

## СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫЕ НАУКИ

*Бейшова И.С., кандидат сельскохозяйственных наук, доцент,  
Республиканское государственное предприятие на праве хозяйственного ведения  
«Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова,  
Белая Е.В., кандидат биологических наук, научный сотрудник,  
Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси»,  
Терлецкий В.П., доктор биологических наук, главный научный сотрудник, профессор,  
Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Всероссийский научно-исследовательский институт генетики  
и разведения сельскохозяйственных животных»  
Российской академии наук (ФГБНУ ВНИИГРЖ РАН),  
Чужебаева Г.Д., кандидат ветеринарных наук, старший научный сотрудник,  
Республиканское государственное предприятие на праве хозяйственного ведения  
«Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова»,  
Крутикова А.А., научный сотрудник,  
Федеральное государственное бюджетное научное учреждение  
«Всероссийский научно-исследовательский институт генетики  
и разведения сельскохозяйственных животных»  
Российской академии наук (ФГБНУ ВНИИГРЖ РАН)*

### АНАЛИЗ ПРОДУКТИВНОСТИ В ГРУППАХ КОРОВ АУЛИЕКОЛЬСКОЙ И КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОД С РАЗНЫМИ ГЕНОТИПАМИ ПОЛИМОРФИЗМА *bPit-1-HinFI*

**Абстракт:** в последние два десятилетия в развитых странах Евросоюза, США, Канаде бурно развивается геномная селекция крупного рогатого скота, основанная на применении ДНК-технологий. Молекулярно-генетическая оценка племенного поголовья коров и быков является важнейшим этапом селекционной работы при разведении скота.

Развитие животноводства на современном этапе невозможно без внедрения новых биотехнологических методов оценки признаков продуктивности сельскохозяйственных животных, базирующихся непосредственно на анализе наследственной информации. Большая часть хозяйственно ценных селекционных признаков имеет полигенный характер, т.е. контролируется множеством генов. Поэтому в настоящее время в странах с развитой экономикой бурное развитие получило новое направление селекции, опирающееся на информацию о генотипах живых организмов – маркер-зависимая селекция (Marker Assisted Selection – MAS [1]). MAS-селекция использует информацию о фенотипическом проявлении аллелей генов, отвечающих за количественные признаки (генов-кандидатов) и позволяет оценить генетический потенциал продуктивности животных на ранних этапах постнатального развития. Разработка ДНК-маркеров хозяйственно – ценных признаков позволила проводить экспресс-оценку поголовья на устойчивость к инфекционным заболеваниям и стрессорным факторам внешней среды, выявлять племенных животных с высоким генетическим потенциалом молочной и мясной продуктивности, высоким качеством продукции.

В статье представлены результаты исследования влияния аллельных вариантов гена *bPit-1* на показатели мясной продуктивности аулиекольской и казахской белоголовой пород. Было установлено, что у животных аулиекольской породы генотип *bPit-1-HinFI<sup>AA</sup>* значимо ассоциирован с более высоким ежесуточным приростом живой массы, как по отношению к альтернативным генотипам, так и к выборке в целом и может быть рекомендован в качестве генетического маркера.

**Ключевые слова:** крупный рогатый скот, казахская белоголовая порода, аулиекольская порода, ДНК, *bPit-1-HinFI*, ПЦР-ПДРФ

#### Введение

Гипофизарный фактор транскрипции (*Pit-1*) участвует в регуляции экспрессии генов пролактина (*PRL*), соматотропина (*GH*) и тиреотропного гормона, а также регулирует дифференциацию и пролиферацию клеток гипофиза в раннем эмбрио-

генезе и определяет развитие зон, ответственных за синтез соматотропина [2, 3, 4].

Имеются данные в пользу того, что мутации, возникающие в гене *bPit-1* могут быть ассоциированы со скоростью роста, признаками мясной и молочной продуктивности у животных, в том числе и домашнего скота. В частности, было обнару-

жено, что ген *bPit-1* ассоциирован с мясными признаками у свиней [5].

Исследования ассоциации полиморфных вариантов гена *Pit-1*, с признаками мясной и молочной продуктивности у крупного рогатого скота в настоящее время широко проводятся за рубежом в рамках различных селекционных программ.

Наиболее исследованным из них является *Pit1-HinFI* полиморфизм, впервые описанный Woollard J. [6], впоследствии идентифицированный как молчащая G→A замена в области шестого экзона [7]. Несмотря на то, что данная мутация не приводит к аминокислотной замене белка и теоретически не должна влиять на его физиологические свойства, рядом авторов выявлены различные виды ассоциации этого полиморфизма, как с признаками мясной, так и молочной продуктивности у представителей разных пород [8].

#### Материалы и методы исследований

Исследования проводились на 296 головах крупного рогатого скота казахской белоголовой

породы ТОО «Жанабек» и 284 головах аулиекольской породы ТОО «Каркын». Оценка мясных качеств проводилась по параметрам: живая масса при рождении, а также в возрасте 6, 12, 18 и 24 месяца; привес живой массы за 6 месяцев содержания: с 1-го по 6-й, с 7-го по 12, с 13-го по 18, и с 19-го по 24; ежедневный прирост в 1-м, 2-м, 3-м и 4-м полугодии содержания. Источником информации являлись племенные карты животных.

Кровь получали у КРС из яремной вены в объеме не менее 5 мл. Кровь животных отбирали в вакуумные стерильные пробирки, содержащие K2EDTA.

Геномную ДНК выделяли из крови коров, используя набор Diatom™ Prep200 и «PureLinkGenomic DNA Kits», согласно инструкции фирмы изготовителя, прилагаемой к набору.

Последовательности праймеров и условия ПЦР для анализа полиморфизма *bPit-1-HinFI* приведены в табл. 1.

Таблица 1

**Характеристики условий ПЦР и последовательность праймеров для анализа полиморфизма *bPit-1-HinFI***

Полиморфизм	Условия амплификации	Последовательности праймеров
<i>bPit-1-HinFI</i>	95°C – 5 мин; (95°C – 45 сек; 55,3°C – 45 сек; 72°C – 45 сек) x 34 цикла; 72°C – 10 мин; 12°C – 10 мин	<i>HinFI-F</i> : 5'-aaaccatcatctcccttctt-3'
		<i>HinFI-R</i> : 5'-aatgtacaatgtcttctgag-3'

Для разделения фрагментов ДНК использовался метод горизонтального электрофореза.

Оценка ассоциации признака мясной продуктивности и генотипа проводилась в несколько этапов. Для обработки данных использовали программы «Microsoft Excel 2010» и «Statistica 6.0» (StatSoft, Inc. 1994 – 2001).

На первом этапе устанавливали предпочтительный и альтернативные генотипы путем сравнения показателей продуктивности групп с разными генотипами между собой. Для сравнения выборок использовали расчетный уровень значимости различий между средними  $\bar{p}$ . Эту величину сравнивали с заданным уровнем значимости  $\alpha$  (в нашем случае  $\alpha = 0,05$ ).

В случае, если между тремя группами животных с тремя разными генотипами по данному полиморфизму, выявлялось достоверное отличие, предпочтительным по данному признаку принимали генотип с наибольшим значением показателя, два других принимались, как альтернативные.

На втором этапе проводилось сопоставление показателей продуктивности этих групп животных с показателями продуктивности общей выборки.

Оценка разницы между группой с определенным генотипом и общей выборкой проводилась путем нахождения расчетного уровня значимости по критерию Стьюдента.

#### Результаты исследований

Характеристика продуктивности коров аулиекольской породы с разными генотипами полиморфизма *bPit-1-HinFI* представлена в таблице 2, из которой следует, что в возрасте 12, 18 и 24 месяцев животные с разными генотипами значительно различаются между собой по весу. В данном случае, для указанных возрастов лидируют коровы с генотипом *bPit-1-HinFI*<sup>AA</sup>. По результатам теста Стьюдента, можно отметить, что разница в весовых показателях группы *bPit-1-HinFI*<sup>AA</sup> значительно отличается от такового по выборке в целом.

Так как данный генотип в исследованной популяции является редким (частота аллеля составляет *bPit-1-HinFI*<sup>A</sup> 0,345±0,002) его можно рассматривать как маркер повышенной мясной продуктивности для отбора в ходе селекционных программ.

Таблица 2

**Характеристика живой массы по возрастам в группах коров с разными генотипами полиморфизма *bPit-1-HinFI* аулиекольской породы,  $m \pm \sigma$  (кг)**

Группа/вес	При рождении	6 месяца	12 месяца	18 месяцев	24 месяца
Общая выборка	25,968±0,047	203,310±1,274	328,258±2,409	369,056±2,819	416,283±3,231
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>AA</sup>	26,000±0,090	209,313±3,043	338,710±6,416	386,552±7,881	439,296±10,014
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>AB</sup>	25,977±0,068	203,795±1,858	328,776±3,452	368,563±3,977	413,560±4,423
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>BB</sup>	25,950±0,080	201,175±2,048	324,878±3,875	364,535±4,471	412,758±5,081
$P_1^*, P_2^{**}$			0,05	0,05	0,05

**Примечания:**

\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы дисперсий. Позволяет оценить значимость разницы показателя в группах с разными генотипами. Различие начимо при  $P < 0,05$

\*\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы между группой с определенным генотипом и общей выборкой по критерию Стьюдента

Характеристика полугодического прироста живой массы в группах коров с разными генотипами

полиморфизма *bPit-1-HinFI* аулиекольской породы представлена в табл. 3.

Таблица 3

**Характеристика полугодического прироста живой массы в группах коров с разными генотипами полиморфизма *bPit-1-HinFI* аулиекольской породы,  $m \pm \sigma$  (кг)**

Группа/параметр	1-е полугодие	2-е полугодие	3-е полугодие	4-е полугодие
Общая выборка	176,719±1,408	109,537±4,495	47,957±1,353	46,903±1,013
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>AA</sup>	183,313±3,040	118,813±11,572	50,483±3,915	50,926±3,569
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>AB</sup>	177,818±1,859	107,545±7,039	48,252±2,036	44,990±1,449
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>BB</sup>	173,777±2,476	109,256±6,653	46,931±2,054	47,737±1,492
$P_1^*$		0,083	0,074	0,081

**Примечание:**

\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы дисперсий. Позволяет оценить значимость разницы показателя в группах с разными генотипами. Различие значимо при  $P < 0,05$

Из табл. 3 видно, во 2, 3 и 4-м полугодиях, у животных с генотипом *bPit-1-HinFI*<sup>AA</sup> наблюдается более высокий уровень прироста живой массы, по сравнению с альтернативными генотипами и выборкой в целом.

В табл. 4 представлены показатели ежесуточного прироста живой массы по полугодиям в группах коров с разными генотипами полиморфизма *bPit-1-HinFI* аулиекольской породы.

Таблица 4

**Характеристика ежесуточного прироста живой массы по полугодиям в группах коров с разными генотипами полиморфизма *bPit-1-HinFI* аулиекольской породы,  $m \pm \sigma$  (кг)**

Группа/параметр	1-е полугодие	2-е полугодие	3-е полугодие	4-е полугодие
1	2	3	4	5
Общая выборка	0,966±0,008	0,599±0,025	0,262±0,007	0,256±0,006
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>AA</sup>	1,002±0,017	0,649±0,063	0,276±0,021	0,278±0,020
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>AB</sup>	0,972±0,010	0,588±0,038	0,264±0,011	0,246±0,008
<i>bPit-1-HinFI</i> <sup>BB</sup>	0,950±0,014	0,597±0,036	0,256±0,011	0,261±0,008
$P_1^*, P_2^{**}$		0,05	0,05	0,05

**Примечания:**

\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы дисперсий. Позволяет оценить значимость разницы показателя в группах с разными генотипами. Различие значимо при  $P < 0,05$

\*\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы между группой с определенным генотипом и общей выборкой по критерию Стьюдента

Из табл. 4 следует, что с возраста 6 месяцев телки с генотипом *bPit-1-HinFI*<sup>AA</sup> характеризуются более высоким ежесуточным приростом живой массы,

как по отношению к альтернативным генотипам, так и к выборке в целом.

Так как данный генотип в исследованной популяции является редким (частота аллеля составляет  $bPit-1-HinFI^A$   $0,345 \pm 0,002$ ) его можно рассматривать как маркер повышенной мясной

продуктивности для отбора таких животных в ходе селекционных программ с аулиекольской породой.

Таблица 5

**Характеристика живой массы по возрастам в группах коров с разными генотипами полиморфизма  $bPit-1-HinFI$  казахской белоголовой породы,  $m \pm \sigma$  (кг)**

Группа/вес	при рождении	6 месяца	12 месяца	18 месяцев	24 месяца
Общая выборка	26,291±0,059	196,858±1,348	317,966±2,175	363,699±2,412	409,541±3,020
$bPit-1-HinFI^{AA}$	26,480±0,143	196,960±4,723	317,920±7,987	364,920±9,191	405,500±10,294
$bPit-1-HinFI^{AB}$	26,217±0,085	198,065±2,062	316,986±3,286	362,732±3,568	409,353±4,489
$bPit-1-HinFI^{BB}$	26,331±0,092	195,586±1,918	318,992±3,114	364,474±3,511	410,518±4,480
$P_1^*$					

**Примечание:**  
\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы дисперсий. Позволяет оценить значимость разницы показателя в группах с разными генотипами. Различие значимо при  $P < 0,05$

Из табл. 5 следует, что ассоциации с живой массой у коров казахской белоголовой породы для полиморфизма  $bPit-1-HinFI$  не выявляется.

Эта же информация подтверждается данными табл. 6.

Таблица 6

**Характеристика полугодового прироста живой массы в группах коров с разными генотипами полиморфизма  $bPit-1-HinFI$  казахской белоголовой породы,  $m \pm \sigma$  (кг)**

Группа/параметр	1-е полугодие	2-е полугодие	3-е полугодие	4-е полугодие
Общая выборка	170,568±1,338	121,108±1,456	45,733±1,355	46,145±0,815
$bPit-1-HinFI^{AA}$	170,480±4,704	120,960±5,185	47,000±4,344	41,091±2,459
$bPit-1-HinFI^{AB}$	171,848±2,041	118,920±2,106	45,746±2,099	45,992±1,193
$bPit-1-HinFI^{BB}$	169,256±1,907	123,406±2,184	45,481±1,932	47,281±1,230
$P_1^*$				

**Примечание:**  
\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы дисперсий. Позволяет оценить значимость разницы показателя в группах с разными генотипами. Различие значимо при  $P < 0,05$

Из табл. 7 следует, что у коров казахской белоголовой породы животные с разными генотипами не различаются между собой ни по полугодовому приросту живой массы, ни по ежесуточному приросту значимо. Тем не менее, можно отметить, что, начиная со второго полугодия у животных с генотипами  $bPit-1-$

$HinFI^{AA}$  и  $bPit-1-HinFI^{BB}$  разница усиливается в сторону увеличения мясных показателей у животных с генотипом  $bPit-1-HinFI^{BB}$ , в то время, как у коров аулиекольской породы с увеличением мясной продуктивности достоверно ассоциирован генотип  $bPit-1-HinFI^{AA}$ .

Таблица 7

**Характеристика ежесуточного прироста живой массы по полугодиям в группах коров с разными генотипами полиморфизма  $bPit-1-HinFI$  казахской белоголовой породы,  $m \pm \sigma$  (кг)**

Группа/параметр	1-е полугодие	2-е полугодие	3-е полугодие	4-е полугодие
Общая выборка	0,932±0,007	0,662±0,008	0,250±0,007	0,252±0,004
$bPit-1-HinFI^{AA}$	0,932±0,026	0,661±0,028	0,257±0,024	0,225±0,013
$bPit-1-HinFI^{AB}$	0,939±0,011	0,660±0,012	0,250±0,011	0,251±0,007
$bPit-1-HinFI^{BB}$	0,925±0,010	0,674±0,012	0,249±0,011	0,258±0,007
$P_1^*$		0,05		0,05
$P_2^{**}$		0,05; 0,05		0,05

Продолжение таблицы 7

**Примечания:**

\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы дисперсий. Позволяет оценить значимость разницы показателя в группах с разными генотипами. Различие значимо при  $P < 0,05$

\*\* Расчетный уровень значимости для оценки разницы между группой с определенным генотипом и общей выборкой по критерию Стьюдента

**Заключение**

Таким образом, установлено, что у коров аулиекольской породы генотип *bPit-1-HinFI<sup>AA</sup>* значимо ассоциирован с более высоким ежесуточным приростом живой массы, как по отношению к альтернативным генотипам, так и к

выборке в целом и может быть рекомендован в качестве генетического маркера. У коров казахской белоголовой породы наблюдается противоположная тенденция. Это необходимо учитывать при осуществлении межпородных селекционных мероприятий.

**Литература**

1. Никитин В.Я., Миролюбов М.Г. Ветеринарное акушерство и биотехника размножения. М.: Колос, 2000. С. 23 – 30
2. Anderson B., Rosenfeld M.G. Pit-1 determines cell types during development of the anterior pituitary gland // J. Biol. Chem. 1994. V. 269. P. 29335 – 29338.
3. De Mattos K.K., Del Lama S.N., Martinez M.L., Freitas A.F. Association of bGH and Pit-1 gene variants with milk production traits in dairy Gyr bulls. Braz // J. Agric. Res. 2004. №39. P. 147 – 150.
4. Ingraham H.A., Chen R., Mangalam H.J., Elsholtz H.P., Flynn S.E., Lin C.R., Simmons D.M., Swanson L., Rosenfeld M.G. A tissue specific transcription factor containing a homeo domain specifies a pituitary phenotype // Cell. 1988. V. 55. P. 519 – 529
5. Kim G.W. Analysis of carcass quality grades according to gender, backfat thickness and carcass weight in pigs // J AnimSci Technol. 2012. №54. P. 29 – 33.
6. Woollard J., Schmitz C. B., Freeman A. E., Tuggle C.K. Rapid communication: HinFI polymorphism at the bovine Pit1 locus // J. Anim. Sci. 1994. №72. 3267 p
7. Kriegesmann B.B., Baumgartner B.G., Brenig B., Dierkes Partial genomic structure of bovine Pit1 gene and characterization of a HinFI transition polymorphism in exon 6 // Anim. Genet. 1998. V. 29. P. 398 – 413.
8. Renaville R., Gengler N., Vrech A., Prandi A., Massart S., Corradini C., Bertozzi C., Mortiaux F., Burny A., Portetelle D. Pit-1 gene polymorphism, milk yield, and conformation traits for Italian Holstein – Friesian bulls // J. Dairy Sci. 1997. №80. P. 3431 – 3438.

**References**

1. Nikitin V.Ja., Miroljubov M.G. Veterinarnoe akusherstvo i biotekhnika razmnozhenija. M.: Kolos, 2000. S. 23 – 30
2. Anderson B., Rosenfeld M.G. Pit-1 determines cell types during development of the anterior pituitary gland // J. Biol. Chem. 1994. V. 269. P. 29335 – 29338.
3. De Mattos K.K., Del Lama S.N., Martinez M.L., Freitas A.F. Association of bGH and Pit-1 gene variants with milk production traits in dairy Gyr bulls. Braz // J. Agric. Res. 2004. №39. R. 147 – 150.
4. Ingraham H.A., Chen R., Mangalam H.J., Elsholtz H.P., Flynn S.E., Lin C.R., Simmons D.M., Swanson L., Rosenfeld M.G. A tissue specific transcription factor containing a homeo domain specifies a pituitary phenotype // Cell. 1988. V. 55. P. 519 – 529
5. Kim G.W. Analysis of carcass quality grades according to gender, backfat thickness and carcass weight in pigs // J AnimSci Technol. 2012. №54. R. 29 – 33.
6. Woollard J., Schmitz C. B., Freeman A. E., Tuggle C.K. Rapid communication: HinFI polymorphism at the bovine Pit1 locus // J. Anim. Sci. 1994. №72. 3267 r
7. Kriegesmann B.B., Baumgartner B.G., Brenig B., Dierkes Partial genomic structure of bovine Pit1 gene and characterization of a HinFI transition polymorphism in exon 6 // Anim. Genet. 1998. V. 29. P. 398 – 413.
8. Renaville R., Gengler N., Vrech A., Prandi A., Massart S., Corradini C., Bertozzi C., Mortiaux F., Burny A., Portetelle D. Pit-1 gene polymorphism, milk yield, and conformation traits for Italian Holstein – Friesian bulls // J. Dairy Sci. 1997. №80. R. 3431 – 3438.

*Beyshova I.S., Candidate of Agricultural Sciences (Ph.D.), Associate Professor,  
Kostanay State University named after A. Baitursynov,  
Belaya E.V., Candidate of Biological Sciences (Ph.D.), Research Officer,  
Institute of Genetics and Cytology of the National Academy of Sciences of Belarus,  
Terletsky V.P., Doctor of Biological Sciences (Advanced Doctor), Senior Research Officer, Professor,  
All-Russian Scientific Research Institute of Genetics and Breeding of Agricultural Animals of RAS,  
Chuzhebaeva G.D., Candidate of Veterinary Sciences (Ph.D.), Senior Research Officer,  
Kostanay State University named after A. Baitursynov,  
Krutikova A.A., Research Officer,  
All-Russian Scientific Research Institute of Genetics and Breeding of Agricultural Animals of RAS*

#### **ANALYSIS OF PRODUCTIVITY IN GROUPS OF COWS OF AULIEKOL AND KAZAKH WHITE-HEAD ROCKS WITH DIFFERENT GENOTYPES OF POLYMORPHISM BPIT-1-HINFI**

**Abstract:** in the past two decades, in developed countries of the European Union, the United States and Canada, genomic breeding of cattle is rapidly developing, based on the use of DNA technology. Molecular genetic evaluation of the breeding stock of cows and bulls is the most important stage of breeding work in breeding cattle.

The development of livestock at the present stage is impossible without the introduction of new biotechnological methods for assessing the signs of the productivity of farm animals, based directly on the analysis of hereditary information. Most of the economically valuable breeding features have a polygenic character, i.e. it is controlled by a variety of genes. Therefore, now in the advanced economies, a new direction of breeding, based on information on the genotypes of living organisms - Marker Assisted Selection (MAS), has been vigorously developed. MAS selection uses information on the phenotypic manifestation of alleles of genes responsible for the quantitative characteristics (candidate genes) and allows to evaluate the genetic potential of the productivity of animals in the early stages of postnatal development. Development of DNA markers of economic-valuable traits allowed the rapid assessment of livestock for resistance to infectious diseases and stress factors of the environment, to identify breeding animals with high genetic potential of dairy and meat productivity, high quality of products.

The article presents the results of the study of the effect of allelic variants of bPit-1 gene on the meat productivity of Auliekol and Kazakh white-headed breeds. The genotype bPit-1-HinFIAA was found to be significantly associated with higher daily weight gain in animals of the Auliekol breed, both in relation to alternative genotypes and to the sample as a whole, and can be recommended as a genetic marker.

**Keywords:** cattle, Kazakh white-headed breed, Auliekol breed, DNA, bPit-1-HinFI, PCR-RFLP