 335)	312 (292; 334)
Значение $p$ статистики	0,21	0,00*	–

П р и м е ч а н и е: \* – данные статистически значимы при  $p < 0,05$ .

Из данных табл. 3 следует, что аллель *bGH-AluI<sup>L</sup>* является предпочтительным по признакам общего удоя и белковомолочности, так как показатель общего удоя и белковомолочности выше у животных с генотипом *bGH-AluI<sup>LL</sup>* по сравнению с коровами с генотипом *bGH-AluI<sup>LV</sup>*. По признаку жирномолочности предпочтительным является аллель *bGH-AluI<sup>V</sup>*, так как гетерозиготные особи с генотипом *bGH-AluI<sup>LV</sup>* характеризуются более высокой продуктивностью по данному признаку по сравнению с коровами с генотипом *bGH-AluI<sup>LL</sup>*.

Анализ влияния генотипа на продуктивность показал, что по признаку удоя животные с генотипом *bGH-AluI<sup>LL</sup>*, гомозиготные по предпочтительному аллелю, обладают более высоким уровнем продуктивности по сравнению с животными из общей выборки. Уровень белковомолочности у коров с генотипом *bGH-AluI<sup>LL</sup>* не превышает продуктивности животных из общей выборки (табл. 3).

Показатели жирномолочности у особей с предпочтительным генотипом *bGH-AluI<sup>LV</sup>* значительно выше, чем по общей выборке. Однако по результатам применения критерия Вальда–Вольфовица статистически значимо от общей выборки отличается только группа животных с генотипом *bGH-AluI<sup>LL</sup>* (табл. 3). Поэтому характер влияния генотипа *bGH-AluI<sup>LV</sup>* на жирномолочность требует дальнейшего исследования.

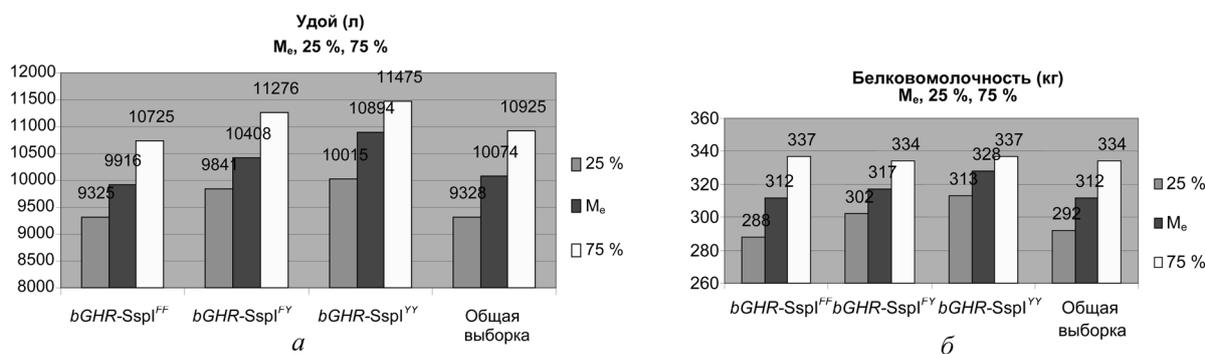


Рис. 1. Связь генотипа по SspI-полиморфизму гена рецептора гормона роста *bGHR* с показателями молочной продуктивности у коров голштинской породы: а – удой; б – белковомолочность

Полученные нами данные позволяют рассматривать генотип *bGH-AluI<sup>LL</sup>* как повышающий продуктивность по признаку удоя.

Наши результаты согласуются с данными Zwierzchowski et al., которые обнаружили взаимосвязь *bGH-AluI<sup>L</sup>* аллеля с высокой молочной продуктивностью при изучении польской популяции голштин [7].

В ходе изучения SspI-полиморфизма гена рецептора гормона роста *bGHR* нами выявлены 97 особей с генотипом *bGHR-Sspl<sup>FF</sup>*, 66 особей с генотипом *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>* и 5 коров с генотипом *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>*. Значения медианы и интерквартильный размах для признаков молочной продуктивности у этих групп животных и общей выборки отражены на рис. 1, 2. Из представленных на диаграммах данных видно, что аллель *bGHR-Sspl<sup>Y</sup>* является предпочтительным по трем признакам молочной продуктивности: удой, жирномолочность и белковомолочность, так как продуктивность коров с генотипом *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>* во всех случаях выше, чем у особей с генотипом *bGHR-Sspl<sup>FF</sup>*.

Исследование влияния данного полиморфизма на молочную продуктивность выявило повышающий эффект генотипов *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>* и *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>* на признаки удоя и белковомолочности. Продуктивность коров с такими генотипами значительно превышала показатели по общей выборке.

Уровень жирномолочности у животных с редким генотипом *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>* также несколько выше, чем у особей с генотипом *bGHR-Sspl<sup>FF</sup>*, что позволяет рассматривать аллель *bGHR-Sspl<sup>Y</sup>* как предпочтительный по отношению к аллелю *bGHR-Sspl<sup>F</sup>* (рис. 2).

По признаку жирномолочности отмечен значительный повышающий эффект генотипа *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>*. Так, группа коров с генотипом *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>* значительно превосходит не только животных из общей выборки, но и животных с генотипом *bGHR-Sspl<sup>YY</sup>*, гомозиготных по предпочтительному аллелю (рис. 2).

Результаты оценки статистической значимости различий в анализируемых группах представлены в табл. 4 и подтверждают повышающий эффект на признаки удоя, жирномолочности и белковомолочности для генотипа *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>*.

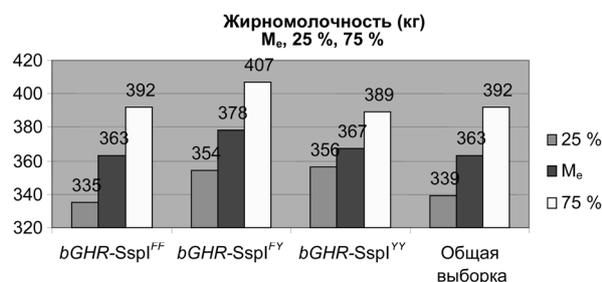


Рис. 2. Связь генотипа по SspI-полиморфизму гена рецептора гормона роста *bGHR* с показателем жирномолочности у коров голштинской породы

Таким образом, генотип *bGHR-Sspl<sup>FY</sup>* оказывает комплексный повышающий эффект на такие признаки, как удой, жирномолочность и белковомолочность, что позволяет рекомендовать его в качестве универсального генетического маркера повышенной молочной продуктивности у коров голштинской породы.

Учитывая, что данный полиморфизм сопровождается аминокислотной заменой в трансмембранном домене белка рецептора гормона роста, и в результате этого гетерозиготные животные обладают как нормальными, так и му-

Таблица 4. Результаты оценки статистической значимости отличия групп животных с разными генотипами по полиморфизму *bGHR-Sspl* от животных общей выборки с применением критерия Вальда–Вольфовица

Показатель	Генотип					
	<i>bGHR-Sspl<sup>FF</sup></i>		<i>bGHR-Sspl<sup>FY</sup></i>		<i>bGHR-Sspl<sup>YY</sup></i>	
	W–W	<i>p</i>	W–W	<i>p</i>	W–W	<i>p</i>
Удой	5,87	0,00*	2,11	0,03*	0,42	0,67
Жирномолочность	5,25	0,00*	2,58	0,00*	0,42	0,67
Белковомолочность	5,56	0,00*	2,58	0,00	0,41	0,67

Примечания: W–W – значение критерия Вальда–Вольфовица; \* – данные статистически значимы при  $p < 0,05$ .

тантными рецепторными пептидами, то наблюдаемое явление может быть вызвано особенностями развития внутриклеточного ответа, опосредуемого за счет инсулиноподобного фактора роста-1, регулирующего углеводный и жировой метаболизм.

При изучении *SnaBI*-полиморфизма гена инсулиноподобного фактора роста-1 *bIGF-1* выявлены 32 особи с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup>*, 82 – с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* и 54 – с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>*. Данные о продуктивности для этих групп животных приведены на рис. 3 и 4.

Отмечено, что особи, гомозиготные по аллелю *bIGF-1-SnaBI<sup>A</sup>*, превосходят животных, гомозиготных по аллелю *bIGF-1-SnaBI<sup>B</sup>*, по всем трем исследуемым параметрам молочной продуктивности: удой, жирномолочность и белковомолочность (рис. 3, 4). Это позволяет рассматривать аллель *bIGF-1-SnaBI<sup>A</sup>* как предпочтительный по отношению к аллелю *bIGF-1-SnaBI<sup>B</sup>*.

Анализ влияния *bIGF-1-SnaBI*-полиморфизма на молочную продуктивность выявил значительный повышающий эффект генотипа *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* на признак удоя (рис. 3).

По признакам жирномолочности и белковомолочности повышающий эффект наблюдается для генотипа *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>*. В группе гомозиготных по предпочтительному аллелю коров с генотипом *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* значение медиан по этим признакам также несколько превышает медиану общей выборки (рис. 4).

Результаты статистической оценки достоверности различий анализируемых групп от общей выборки представлены в табл. 5 и подтверждают, что по трем анализируемым признакам группы животных с генотипами *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* и *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* статистически значимо отличаются от общей выборки (табл. 5).

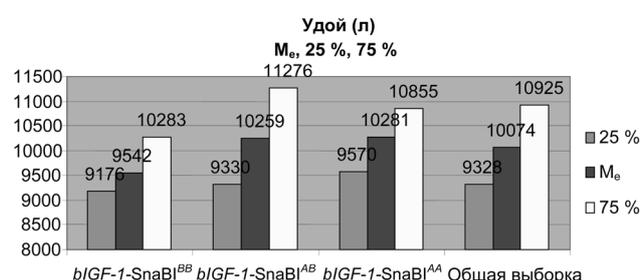


Рис. 3. Связь генотипа по *SnaBI*-полиморфизму гена инсулиноподобного фактора роста-1 *bIGF-1* с показателем удоя у коров голштинской породы

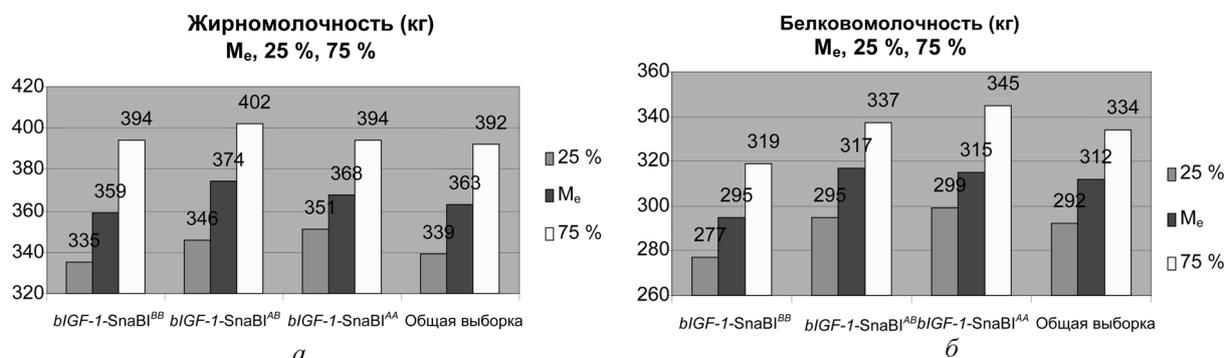


Рис. 4. Связь генотипа по *SnaBI*-полиморфизму гена инсулиноподобного фактора роста-1 *bIGF-1* с показателями молочной продуктивности у коров голштинской породы: а – жирномолочность; б – белковомолочность

Таблица 5. Результаты оценки статистической значимости отличия групп животных с разными генотипами по полиморфизму *bIGF-1-SnaBI* от общей выборки с применением критерия Вальда–Вольфовица

Показатель	Генотип					
	<i>bIGF-1-SnaBI<sup>BB</sup></i>		<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup></i>		<i>bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup></i>	
	W-W	<i>p</i>	W-W	<i>p</i>	W-W	<i>p</i>
Удой	1,56	0,11	3,4	0,00*	2,97	0,00*
Жирномолочность	1,89	0,03	3,81	0,00*	4,01	0,00*
Белковомолочность	1,56	0,11	4,19	0,00*	3,18	0,00*

Примечания: W-W – значение критерия Вальда–Вольфовица; \* – данные статистически значимы при  $p < 0,05$ .

Полученные данные позволяют рассматривать генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* в качестве маркера повышенной молочной продуктивности по признаку удою, а генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* как маркер повышенной жирномолочности и белковомолочности. Так как оба генотипа оказывают комплексный повышающий эффект на три признака молочной продуктивности, то они могут быть рекомендованы для применения в MAS-селекции в качестве универсальных маркеров повышенной молочной продуктивности.

Полиморфизм *bIGF-1-SnaBI* выявлен сравнительно недавно [8] и на сегодняшний день вопрос влияния его на признаки молочной продуктивности у крупного рогатого скота практически не изучен. Имеются данные о том, что у польского голштино-фризского скота по признакам мясной продуктивности предпочтительным является *bIGF-1-SnaBI<sup>B</sup>* аллель [3].

**Заключение.** Нами изучена взаимосвязь аллельных вариантов генов соматотропинового каскада *bGH*, *bGHR* и *bIGF-1* с признаками молочной продуктивности у коров голштинской породы для оценки возможности применения данных генов в качестве генетических маркеров повышенной молочной продуктивности.

В качестве универсальных маркеров для использования в селекционных программах MAS-селекции наибольший практический интерес представляют генотипы, которые характеризуются повышенными по отношению к общей выборке показателями удою, белково- и жирномолочности. По результатам исследования AluI-полиморфизма гена гормона роста *bGH* следует отметить аллель *bGH-AluI<sup>L</sup>* как предпочтительный по признаку удою и белковомолочности, а аллель *bGH-AluI<sup>V</sup>* – по показателю жирномолочности. В качестве маркера повышенной молочной продуктивности по признаку общего удою у коров голштинской породы может быть использован генотип *bGH-AluI<sup>LL</sup>*.

Исследование SspI-полиморфизма гена рецептора гормона роста *bGHR* показало, что по трем признакам молочной продуктивности: удою, жирномолочность и белковомолочность предпочтительным является аллель *bGHR-SspI<sup>Y</sup>*. В качестве универсального генетического маркера повышенной молочной продуктивности может быть рекомендован генотип *bGHR-SspI<sup>FY</sup>*.

Анализ ассоциации SnaBI-полиморфных вариантов гена инсулиноподобного фактора роста-1 *bIGF-1* показал, что предпочтительным по трем признакам молочной продуктивности (удою, жирномолочность, белковомолочность) является аллель *bIGF-1-SnaBI<sup>A</sup>*. Генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* может применяться в качестве генетического маркера повышенной молочной продуктивности по признаку общего удою, а генотип *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* – как маркер повышенной жирномолочности и белковомолочности. Генотипы *bIGF-1-SnaBI<sup>AB</sup>* и *bIGF-1-SnaBI<sup>AA</sup>* могут быть использованы в качестве универсальных маркеров повышенной молочной продуктивности, так как для таких животных характерны повышенные показатели по всем трем признакам по сравнению с показателями в общей выборке.

## Литература

1. Pawar R. S., Tajane R., Joshi C., Rank D. // Indian J. of Animal Sciences. 2007. Vol. 11, № 9. P. 884–888.
2. Fontanesy L. // Ital. J. Anim. Sci. 2007. Vol. 6. P. 415–420.

3. Siadkowska E. L. // Animal Science Papers and Reports. 2006. Vol. 24, № 3. P. 225–237.
4. Шляхтун В. И. Основы зоотехники: учеб. пособие. Минск, 2006. – 323 с.
5. Реброва О. Ю. Статистический анализ медицинских данных. Применение пакета прикладных программ STATISTICA. М., 2002. – 312 с.
6. Гублер Е. В., Генкин А. А. Применение непараметрических критериев статистики в медико-биологических исследованиях. Л., 1973. – 142 с.
7. Zwiernowski L., Krzyzewski J., Strzalkowska N. et al. // Animal Science Papers and Reports 2002. Vol. 20. P. 213–221.
8. Ge W. // J. of Animal Science. 2001. Vol. 79. P. 1757–1762.

MIKHAILOVA M. E., BELAYA Ye. V.

M.Mikhailova@jgc.bas-net.by

**INFLUENCE OF POLYMORPHIC VARIANTS OF SOMATOTROPIN CASCADE GENES *bGH*,  
*bGHR* AND *bIGF-1* ON MILK PRODUCTIVITY TRAITS IN HOLSTEIN CATTLE**

**Summary**

Polymorphisms of genes of growth hormone *bGH*, receptor of growth hormone *bGHR* and of insulin-like growth factor-1 *bIGF-1* were tested in a Belarusian population of Holstein cattle. It was noted for AluI-polymorphism of gene of growth hormone *bGH* that animals with the genotype *bGH*-AluI<sup>LL</sup> are superior to animals with the genotype *bGH*-AluI<sup>LV</sup> in the total milk yield and the protein content. For *GHR*-SspI-polymorphism of insulin-like growth factor-1 gene significant positive correlation was revealed between genotype and trait, namely, a rare allele *bGHR*-SspI<sup>Y</sup> is more preferable. For *bIGF-1*-SnaBI-polymorphism it was noted that animals with the genotype *bIGF-1*-SnaBI<sup>AA</sup> are superior to animals with the genotype *bIGF-1*-SnaBI<sup>BB</sup> in all the tested parameters.