

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ПО ГЕНАМ СОМАТОТРОПИНОВОГО КАСКАДА (BPIT1-HINFI, BGH-ALUI И BGHR-SSPI) КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОДЫ

Хасенов М. А. – магистрант аграрно-биологического факультета, Костанайский государственный университет имени А. Байтурсынова.

Бейшова И.С. - доцент кафедры биологии и химии Костанайского государственного университета имени А. Байтурсынова, кандидат сельскохозяйственных наук

Наметов А.М. доктор ветеринарных наук, профессор, руководитель Национального аграрного научно-образовательного центра

Ввиду увеличения спроса на мясную и молочную продукцию на сегодняшний день актуальной проблемой является изучение генетической информации о полиморфизме маркеров, являющихся генами-кандидатами, влияющими на обменные процессы у крупного рогатого скота. К сожалению темпы совершенствования животных на современном этапе не могут в полной мере удовлетворить требования, предъявляемые к селекции. В связи с этим, возникла необходимость поиска новых методов и приемов в селекционной работе, основанных на изучении возможности использования генов в качестве маркеров генотипа в селекционных целях, применение их для раннего и более объективного прогнозирования хозяйственной и племенной ценности животных при отборе по происхождению и оценке по качеству потомства. В зарубежной практике этим исследованиям уже уделяют много внимания, тогда как в нашей стране для казахстанских популяций крупного рогатого скота данные о наличии маркерных аллелей генов соматотропинового каскада и их ассоциации с признаками мясной продуктивности отсутствуют.

В данной работе приводятся результаты исследований полиморфизма генов соматотропинового каскада bPit-1-HinFI, bGH-AluI и bGHR-Ssp, ассоциируемых с уровнем мясной продуктивности казахской белоголовой породы. В результате выборки выявлены полиморфные варианты bPit-1-HinFI^A и bPit-1-HinFI^B, bGH-AluI^V и bGH-AluI^L, bGHR-SspI^Y и bGHR-SspI^F. Необходимость дальнейших исследований ассоциации этих полиморфизмов с повышенной либо с пониженной мясной продуктивностью представляет как практический, так и научный интерес. Благодаря этим исследованиям, в будущем можно будет искоренить особей с нежелательными признаками.

Ключевые слова: казахская белоголовая порода, мясная продуктивность, полиморфизм, соматотропин, гены соматотропинового каскада

GENETIC STRUCTURE OF THE GENES SOMATOTROPIN CASCADE (BPIT1-HINFI, BGH-ALUI AND BGHR-SSPI) KAZAKH WHITE BREED

Khassenov M. A. - Master in biology, Kostanai State University A.Baitursynov.

Beyshova I. S. - Candidate of Agricultural Sciences, Associate professor in Kostanay State University named after A.Baitursynov

Nametov A. M. - D.Sc., Head of National Agricultural Research and Educational Center, Astana, Republic of Kazakhstan

Due to increasing demand for meat and dairy products today the current problem is to study genetic information on polymorphism of the markers, which are candidate genes affecting metabolism in cattle. Unfortunately the pace of animals improvement at the present stage cannot fully meet the requirements applicable to the selection. In this regard the need to find new breeding methods and techniques based on the study of the possibility of using the gene as the genotype markers for breeding purposes, use them for early and more objective forecasting of economic and breeding value of animals in the selection of origin and evaluation quality offspring. In foreign practice, this research has paid a lot of attention, whereas in our country there is no data on the presence of marker alleles of somatotropin cascade gene and their association with signs of meat productivity.

This paper presents the results of studies of polymorphism of somatotropin cascade genes bPit-1-HinFI, bGH-AluI and bGHR-Ssp, associated with the level of meat efficiency of the Kazakh white-headed breed. As a result, the sample revealed polymorphic variants bPit-1-HinFI^A and bPit-1-HinFI^B, bGH-AluI^V and bGH-AluI^L, bGHR-SspI^Y and bGHR-SspI^F. Necessity for further research of association of these polymorphisms with high or low meat productivity is of practical and scientific interest. Due to the research in the future it will be possible to eradicate the species with undesirable traits.

Keywords: Kazakh whit-headed breed, meat productivity, polymorphism, growth hormone, genes of somatotropin cascade

ҚАЗАҚ АҚ БАС ТҰҚЫМЫНЫҢ СОМАТОТРОПИН КАСКАД ГЕНДЕРІ БОЙЫНША (BPIT1-HINFI, BGN-ALUI И BGNH-SSPI) ГЕНЕТИКАЛЫҚ ҚҰРЫЛЫМЫ

Хасенов М. А. - А. Байтұрсынов атындағы Қостанай мемлекеттік университетінің агро-биологиялық магистранты

Бейшова И. С. – ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты. А. Байтұрсынов атындағы Қостанай мемлекеттік университетінің доценті

Наметов А. М., - в.ғ.д., профессор. – КАҚ «Ұлттық аграрлық ғылыми-білім беру орталығы» басқармасының төрағасы

Негізгі ұғымдар: Қазақтың ақбас сиыры, ет өнімділігі, полиморфизм, соматотропин, соматотропин гендер кезеңі

Ет және сүт өнімдеріне деген сұраныстың ұлғаюына байланысты ірі қара малдың зат алмасу үдерістеріне әсер ететін ген-кандидаттар болып табылатын маркерлердің полиморфизмі туралы генетикалық ақпаратты зерттеу бүгінгі таңда өзекті мәселе болып табылады. Өкінішке орай, жануарларды заманауи кезеңдегі жетілдіру қарқындары селекцияға қойылатын талаптарды толық шамада қанағаттандыра алмайды. Осыған байланысты шығу тегі бойынша іріктеген кезде және ұрпақтың қасиеті бойынша бағалаған кезде жануарлардың шаруашылық және асыл тұқымды құндылықтарын ерте және анағұрлым объективті болжау үшін селекциялық мақсаттарда қолданылатын маркерлер ретінде гендерді пайдалану мүмкіндіктерін зерттеуге негізделген селекциялық жұмыстарда жаңа тәсілдер мен амалдарды іздеу қажеттілігі туындады. Шетелдік тәжірибеде аталмыш зерттеулерге көп назар аударылуда, ал біздің елімізде ірі қара малдың қазақстандық популяциялары үшін соматотропиндік каскад гендерінің маркерлік аллельдерінің және олардың ет өнімділігінің белгілері бар қаумдастықтарының бар екендігі туралы деректер жоқ.

Бұл мақалада қазақтың ақбас сиыры тұқымының ет өнімділігінің деңгейімен байланысатын bPit-1-HinFI, bGN-AluI және bGHR-Ssp соматотропиндік каскад гендерінің полиморфизмін зерттеу нәтижелері келтірілген. Іріктеу нәтижесінде bPit-1-HinFI^A және bPit-1-HinFI^B, bGN-AluI^V және bGN-AluI^L, bGHR-SspI^Y және bGHR-SspI^F полиморфтық нұсқалары анықталды. Қауымдастықтың алдағы уақытта осы полиморфизмді жоғары немесе төмен ет өнімділігімен бірге зерттеу қажеттілігі тәжірибелік және ғылыми қызығушылық тудырып отыр. Осы зерттеулердің арқасында болашақта жағымсыз белгілері бар төлдерді құртуға болады.

Түйінді сөздер: *қазақтың ақбас сиыры тұқымы, ет өнімділігі, полиморфизм, соматотропин, соматотропиндік каскад гендері*

Согласно Государственной программе «Форсированного индустриально-инновационного развития Республики Казахстан на 2015-2019 годы» в животноводстве основной упор предполагается сделать на развитие племенной базы, повышения генетического потенциала скота, крупномасштабной селекции на научной основе. В результате внедрения программы широкомасштабной селекции в стране планируется улучшить породный состав животных, повысить продуктивность, создать племенное ядро на основе использования современных технологий воспроизводства, обеспечить увеличение объемов производства качественной продукции, загрузки мощностей перерабатывающих предприятий и выход животноводческой продукции на внешние рынки[1].

Основное поголовье крупного рогатого скота мясного направления в нашей стране представлено двумя породами: аулиекольской, которая хорошо адаптирована к местным условиям климата, и казахской белоголовой породой, которая характеризуется высокой мясной продуктивностью и активно применяется Казахстанскими селекционерами.

Следует отметить, что казахская белоголовая порода занимает наибольший удельный вес чистопородных животных среди всех мясных пород – 62,6%, на долю аулиекольской приходится – 12,0%[2].

Методы совершенствования мясных пород на современном этапе должны базироваться на теоретических основах линейного разведения, совершенствовании заводских линий и перспективных родственных групп, организации селекционно-племенной работы по формированию высокой мясной продуктивности, формированию у животных скороспелости в сочетании с великорослостью, эффективности используемых методов отбора быков-производителей и маточного поголовья, прогнозе результативности селекции[2].

Однако темпы совершенствования животных на современном этапе не могут в полной мере удовлетворить требования, предъявляемые к селекции. В связи с этим, возникла необходимость поиска новых методов и приемов в селекционной работе, основанных на изучении возможности использования генов соматотропинового каскада в качестве маркеров генотипа в селекционных целях,

применение их для раннего и более объективного прогнозирования хозяйственной и племенной ценности животных при отборе по происхождению и оценке по качеству потомства.

Все вышеизложенное свидетельствует об актуальности исследований ассоциации аллелей генов соматотропинового каскада с признаками мясной продуктивности крупного рогатого скота для выявления генотипов, перспективных в качестве генетических маркеров при отборе животных казахской белоголовой породы для совершенствования системы крупномасштабной селекции.

Для селекции крупного рогатого скота мясного направления наибольший интерес представляет ген соматотропина (гормон роста, важнейший регулятор роста у млекопитающих) и гены, вовлеченные в работу всего гормонального цикла соматотропинового каскада. К ним относятся гены, принимающие участие в регуляции экспрессии гена соматотропина (такие как ген гипофизарного фактора роста-1 *bPit-1*) и опосредовании его физиологических эффектов на клетки-мишени (такие как ген рецептора гормона роста *bGHR*).

Достаточно простым способом применения физиологических эффектов соматотропина в мясном скотоводстве является его введение в рацион животных мясных пород. Это приводит к увеличению темпов роста и интенсивности накопления мышечной массы. Однако, имеются многочисленные данные о том, что регулярное употребление мяса таких животных приводит к возникновению ряда серьезных заболеваний у человека, в том числе рак простаты [3-4]. Поэтому наиболее безопасным и эффективным способом интенсификации селекционного процесса остается поиск аллельных вариантов генов соматотропинового каскада ассоциированных с повышенной мясной продуктивностью и применение их в ходе селекционного процесса[5].

Соматотропин, как и другие гены, отвечающие за развитие количественных признаков, является полиморфным. У крупного рогатого скота разных пород выявлен широкий набор их аллелей, представляющих интерес для MAS-селекции в качестве генетических маркеров хозяйственно полезных признаков. Имеется много данных о том, что некоторые его аллели ассоциированы с повышенным потенциалом мясной и молочной продуктивности у КРС[6-7]. Однако в ряде случаев опубликованные данные об ассоциации аллелей генов соматотропинового каскада (*bPit-1*, *bGH* и *bGHR*) с признаками продуктивности, полученные на разных породах, трудно сопоставимы и противоречат друг другу [2, 6, 8, 9, 10], а для значительной части выявленных аллелей такие исследования не проводились.

Для казахстанских популяций крупного рогатого скота данные о наличии маркерных аллелей генов соматотропинового каскада и их ассоциации с признаками мясной продуктивности отсутствуют. В то же время, информация о генетических маркерах мясной продуктивности у местных пород чрезвычайно важна, так как именно местные породы хорошо адаптированы к условиям климата, кормовой базе и обладают устойчивым иммунитетом к заболеваниям, распространенным на территории Казахстана, что дает им несомненное преимущество, как объекта селекции крупного рогатого скота мясного направления.

Исходя из выше изложенного, было принято решение о необходимости проведения:

1. Генотипирование быков - производителей породы по полиморфным вариантам генов, связанных с мясной продуктивностью (*bPit1-HinFI*, *bGH-AluI* и *bGHR-Sspl*)
2. Оценка частот генотипов казахской белоголовой породы

Материал и методы исследования

Объектом исследования послужили выборки коров казахской белоголовой породы.

Предмет исследования: полиморфные гены соматотропинового каскада (*bPit-1*, *bGH*, *bGHR*).

Материал исследования – образцы ДНК, выделенной из крови коров казахской белоголовой породы.

Методика ДНК-типирования животных включает следующие операции:

1. Отбор и подготовка проб для анализа (осуществляется работниками хозяйства, предоставляющего образцы).
2. Выделение ДНК из исследуемых образцов. Геномную ДНК выделяли из крови коров, используя набор *DiatomTMRprep200* (Лаборатория Изоген, Москва), согласно инструкции фирмы изготовителя.
3. Амплификация ДНК с соответствующими праймерами (ПЦР).
4. Обработка амплификата рестриктазой.
5. Разделение продуктов рестрикции методом гель-электрофореза.
6. Определение генотипа животного.
7. Документирование и внесение информации в общую базу данных.

Определение генотипов животных осуществлялось методом ПЦР-ПДРФ. Последовательности праймеров и условия ПЦР для анализа каждого полиморфизма приведены в таблице 1.

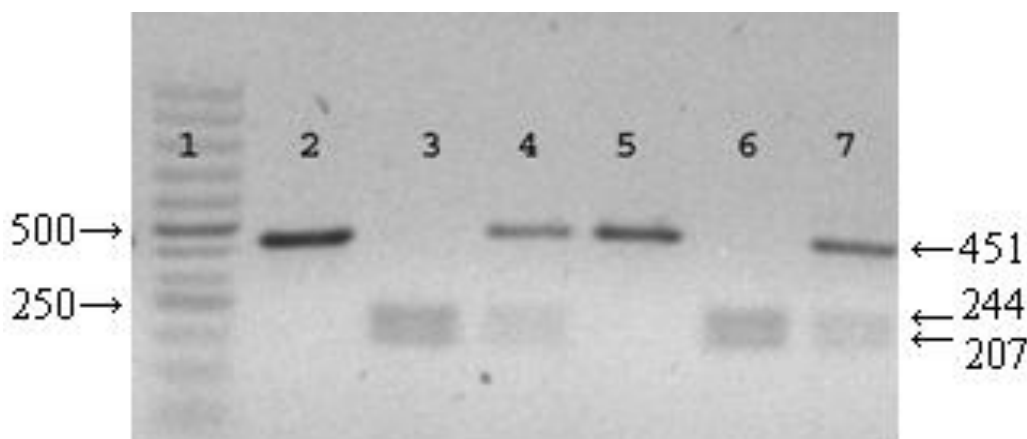
Полиморфизм	Условия амплификации	Последовательности праймеров
<i>bPit-1</i> -HinfI	94 °C – 1 мин; (95 °C – 45 сек; 56 °C – 6° сек; 72 °C – 6° сек) x 35 циклов; 72 °C – 1° мин	HinfI-F: 5'-aaaccatcatctcccttctt-3'
		HinfI-R: 5'-aatgtacaatgtcttctgag-3'
<i>bGH</i> -AluI	95 °C – 5 мин; (95 °C – 3° сек; 64 °C – 3° сек; 72 °C – 6° сек) x 35° циклов; 72 °C – 1° мин	AluI –F: 5'-ccgtgtctatgagaagc-3'
		AluI-R: 5'-gttcttgagcagcgcg-3'
<i>bGHR</i> -SspI	95 °C – 5 мин; (95 °C – 3° сек; 6° °C – 3° сек; 72 °C – 3° сек) x 35° циклов; 72 °C – 1° мин	SspI-F: 5'-aatatgtagcagtgacaatat-3'
		SspI-R: 5'-acgtttcactgggtgatga-3'

Анализ генетического полиморфизма генов *bPit-1*-HinfI, *bGH* – AluI и *bGHR*-SspI

Анализ полиморфизма длин рестрикционных фрагментов включал обработку амплификата сайт-специфической рестриктазой и последующее разделение полученных фрагментов с помощью гель-электрофореза.

Анализ полиморфизма нуклеотидной последовательности гена *bPit-1* в экзоне 6 проводился с помощью рестриктазы HinfI. Полиморфизм обусловлен А→Г нуклеотидной заменой, не приводящей к изменению аминокислотной последовательности. Сайтом узнавания для рестриктазы HinfI является последовательность G↓ANTC. Разрезаемый в ходе ферментации фрагмент содержит нуклеотид А соответствующий аллелю *bPit-1*-HinfI^B[11]. В случае присутствия Г нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как *bPit-1*-HinfI^A.

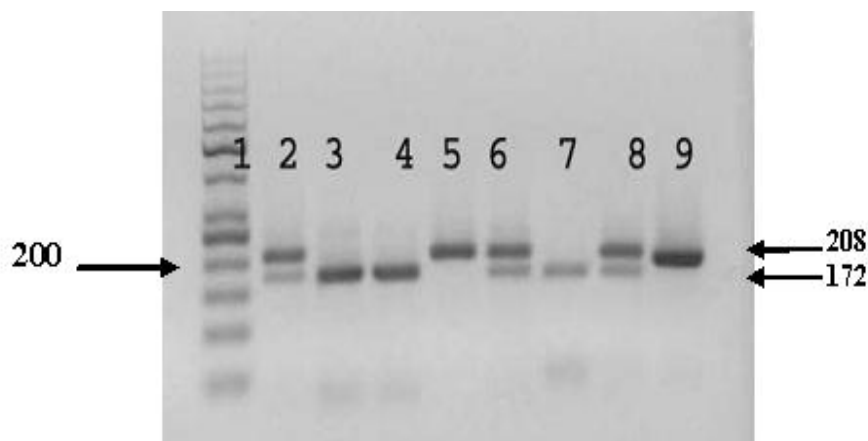
Длина амплифицируемого фрагмента гена *bPit-1* составляет 451 п.н. Длина фрагментов после рестрикции составляет 244 и 207 п.н. На электрофореграмме визуализируются варианты полос определенной длины, характерные для генотипов: одна полоса 451 п.н. (генотип *bPit-1*-HinfI^{AA}); две полосы 244 и 207 п.н. (генотип *bPit-1*-HinfI^{BB}); три полосы – 451, 244 и 207 п.н. (генотип *bPit-1*-HinfI^{AB}) (рисунок 1).



Дорожка 1 – маркер молекулярных масс O'RangeRuler™ 50 bpDNA Ladder, Fermentas, Литва; дорожка 2 – ПЦР-продукт 451 п.н. фрагмента гена *bPit-1*-HinfI; дорожка 3, 6 – фрагмент рестрикции 244, 207 п.н., соответствующий генотипу *bPit-1*-HinfI^{BB}; дорожка 4, 7 – фрагменты рестрикции 451, 244, 207 п.н., соответствующие генотипу *bPit-1*-HinfI^{AB}; дорожка 5 – фрагмент рестрикции 451 п.н., соответствующий генотипу *bPit-1*-HinfI^{AA}. Положение на геле специфических полос показано стрелками. Электрофорез проводили в 2 % агарозном геле (SeaKem LE Agarose, Lonza, США)

Рисунок 1 — Электрофореграмма ДНК-типирования полиморфизма *bPit-1-HinFI*

Анализ полиморфизма нуклеотидной последовательности гена *bGH* в экзоне 5 проводится с помощью рестриктазы *AluI*. Полиморфизм обусловлен транзицией С→G, приводящей к замене аминокислоты лейцин на валин в последовательности белка. Сайтом узнавания для рестриктазы *AluI* является последовательность AG↓CT. Распознаваемый ферментом аллель содержит нуклеотид С и обозначен как *bGH-AluI^L* [13]. В случае присутствия G нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как *bGH-AluI^V* (рисунок 2).

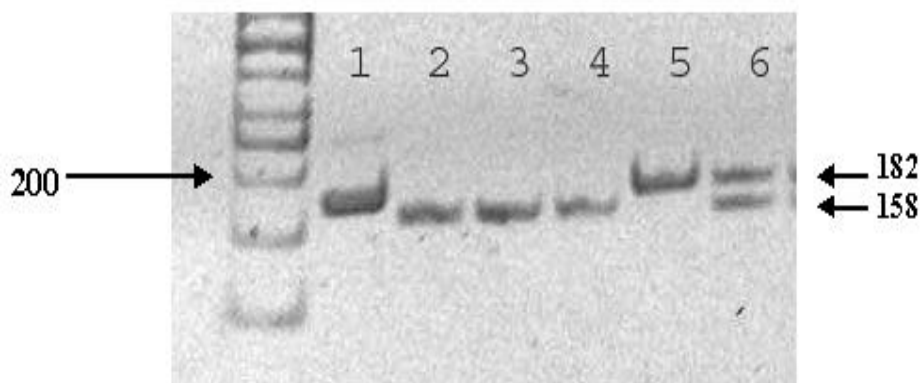


Дорожка 1 – маркер молекулярных масс O'RangeRuler™ 50 bpDNA Ladder, Fermentas, Литва; дорожки 2, 6 – фрагменты рестрикции 208, 172, 35 п.н., соответствующие генотипу *bGH-AluI^L*; дорожки 3, 4, 7 – фрагмент рестрикции 172 п.н., соответствующий генотипу *bGH-AluI^L*; дорожка 5 – фрагмент рестрикции 208 п.н., соответствующий генотипу *bGH-AluI^V*; дорожка 9 – ПЦР-продукт 208 п.н. фрагмента гена *bGH-AluI*. Фрагмент рестрикции 35 п.н. не визуализируется. Положение на геле специфических полос показано стрелками. Электрофорез проводили в 2 % агарозном геле (SeaKem LE Agarose, Lonza, США)

Рисунок 2 — Электрофореграмма ДНК-типирования полиморфизма *bGH-AluI*

Длина амплифицируемого фрагмента гена *bGH* составляет 208 п.н. Длина фрагментов после рестрикции составляет 172 и 35 п.н. На электрофореграмме могут быть видны варианты полос определенной длины, характерные для генотипов: одна полоса 208 п.н. (генотип *bGH-AluI^V*); две полосы 172 и 35 п.н. (генотип *bGH-AluI^L*); три полосы 208, 172 и 35 п.н. (генотип *bGH-AluI^L*). Фрагмент рестрикции 35 п.н. на агарозном геле не визуализируется.

Анализ полиморфизма нуклеотидной последовательности гена *bGHR* в экзоне 8 проводился с помощью рестриктазы *SspI*. Рестриктаза *SspI* распознает Т→А 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 Т соответствующий аллелю *bGHR-SspI^F* [12]. В случае присутствия А-нуклеотида сайт рестрикции исчезает, такой аллель обозначен как *bGHR-SspI^V*. 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^V*); две полосы 158 и 24 п.н. (генотип *bGHR-SspI^F*); три полосы – 182, 158 и 24 п.н. (генотип *bGHR-SspI^F*). Фрагмент 24 п.н. на агарозном геле не визуализируется (рисунок 3).



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

Рисунок 3 – Электрофореграмма ДНК-типирования полиморфизма *bGHR-Sspl*

Генотип животного по всем анализируемым генам документируется и заносится в общую базу данных.

Сравнение выборок по распределению частот аллелей исследуемых генов, а также оценку соответствия фактического распределения генотипов теоретически ожидаемому по закону Харди-Вайнберга, проводили с помощью критерия χ^2 . Различия во всех случаях рассматривались как статистически достоверные при уровне значимости $P < 0,05$.

Результаты генотипирования и оценка соответствия наблюдаемых частот генотипов теоретически ожидаемому по закону Харди-Вайнберга

Оценка генетической структуры анализируемых популяций включала анализ соответствия наблюдаемых частот генотипов теоретически ожидаемому равновесному распределению в соответствии с законом Харди-Вайнберга,.

Результаты генотипирования (количество наблюдаемых генотипов), а также оценки соответствия наблюдаемых частот генотипов теоретически ожидаемому равновесным приведены в таблице 2. Оценка значимости наблюдаемых отклонений проводилась с помощью критерия χ^2 .
Таблица 2 – Распределение частот генотипов полиморфных генов соматотропинового каскада в выборках казахского белоголового породы крупного рогатого скота

Полиморфизм	Генотип	Казахская белоголовая порода (n=25)		
		n наблюдаемое	n ожидаемое	P
<i>bPit-1-HinFI</i>	<i>bPit-1-HinFI^{AA}</i>	6	6	0.04
	<i>bPit-1-HinFI^{AB}</i>	12	12	
	<i>bPit-1-HinFI^{BB}</i>	7	7	
<i>bGH-AluI</i>	<i>bGH-AluI^{VV}</i>	18	17	2.60
	<i>bGH-AluI^{LV}</i>	5	7	
	<i>bGH-AluI^{LL}</i>	2	1	
<i>bGHR-Sspl</i>	<i>bGHR-Sspl^{YY}</i>	13	14	2.49
	<i>bGHR-Sspl^{FY}</i>	12	9	
	<i>bGHR-Sspl^{FF}</i>	0	1	

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

Исходя из полученных результатов можно предположить, что возможно полиморфизмы *bPit-1-HinFI*, *bGH-AluI* и *bGHR-Sspl* ассоциированы с хозяйственно-полезными признаками у казахского белоголового скота и подвергались косвенному давлению искусственного отбора, но характер этого отбора не был направленным. Необходимость дальнейших исследований ассоциации этих полиморфизмов с повышенной либо с пониженной мясной продуктивностью представляет научный интерес.

На основании выше изложенного, по результатам первого этапа исследования, исследование ассоциации полиморфных вариантов генов *bPit-1*, *bGH* и *bGHR* с признаками мясной продуктивности рекомендовано для казахского белоголового скота. Полученные в результате дальнейших исследований данные, могут дать селекционерам мощный инструмент для отбора особей с генетически обусловленной повышенной мясной продуктивностью, либо для исключения из селекционных программ особей имеющих генетическую предрасположенность к снижению мясных показателей.

Литература:

1. Государственная программа индустриально-инновационного развития Республики Казахстан на 2015 – 2019 годы
2. Общее собрание членов Палаты 13.04.2016 год. <http://kaz-akbas.kz/StaticPage/About>
3. Schernhammer ES, Холли JM, Хантер DJ, ПоллакМ.Н., Hankinson SE. Инсулиноподобный фактор роста-I, его связывания белков (IGFBP-1 и IGFBP-3), а гормон роста и риск рака молочной железы на здоровье медсестры Study II. *Рак Endocr Relat.* 2006; 13:583-592.
4. Furstenberger G, Senn HJ. Инсулиноподобный фактор роста и рака. *LancetOncol.* 2002; 3:298-302.
5. Thomsen, H. The choice of phenotypes for use of marker assisted selection in dairy cattle / H. Thomsen // 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13 – 18. – 2006 / Belo Horizonte M. G. Brasil. – 2006 Vol. 34. – P. 181.
6. 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.
7. Effect of polymorphisms of growth hormone(GH), Pit – 1, and leptin (LEP) genes, cow's age, lactation stage and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black – and – White cows / L. Zwierzchowski [et al.] // *Anim. Sci. Pap. Rep.* –2002. –Vol. 20. – № 4. –P. 213–227.
8. Boichard, D. Implementation of marker – assisted selection: practical lessons from dairy cattle / D. Boichard [et al.] // 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13 – 18. – 2006 / Belo Horizonte M. G. Brasil, 2006. – Vol. 34. – P. 186.
9. Белая Е.В. Генотипирование полиморфных вариантов гена гормона роста, ассоциированного с молочной продуктивностью и ДНК-диагностика мутации BLAD в белорусской популяции КРС / Е.В. Белая, М.Е. Михайлова, Н.М. Волчок, Н.А. Камыш // Фактори експериментальної еволюції організмів: зб.наук.пр. / Укр.т-во генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилов; ред. кол. І. Р. Бариляк [та інш.]. – К.: Логос, 2008. – Т. 4. – С. 133–138.
10. Михайлова М.Е. Связь HinFI и Stul полиморфных вариантов гена гипофизарного фактора роста-1 (bPit-1) с признаками молочной продуктивности у коров голштинской породы / М.Е. Михайлова, Е.В. Белая, Н.М. Волчок // Материалы Международной научно-практической конференции «Генетика и биотехнология на рубеже тысячелетий» – Минск 25–29 октября 2010 г. / редколл. А.В. Кильчевский [и др.]. – Минск, 2010. – С. 109.
11. Rapid communication: Hinfl polymorphism at the bovine Pit1 locus / J. Woollard [et al.] // *J. Anim. Sci.* – 1994. – Vol. 72. – № 12. – P. 3267.
12. Molecular Dissection of a Quantitative Trait Locus. A phenylalanine – to – tyrosine substitution in the transmembrane domain of the bovine growth hormone receptor is associated with a major effect on milk yield and composition // S. Blott [et al.] // *Genetics.* – 2003. – Vol. 163. – № 1. – P. 253–266.
13. Variants of somatotropin in cattle: gene frequencies in major dairy breeds and associated milk production / M. C. Lucy [et al.] // *Domest. Anim. Endocrinol.* – 1993. – № 10. – P. 325.

References:

1. Gosudarstvennaya programma industrialno-innovatsionnogo razvitiya Respubliki Kazahstan na 2015 – 2019 gody
2. 2. Obschee sobranie chlenov Palaty 13.04.2016 god. <http://kaz-akbas.kz/StaticPage/About>
3. Schernhammer ES, Holli JM, Hanter DJ, PollakM.N., Hankinson SE. Insulinopodobnyy faktor rosta-1, ego svyazyvaniya belkov (IGFBP-1 i IGFBP-3), a gormon rosta i risk raka molochnoy zhelezyi na zdorove medsestryi Study II. Rak Endocr Relat. 2006; 13:583-592.
4. Furstenberger G, Senn HJ. Insulinopodobnyy faktor rosta i raka. LancetOncol. 2002; 3:298-302.
5. Thomsen, H. The choice of phenotypes for use of marker assisted selection in dairy cattle / H. Thomsen // 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13 – 18. – 2006 / Belo Horizonte M. G. Brasil. – 2006 Vol. 34. – P. 181.
6. 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.
7. Effect of polymorphisms of growth hormone(GH), Pit – 1, and leptin (LEP) genes, cow's age, lactation stage and somatic cell count on milk yield and composition of Polish Black – and – White cows / L. Zwierzchowski [et al.] // Anim. Sci. Pap. Rep. –2002. –Vol. 20. – # 4. –P. 213–227.
8. Boichard, D. Implementation of marker – assisted selection: practical lessons from dairy cattle / D. Boichard [et al.] // 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, August 13 – 18. – 2006 / Belo Horizonte M. G. Brasil, 2006. – Vol. 34. – P. 186.
9. Belaya E.V. Genotipirovanie polimorfnykh variantov gena gormona rosta, assotsirovannogo s molochnoy produktivnostyu i DNK-diagnostika mutatsii BLAD v belorusskoy populyatsii KRS / E.V. Belaya, M.E. Mihaylova, N.M. Volchok, N.A. Kamyish // Faktori eksperimentalnoyi evolyutsii i organizmliv: zb.nauk.pr. / Ukr.t-vo genetikiv i selektsioneriv Im. M. I. Vavilov; red. kol. I. P. Barilyak [ta insh.]. – K.: Logos, 2008. – T. 4. – C. 133–138.
10. Mihaylova M.E. Svyaz HinFI i Stul polimorfnykh variantov gena gipofizarnogo faktora rosta-1 (bPit-1) s priznakami molochnoy produktivnosti u korov golshtinskoy porody / M.E. Mihaylova, E.V. Belaya, N.M. Volchok // Materialy Mezhdunarodnoy nauchno-prakticheskoy konferentsii . – Minsk 25–29 oktyabrya 2010 g. / redkoll. A.V. Kilchevskiy [idr.]. – Minsk, 2010. – S. 109.
11. Rapid communication: Hinfl polymorphism at the bovine Pit1 locus / J. Woollard [et al.] // J. Anim. Sci. – 1994. – Vol. 72. – # 12. – P. 3267.
12. Molecular Dissection of a Quantitative Trait Locus. A phenylalanine – to – tyrosine substitution in the transmembrane domain of the bovine growth hormone receptor is associated with a major effect on milk yield and composition // S. Blott [et al.] // Genetics. – 2003. – Vol. 163. – # 1. – P. 253–266.
13. Variants of somatotropin in cattle: gene frequencies in major dairy breeds and associated milk production / M. C. Lucy [et al.] // Domest. Anim. Endocrinol. – 1993. – # 10. – P. 325.

Сведения об авторах

Хасенов М. А. – магистрант аграрно-биологического факультета, Костанайский государственный университет имени А. Байтурсынова, Костанай, e-mail: miram17@mail.ru

Бейшова И. С. - доцент кафедры биологии и химии Костанайского государственного университета имени А. Байтурсынова, кандидат сельскохозяйственных наук, Костанай, тел.: 8-7142-53-84-36; indira_bei@mail.ru.

Наметов А. М. доктор ветеринарных наук, профессор, руководитель Национального аграрного научно- образовательного центра, г. Астана, Республика Казахстан E-mail: info@ksu.edu.kz

Хасенов М. А. - А. Байтұрсынов атындағы Қостанай мемлекеттік университетінің агро-биологиялық магистранты, Қостанай қ., e-mail: miram17@mail.ru

Бейшова И. С. – ауыл шаруашылығы ғылымдарының кандидаты. А. Байтұрсынов атындағы Қостанай мемлекеттік университетінің доценті; Қостанай қ-сы, тел.: 8-7142-53-84-36; e-mail: indira_bei@mail.ru

Наметов А. М,- в.ғ.д., профессор. – КАҚ «Ұлттық аграрлық ғылыми-білім беру орталығы» басқармасының төрағасы. Астана қ-сы

Khassenov M. A. - Master in biology, Kostanai State University A.Baitursynov. Kostanay city, , e-mail:miram17@mail.ru.

Beyshova I. S. - Candidate of Agricultural Sciences, Associate professor in Kostanay State University named after A.Baitursynov, Kostanay city, tel.:8-7142-53-84-36; e-mail: indira_bei@mail.ru.

Nametov A. M. - D.Sc., Head of National Agricultural Research and Educational Center, Astana, Republic of Kazakhstan E-mail: info@ksu.edu.kz