



УДК 575.113:636.2.034.082(477)  
DOI 10.32900/2312-8402-2021-125-69-78

## ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНІВ РЕЦЕПТОРА ГОРМОНУ РОСТУ ТА МІОГЕННОГО ФАКТОРУ 5 В ПОПУЛЯЦІЯХ КОРІВ МОЛОЧНИХ ПОРІД

Альшамайлех Х. С., асп. <https://orcid.org/0000-0002-4757-8585>  
Кулібаба Р. О., д. с.-г. н., с. н. с., <https://orcid.org/0000-0003-1776-7147>  
Національний університет біоресурсів і природокористування України  
Ляшенко Ю. В., к. с.-г. н., с.н.с., <https://orcid.org/0000-0003-2747-476X>  
Борзова Г. С., асп., <https://orcid.org/0000-0002-2711-8338>  
Інститут тваринництва НААН

*Проведено дослідження особливостей генетичної структури популяцій корів української чорно-рябої та червоно-рябої молочних порід за поліморфізмом локусів рецептору гормону росту (GHR) та міогенного фактору 5 (MYF5). За використання полімеразної ланцюгової реакції та рестрикційного аналізу (PCR-RFLP) виявлений AluI-поліморфізм у промоторній ділянці гену GHR та TaqI-поліморфізм у другому інтроні гену MYF5. За результатами досліджень з'ясовано, що локуси рецептору гормону росту та міогенного фактору 5 у популяціях корів української чорно-рябої та червоно-рябої молочних порід є поліморфними. У популяції української чорно-рябої молочної породи за локусом GHR частота алеля AluI+ склала 0,61; алеля AluI- – 0,39; за локусом MYF5 частота алеля TaqI+ склала 0,65; алеля TaqI- – 0,35, відповідно. У популяції української червоно-рябої молочної породи за локусом GHR частота алеля AluI+ склала 0,54; алеля AluI- – 0,46; за локусом MYF5 частота алеля TaqI+ склала 0,64; алеля TaqI- – 0,36, відповідно. Обидві дослідні популяції корів за локусами GHR та MYF5 знаходяться в стані генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом, що свідчить про відсутність мікроеволюційних змін в процесі їх відтворення. За визначеними особливостями розподілу частот генотипів та алелів за кожним із дослідних локусів значних коливань генетичної структури не відбувається. Селекційна робота, що проводиться з популяціями тварин обох порід не зачіпає маркерних алелів (які висвітлені у роботі), що й відображається на особливостях генетико-популяційної структури дослідних груп та на їх рівноважному стані. Особливості розподілу особин за різними генотипами GHR та MYF5 в популяціях корів обох порід дають змогу в подальшому проводити дослідження з визначення зв'язку виявлених алельних варіантів поліморфних локусів з показниками продуктивності тварин.*

**Ключові слова:** поліморфізм, популяція, алель, генотип, маркер, мінливість.

У сучасному тваринництві одним з найактуальніших завдань маркер-асоційованої селекції великої рогатої худоби є пошук нових перспективних генів-кандидатів продуктивних якостей тварин. З цієї точки зору, визначення особливостей генетичної структури дослідних популяцій тварин за «новими» локусами – це безумовно крок вперед, що забезпечить не тільки вирішення питань популяційної генетики, але й дасть змогу використовувати отримані наукові результати в практичній селекційній роботі (з урахуванням напряму продуктивності тварин).

Базуючись на проведених останнім часом закордонних дослідженнях, перспективними для досліджень у контексті зв'язку з параметрами м'ясної та молочної продуктивності великої рогатої худоби вважаються гени рецептору гормону



росту (*GHR*) та міогенного фактору 5 (*MYF5*) [1, 2]. На жаль, на сьогодні даних щодо особливостей поліморфізму зазначених генів (мається на увазі певні мутації у контексті цієї роботи – *AluI*-поліморфізм у промоторному фрагменті *GHR* та *TaqI*-поліморфізм у другому інтроні *MYF5*) та їхнього зв'язку з продуктивними якостями стад та популяцій великої рогатої худоби вітчизняної селекції, практично немає. Позитивним винятком із цієї ситуації є науково-дослідна робота, яка проведена в Інституті тваринництва НААН з визначення поліморфізму генів *GHR* та *MYF5* у популяціях великої рогатої худоби м'ясного напрямку продуктивності. Питання, стосовно особливостей генетичної структури великої рогатої худоби молочних порід залишається відкритим, що й визначає загальну мету наших досліджень.

Ген рецептору гормону росту (*Growth Hormone Receptor, GHR*) – складається з десяти екзонів, розташований на 20 хромосомі. Кодує білок, розміром у 634 амінокислотних залишків. Основна фізіологічна функція *GHR* полягає в забезпеченні відповіді клітин-мішеней на дію безпосередньо гормону росту [3, 4]. Саме функціонування рецептора гормону росту й визначає чутливість та специфічність відповіді клітини-мішені на стимуляцію безпосередньо соматотропіном.

Білок *GHR* – відноситься до суперродини трансмембранних білків, основна фізіологічна функція полягає у передачі сигналу від соматотропного гормону в середину клітини, забезпечуючи, таким чином, спектр функціональної активності гормону росту [5]. У клітинах печінки активація *GHR* призводить до ініціювання синтезу та секреції інсуліноподібного ростового фактору I, функціональна активність останнього, як це відомо, й визначає соматотропні функції безпосередньо гормону росту [6]. Таким чином, функціональна активність *GHR* ставить його практично у центральну позицію регулятора чисельних фізіологічних процесів організму. Приймаючи до уваги весь спектр функціональної активності *GHR*, не викликає здивування факт пильного інтересу до нього з позицій маркер-асоційованої селекції в тваринництві.

Дослідження у напрямку вивчення різних алельних варіантів *GHR* та їх зв'язку з параметрами продуктивності великої рогатої худоби проводяться в різних країнах та на різних породах і породних групах. Визначено певні алельні варіанти та перспективні мутації у різних положеннях гену, що пов'язані з параметрами молочної продуктивності тварин [2, 7].

Ген міогенного фактору 5 (*Myogenic Factor 5, MYF5*) – складається з 3 екзонів, розташований на 5 хромосомі. Кодує білок, розміром у 255 амінокислотних залишків. Основна фізіологічна роль полягає в регуляції міогенеза (процесів формування м'язової тканини). Міогенний фактор 5 є складовою родини міогенних регуляторних факторів, що включає в себе *MyoD*, міогенін, *MYF5* та *MYF6* [8]. Тісний зв'язок міогенного фактору 5 з регуляцією розвитку м'язової тканини забезпечує стійкий інтерес з боку генетиків з метою визначення асоціацій з параметрами м'ясної продуктивності корів. Описано *TaqI*-поліморфізм у інтронній частині гену, який виявився асоційованим з приростами та екстер'єрними показниками у деяких порід великої рогатої худоби [9, 10]. Також проводяться дослідження й на молочних породах великої рогатої худоби, що ставить цей локус у ряд перспективних для наших досліджень.

**Матеріали та методи досліджень.** Дослідження проведені у лабораторії молекулярно-генетичних і фізіолого-біохімічних досліджень у тваринництві Інституту тваринництва НААН та у лабораторії молекулярно-генетичних досліджень кафедри біології тварин Національного університету біоресурсів і природокористування України.



В якості об'єкта досліджень використовували популяції корів української чорно-рябої та червоно-рябої молочних порід (ДПДГ «Гонтарівка» Інституту тваринництва НААН, Харківська область, Вовчанський район). Від кожної популяції аналізували по 100 особин. Виділення ДНК проводили з використанням комерційного набору реагентів «ДНК-сорб-В» («АмпліСенс», Росія). В якості джерела біологічного матеріалу використовували волосяні цибулини.

Ампліфікацію таргетних фрагментів проводили з використанням термоциклеру Ampli-4-2 (БіоКом, Росія) та Applied Biosystems MiniAmp (Thermo Scientific, США) згідно відповідних програм: 1 цикл – денатурація 94 °C (5 хв); 35 циклів – денатурація 94 °C (45 с), відпал 45 с (66 °C для *GHR* та 65 °C для *MYF5*), елонгація 72 °C (45 с); 1 цикл – фінальна елонгація 72 °C (10 хв). Об'єм кінцевої суміші становив 20  $\mu$ L, концентрація праймерів – 0,2 мкМ у кожному випадку.

Для ампліфікації таргетних фрагментів дослідних локусів застосовували відповідні праймери: *GHR* – tgcgtgcsacagcagctcaacc та agcaacccactgctgggcat [11]; *MYF5* – gatagctggctgtgaatgat та ctggcaactggggagagaga [9].

Рестрикцію проводили з використанням ендонуклеаз AluI та TaqI згідно протоколів виробника (Thermo Scientific, США).

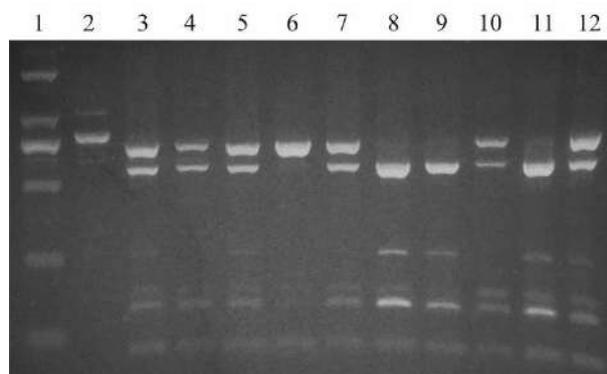
Продукти рестрикції розділяли у агарозних гелях (концентрація 1,5%). Візуалізацію фрагментів ДНК у гелі проводили за використання етидіуму броміду в ультрафіолетовому спектрі. Розмір рестрикційних фрагментів визначали з використанням маркера молекулярних мас DL2000 (фрагменти 2000, 1000, 750, 500, 250 та 100 п.н.) (LifeSct LLC, США).

За результатами досліджень розраховували фактичний (O) та теоретичний (E) розподіл генотипів, частоти генотипів і алелів, критерій генетичної рівноваги  $\chi^2$ , теоретичну ( $H_e$ ) та фактичну ( $H_o$ ) гетерозиготність, гомозиготність ( $C_a$ ), ефективне число алелів ( $n_e$ ) та індекс фіксації Райту ( $F_{is}$ ) згідно загальних методик із використання програмного забезпечення POPGENE32 ([https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene\\_download.html](https://sites.ualberta.ca/~fyeh/popgene_download.html)).

**Результати досліджень.** AluI-поліморфізм у промоторному фрагменті гену рецептору гормону росту призводить до виникнення двох алельних варіантів – AluI+ та AluI-, в яких, відповідно, наявний або відсутній сайт рестрикції.

За використання рестрикційного аналізу виявлено AluI-поліморфізм у промоторному фрагменті гену рецептору гормону росту.

На рис. 1 наведено електрофореграму продуктів рестрикції локусу рецептору гормону росту у дослідних популяціях тварин.



**Рис. 1.** Поліморфізм гену рецептору гормону росту (AluI-поліморфізм промоторного фрагменту) у дослідних популяціях корів. 1 – маркер молекулярних мас DL2000; 2 – первинний амплікон; 3-5, 7, 10, 12 – генотип AluI+/AluI-; 6 – генотип AluI-/AluI-; 8, 9, 11 – генотип AluI+/AluI+.



За результатами проведених досліджень встановлено, що в межах обох дослідних популяцій корів наявні особини зі всіма можливими варіантами генотипів – AluI+/AluI+, AluI+/AluI- та AluI-/AluI-.

Алель AluI+ представлений на електрофореграмі чотирма фрагментами, алель AluI- – трьома. В обох випадках найлегші фрагменти на електрофореграмі практично відсутні внаслідок дифузії ДНК в гелі при заданих умовах розділення рестрикційних фрагментів. Слід відмітити, що внаслідок особливостей розмірів рестрикційних фрагментів генотипи особин за дослідним поліморфізмом можна успішно визначати, аналізуючи лише найважчі за молекулярною масою бенди (фрагменти ДНК на електрофореграмі), розміром 747 та 602 п.н. У такому випадку (за розподілом важких фрагментів), генотип AluI+/AluI+ представлений одним бендом, розміром 602 п.н.; генотип AluI+/AluI- – двома бендами, розміром 747 та 602 п.н.; AluI-/AluI- – одним бендом, розміром 747 п.н.

Розрахунки фактичних та теоретичних значень кількості особин та відповідності стану генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом за використання методу  $\chi^2$  наведено у таблиці 1.

Таблиця 1

**Відповідність розподілу частот генотипів за локусом GHR стану генетичної рівноваги у дослідних популяціях корів**

Генотип	Порода ВРХ							
	Українська чорно-ряба Молочна				Українська червоно-ряба молочна			
	О	Е	(О-Е) <sup>2</sup> /Е	$\chi^2$	О	Е	(О-Е) <sup>2</sup> /Е	$\chi^2$
СС	35	37,21	0,13	0,86	27	29,16	0,16	0,76
СТ	52	47,58	0,41		54	49,68	0,38	
ТТ	13	15,21	0,32		19	21,16	0,22	

За результатами досліджень встановлено, що за AluI-поліморфізмом промоторного фрагменту гену рецептора гормону росту обидві популяції тварин знаходяться у стані генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом (значення кількості особин за певними генотипами практично співпадає з теоретично очікуваною кількістю), що свідчить про відсутність тиску добору за цим локусом.

Незважаючи на рівноважний стан обох порід тварин за співвідношенням частот генотипів та алелів за дослідним локусом популяції дещо різняться між собою (рис. 2).

У популяції української чорно-рябої породи виявлено превалювання частоти зустрічальності алеля AluI+ на 56 % більше від AluI-, в той час як в популяції корів червоно-рябої породи частота алелю AluI+ також вища, але лише на 17 %. Незважаючи на виявлені відмінності різниця за значенням частот алелів між двома групами тварин не є статистично вірогідною. Більш рівні значення частот алелів у другій популяції тварин виникають внаслідок більш «збалансованої» структури за частотами відповідних генотипів порівняно з першою виявлено меншу кількість відмінностей за значенням частот гомозиготних особин AluI+/AluI+ та AluI-/AluI-.

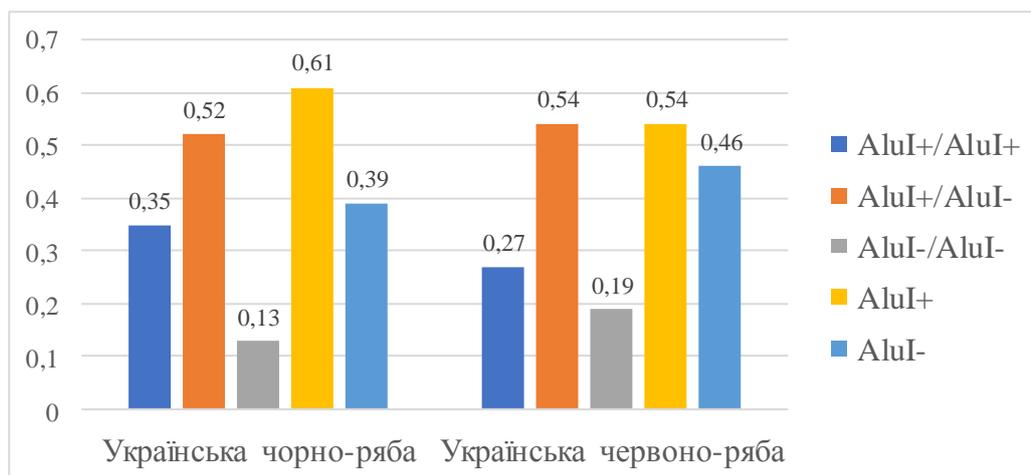


Рис. 2. Частоти генотипів та алелів за локусом *GHR* у дослідних популяціях корів

За значенням основних генетико-популяційних параметрів дослідні породи корів демонструють велику подібність. Так, наприклад, значення індексу фіксації Райта в обох популяціях майже однакові ( $-0,08$ ) та свідчать про незначний ексцес гетерозиготних особин, який майже не впливає на стан генетичної рівноваги. Також у дослідних популяціях дуже схожі параметри фактичної та очікуваної гетерозиготності.

Загальні генетико-популяційні параметри дослідних популяцій тварин за локусом *GHR* наведено у таблиці 2.

Таблиця 2

**Основні генетико-популяційні характеристики різних порід корів за локусом рецептору гормону росту**

Порода корів	Показник				
	Ca	$n_e$	$H_o$	$H_e$	$F_{is}$
Українська чорно-ряба молочна	0,52	1,92	0,52	0,48	-0,08
Українська червоно-ряба молочна	0,50	2,0	0,54	0,50	-0,08

Стосовно параметру ефективного числа алелів – обидві популяції характеризуються практично максимальним (1,92 та 2,0) значенням цього показника, що вказує на дуже високий для класичних двохалельних систем рівень поліморфності локусу.

TaqI-поліморфізм у другому інтроні гену міогенного фактору 5 призводить до виникнення двох алельних варіантів – TaqI+ та TaqI-. Слід відмітити, що у TaqI+ алелю різниця між рестрикційними фрагментами є дуже великою, що дає змогу генотипувати особин лише за аналізом розподілу найважчих бендів на електрофореграмі.

На рис. 3 наведено електрофореграму продуктів рестрикції локусу міогенного фактору 5 у дослідних популяціях тварин.

За результатами проведених досліджень встановлено, що локус *MYF5* в обох дослідних популяціях корів є поліморфним – у кожній групі тварин виявлено особин зі всіма можливими генотипами.

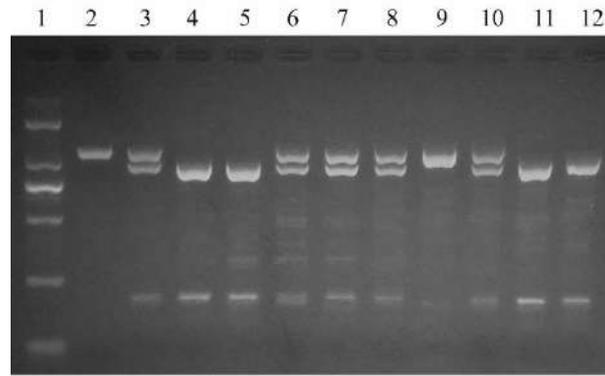


Рис. 3. Поліморфізм гену міогенного фактору 5 (TaqI-поліморфізм у другому інтроні) у дослідних популяціях корів. 1 – маркер молекулярних мас DL2000; 2 – первинний амплікон; 3, 6-8, 10 – генотип TaqI+/TaqI-; 4, 5, 11, 12 – генотип TaqI+/TaqI+; 9 – генотип TaqI-/TaqI-.

Наявні патерни рестрикції повністю відповідають очікуванім. Генотип TaqI+/TaqI+ представлений на електрофореграмі у вигляді двох фрагментів, розміром 983 та 207 п.н.; генотип TaqI-/TaqI- – одним, що за розміром співпадає з ампліконом (1190 п.н.); гетерозиготи TaqI+/TaqI- – трьома фрагментами, розміром 1190, 983 та 207 п.н.

Аналіз відповідності розподілу особин за різними генотипами MYF5 стану генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом у дослідних популяціях корів наведено в таблиці 3.

Таблиця 3

**Відповідність розподілу частот генотипів за локусом MYF5 стану генетичної рівноваги у дослідних популяціях корів**

Генотип	Порода ВРХ							
	Українська чорно-ряба Молочна				Українська червоно-ряба молочна			
	О	Е	(O-E) <sup>2</sup> /E	$\chi^2$	О	Е	(O-E) <sup>2</sup> /E	$\chi^2$
TaqI+/TaqI+	41	42,25	0,04	0,1	36	40,96	0,6	3,54
TaqI+/TaqI-	47	45,5	0,05		55	46,08	1,73	
TaqI-/TaqI-	12	12,25	0,01		9	12,96	1,21	

За результатами досліджень встановлено, що генетична структура дослідних популяцій тварин на перший погляд є дуже подібною. Так, в обох популяціях присутні особини зі всіма можливими за цим локусом генотипами. У червоно-рябій молочної породи наявна чотирьохкратна різниця між кількістю гомозиготних особин. У той же час, у популяції корів чорно-рябій породи різниця також значна, але дещо менш виражена (41 проти 12) внаслідок більшої кількості гомозиготних особин TaqI-/TaqI-. У першій популяції кількість гетерозиготних особин лише на 6 голів перевершує кількість домінуючих гомозигот TaqI+/TaqI+, у той час як у другій популяції ця різниця досягає 19 особин. Слід звернути увагу, що в популяції тварин червоно-рябій породи наявна кількість певних генотипів фактично призвела до граничних критичних значень за критерієм  $\chi^2$  (3,54) стосовно стану генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом (критичне значення для двохалельних систем дорівнює 3,84). У першій групі тварин такої тенденції не виявлено.

Розглянемо більш детально дослідні популяції тварин за співвідношенням частот генотипів та алелів за локусом MYF5 (рис. 4).

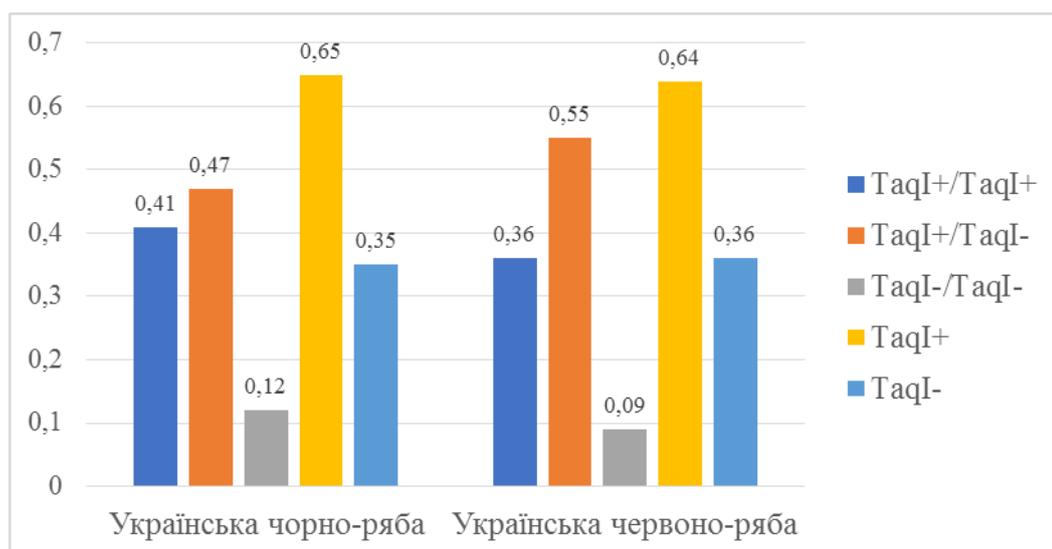


Рис. 4. Частоти генотипів та алелів за локусом MYF5 у дослідних популяціях корів

У популяції корів червоно-рябої молочної породи дещо вища частота гетерозиготних особин за рахунок зменшення кількості гомозигот (особливо TaqI+/TaqI+). Але різниця у значеннях частот відповідних генотипів не є вірогідною. Також обидві популяції корів мають практично однакові значення частот алелів, та в обох випадках демонструють суттєве переважання частоти зустрічальності алеля TaqI+, що, у свою чергу, може свідчити як про особливості генетичної структури корів молочної породи, так і виникати внаслідок стохастичних коливань частоти алелів (дрейф генів).

Загальні генетико-популяційні характеристики дослідних груп корів наведено у таблиці 4.

Таблиця 4

Основні генетико-популяційні характеристики різних порід корів за локусом міогенного фактору 5

Порода корів	Показник				
	Ca	ne	Ho	He	Fis
Українська чорно-ряба молочно	0,54	1,86	0,47	0,46	-0,02
Українська червоно-ряба молочно	0,54	1,86	0,55	0,46	-0,20

Як слідує за результатами досліджень обидві популяції тварин демонструють майже співпадаючі значення показників генетичної мінливості. Виняток складають показники фактичної гетерозиготності та, як безпосередньо пов'язаний з ним, індекс фіксації. Згідно значенням індексу фіксації у популяції корів української червоно-рябої породи наявний експрес гетерозиготних особин (20%), що ймовірно й слугувало причиною тенденції у направленні відхилення від стану генетичної рівноваги (котра, однак, не було порушена).

Таким чином, за результатами досліджень з'ясовано, що за особливостями розподілу частот генотипів та алелів за кожним із дослідних локусів значних коливань генетичної структури не відбувається. Селекційна робота, що проводиться на обох популяціях тварин, не зачіпає маркерних алелів (які висвітлені у роботі),



що й відображається на особливостях генетико-популяційної структури дослідних груп тварин та на їх рівноважному стані. У той же час, особливості розподілу особин за різними генотипами *GHR* та *MYF5* в популяціях корів обох порід дають змогу у подальшому проводити дослідження з визначення зв'язку виявлених алельних варіантів поліморфних локусів з показниками продуктивності тварин.

#### Висновки:

1. За результатами досліджень з'ясовано, що локуси рецептору гормону росту (*GHR*) та міогенного фактору 5 (*MYF5*) у популяціях корів української чорно-рябої та червоно-рябої молочних порід є поліморфними.

2. У популяції української чорно-рябої молочної породи за локусом *GHR* частота алеля AluI+ склала 0,61; алеля AluI- – 0,39; за локусом *MYF5* частота алеля TaqI+ склала 0,65; алеля Taq- – 0,35, відповідно.

3. У популяції української червоно-рябої молочної породи за локусом *GHR* частота алеля AluI+ склала 0,54; алеля AluI- – 0,46; за локусом *MYF5* частота алеля TaqI+ склала 0,64; алеля Taq- – 0,36, відповідно.

4. Обидві дослідні популяції корів за локусами *GHR* та *MYF5* знаходяться в стані генетичної рівноваги за Харді-Вайнбергом, що свідчить про відсутність мікроеволюційних змін в процесі їх відтворення.

#### References

1. Daldaban, F., Arslan, K., Aksel, E. G., & Akyüz, B. (2020). Polymorphism of the STAT5A and MYF-5 genes in Anatolian water buffalo. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 44, 284–289.

2. Hadi, Z., Atashi, H., Dadpasand, M., Derakhshandeh, A., & Ghahramani Seno, M. M. (2015). The relationship between growth hormone polymorphism and growth hormone receptor genes with milk yield and reproductive performance in Holstein dairy cows. *Iranian Journal of Veterinary Research*, 16 (3), 244–248.

3. Dehkoda, F., Lee, C. M. M., Medina, J., & Brooks, A. J. (2018) The Growth Hormone Receptor: Mechanism of Receptor Activation, Cell Signaling, and Physiological Aspects. *Front. Endocrinol*, 9:35. DOI: 10.3389/fendo.2018.00035

4. Brooks, A. J., & Waters, M. J. (2010). The growth hormone receptor: mechanism of activation and clinical implications. *Nature Reviews Endocrinology*, 6, 515–525.

5. Bergan, H. E., Kittilson, J. D., & Sheridan, M. A. (2015). Nutritional state modulates growth hormone-stimulated lipolysis. *Gen. Comp. Endocrinol*, 21, 1–9. DOI: 10.1016/j.ygcen.2015.04.017

6. Ramesha, K. P., Akhila Rao, Basavaraju, M., Geetha, G. R., Kataktaalware, M.A., & Jeyakumar, S. (2015). Genetic variability of bovine GHR, IGF-1 and IGFBP-3 genes in Indian cattle and buffalo. *South African Journal of Animal Science*, 45 (5), 485–493.

7. Kiyici, M. J., Akyuz, B., Aksel, E. G., Arslan, K., Kaliber, M., & Çinar, M. U. (2019). Relationships between polymorphisms of growth hormone, leptin and myogenic factor 5 genes with some milk yield traits in Holstein dairy cows. *Journal of Dairy technology*, 72(1), 1–7.

8. Zammit, P.S. (2017). Function of the myogenic regulatory factors Myf5, MyoD, Myogenin and MRF4 in skeletal muscle, satellite cells and regenerative myogenesis. *Semin Cell Dev Biol*, 72, 19–32.

9. Zhang, R. F., Chen, H., Lei, C. Z., Zhang, C. L., Lan, X. Y., Zhang, Y. D., Zhang, H. J., Bao, B., Niu, H., & Wang, X. Z. (2007). Association between Polymor-



phisms of MSTN and MYF5 Genes and Growth Traits in Three Chinese Cattle Breeds. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.*, 20 (12), 1798–1804.

10. Nasr, S. M., Ateya, A. I., Sadek, K. M., & Radwan, H. A. (2016). TaqI Polymorphism in MYF5 Gene and its Association with Body Weight in Friesian Bull Calves. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances*, 11 (7), 429–433.

11. Curi, R. A., Palmieri, D. A., Suguisawa, L., Ferraz, A. L. J., de Oliveira, H. N., Furlan, L. R., Silveira, A. C., & Lopes, C. R. (2006). Effects of GHR gene polymorphisms on growth and carcass traits in Zebu and crossbred beef cattle. *Livestock Science*, 101, 94–100.

### ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ РЕЦЕПТОРА ГОРМОНА РОСТА И МИОГЕННОГО ФАКТОРА 5 В ПОПУЛЯЦИЯХ КОРОВ МОЛОЧНЫХ ПОРОД

Альшамайлах Х. С., Кулибаба Р. А., Национальный университет биоресурсов и природопользования Украины.

Ляшенко Ю. В., Борзова А. С., Институт животноводства НААН.

Проведены исследования особенностей генетической структуры популяций коров украинской черно-пестрой и красно-пестрой молочных пород по полиморфизму локусов рецептора гормона роста (GHR) и миогенного фактора 5 (MYF5). С использованием полимеразной цепной реакции и рестрикционного анализа (PCR-RFLP) выявлен AluI-полиморфизм в промоторном фрагменте гена GHR и TaqI-полиморфизм во втором интроне гена MYF5. По результатам исследований показано, что локусы рецептора гормона роста и миогенного фактора 5 в популяциях коров украинской черно-пестрой и красно-пестрой молочных пород относятся к полиморфным. В популяции украинской черно-пестрой молочной породы по локусу GHR частота аллеля AluI+ составила 0,61; аллеля AluI- – 0,39; по локусу MYF5 частота аллеля TaqI+ составила 0,65; аллеля TaqI- – 0,35, соответственно. В популяции украинской красно-пестрой молочной породы по локусу GHR частота аллеля AluI+ составила 0,54; аллеля AluI- – 0,46; по локусу MYF5 частота аллеля TaqI+ составила 0,64; аллеля TaqI- – 0,36, соответственно. Обе опытные популяции коров по локусам GHR и MYF5 находятся в состоянии генетического равновесия по Харди-Вайнбергу, что свидетельствует об отсутствии микроэволюционных изменений в процессе их воспроизводства. По выявленным особенностям распределения частот генотипов и аллелей существенных колебаний генетической структуры не происходит. Селекционная работа, проводимая на популяциях животных обеих пород, не затрагивает маркерных аллелей (которые освещены в работе), что и отображается в особенностях генетико-популяционной структуры опытных групп и на их равновесном состоянии. Особенности распределения особей с разными генотипами GHR и MYF5 в популяциях коров обеих пород дают возможность в дальнейшем проводить исследования по определению связи выявленных аллельных вариантов полиморфных локусов с показателями продуктивности животных.

Ключевые слова: полиморфизм, популяция, аллель, генотип, маркер, изменчивость.



## POLYMORPHISM OF GROWTH HORMONE RECEPTOR GENE AND MYOGENIC FACTOR 5 GENE IN DAIRY CATTLE POPULATIONS

Alshamaileh H. S., Kulibaba R. O., National University of Life and Environmental Sciences of Ukraine

Liashenko Yu., Borzova H. S., The Institute of Animal Science NAAS

Investigations of the genetic structure features of the populations of Ukrainian Black-and-White and Red-and-White dairy breeds by polymorphism of growth hormone receptor (GHR) and myogenic factor 5 (MYF5) genes were carried out. AluI-polymorphism in the promoter fragment of the GHR gene and TaqI-polymorphism in the second intron of the MYF5 gene was detected using polymerase chain reaction and restriction analysis (PCR-RFLP). According to the research results, it was shown that the growth hormone receptor and myogenic factor 5 genes in the populations of Ukrainian Black-and-White and Red-and-White dairy breeds are polymorphic. In the population of the Ukrainian Black-and-White dairy breed at the GHR locus, the frequency of the AluI+ allele was 0.61; allele AluI- – 0.39; at the MYF5 locus, the TaqI+ allele frequency was 0.65; allele Taq- – 0.35, respectively. In the population of the Ukrainian Red-and-White dairy breed at the GHR locus, the frequency of the AluI+ allele was 0.54; allele AluI- – 0.46; at the MYF5 locus, the TaqI+ allele frequency was 0.64; allele Taq- – 0.36, respectively. Both experimental populations for GHR and MYF5 loci are in a genetic equilibrium state according to Hardy-Weinberg, which indicates the absence of microevolutionary changes in the process of their reproduction. There were no significant fluctuations in the genetic structure according to the revealed features of the genotype and allele frequencies distribution. The breeding work that is carried out on both populations does not affect marker alleles (which are described in the work), which is reflected in the features of the genetic-population structure of the experimental groups and their equilibrium state. The features of the distribution of individuals with different genotypes by GHR and MYF5 loci in the populations of both breeds make it possible to carry out further studies to determine the relationship between the identified allelic variants of polymorphic loci with parameters of animal productivity.

Keywords: polymorphism, population, allele, genotype, marker, variability.

УДК:636.2.083:612.017

DOI 10.32900/2312-8402-2021-125-78-91

## ПОРІВНЯННЯ РІЗНИХ СИСТЕМ УТРИМАННЯ КОРІВ У ПЕРІОД ТЕПЛОВОГО СТРЕСУ

**Борщ О. О.**, к. с.-г. н., доцент

<https://orcid.org/0000-0002-8450-2109>

**Борщ О. В.**, к. с.-г. н., доцент

<https://orcid.org/0000-0001-5174-1309>

Білоцерківський Національний аграрний університет

Метою роботи було вивчити вплив високих температур на комфортність утримання корів голштинської породи за різних варіантів безприв'язного утримання. Для проведення досліджень було вибрано три господарства з безприв'язним утриманням корів та різними варіантами рівня комфорту тварин. Перший варіант – безприв'язне утримання у легкозбірному приміщенні. Другий варіант – безприв'язне утримання у легкозбірному приміщенні з вентиляторами