

Влияние полиморфизма *IGF-1 C472T* на племенную ценность и эффективность выращивания молодняка казахской белоголовой породы

Н. П. ГЕРАСИМОВ, К. М. ДЖУЛАМАНОВ

Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, ул. 9 Января, Оренбург, 460000, Российская Федерация

Резюме. Исследования проводили с целью изучения влияния полиморфизма *IGF-1 C472T* на формирование племенной ценности и эффективность использования корма молодняком казахской белоголовой породы. Работу выполняли на бычках ($n=28$) и телках ($n=22$) в условиях Волгоградской области. Биоматериалом служила цельная кровь животных, генотипирование проводили по полиморфизму *IGF-1 C472T* гена инсулиноподобного фактора роста методом ПЦР-ПДРФ. Отрицательный эффект замены аллелей отмечали по живой массе телок ($-3,25$ кг) в возрасте 8 мес. и бычков ($-6,05$ кг) в 15 мес. Значительный эффект доминирования нуклеотидной замены необходимо учитывать при гетерогенном подборе родительских пар. Изменчивость фенотипа, обусловленная полиморфизмом *IGF-1 C472T*, повлияла на различия в комплексном индексе у носителей при оценке по собственной продуктивности. Сочетание двух альтернативных аллелей в генотипе ассоциировалось с максимальным селекционным индексом у молодняка. Гомозиготные телки уступали животным с гетерозиготным генотипом по величине этого показателя на $3,6...4,6\%$ ($p>0,05$), у бычков разница была более выраженной – $2,9...11,1\%$ ($p<0,05$). Полиморфизм *C472T* был сопряжен с улучшением откормочных качеств. Отмечали сокращение потребности сухого вещества корма и повышению его использования при выращивании. Показатели откормочных качеств улучшались у гомозиготных ТТ-генотипов, что свидетельствовало о значительном аддитивном эффекте нуклеотидной замены. По комплексу оцененных признаков гетерозиготный генотип *IGF-1 C472T* более предпочтителен для селекционных целей, что обусловлено значительным эффектом доминирования при сочетании альтернативных аллелей в локусе. Комбинирование различных приемов оценки и отбора молодняка обеспечивает усиление давления селекции на племенное поголовье, что будет способствовать значительному ускорению темпов совершенствования генофонда и племенной ценности казахской белоголовой породы.

Ключевые слова: казахская белоголовая порода, бычки, телки, генотип, аллель, племенная ценность, эффективность использования корма, полиморфизм, *IGF-1 C472T*.

Сведения об авторах: Н. П. Герасимов, доктор биологических наук, старший научный сотрудник (e-mail: nick.gerasimov@rambler.ru); К. М. Джуламанов, доктор сельскохозяйственных наук, руководитель центра.

Для цитирования: Герасимов Н. П., Джуламанов К. М. Влияние полиморфизма *IGF-1 C472T* на племенную ценность и эффективность выращивания молодняка казахской белоголовой породы // Достижения науки и техники АПК. 2023. Т. 37. № 10. С. 65–71. doi: 10.53859/02352451_2023_37_10_65

*исследования выполнены в соответствии с гос. заданием ФНЦ БСТ РАН №FNWZ-2022-0018.

The influence of *IGF-1 C472T* polymorphism on the breeding value and efficiency of raising young animals of the Kazakh white-headed breed

N. P. Gerasimov, K. M. Dzhuslamanov

Federal Scientific Center of Biological Systems and Agrotechnologies, Russian Academy of Sciences, ul. 9 Yanvarya, Orenburg, 460000, Russian Federation

Abstract. The research aimed to study the influence of the *IGF-1 C472T* polymorphism on the formation of breeding value and the efficiency of feed use by young animals of the Kazakh white-headed breed. The work was carried out on bulls ($n=28$) and heifers ($n=22$) in the Volgograd region. The biomaterial was whole blood of animals; genotyping was carried out using the *IGF-1 C472T* polymorphism of the insulin-like growth factor gene using the PCR-RFLP method. The negative effect of allele replacement was observed in the live weight of heifers (-3.25 kg) at the age of 8 months and bulls (-6.05 kg) at 15 months. The significant effect of nucleotide substitution dominance must be considered in heterogeneous selection of parental pairs. The variability of the phenotype caused by the *IGF-1 C472T* polymorphism influenced the differences in the complex index among carriers when assessed by their own productivity. The combination of two alternative alleles in the genotype was associated with the maximum selection index in young animals. Homozygous heifers were inferior to animals with a heterozygous genotype in terms of this indicator by $3.6-4.6\%$ ($p>0.05$), in bulls the difference was more pronounced – $2.9-11.1\%$ ($p<0.05$). The *C472T* polymorphism was associated with improved fattening qualities. There was a reduction in the need for dry matter in feed and an increase in its use during cultivation. Indicators of fattening qualities improved in homozygous TT genotypes, which indicated a significant additive effect of nucleotide substitution. Based on the set of evaluated traits, the heterozygous genotype *IGF-1 C472T* is more preferable for breeding purposes, which is due to the significant effect of dominance when combining alternative alleles at the locus. Combining various methods of assessing and selecting young animals ensures increased selection pressure on the breeding stock, which will significantly accelerate the pace of improvement of the gene pool and breeding value of the Kazakh white-headed breed.

Keywords: Kazakh Whiteheaded; bulls; heifers; genotype; allele; breeding value; feed efficiency; polymorphism; *IGF-1 C472T*.

Author Details: N. P. Gerasimov, D. Sc. (Biol.), senior research fellow (e-mail: nick.gerasimov@rambler.ru); K. M. Dzhuslamanov, D. Sc. (Agr.), head of center.

For citation: Gerasimov NP, Dzhuslamanov KM [The influence of *IGF-1 C472T* polymorphism on the breeding value and efficiency of raising young animals of the Kazakh white-headed breed]. Dostizheniya nauki i tekhniki APK. 2023;37(10):65–71. Russian. doi: 10.53859/02352451_2023_37_10_65

Совершенствование селекционно-племенной работы в отечественном мясном скотоводстве необходимо проводить согласовано с современными тенденциями в мировом животноводстве для повышения конкурентоспособности племенного поголовья на внутреннем и внешнем рынках [1]. Основ-

ными пунктами для решения этой задачи по-прежнему остаются повышение точности и достоверности оценки, улучшение качества отобранных для воспроизводства животных через усиление интенсивности отбора, сокращение интервала между смежными поколениями, а также включение в программы селекции

дополнительных признаков, соответствующих запросам производства и потребителей [2].

Традиционные методы селекции в мясном скотоводстве базируются на испытании молодняка по собственной продуктивности и оценке производителей по качеству потомства. Эта система включает ранжирование тестируемого поголовья по комплексу признаков: интенсивность роста массы, выраженность типа телосложения и экстерьера (линейный рост), прижизненная (визуальная) оценка мясных форм. Она хорошо зарекомендовала себя при совершенствовании существующих и создании новых пород и типов мясного скота, так как объединяет наиболее востребованные в племенном животноводстве признаки, которые очень тесно коррелируют с мясной продуктивностью и отличаются средней или высокой наследуемостью. Однако селекция традиционными методами занимает весьма длительное время. Так, при проведении двухэтапной оценке быка-производителя необходимо не менее 5 лет для определения его племенной категории и допуска к интенсивному воспроизводству стада [3].

Использование ДНК-маркеров в селекционной работе способно ускорить прогресс роста потенциала мясной продуктивности скота. При этом ежегодный эффект от целенаправленного использования «желательных» генотипов повышается на 15...30 %, относительно классических приемов отбора [4]. Причем размер генетического прогресса в стаде находится в обратной зависимости от степени наследуемости хозяйственно-полезного признака [5]. Это важное преимущество геномной селекции перед традиционными методами, позволяющее совершенствовать признаки, которые трудно оценить прижизненно или отличаются невысокой наследуемостью, но имеют важное экономическое значение. Наиболее распространенной формой генетических маркеров, применяемых в практической селекции, считаются однонуклеотидные полиморфизмы (SNP) [6, 7]. Выявление изменчивости в нуклеотидной последовательности генов соматотропной оси (гены гормона роста, рецептора гормона роста, инсулиноподобного фактора роста и др.), которые ассоциируются с ростом, развитием и дифференцировкой тканей, интенсивностью обменных процессов, лактацией животных, нашло широкое применение в племенной работе в мясном скотоводстве [8, 9]. В частности, изучение влияния нуклеотидной замены $\text{leu} \rightarrow \text{val}$ в гене гормона роста на продуктивность показало достоверное ($p < 0,05 - 0,01$) преимущество носителей VV генотипа, относительно особей с другими вариантами гена, у казахской белоголовой породы по массе тела при отъеме и в годовалом возрасте, а также по интенсивности роста за период контрольного выращивания [10]. При полиморфизме GHR F279Y гена рецептора гормона роста выделен желательный YY-генотип у бычков казахской белоголовой породы, которые превосходили гомозиготных FF-сверстников по живой массе в 18-месячном возрасте на 7,12 %, в 20-месячном – на 7,37 % [11]. Важный фактор в соматотропной оси – ген инсулиноподобного фактора роста 1 (*IGF-1*) или ген соматомедина, который играет ключевую роль в различных физиологических и метаболических процессах организма. Он был картирован на пятой хромосоме крупного рогатого скота и состоит из шести экзонов [12]. Полиморфизмом в 5' промоторной области считается *IGF1/SnaBI* (*IGF-1 C472T*), который обуславливает T→C нуклеотидной

заменой и распознается *SnaBI* рестриктазой [13]. Принимая во внимание широкий спектр физиологических и метаболических процессов, связанных с полиморфизмом *IGF-1 C472T*, можно предположить, что генетическая дифференциация будет определять особенности формирования племенной ценности, продуктивности и потребности в питательных веществах корма у молодняка мясного скота. При этом повышение эффективности использования кормов в мясном скотоводстве остается актуальной задачей по увеличению рентабельности производства говядины [14, 15]. Комбинирование генетической оценки и определение эффективности выращивания позволит более точно прогнозировать генетический потенциал животных на ранних стадиях онтогенеза, что обеспечит интенсификацию отбора ремонтного молодняка, сократит генерационный интервал и затраты на выращивание заведомо неперспективных особей, а, следовательно, повысит экономическую эффективность отрасли в целом. Генотипирование позволит создать базы данных ДНК-маркеров крупного рогатого скота казахской белоголовой породы для реализации методики использования маркер-ориентированной селекции для совершенствования породы с животными с улучшенными генетическими характеристиками.

Цель исследования – изучение влияния полиморфизма *IGF-1 C472T* на формирование племенной ценности и эффективность использования корма молодняком казахской белоголовой породы для выявления предпочтительного генотипа при отборе ремонтного поголовья и организации маркер-ориентированной селекции в стаде.

Условия, материалы и методы. Для проведения исследований молодняк ($n=50$) казахской белоголовой породы после отъема группировали по половому признаку (бычки $n=28$, телки $n=22$). Средний возраст отъема составлял 205 дней. После этого животным был предоставлен подготовительный этап (в среднем 38 дней) до возраста 8 мес. для адаптации к условиям кормления и содержания. Испытания проводили в период с 8 до 15-месячного возраста в условиях типовой станции в помещении легкого типа при свободно-выгульном содержании на соломенной подстилке. Кормление животных осуществляли на кормовом дворе со свободным доступом к воде. Рационы кормления для бычков состояли из сена разнотравного, сенажа, ячменя и жмыха, для телок – сена костречового, сена разнотравного, сенажа, ячменя. Корма с содержанием 11,5...12,5 % сырого протеина и 8,45...9,54 МДж обменной энергии в 1 кг сухого вещества задавали вволю.

Племенную ценность животных определяли согласно утвержденному порядку (*Порядок и условия проведения бонитировки племенного крупного рогатого скота мясного направления продуктивности / Х. А. Амерханов и др. М.: ФГБНУ «Росинформагротех», 2012. 37 с.*). Контроль роста массы молодняка проводили ежемесячно в течение испытательного периода (213 дней). Оценку осуществляли по индексам живой массы, оценки мясных форм, выраженности типа телосложения и экстерьера в 15-месячном возрасте и среднесуточному приросту за период 8...15 мес., путем вычисления процентного соотношения к средним показателям сверстников, одновременно проходивших испытание, и выведения комплексного (среднеарифметического) индекса. Прижизненную

оценку мясных форм определяли по 60-балльной шкале, согласно действующему порядку. Выраженность экстерьера и телосложения устанавливали по величине промера высота в крестце и оценке экстерьера по 5-балльной шкале. Метаболическую массу тела рассчитывали, как среднее между начальной и конечной живой массы, возведенное в степень 0,73 (MMWT^{0,73}). Индивидуальный учет поедаемости кормов проводили ежедневно по разнице между заданным количеством и остатками. Химический анализ кормосмеси проводили ежемесячно. Содержания сухого вещества определяли путем высушивания образцов (500 г) в сушильном шкафу при 100 °С, органическое вещество – озолением высушенного образца при 550 °С. Среднесуточное потребление сухого вещества рассчитывали путем деления его фактического потребления за 213 дней оценки на длительность испытательного периода.

Ожидаемое потребление сухого вещества определяли методом множественной регрессии с учетом его фактического потребления, среднесуточного прироста и метаболической массы тела с использованием следующей модели:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 \times ADG_i + \beta_2 \times MMWT_i + e_i$$

где Y_i – ожидаемое потребление сухого вещества, кг; β_0 – свободный член регрессии; β_1 – коэффициент частичной регрессии потребления сухого вещества на среднесуточный прирост; β_2 – коэффициент частичной регрессии потребления сухого вещества на метаболическую массу тела; ADG_i – среднесуточный прирост с 8 до 15 мес., кг; $MMWT_i$ – метаболическая масса тела в середине периода испытания, кг; e_i – остаток.

При отъеме молодняк казахской белоголовой породы генотипировали по полиморфизму *IGF-1 C472T* и группировали в соответствии с полом и генотипом, для чего у животных проводили забор цельной крови, из которой изолировали ДНК, используя набор «DIAtom™DNAprep» (IsoGeneLab, Москва). Качество выделенной ДНК оценивали с использованием горизонтального электрофореза «SE-2» («Helicon», Россия) в 1,5 %-ном агарозном геле «Agarose, Biotechnology grade» («Helicon», Россия). Для оценки полиморфизма генов инсулиноподобного фактора роста (*IGF-1*) проводили генотипирование методом ПЦР-ПДРФ (табл. 1) на программируемом термоциклере «Терцик» (ДНК-технология, Россия) с использованием праймеров, синтезированных в НПФ «Литех» (Россия). Для этого в пробирке 0,2 мл смешивали следующие компоненты: готовая смесь для ПЦР qPCRmix-HS (Евроген, Россия) – 5 мкл, 5 мкМ прямой праймер – 1 мкл; 5 мкМ обратный праймер – 1 мкл; ДНК матрица – 2 мкл; деионизованная вода – до 25 мкл.

Полученные продукты разделяли методом горизонтального электрофореза в 1х трис-боратном буфере при напряжении 80 В в 2,5 %-ном агарозном

Таблица 1. Последовательность праймеров, условия ПЦР, рестриктаза, использованные при генотипировании [16]

SNP	Размер продукта, п.н.	Праймер	Условия ПЦР	Рест-риктаза	Генотип (длина фрагментов рестрикции), п.н.
<i>IGF-1 C472T</i>	249	F: 5'-attacaaagctgcctgcccc-3' R: 5'-accttaccggtatgaaaggaataacgt-3'	«горячий старт» – 3 мин при +95 °С; 35 циклов: денатурация – 30 с при +95 °С; отжиг – 30 с при +64 °С; синтез – 30 с при +72 °С; достройка – 10 мин при +72 °С	<i>SnaBI</i>	CC: 249; TT: 223, 26; CT: 249, 223, 26

геле с окрашиванием бромистым этидием. После чего гель анализировали в ультрафиолетовом свете на трансиллюминаторе «UVT-1», фотографирование осуществляли с использованием системы «ViTran v.1.0». Длину фрагментов определяли с помощью маркера молекулярных масс «GenePakR DNA Ladder M 50» (IsoGene Lab, Москва).

Эффекты замены аллелей, аддитивные и доминирования рассчитывали согласно моделям, предложенным Falconer и Mackay (Falconer D. S., Mackay T. F. C. *Introduction to quantitative genetics*. Pearson Education Ltd, Harlow, England, 1996. 464 p.):

аддитивный эффект (a)

$$a = \frac{X_{BB} - X_{AA}}{2}$$

эффект доминирования (d)

$$d = X_{AB} - \frac{X_{AA} + X_{BB}}{2}$$

где X_{AA} , X_{BB} , X_{AB} – средние показатели количественного признака для гомозиготных и гетерозиготного генотипов;

эффект замены аллелей

$$\frac{a}{2} (A \rightarrow B) = \frac{\alpha_2 - \alpha_1}{2}$$

$$\text{где } \alpha_1 = (p \cdot X_{AA} + q \cdot X_{AB}) - \bar{X}; \alpha_2 = (p \cdot X_{AB} + q \cdot X_{BB}) - \bar{X}$$

где p и q – частоты аллелей, $\bar{X}$ – среднее арифметическое по всей выборке.

Влияние фактора замены аллелей ($\eta^2 = \sigma_g^2 / \sigma_p^2$) определяли методом дисперсионного анализа. Анализ данных проводили с использованием программ «Excel» («Microsoft», США) и «Statistica 10» («Stat Soft Inc.», США) по алгоритмам описательной статистики. Значимость различий между групповыми средними определяли по Критерию Фишера (F-критерий), при этом критический уровень значимости в этом исследовании принимался $p \leq 0,05$.

Результаты и обсуждение. Полиморфизм *IGF-1 C472T* определял изменчивость роста массы молодняка казахской белоголовой породы (табл. 2). При постановке на испытание телки с генотипом *IGF-1^{CC}* достоверно ($p \leq 0,05$) превосходили по живой массе гетерозиготных и гомозиготных носителей T-аллели на 14,5 кг (6,91 %). Среди бычков в этом возрасте значимых различий между генотипами не выявлено. Однако по окончании периода контрольного выращивания бычки с генотипом *IGF-1^{TT}* значительно уступали гетерозиготным аналогам по живой массе на 26,2 кг (5,96 %; $p < 0,05$). В группе телок разница между этими генотипами была статистически незначительной ($p > 0,05$), но изменения происходили в направлении аналогичном для бычков.

При анализе среднесуточного прироста за период оценки молодняка (8...15 мес.) установлено превосходство гетерозиготных бычков над гомозиготными сверстниками на 15,5...113,0 г (1,65...13,43 %; $p > 0,05$),

Таблица 2. Изменчивость селекционируемых признаков у молодняка казахской белоголовой породы разных генотипов по гену *IGF-1* ($X \pm Sx$)

Показатель	Генотип по <i>IGF-1</i> C472T					
	СС	СТ	ТТ	СС	СТ	ТТ
	бычки			телки		
п, гол.	6	12	10	5	10	7
Живая масса, кг:						
в 8 мес.	233,0 $\pm$ 8,1	236,1 $\pm$ 6,0	233,9 $\pm$ 5,8	224,4 $\pm$ 2,0 ^{ab}	209,9 $\pm$ 4,2 ^a	209,9 $\pm$ 4,1 ^b
в 15 мес.	433,0 $\pm$ 10,8	439,4 $\pm$ 5,7 ^a	413,2 $\pm$ 9,6 ^a	350,4 $\pm$ 5,8	350,9 $\pm$ 4,1	344,6 $\pm$ 8,9
Среднесуточный прирост 8...15 мес., г	939,2 $\pm$ 80,7	954,7 $\pm$ 37,0	841,7 $\pm$ 44,9	591,6 $\pm$ 22,8	662,1 $\pm$ 27,6	632,4 $\pm$ 37,9
Мясные формы, балл	54,7 $\pm$ 1,4	55,7 $\pm$ 0,7 ^a	51,8 $\pm$ 1,1 ^a	54,5 $\pm$ 1,0	54,7 $\pm$ 1,0	53,8 $\pm$ 1,4
Высота в крестце, см	123,8 $\pm$ 1,5	124,6 $\pm$ 0,9	121,8 $\pm$ 1,2	119,8 $\pm$ 1,6	120,6 $\pm$ 0,8	119,6 $\pm$ 1,3
Оценка экстерьера и телосложения, балл	17,7 $\pm$ 0,9	18,8 $\pm$ 0,6 ^a	15,6 $\pm$ 1,0 ^a	18,0 $\pm$ 0,9	18,5 $\pm$ 0,8	16,7 $\pm$ 1,0
Комплексный индекс, %	101,7 $\pm$ 4,6	104,6 $\pm$ 2,2 ^a	93,5 $\pm$ 3,5 ^a	98,7 $\pm$ 3,0	102,3 $\pm$ 2,6	97,7 $\pm$ 4,0

^{a,b}значения с одинаковыми индексами в строке различаются достоверно ($p \leq 0,05$).

телок – на 29,7...70,5 г (4,70...11,92 %; $p > 0,05$). Кроме того, гетерозиготные животные отличались лучшим развитием линейных промеров, что выражалось в превосходстве по высоте в крестце у бычков на 0,8...2,8 см (0,65...2,30 %; $p > 0,05$). Среди телок преимущество

на различия в комплексном индексе у носителей при оценке по собственной продуктивности. Сочетание двух альтернативных аллелей в генотипе ассоциировались с наибольшими селекционными индексами у молодняка. У гомозиготных телок величина этого по-

 Таблица 3. Эффективность выращивания молодняка казахской белоголовой породы разных генотипов по полиморфизму *IGF-1* C472T ($X \pm Sx$)

Показатель	Генотип по <i>IGF-1</i> C472T					
	СС	СТ	ТТ	СС	СТ	ТТ
	бычки			телки		
п, гол.	6	12	10	5	10	7
Метаболическая масса тела, кг	69,4 $\pm$ 0,6	70,1 $\pm$ 0,6 ^a	67,9 $\pm$ 1,0 ^a	62,3 $\pm$ 0,6	61,2 $\pm$ 0,5	60,7 $\pm$ 0,9
Фактическое потребление корма, кг	8,888 $\pm$ 0,035	8,912 $\pm$ 0,020 ^a	8,825 $\pm$ 0,025 ^a	7,940 $\pm$ 0,016	7,906 $\pm$ 0,032	7,921 $\pm$ 0,044
Остаточное потребление корма, кг	0,009 $\pm$ 0,016	0,033 $\pm$ 0,019 ^a	-0,035 $\pm$ 0,028 ^a	0,041 $\pm$ 0,015	-0,010 $\pm$ 0,025	-0,015 $\pm$ 0,031

^aзначения с одинаковыми индексами в строке различаются достоверно ($p \leq 0,05$).

носителей двух альтернативных аллелей было менее выражено и варьировало в диапазоне 0,8...1,0 см (0,67...0,84 %; $p > 0,05$). Высокоскорость гетерозиготного молодняка предопределила максимальную выраженность оценки типа телосложения и экстерьера. Генотип *IGF-1*^{ТТ} ассоциировался с наименьшей экстерьерно-конституциональной характеристикой животных, причем по бычкам установлена достоверная разница с гетерозиготными особями в 3,2 балла (20,51 %; $p < 0,01$), по телкам различия находились на уровне тенденции и составляли 1,8 балла (10,78 %; $p = 0,15$). Кроме того, животные с генотипом *IGF-1*^{ТТ} выделялись сравнительно слабым развитием мускулатуры, что выражалось в невысокой прижизненной оценке мясных форм. Проверяемые бычки уступали сверстникам по этому показателю на 2,9...3,9 балла (5,30...7,00 %; $p > 0,05$, $p < 0,05$), у ремонтных телок разница была менее выраженной и составляла 0,7...0,9 балла (1,28...1,65 %).

Разница в фенотипе, обусловленная генетической изменчивостью полиморфизма *IGF-1* C472T, повлияла

казателя была меньше на 3,6...4,6 %, у бычков разница достигала 2,9...11,1 % ($p > 0,05$, $p < 0,05$).

Между бычками с *IGF-1*^{ТТ} и *IGF-1*^{СТ} генотипами установлены значимые различия по метаболической массе тела (табл. 3), которые составляли 2,2 кг (3,24 %; $p < 0,05$). Относительно высокая массивность гетерозиготных бычков была сопряжена с большим на 0,087 кг (0,99 %; $p < 0,05$) потреблением сухого вещества корма, по сравнению с ТТ-гомозиготами. При этом лучшей эффективностью использования корма отличались носители *IGF-1*^{ТТ} генотипа на 0,068 кг ($p < 0,05$). У телок различия по потреблению и эффективности использования сухого вещества были незначительными, хотя и фиксировали преимущество гетерозиготных и гомозиготных носителей Т-аллели.

У бычков наблюдали отрицательный эффект замещения аллеля С на Т в локусе гена *IGF-1* на признаки весового роста, что выражалось в снижении живой массы в 15 мес. на 6,09 кг ($p = 0,066$) и метаболической массы тела на 0,48 кг ($p = 0,138$). Причем гомозиготное состояние Т-аллеля сопровождалось значительным

 Таблица 4. Эффекты замены аллелей, аддитивные и доминантные при полиморфизме *IGF-1* C472T на продуктивные качества бычков казахской белоголовой породы

Показатель	Эффект замены аллеля	Аддитивный эффект	Эффект доминирования	η^2 (%)	p
Живая масса в 8 мес., кг	0,04	0,45	2,65	0,48	0,942
Живая масса в 15 мес., кг	-6,09	-9,9	16,3	19,50	0,066
Среднесуточный прирост 8...15 мес., г	-28,9	-48,8	64,3	11,96	0,204
Оценка мясных форм, балл	-0,90	-1,45	2,45	26,30	0,022
Высота в крестце, см	-0,63	-1,00	1,80	12,47	0,189
Оценка экстерьера и телосложения, балл	-0,68	-1,05	2,15	27,25	0,019
Комплексный индекс, %	-2,54	-4,10	7,00	22,30	0,043
Метаболическая масса тела, кг	-0,48	-0,75	1,45	14,64	0,138
Фактическое потребление корма, кг	-0,020	-0,032	0,056	22,58	0,041
Остаточное потребление корма, кг	-0,014	-0,022	0,046	16,42	0,106

снижением массивности бычков, что свидетельствует о доминантности эффекта замены (табл. 4). Сильный эффект доминирования аллели Т над С в локусе гена *IGF-1* установлен по потреблению и эффективности использования корма. Замена аллелей сопровождалась снижением поедаемости сухого вещества на 0,020 кг ($p=0,041$) и улучшало эффективность его использования на 0,014 кг ($p=0,106$). Кроме того, полиморфизм *IGF-1 C472T* имел негативное влияние на внешние формы бычков, значительно снижая прижизненную оценку мясных качеств на 0,9 балла ($p=0,022$), а также выраженность экстерьера и телосложения на 0,68 балла ($p=0,019$). В целом, замена аллеля С на Т в локусе гена *IGF-1* сопровождалась уменьшением комплексного индекса у бычков на 2,54 %. В то же время выявлен существенный положительный эффект доминирования (7 %) на результирующий показатель племенной оценки, что необходимо учитывать при гетерогенном подборе родительских пар для получения ремонтного поголовья казахской белоголовой породы.

По группе телок подтвердился отрицательный эффект замены аллеля С на Т в локусе гена *IGF-1* на живую массу, что выражалось в ее снижении в 8 мес. на 3,26 кг ($p=0,061$). Однако полиморфизм *C472T* был сопряжен с улучшением откормочных качеств телок казахской белоголовой породы (табл. 5). Так, отмечали сокращение потребности сухого вещества корма и повышение его использования при выращивании. У гомозиготных ТТ-особей показатели откормочных качеств улучшались, что свидетельствовало о значительном аддитивном эффекте нуклеотидной замены.

В исследовании проведен анализ особенностей формирования племенной ценности и эффективности выращивания казахского белоголового скота разных генотипов по гену инсулиноподобного фактора роста. Продукт гена *IGF-1* – регуляторный белок, составляющий гормональный ряд соматотропной оси. Биологическая функция белков соматотропной оси связана с регуляцией обмена веществ, роста и дифференциацией тканей и органов, лактацией и другими физиологическими процессами. Большая вовлеченность эндокринных факторов в развитие организма животных создает предпосылки для использования полиморфизма *IGF-1 C472T* в селекционной работе по улучшению племенных и откормочных качеств мясного скота. Этот полиморфизм локализован на аутоosome ВТА 5. На пятой хромосоме крупного рогатого скота обнаружены локусы количественных признаков, ассоциируемые со среднесуточным приростом и эффективностью использования корма [17]. В связи с этим, актуальным вопросом для отечественного мясного скотоводства остается изучение потенциала использования полиморфизма в *IGF-1* гене в маркер-ориентированной селекции казахского

белоголового скота по улучшению племенных качеств и эффективности выращивания. Это позволит ускорить генетическое совершенствование породы из-за повышения точности отбора и сокращения интервала между поколениями оцениваемых животных [18].

Использование полиморфизма *IGF-1 C472T* в MAS-селекции мясного скота объясняется его влиянием на фенотипическую изменчивость весового роста и мясных качеств [16, 19, 20]. Так, у Т-аллеля скота мясных пород выявлен эффект доминирования над С-аллелем по предубойной живой массе и среднесуточному приросту после отъема [21, 22]. Значительный эффект доминирования (Т>С аллелей) установлен по живой массе в 15-месячном возрасте и метаболической массе тела у бычков, который объяснял 19,5 % и 14,6 % фенотипической изменчивости признаков. Это свидетельствует о том, что при сочетании двух альтернативных аллелей наблюдается максимальная выраженность фенотипа. В исследованиях на герефордских телках получены схожие результаты по значительному превосходству гетерозиготных *IGF-1^{AB}* особей по линейному росту, относительно гомозиготных сверстниц [23]. Ранг распределения генотипов по живой массе и массе туши у суданского скота также располагался в порядке СТ>СС>ТТ [24]. Бычки-носители ТТ-генотипа характеризовались наименьшим ($p<0,05$) потреблением сухого вещества корма. В работах на голштино-фризском скоте было подтверждено влияние ВВ-генотипа (в нашем исследовании ТТ) на минимальное потребление корма молодым [16]. При анализе наших данных у казахских белоголовых телок установлен отрицательный эффект замены аллелей на весовой рост при отъеме. В результате более массивные СС-животные потребляли больше корма и были менее эффективны при контрольном выращивании, по сравнению, с альтернативными генотипами. Это частично подтвердилось на поголовье бычков наименьшим остаточным потреблением сухого вещества корма (-0,035 кг) у гомозиготных ТТ-особей. Высокая эффективность выращивания животных с ТТ-генотипом также установлена в исследованиях [20].

По комплексу оцененных признаков предпочтительным для селекционных целей представляется гетерозиготный генотип *IGF-1 C472T*. Это объясняется значительным эффектом доминирования при сочетании альтернативных аллелей в локусе. При отборе бычков на ремонт стада нижняя граница комплексного индекса составляет 110 %, телок – 100 %. В нашем исследовании среди испытанного поголовья ($n=28$) только 4 бычка удовлетворяли этому условию и 3 из них были носителями «желательного» гетерозиготного *IGF-1^{CT}* генотипа. Одна-

Таблица 5. Эффекты замены аллелей, аддитивные и доминантные при полиморфизме *IGF-1 C472T* на продуктивные качества телок казахской белоголовой породы

Показатель	Эффект замены аллеля	Аддитивный эффект	Эффект доминирования	η^2 (%)	p
Живая масса в 8 мес., кг	-3,26	-7,25	-7,25	25,52	0,061
Живая масса в 15 мес., кг	-1,62	-2,90	3,40	3,21	0,734
Среднесуточный прирост 8...15 мес., г	7,7	20,4	50,1	10,70	0,341
Оценка мясных форм, балл	-0,20	-0,35	0,55	2,01	0,824
Высота в крестце, см	-0,10	-0,10	0,90	2,61	0,778
Оценка экстерьера и телосложения, балл	-0,38	-0,65	1,15	10,65	0,343
Комплексный индекс, %	-0,46	-0,50	4,10	6,27	0,541
Метаболическая масса тела, кг	-0,39	-0,80	-0,30	11,74	0,305
Фактическое потребление корма, кг	-0,004	-0,010	-0,025	2,16	0,813
Остаточное потребление корма, кг	-0,013	-0,028	-0,023	10,18	0,361

ко для реализации продуктивного потенциала они ежедневно потребляли на 0,048...0,055 кг больше сухого вещества корма, чем в среднем по выборке. Низкая эффективность выращивания молодняка с наивысшими комплексными индексами не отвечает современным требованиям селекции по созданию высокоэффективного мясного скота. Кроме того, их использование в воспроизводстве ограничивает и средний уровень наследуемости ($h^2=0,33$) этого параметра [25]. Поэтому было сделано предположение о целесообразности некоторого понижения пороговых значений комплексного индекса для отбора бычков на ремонт стада. В результате из гетерозиготного *IGF-1^{CT}* поголовья выделили двух представителей с селекционными индексами 107,2 % и 109,2 %, которые отличались высокой (-0,108 и -0,030 кг, соответственно) эффективностью использования корма. Кроме того, для гетерогенного подбора родительских пар к воспроизводству можно рекомендовать носителей *IGF-1^{TT}* генотипа с рекордными показателями остаточного потребления корма -0,215 и -0,164 кг и комплексным индексом 102,3 и 105,2, соответственно. Менее жесткие критерии отбора телок позволили укомплектовать

группу ремонтным молодняком перспективного генотипа *IGF-1^{CT}*, удовлетворяющего требованиям классической селекции по собственной продуктивности и эффективности использования корма. Так, для ремонта маточного стада сформировали группу из 4 гетерозиготных телок с комплексным индексом 105,1...110,9 % и остаточным потреблением корма -0,024...-0,108 кг. При этом интенсивность отбора составила 18 %, что выше, чем при ранжировании молодняка традиционным методом, на 37 %, а по эффективности выращивания на 18 %.

Выводы. По комплексу оцененных признаков гетерозиготный генотип по гену *IGF-1 C472T* представляется более предпочтительным для селекционных целей, что обусловлено значительным эффектом доминирования при сочетании альтернативных аллелей в локусе. Замещение С-аллеля на Т в локусе гена сопровождается повышением эффективности использования сухого вещества корма на 0,013...0,014 кг. Отбор гетерозиготных носителей для ремонта стада позволит ускорить темпы совершенствования генотипа и племенной ценности казахской белоголовой породы.

Литература.

1. Совершенствование продуктивных качеств коров и телок казахской белоголовой породы в условиях Самарской области / И. Н. Хакимов, Г. С. Шарафутдинов, Р. М. Мударисов и др. // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. 2021. № 4. С. 62–68. doi: 10.12737/46345.
2. Оценка генеалогических линий крупного рогатого скота казахской белоголовой породы / В. А. Солошенко, В. А. Плешаков, Б. О. Инербаев и др. // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2021. Т. 51. № 1. С. 82–89. doi: 10.26898/0370-8799-2021-1-10.
3. Хайнацкий В. Ю. Собственная продуктивность как критерий оценки племенной ценности быков в мясном скотоводстве // Животноводство и кормопроизводство. 2019. Т. 102. № 1. С. 112–120. doi: 10.33284/2658-3135-102-1-112.
4. Столповский Ю. А., Пискунов А. К., Свищева Г. Р. Геномная селекция. I. Последние тенденции и возможные пути развития // Генетика. 2020. Т. 56. № 9. С. 1006–1017. doi: 10.31857/S0016675820090143.
5. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection / A. Garcia-Ruiz, J. B. Cole, P. M. van Raden, et al. // Proc. Natl Acad. Sci. USA. 2016. Vol. 113. No. 28. P. 3995–4004. doi: 10.1073/pnas.1519061113.
6. Zalewska M., Puppel K., Sakowski T. Associations between gene polymorphisms and selected meat traits in cattle - A review // Anim Biosci. 2021. Vol. 34. No. 9. P. 1425–1438. doi: 10.5713/ab.20.0672.
7. Mu-calpain (CAPN1), calpastatin (CAST), and growth hormone receptor (GHR) genetic effects on Angus beef heifer performance traits and reproduction / Jr. R. G. Tait, R. A. Cushman, A. K. McNeel, et al. // Theriogenology. 2018. Vol. 113. P. 1–7. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0093691X1830044X> (дата обращения: 17.05.2023). doi: 10.1016/j.theriogenology.2018.02.002.
8. Полиморфизм гена соматотропного гормона в связи с качеством туш мясного скота / Т. А. Седых, Р. С. Гизатуллин, И. Ю. Долматова и др. // Российская сельскохозяйственная наука. 2020. № 2. С. 53–57. doi: 10.31857/S2500-2627-2020-2-53-57.
9. Дубовскова М. П. Генотипирование скота герефордской породы по генам GHR, IGF-1 и GDF5 // Животноводство и кормопроизводство. 2022. Т. 105. № 3. С. 47–55. doi: 10.33284/2658-3135-105-3-47.
10. Селионова М. И., Плахтюкова В. Р. Мясная продуктивность бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам CAPN1 и GH // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 4. С. 9–12. doi: 10.33943/MMS.2020.96.35.003.
11. Determination of diplotypes associated with meat productivity in cattle breeds common in the territory of the Republic of Kazakhstan / A. M. Nametov, I. S. Beishova, A. V. Belaya, et al. // OnLine Journal of Biological Sciences. 2022. Vol. 22. No. 3. P. 287–298. doi: 10.3844/ojbsci.2022.287.298.
12. Preferred and undesirable genotypes of bGH and bIGF-1 genes for the milk yield and quality of Black-and-White breed / V. A. Ulyanov, B. Z. Kubekova, N. V. Papusha, et al. // Veterinary World. 2021. Vol. 14. No. 5. P. 1202–1209. doi: 10.14202/vetworld.2021.1202-1209.
13. Marking of meat productivity features in pairs of bGH, bGHR and bIGF-1 polymorphic genes in Aberdeen-Angus cattle / L. Z. Dushayeva, A. M. Nametov, I. S. Beishova, et al. // OnLine Journal of Biological Sciences. 2021. Vol. 21. No. 2. P. 334–345. doi: 10.3844/ojbsci.2021.334.345.
14. Селекция мясного скота на повышение эффективности использования корма / Е. Н. Усманова, Д. В. Зубоченко, П. С. Остапчук и др. // Известия НВ АУК. 2022. № 4 (68). С. 270–286. doi: 10.32786/2071-9485-2022-04-33.
15. Development and validation of a small SNP panel for feed efficiency in beef cattle / M. K. Abo-Ismael, N. Lansink, E. Akanno, et al. // J Anim Sci. 2018. Vol. 96. No. 2. P. 375–397. doi: 10.1093/jas/sky020.
16. Effect of polymorphism in IGF-1 gene on production traits in Polish Holstein-Friesian cattle / E. Siadkowska, L. Zwierzchowski, J. Oprzadek, et al. // Animal Science Papers and Reports. 2006. Vol. 24. No. 3. P. 225–237.
17. Primary genome scan to identify putative quantitative trait loci for feedlot growth rate, feed intake, and feed efficiency of beef cattle / J. D. Nkrumah, E. L. Sherman, C. Li, et al. // J Anim Sci. 2007. Vol. 85. P. 3170–3181. doi: 10.2527/jas.2007-0234.
18. Генетическое маркирование признаков продуктивности крупного рогатого скота казахской белоголовой породы на основе полногеномного SNP-типирования / А. М. Ковальчук, Е. В. Белая, Ю. А. Юлдашбаев и др. // Зоотехния. 2022. № 2. С. 2–6. doi: 10.25708/ZT.2022.55.68.001.

19. Polymorphisms in the IGF1 gene and their effect on growth traits in Mexican beef cattle / X. F. Reyna, H. M. Montoya, V. V. Castrellon, et al. // *Genet Mol Res*. 2010. Vol. 9. No. 2. P. 875–883. doi: 10.4238/vol9-2gmr745.
20. Comprehensive assessment of candidate genes associated with fattening performance in Holstein-Friesian bulls / S. Ardici, H., Samli B. Vatansever, et al. // *Arch Anim Breed*. 2019. Vol. 62. No. 1. P. 9–32. doi: 10.5194/aab-62-9-2019.
21. Associations of a genetic marker with blood serum insulin-like growth factor-1 concentration and growth traits in angus cattle / W. Ge, M. E. Davis, H. C. Hines, et al. // *Journal of Animal Science*. 2001. Vol. 79. P. 1757–1762. doi: 10.2527/2001.7971757x.
22. Association between IGF-I, IGF-IR and GHRH gene polymorphisms and growth and carcass traits in beef cattle / R. A. Curi, H. N. de Oliveira, A. C. Silveira, et al. // *Livest. Sci*. 2005. Vol. 94. No. 3. P. 159–167. doi: 10.1016/j.livprodsci.2004.10.009.
23. Дубовскова М. П. Показатели племенной ценности родителей с учетом полиморфизма генов GHR, IGF-I и GDF5 у скота герефордской породы // *Пермский аграрный вестник*. 2022. № 4 (40). С. 82–88. doi: 10.47737/2307-2873_2022_40_82.
24. Molecular genetics and phenotypic characterization of some beef quality traits in Sudanese Baggara cattle / R. M. A. Omer, I. A. Nour, A. D. A. Biraima, et al. // *Asian Journal of Science and Technology*. 2021. Vol. 12. No. 07. P. 11757–11761.
25. Genetic association between feed efficiency, growth, scrotal circumference, and carcass traits in Guzerat cattle / L. S. Pereira, L. C. Brunes, F. Baldi, et al. // *Trop Anim Health Prod*. 2023. Vol. 55. No. 2. Article 132. URL: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-023-03552-0> (дата обращения: 17.05.2023).

References

1. Khakimov IN, Sharafutdinov GS, Mudarisov RM, et al. [Improving productive ability of cows and heifers of Kazakh White-Headed breed in the Samara region]. *Izvestiya Samarskoi gosudarstvennoi sel'skokhozyaistvennoi akademii*. 2021;(4):62-8. Russian. doi: 10.12737/46345.
2. Soloshenko VA, Pleshakov VA, Inerbaev BO, et al. [Estimation of genealogical lines of cattle of the Kazakh White-Headed breed]. *Sibirskii vestnik sel'skokhozyaistvennoi nauki*. 2021;51(1):82-9. Russian. doi: 10.26898/0370-8799-2021-1-10.
3. Khaynatsky VYu. [Own productivity as breeding value evaluation criterion of beef bulls]. *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*. 2019;102(1):112-20. Russian. doi: 10.33284/2658-3135-102-1-112.
4. Stolpovsky YuA, Piskunov AK, Svishcheva GR. [Genomic selection. I: Latest trends and possible ways of development]. *Genetika*. 2020;56(9):1006-17. Russian. doi: 10.31857/S0016675820090143.
5. Garcia-Ruiz A, Cole JB, Van Raden PM, et al. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 2016;113(28):3995-4004. doi: 10.1073/pnas.1519061113.
6. Zalewska M, Puppel K, Sakowski T. Associations between gene polymorphisms and selected meat traits in cattle - A review. *Anim Biosci*. 2021;34(9):1425-38. doi: 10.5713/ab.20.0672.
7. Tait Jr RG, Cushman RA, McNeel AK, et al. Mu-calpain (CAPN1), calpastatin (CAST), and growth hormone receptor (GHR) genetic effects on Angus beef heifer performance traits and reproduction. *Theriogenology* [Internet]. 2018 [cited 2023 May 17];113:1-7. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0093691X1830044X>. doi: 10.1016/j.theriogenology.2018.02.002.
8. Sedykh TA, Gizatullin RS, Dolmatova IYu, et al. [Growth hormone gene polymorphism in relation to beef cattle carcass quality]. *Rossiiskaya sel'skokhozyaistvennaya nauka*. 2020;(2):53-7. Russian. doi: 10.31857/S2500-2627-2020-2-53-57.
9. Dubovskova M. [Genotyping of Hereford cattle for GHR, IGF-1 and GDF5 genes]. *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*. 2022;105(3):47-55. Russian. doi: 10.33284/2658-3135-105-3-47.
10. Selionova MI, Plakhtyukova VR. [Meat productivity of Kazakh White-Headed steers of different genotypes by CAPN1 and GH genes]. *Molochnoe i myasnoe skotovodstvo*. 2020;(4):9-12. Russian. doi: 10.33943/MMS.2020.96.35.003.
11. Nametov AM, Beishova IS, Belaya AV, et al. Determination of diplotypes associated with meat productivity in cattle breeds common in the territory of the Republic of Kazakhstan. *OnLine Journal of Biological Sciences*. 2022;22(3):287-98. doi: 10.3844/ojbsci.2022.287.298.
12. Ulyanov VA, Kubekova BZ, Papusha NV, et al. Preferred and undesirable genotypes of bGH and bIGF-1 genes for the milk yield and quality of Black-and-White breed. *Veterinary World*. 2021;14(5):1202-9. doi: 10.14202/vetworld.2021.1202-1209.
13. Dushayeva LZ, Nametov AM, Beishova IS, et al. Marking of meat productivity features in pairs of bGH, bGHR and bIGF-1 polymorphic genes in Aberdeen-Angus cattle. *OnLine Journal of Biological Sciences*. 2021;21(2):334-45. doi: 10.3844/ojbsci.2021.334.345.
14. Usmanova EN, Zubochenko DV, Ostapchuk PS, et al. [Breeding of beef cattle to increase the efficiency of feed intake]. *Izvestiya NV AUK*. 2022;(4):270-86. Russian. doi: 10.32786/2071-9485-2022-04-33.
15. Abo-Ismael MK, Lansink N, Akanno E, et al. Development and validation of a small SNP panel for feed efficiency in beef cattle. *J Anim Sci*. 2018;96(2):375-97. doi: 10.1093/jas/sky020.
16. Siadkowska E, Zwierzchowski L, Oprzadek J, et al. Effect of polymorphism in IGF-1 gene on production traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Animal Science Papers and Reports*. 2006;24(3):225-37.
17. Nkrumah JD, Sherman EL, Li C, et al. Primary genome scan to identify putative quantitative trait loci for feedlot growth rate, feed intake, and feed efficiency of beef cattle. *J Anim Sci*. 2007;85:3170-81. doi: 10.2527/jas.2007-0234.
18. Kovalchuk AM, Belaya EV, Yuldashbayev YuA, et al. [Genetic marking of productivity traits of Kazakh White-Headed cattle based on genome-wide SNP typing]. *Zootekhnika*. 2022;(2):2-6. Russian. doi: 10.25708/ZT.2022.55.68.001.
19. Reyna XF, Montoya HM, Castrellon VV, et al. Polymorphisms in the IGF1 gene and their effect on growth traits in Mexican beef cattle. *Genet Mol Res*. 2010;9(2):875-83. doi: 10.4238/vol9-2gmr745.
20. Ardici S, Samli H, Vatansever B, et al. Comprehensive assessment of candidate genes associated with fattening performance in Holstein-Friesian bulls. *Arch Anim Breed*. 2019;62(1):9-32. doi: 10.5194/aab-62-9-2019.
21. Ge W, Davis ME, Hines HC, et al. Associations of a genetic marker with blood serum insulin-like growth factor-1 concentration and growth traits in angus cattle. *Journal of Animal Science*. 2001;79:1757-62. doi: 10.2527/2001.7971757x.
22. Curi RA, de Oliveira HN, Silveira AC, et al. Association between IGF-I, IGF-IR and GHRH gene polymorphisms and growth and carcass traits in beef cattle. *Livest. Sci*. 2005;94(3):159-67. doi: 10.1016/j.livprodsci.2004.10.009.
23. Dubovskova MP. [Indicators of parental breeding value with consideration of the polymorphism of GHR, IGF-I and GDF5 genes in Hereford cattle]. *Permskii agrarnyi vestnik*. 2022;(4):82-8. Russian. doi: 10.47737/2307-2873_2022_40_82.
24. Omer RMA, Nour IA, Biraima ADA, et al. Molecular genetics and phenotypic characterization of some beef quality traits in Sudanese Baggara cattle. *Asian Journal of Science and Technology*. 2021;12(07):11757-61.
25. Pereira LS, Brunes LC, Baldi F, et al. Genetic association between feed efficiency, growth, scrotal circumference, and carcass traits in Guzerat cattle. *Trop Anim Health Prod* [Internet]. 2023 [cited 2023 May 17];55(2): Article 132. Available from: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11250-023-03552-0>. doi: 10.1007/s11250-023-03552-0.