

Міністерство освіти і науки України
Харківський національний університет імені В. Н. Каразіна

Біологічний факультет

Кафедра генетики і цитології

До захисту допущено

Кафедрою генетики і цитології протокол № _____ від _____

завідувач кафедри _____
(підпис)

Наталя ВОЛКОВА
(ім'я, прізвище)

«11» грудня 2025 р.

Кваліфікаційна робота
здобувача другого (магістерського) рівня вищої освіти

**ПОЛІМОРФІЗМ ГЕНУ ГОРМОНУ РОСТУ У ПОРОДИ ШАРОЛЕ В
УКРАЇНІ ТА ЙОГО ЗВ'ЯЗОК З ОЗНАКАМИ ПРОДУКТИВНОСТІ**
(назва роботи)

Спеціальність (спеціалізація) 091 Біологія та біохімія

(код та найменування спеціальності; спеціалізації спеціальності
- за наявності)

Освітня програма

Генетика

(назва освітньої програми)

Виконавець _____
(підпис)

Дарина ЛІСОВА
(ім'я, прізвище)

Науковий керівник _____
(підпис)

Олена БОЙКО
(ім'я, прізвище)

Харків – 2025

Зміст

	Стор.
ВСТУП	5
Розділ 1. ОГЛЯД І АНАЛІЗ НАУКОВОЇ ЛІТЕРАТУРИ	9
1.1. Маркер-асоційована селекція – як ефективний інструмент для відбору тварин з бажаними ознаками	9
1.1.1. Актуальність генетичного вдосконалення в тваринництві.....	9
1.1.2. Сутність та переваги маркер-асоційованої селекції (МАС).....	11
1.1.3. Молекулярно-генетичний моніторинг популяцій.....	12
1.1.4. Типи генетичних маркерів у маркер-асоційованій селекції.....	12
1.2. Ген гормону росту – як потенційний маркер продуктивності сільськогосподарських тварин.....	14
1.2.1. Функції гормону росту (GH).....	15
1.2.2. Ген GH у великої рогатої худоби і його вплив на ознаки продуктивності.....	17
1.2.3 – AluI поліморфізм гену GH та його ідентифікація.....	18
1.3. М'ясні породи великої рогатої худоби, які розводяться в Україні....	20
1.3.1. Характеристика основних м'ясних порід, які розводяться в Україні	21
1.3.2. Характеристика та значення породи Шароле в Україні.....	24
РОЗДІЛ 2. МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ.....	26
2.1. Об'єкт і матеріал дослідження.....	26
2.2. Схема дослідження.....	27
2.3. Методики.....	28
2.3.1. Виділення та очищення ДНК.....	28
2.3.2. Полімеразна ланцюгова реакція (ПЛР).....	29
2.3.3. Рестрикційний аналіз.....	29
2.3.4. Електрофоретичне розділення та візуалізація.....	30

2.3.5. Вивчення показників продуктивності.....	30
2.3.6. Статистичний аналіз.....	30
РОЗДІЛ 3. РЕЗУЛЬТАТИ ТА ОБГОВОРЕННЯ.....	31
3.1. Поліморфізм гена <i>GH</i>	31
3.2. Порівняння частоти алелей в популяціях шароле 2011 і 2021 року.....	35
3.3. Дослідження господарсько-цінних ознак у тварин різних за генотипом гена <i>GH</i>	35
ВИСНОВКИ	38
СПИСОК ПОСИЛАНЬ	40
ДОДАТКИ	48

АНОТАЦІЯ

Вивчено поліморфізм гену GH (bGH_ex5_C2141G) у популяції породи шароле великої рогатої худоби (n=30) агрофірми «Привілля» (Луганська обл.) в 2021 році за допомогою методу ПЛР-ПДРФ за використання ендонуклеази рестрикції AluI. Встановлено поліморфізм фрагменту гена GH, виявлено 2 алелі L (171, 52 п.н.) і V (223 п.н.) з частотой 0,65 і 0,35, відповідно. Показано, що популяція шароле 2021 року не відрізнялась від цієї ж популяції 2012 року за частотами алелей гену GH. Це свідчить про відсутність впливу чинників динаміки популяції на частоти даного гену за період 10 років. У різних за генотипом GH тварин розраховано значення показників маси телят при народженні (кг), приросту живої маси телят при відлученні (кг), та середньодобового приросту телят (г). Достовірних відмін між різними генотипами тварин за цими показниками не виявлено.

Робота викладена на 51 сторінках друкованого тексту, містить 1 рисунок і 2 таблиці.

Ключові слова: ген, гормон роста, велика рогата худоба, шароле, поліморфізм, м'ясна продуктивність.

ABSTRACT

The polymorphism of the GH gene (bGH_ex5_C2141G) was studied in a population of Charolais cattle (n=30) at the Privillia agricultural enterprise (Luhansk region) in 2021 using the PCR-PCR method with the AluI restriction endonuclease. Polymorphism of the GH gene fragment was established, and two alleles, L (171, 52 bp) and V (223 bp), were detected with frequencies of 0.65 and 0.35, respectively. It was shown that the Charolais population in 2021 did not differ from the same population in 2012 in terms of GH gene allele frequencies. This indicates that population dynamics factors did not affect the frequencies of this gene over a 10-year period. The values of calf birth weight (kg), calf live weight gain at weaning (kg), and average daily calf weight gain (g) were calculated for animals with different GH genotypes. No reliable differences between different animal genotypes were found for these indicators.

The work is presented on 49 pages of printed text, contains 1 figures and -2 tables.

Keywords: gene, growth hormone, cattle, Charolais, polymorphism, meat productivity.

ВСТУП

Актуальність дослідження. На даний час актуальними для нашої країни є питаннями її продовольчої безпеки та експортного потенціалу. Велику роль в цьому відіграє тваринництво, яке забезпечує споживачів цінними продуктами харчування. Скотарство, як найбільш складна і надзвичайно важлива галузь сільського господарства, є найважливішим індикатором стану тваринницької галузі [1]. Сучасний стан галузі скотарства переконливо свідчить, що об'єми виробництва яловичини в Україні з кожним роком знижуються в результаті скорочення загального поголів'я великої рогатої худоби [2]. Тому дуже важливим є вдосконалення порід сільськогосподарських видів з використанням сучасних генетичних підходів, які базуються на детальної оцінці генотипу тварин з використанням маркер-допоміжної селекції [3].

Ідентифікація генів, асоційованих з господарсько-корисними ознаками тварин дає змогу виявляти особливості племінного матеріалу, оцінювати різноманітність генофонду популяцій, прогнозувати зміни, пов'язані з селекційними чинниками, виявляти потенційно високопродуктивних тварин у ранньому віці [4]. Гормон росту (GH – Growth Hormone) (соматотропін, соматотропний гормон) є ключовим білком, відповідальним за регуляцію соматичного росту тварини, він бере участь у численних фізіологічних процесах, включаючи іонний баланс, ліпідний і білковий обмін, розмноження, імунну відповідь, а також є одним з вагомих факторів регуляції метаболізму та енергетичного гомеостазу [5, 6]. Тому ген гормону роста вже багато років вивчається як потенційний маркер продуктивності сільськогосподарських тварин, зокрема великої рогатої худоби [7]. У ВРХ ген *GH* локалізований на 19-й хромосомі (BTA19), має довжину близько 2000 п.н. і складається з п'яти екзонів та чотирьох інтронів [8].

В останніх роботах з цієї проблеми проводився пошук SNPs (Single Nucleotide Polymorphism, однонуклеотидний поліморфізм) гену *GH* та вивчався їх ефект на корисні продуктивні ознаки худоби [9, 10]. Слід відмітити, що показано вплив поліморфізму гену *GH* на господарко-цінні ознаки худобі як м'ясного [11, 12 та ін.], так і молочного напрямку продуктивності [13, 14 та ін.]. Виходячи з літературних даних, за використання метода PCR-RFLP (ПЛР-РПДФ, полімеразної ланцюгової реакції рестрикційного поліморфізму довжини фрагмента) широко вивчаються два SNPs гену *GH*, які в літературі часто позначають як **AluI сайт** і **MspI сайт** [14, 15 та ін.], що пов'язано з використанням відповідних ендонуклеаз рестрикції. **Одинична нуклеотидна заміна C→G в п'ятому екзоні гена *GH*** (номер в GenBank – M57764) у позиції 2141, яка виявляється за допомогою ендонуклеази рестрикції *AluI* (*bGH_ex5_C2141G*), призводить до заміни амінокислоти лейцин на валін в 127 позицій білку [16].

Порода шароле (Charolaise) великої рогатої худоби - це одна із м'ясних порід, які розводяться в Україні. Порода була виведена у Франції, тварини цієї породи відрізняються великою живою масою, міцною будовою тулуба й гарним здоров'ям. Незважаючи на те, що в Україні серед м'ясних порід великої рогатої худоби чисельність поголів'я шароле в зрівнянні з іншими м'ясними породами займає лише 3,5 %, ця порода має велике значення. Це пов'язано з тим, що шаролезьку худобу ефективно використовують за багатопородного схрещування з метою одержання помісей з високим потенціалом м'ясної продуктивності [2, 17]. Раніш вже вивчався поліморфізм гену *GH* в популяціях породи шароле [18, 19, 20], В той же час вивчення зміни частот алелей за певний період часу за цим геном у популяціях великої рогатої худоби не проводилися, хоча молекулярні маркери (в тому числі структурних генів) набувають велику роль при

вивченні динаміки популяцій сільськогосподарських тварин, що може мати не лише теоретичне, але і практичне значення в зв'язку з моніторингом зберігання рідких алелей в генофонді великої рогатої худоби [21, 22].

Новизна роботи. Вперше проведено аналіз частот алелей гена гормону росту у популяції породи шароле великої рогатої худоби, яка розводиться в Україні, за період 10 років (2011 – 2021). Вперше показана відсутність достовірних відмін між різними генотипами за геном *GH* за показниками маси телят при народженні, приросту живої маси телят при відлученні, та середньодобового приросту телят у породи шароле не виявлено.

Наукове та практичне значення результатів. Результати роботи можуть бути використані в селекційних програмах розведення породи шароле в Україні в зв'язку з моніторингом зберігання рідких алелей в генофонді великої рогатої худоби.

Мета дослідження: вивчення поліморфізму гену *GH* у популяції породи шароле в 2021 році порівняно з попередніми даними, отриманими на цієї ж популяції у 2011 році, а також пошук асоціацій різних алелей цього гену з господарсько-корисними ознаками.

Завдання дослідження:

1. Проаналізувати наукову літературу стосовно використання маркер-асоційованої селекції в тваринництві, вивчення поліморфізму гену гормону роста у великої рогатої худоби і його зв'язку з господарсько-корисними ознаками.

2. Проаналізувати дані, стосовно поліморфізму гену *GH* у популяції породи шароле в 2021 році порівняно з попередніми даними, отриманими на цієї ж популяції у 2011 році.

3. У тварин породи шароле різних за генотипом за геном *GH* проаналізувати показники м'ясної продуктивності з метою пошуку асоціацій різних алелей цього гену з господарсько-корисними ознаками.

Особистий внесок автора. Автор особисто провів аналіз літератури за темою дослідження. Проаналізував дані стосовно поліморфізму гену *GH* у популяції породи шароле в 2021 році в зрівнянні з попередніми даними, отриманими на цієї ж популяції у 2011 році. Проаналізував показники м'ясної продуктивності у тварин породи шароле різних за генотипом за геном *GH*.

Подяки. Автор висловлює подяку:

- кафедрі генетики і цитології ХНУ ім. Каразіна;
- науковому керівнику доц. Олені Бойко;
- працівникам агрофірми «Привілля» за наданий матеріал;
- співробітникам лабораторії молекулярно-генетичних досліджень Інституту тваринництва НААН України к.с-г.наук, ст.н.с. В.Россосі та к.с-г.наук Е. Олійниченко за наданий матеріал і технічну допомогу.

РОЗДІЛ 1

1.1. Маркер-асоційована селекція – як ефективний інструмент для відбору тварин з бажаними ознаками

1.1.1. Актуальність генетичного вдосконалення в тваринництві

Маркер-асоційована селекція (MAS) є одним із ключових інструментів сучасної молекулярної генетики, що дозволяє значно прискорити процес селекційного покращення поголів'я сільськогосподарських тварин. На відміну від традиційних методів, заснованих на фенотиповому доборі та родоводах, MAS базується на виявленні зв'язку між генетичними маркерами та бажаними господарсько-корисними ознаками, такими як продуктивність, адаптивність, темпи росту, стійкість до хвороб, відтворювальні характеристики тощо.

Сучасні тенденції розвитку тваринництва в Україні свідчать про актуальність упровадження високотехнологічних методів добору через зменшення загальної чисельності поголів'я ВРХ і потребу підвищення продуктивності галузі [1]. Зниження виробництва яловичини та скорочення кількості корів упродовж останніх років обумовлюють необхідність оптимізації селекційної роботи, що підтверджується даними українських дослідників [2].

MAS особливо ефективна для селекційних ознак, які:

проявляються пізно (наприклад, м'ясна продуктивність у дорослому віці);

мають низьку спадковість;

складні для вимірювання або дорогі у визначенні;

залежать від низки генетичних та середовищних чинників.

За визначенням Wakchaure та ін. (2015), MAS дає змогу підвищити точність селекції, зменшити тривалість селекційного інтервалу та забезпечити швидший генетичний прогрес у стаді [3]. Це досягається за рахунок використання молекулярних маркерів — SNP, мікросателітів або структурних варіантів геному, що зчеплені з генами кількісних ознак (QTL).

У дослідженнях Дубін і Димань (2013) підкреслено необхідність оцінювання генетичної структури стада та визначення алельного складу ключових генів продуктивності для підвищення ефективності селекційної роботи [4]. Автори зазначають, що застосування MAS дозволяє проводити добір тварин у ранньому віці, ще до прояву фенотипу, що значно скорочує витрати часу та ресурсів.

MAS також відіграє важливу роль у збереженні генетичного різноманіття. Сучасні підходи до моніторингу генофонду ВРХ, описані у працях Копилова та співавт. (2016) [22], базуються саме на постійному контролі частот алелей генів продуктивності та адаптивності. Вивчення динаміки генетичної структури популяцій дозволяє попереджати втрату цінних алелей, що особливо актуально для автохтонних порід та малочисельних генетичних груп.

Таким чином, маркер-асоційована селекція є невід’ємною частиною сучасних програм удосконалення м’ясного скотарства. Завдяки цій технології забезпечується підвищення точності добору, зниження інбридингу, збереження цінного генетичного матеріалу та пришвидшення темпів генетичного прогресу в популяціях.

На сучасному етапі розвитку країни є актуальними питання її продовольчої безпеки та нарощення експортного потенціалу [13]. Велику роль у вирішенні цих завдань відіграє тваринництво, що забезпечує споживачів цінними продуктами харчування [13, 14]. Серед галузей сільського господарства скотарство є найбільш складною і надзвичайно важливою галуззю, що слугує найважливішим індикатором стану тваринницької сфери в цілому [1].

Проте, сучасний стан галузі скотарства в Україні характеризується зниженням обсягів виробництва яловичини, що є прямим наслідком скорочення загального поголів'я великої рогатої худоби (ВРХ) [2, 16]. У зв'язку з цим, критично важливим завданням є вдосконалення порід сільськогосподарських видів [17]. Це вдосконалення має базуватися на сучасних генетичних підходах [3].

1.1.2. Сутність та переваги маркер-асоційованої селекції (МАС)

Вдосконалення порід має здійснюватися шляхом детальної оцінки генотипу тварин із використанням маркер-допоміжної селекції (Marker-Assisted Selection, MAS) [3]. MAS є ефективним інструментом для відбору тварин із бажаними ознаками [3, 112].

Ідентифікація генів, асоційованих з господарсько-корисними ознаками, має значні переваги [4]. Вона дозволяє:

Виявляти особливості племінного матеріалу [4].

Оцінювати різноманітність генофонду популяцій [4].

Прогнозувати зміни, пов'язані з селекційними чинниками [4].

Виявляти потенційно високопродуктивних тварин у ранньому віці [4].

1.1.3. Молекулярно-генетичний моніторинг популяцій

Молекулярні маркери, включаючи структурні гени, набувають великої ролі при вивченні динаміки популяцій сільськогосподарських тварин [21, 22]. Це має не лише теоретичне, але і важливе практичне значення [21, 22].

У контексті генетики популяцій, особлива увага приділяється моніторингу збереження рідкісних алелей у генофонді великої рогатої худоби [21, 22]. Для оцінки генофонду та вивчення динаміки популяцій використовується аналіз генетичного поліморфізму, зокрема, однонуклеотидний поліморфізм (SNPs) [9, 10].

Аналіз достовірності відмінностей у живій масі тварин та відповідність генетичній структури популяції рівновазі за законом Харді-Вайнберга є важливими етапами молекулярно-генетичного моніторингу [24, 51]. Для цих розрахунків застосовуються загальноприйняті методики, включаючи використання χ^2 (хі-квадрат) критерію [24]. Це дозволяє контролювати, чи знаходиться популяція у стані рівноваги за вивченими алелями, та оцінювати вплив чинників динаміки популяції, таких як селективний відбір чи дрейф генів [73, 77].

1.1.4. Типи генетичних маркерів у маркер-асоційованій селекції

У маркер-асоційованій селекції використовують різні типи генетичних маркерів, які відрізняються за природою, інформативністю, складністю лабораторного визначення та придатністю для застосування у селекційних програмах. Історично перехід від фенотипових та біохімічних маркерів до ДНК-орієнтованих систем став принциповим етапом розвитку молекулярної генетики тварин, оскільки дозволив досліджувати варіабельність безпосередньо на рівні нуклеотидної послідовності геному,

а не лише на рівні продуктів експресії генів [3, 21, 22]. Перші маркери – морфологічні ознаки, варіанти забарвлення, групи крові, поліморфізм сироваткових білків і ферментів – мали обмежене практичне значення через невелику кількість варіантів, значну залежність від умов середовища та стадії онтогенезу і відсутність прямого зв'язку з більшістю господарсько-цінних ознак.

Подальший розвиток методів аналізу ДНК зумовив появу широкого спектра ДНК-маркерів, до яких належать мікросателітні маркери (SSR, STR) та однонуклеотидні поліморфізми (SNP) [3, 21]. Мікросателітні маркери являють собою короткі тандемні повтори нуклеотидів; вони характеризуються високим рівнем поліморфізму та інформативності й широко застосовуються для оцінювання генетичної структури популяцій, побудови генетичних карт, вивчення внутрішньопородної диференціації та встановлення батьківства [21, 22].

Найбільш перспективним типом маркерів для маркер-асоційованої селекції є однонуклеотидні поліморфізми. SNP становлять собою заміну одного нуклеотиду іншим у певній позиції геному й є найпоширенішим типом генетичної варіації [3]. Висока щільність SNP у геномі забезпечує можливість покриття генетичного простору великої рогатої худоби великою кількістю маркерів, що лягло в основу створення комерційних генотипувальних чіпів для одночасного аналізу десятків або сотень тисяч локусів. Порівняно з мікросателітами SNP характеризуються простішою інтерпретацією результатів (зазвичай два алелі), більшою стабільністю алельних станів і кращою відтворюваністю між лабораторіями, оскільки не потребують точного вимірювання розмірів ампліконів, а представлені чіткими нуклеотидними варіантами.

Особливу цінність для маркер-асоційованої селекції мають SNP, локалізовані в кодуючих або регуляторних ділянках структурних генів, безпосередньо пов'язаних з продуктивністю. У цьому випадку одонуклеотидна заміна може не лише бути зчепленою з причинним локусом, а й сама виконувати роль каузальної мутації, що змінює структуру або експресію білка. Прикладом такого поліморфізму є заміна C→G у п'ятому екзоні гена гормону росту (bGH_ex5_C2141G), яка призводить до амінокислотної заміни лейцину на валін у 127-й позиції поліпептидного ланцюга GH [16, 25]. Ця мутація широко досліджується як потенційний молекулярний маркер продуктивності у великої рогатої худоби й демонструє можливості SNP як високоточного інструмента для генетичного вдосконалення м'ясних та молочних порід.

Таким чином, еволюція від фенотипових та біохімічних маркерів до широкомасштабного використання ДНК-маркерів, зокрема одонуклеотидних поліморфізмів, відкрила принципово нові можливості для реалізації маркер-асоційованої селекції. Застосування SNP у поєднанні з традиційною оцінкою племінної цінності створює підґрунтя для формування вискоєфективних селекційних програм у галузі м'ясного скотарства [3, 21, 22].

1.2. Ген гормону росту – як потенційний маркер продуктивності сільськогосподарських тварин

Гормон росту (GH, соматотропін) є одним із ключових регуляторів метаболічних і ростових процесів у сільськогосподарських тварин. Він контролює соматичний ріст організму, ліпідний та білковий обмін, імунну відповідь, відтворення та низку інших фізіологічних функцій [5, 6]. Відповідно, ген GH привертає значну увагу дослідників як можливий маркер продуктивності у ВРХ різних напрямків.

1.2.1. Функції гормону росту (GH)

Гормон росту (GH, соматотропін) є одним із основних регуляторів росту та метаболізму у сільськогосподарських тварин. Він синтезується соматотропними клітинами передньої частки гіпофіза та реалізує свою дію як безпосередньо, так і опосередковано через інсуліноподібні фактори росту, насамперед IGF-1 [5, 6]. Фізіологічний ефект GH охоплює широкий спектр процесів, які визначають інтенсивність росту, формування м'язової та жирової тканини, підтримання гомеостазу внутрішнього середовища, стан імунної системи та відтворювальну функцію тварин [5, 19].

Однією з ключових функцій GH є регуляція соматичного росту. Під його впливом посилюється проліферація та диференціація хондроцитів у зонах росту кісток, активується синтез білка у скелетних м'язах, а також стимулюється ріст внутрішніх органів. У результаті відбувається збільшення лінійних розмірів тіла та наростання м'язової маси, що має принципове значення для формування м'ясної продуктивності у великої рогатої худоби [5]. Водночас GH модулює співвідношення між

анаболічними й катаболічними процесами, сприяючи переважанню анаболізму в періоди інтенсивного росту.

Важливою складовою дії гормону росту є регуляція іонного балансу. Під впливом ГН змінюється реабсорбція електролітів у нирках, зокрема натрію, калію та кальцію, що впливає на об'єм позаклітинної рідини, осмотичний тиск і стан кісткової тканини [5, 19]. Завдяки цьому гормон росту бере участь у підтриманні водно-сольового гомеостазу, що є критичним для нормального функціонування організму, особливо в умовах інтенсивного росту або високої продуктивності.

Гормон росту здійснює виражений вплив на ліпідний та білковий обмін. Він стимулює ліполіз у жировій тканині, сприяючи мобілізації жирних кислот у кров та їх подальшому використанню як основного джерела енергії [5, 19]. Одночасно ГН підсилює синтез білків у м'язах і внутрішніх органах, зменшує інтенсивність протеолізу, що забезпечує наростання м'язової маси. Такий перерозподіл енергетичного субстрату – від вуглеводів до ліпідів – спрямований на забезпечення пластичних потреб організму та формування м'ясної продуктивності, зменшуючи при цьому надмірне накопичення жиру в туші.

Не менш важливу роль ГН відіграє у регуляції репродуктивної функції та імунної відповіді. Його взаємодія зі статевими стероїдами та іншими гормонами гіпоталамо-гіпофізарно-гонадної осі впливає на процеси статевого дозрівання, функціонування яєчників і сім'яників, розвиток фолікулів і сперматогенез [5, 19]. У свою чергу, через вплив на клітини імунної системи ГН здатний модулювати проліферацію лімфоцитів, синтез антитіл і продукцію цитокінів, що визначає рівень резистентності тварин до інфекційних і неінфекційних чинників [5, 19].

Гормон росту істотно залучений до регуляції метаболізму та енергетичного гомеостазу. Він чинить інсулінантагоністичну дію, знижуючи чутливість периферичних тканин до інсуліну та змінюючи характер утилізації глюкози [6, 19]. Унаслідок цього організм схильний до більш активного використання жирних кислот як енергетичного субстрату, що дозволяє зберігати запаси глікогену та підтримувати нормальний рівень глюкози в крові в умовах підвищених енергетичних затрат. Такий механізм особливо важливий у період інтенсивного росту, вагітності та лактації, коли потреба в енергії різко зростає.

З огляду на центральну роль гормону росту в регуляції багатьох фізіологічних процесів, ген, що його кодує, розглядається як перспективний кандидат для використання в маркер-асоційованій селекції. Зміни в нуклеотидній послідовності гена GH можуть позначатися як на кількості синтезованого гормону, так і на його функціональній активності, а отже – опосередковано впливати на ріст, м'ясну та молочну продуктивність, відтворювальну функцію й адаптивність тварин [7, 20].

Завдяки своїй центральній ролі в регуляції росту та метаболізму, ген гормону росту (GH) вже багато років вивчається як потенційний маркер продуктивності сільськогосподарських тварин, зокрема великої рогатої худоби [7, 20].

1.2.2. Ген GH у великої рогатої худоби і його вплив на ознаки продуктивності

Ген GH у великої рогатої худоби локалізований на 19-й хромосомі (BTA19) [8, 21]. Його довжина становить близько 2000 пар нуклеотидів (п.н.), а структурно він складається з п'яти екзонів та чотирьох інтронів [8, 22]. В останніх дослідженнях проводиться активний пошук однонуклеотидних поліморфізмів (SNPs) гену GH та вивчається їхній вплив

на корисні продуктивні ознаки худоби [9, 10, 23]. Встановлено вплив поліморфізму гену GH на господарсько-цінні ознаки худоби як м'ясного [11, 12, 89-95], так і молочного напрямку продуктивності [13, 14, 37-55].

Згідно з роботами Зеленого та співавт. (1996), алельна варіабельність GH значною мірою відображає селекційні особливості та адаптивні процеси у локальних порід [7]. Пізніші дослідження підтверджують, що алелі GH мають плейотропний вплив на ключові ознаки продуктивності. Так, у м'ясних порід Hereford, Limousin та Aroquesa алель L асоціюється зі збільшенням передзабійної маси та темпів росту молодняка [11, 26–28].

У молочних порід (Holstein, Black-and-White, українська чорно-ряба) ген GH впливає як на надої, так і на склад молока [37–48]. У дослідженнях Лусу та ін. (1993) показано, що різні алельні варіанти GH можуть визначати відмінності у молоковіддачі до 10–15 % між тваринами [16].

1.2.3 – AluI поліморфізм гену GH та його ідентифікація

Для вивчення поліморфізму гену GH широко використовується метод PCR-RFLP (ПЛР-РПДФ) – полімеразної ланцюгової реакції рестрикційного поліморфізму довжини фрагмента [14, 15]. Найбільш дослідженим SNPs гену GH є AluI сайт (bGH_ex5_C2141G), що пов'язано з використанням відповідної ендонуклеази рестрикції [14, 15, 25]. Поліморфізм AluI сайту є одиничною нуклеотидною заміною C→G у п'ятому екзоні гена GH (номер у GenBank – M57764) у позиції 2141 [16]. Ця заміна призводить до заміни амінокислоти лейцин (L) на валін (V) у 127-й

позиції поліпептиду GH [16, 26]. Цей поліморфізм широко вивчався у контексті впливу на м'ясну та молочну продуктивність тварин.

Наявність сайту рестрикції AluI відповідає алелю L [25].

Відсутність сайту рестрикції AluI свідчить про алель V [25]. У результаті рестрикції амплікону (223 п.н.) за допомогою ендонуклеази AluI виявляються наступні алелі та генотипи:

- Алель L (лейцин): фрагменти довжиною 171 п.н. та 52 п.н. [7, 56, 59].
- Алель V (валін): фрагмент довжиною 223 п.н. [7, 56, 59].
- Генотип LL (гомозигота): 171 п.н. і 52 п.н. [59].
- Генотип VV (гомозигота): 223 п.н. [59].
- Генотип LV (гетерозигота): 223 п.н., 171 п.н. і 52 п.н. [59].

Аналіз літературних джерел щодо асоціацій AluI поліморфізму гену GH з господарсько-цінними показниками м'ясної продуктивності свідчить про неоднозначний вплив алелей L та V на ознаки різних порід великої рогатої худоби [88, 96].

Перевага алеля L (генотип LL):

У бичків м'ясних порід Hereford та Limousin, а також у молочно-м'ясної Чорно-рябої (Black-and-white), тварини з генотипом LL мали достовірно вищу передзабійну живу масу та вищі середньодобові прирости живої маси, ніж тварини з генотипами LV та VV [11, 89].

Подібні дані на породі Hereford вказують, що генотип LL асоційований зі статистично вищими показниками передзабійної живої маси, маси туші, забійної маси та площі корейки (*loin-eye area*) [27, 90].

Перевага генотипу LV:

В інших роботах показано перевагу показників у тварин з генотипом LV [91].

Зокрема, у португальських м'ясних порід Alentejana, Marinhoa та Preta генотип LV пов'язаний з більш високими показниками живої маси тварин на пізніх стадіях розвитку порівняно з LL [31, 92]. Автори, однак, зазначають недостатню кількість тварин VV для висновків щодо впливу цього генотипу на ознаки [92].

Також, у синтетичній м'ясній породі Sanchim виявлено позитивний зв'язок показника річної маси тварин з генотипом LV [30, 93].

Перевага алеля V (генотип VV):

При вивченні AluI поліморфізму гену GH у Казахської білоголової породи показано, навпаки, перевагу за низкою показників у тварин з генотипом VV [32, 94].

Носії генотипу VV мали вищі показники: живої маси молодняка у 8- та 12-місячному віці, передзабійної та забійної маси тварин, маси туші, відсотка м'якоті в ній, забійного виходу та коефіцієнта м'ясності, вмісту жиру та білка у м'язовій тканині, інтенсивності ліпідного обміну, а також кількості волокон довгого м'яза спини на одиницю площі [32, 95].

Таким чином, вплив алелей L та V на показники м'ясної продуктивності є залежним від породи худоби [96].

1.3. М'ясні породи великої рогатої худоби, які розводяться в Україні

Розвиток м'ясного скотарства є одним із ключових напрямів підвищення продовольчої безпеки країни, оскільки саме м'ясні породи забезпечують виробництво високоякісної яловичини, яка є необхідним елементом харчування населення. В Україні представлено широкий спектр

м'ясних порід, які різняться за генетичною структурою, продуктивними характеристиками, рівнем адаптації до природно-кліматичних умов та селекційними можливостями.

Порода шароле по праву посідає одне з провідних місць серед м'ясних порід Європи. Її тривала історія формування у Франції зумовила високу м'ясність, масивність, здатність до інтенсивного росту та універсальність у використанні. В Україні вона представлена відносно невеликою часткою загального поголів'я, проте її значення для селекційних програм залишається суттєвим. У роботах Пруднікова та ін. (2019) зазначено, що порода шароле широко застосовується у програмах схрещування для створення високопродуктивних помісей завдяки здатності передавати потомству ознаки інтенсивного росту та високий забійний вихід [2].

1.3.1. Характеристика основних м'ясних порід, які розводяться в Україні

Серед м'ясних порід ВРХ, що розводяться в Україні, значне місце займає порода Шароле (Charolaise) [27]. Це одна із м'ясних порід, яка була виведена у Франції [28]. Тварини породи Шароле відрізняються великою живою масою, міцною будовою тулуба та гарним здоров'ям [28].

Розвиток м'ясного скотарства в Україні є важливим [17]. Хоча чисельність поголів'я Шароле в Україні серед м'ясних порід ВРХ складає лише 3,5 % [2, 29], ця порода має велике значення [29]. Це пов'язано з тим, що шаролезьку худобу ефективно використовують у багатопородному схрещуванні з метою одержання помісей з високим потенціалом м'ясної продуктивності [2, 17, 30].

У структурі м'ясного скотарства України важливе місце посідають як імпортовані, так і вітчизняні породи, які різняться за рівнем продуктивності, скоростиглістю, адаптивністю та вимогами до умов утримання. Породи зарубіжного походження, зокрема шароле, лімузин, герефорд, абердин-ангус, характеризуються високою інтенсивністю росту, значним виходом м'якоті в туші та доброю конверсією корму, що робить їх важливим резервом підвищення ефективності виробництва яловичини. Лімузинська порода відзначається тонким кістяком, щільною, добре розвиненою мускулатурою та помірним рівнем відкладання жиру, що забезпечує одержання туш із високою часткою цінних відрубів. Лімузинська порода характеризується високою якістю м'яса, оптимальним співвідношенням м'язової та жирової тканин, стійкістю до стресів та добрими адаптивними характеристиками. Частоти алелів GH у лімузинів свідчать про домінування алеля L, що відповідає високим темпам росту та добрим показникам м'ясної продуктивності [27, 28].

Герефордська порода має розвинений м'ясний тип конституції, стійкість до різних кліматичних умов, здатність ефективно використовувати пасовищні корми, що дозволяє застосовувати її в екстенсивних системах розведення.

Герефордська порода є однією з найстаріших і найпоширеніших м'ясних порід у світі. Вона демонструє добру пристосованість до різних умов утримання, має високий вихід м'яса та стабільні темпи росту. Частоти алелів GH у герефордів підтверджують їх високий селекційний потенціал щодо ознак м'ясності [26].

Абердин-ангуська порода традиційно асоціюється з високою мармуровістю м'яса та відмінними смаковими якостями яловичини, що робить її привабливою для виробництва продукції преміального сегмента.

Абердин-ангус відзначається високою мармуровістю м'яса та відмінними смаковими якостями. Ця порода набуває все більшої популярності в Україні, особливо у преміальному сегменті виробництва яловичини. Дані Fedota et al. (2017) вказують на важливість поліморфізмів GH та GHR для оцінювання продуктивності цієї породи [12].

Серед українських порід особливе місце займає південно-м'ясна порода, яка характеризується поєднанням високих темпів росту, стійкості до кліматичних умов та добрих забійних якостей. Генетичні дослідження вказують на домінування алеля L у популяціях цієї породи, що відповідає високим показникам м'ясності [33, 34].

Українська м'ясна, поліська та волинська породи також мають ряд селекційних переваг, включаючи адаптивність до локальних умов та здатність формувати якісні туші при мінімальних витратах. Вітчизняні породи, такі як південно-м'ясна, українська м'ясна, поліська та волинська, сформовані з урахуванням специфічних природно-кліматичних умов та вимог до адаптивності поголів'я. Вони поєднують задовільний рівень м'ясної продуктивності з підвищеною стійкістю до стресових факторів, ефективним використанням кормової бази та добре розвиненим материнським інстинктом. Збереження і вдосконалення цих порід має стратегічне значення для національного генофонду, оскільки створює основу для гнучкого поєднання високопродуктивних імпортованих порід з локальними генотипами, адаптованими до умов України. Такий підхід дозволяє формувати помісне поголів'я, яке поєднує переваги інтенсивного росту та продуктивності з високою життєздатністю та стійкістю до впливу середовищних чинників.

На підставі аналізу наукових джерел можна зробити висновок, що породи м'ясного напрямку, які розводяться в Україні, мають різноманітну

генетичну структуру і значний потенціал для подальшого поліпшення через застосування MAS. Особливо це стосується породи шароле, для якої характерна стабільність алельних частот гена GH та високий потенціал до формування помісей із покращеною продуктивністю.

1.3.2. Характеристика та значення породи Шароле в Україні

В умовах України порода шароле виконує подвійне функціональне значення. З одного боку, її використовують у чистопородному розведенні як джерело високоякісного племінного матеріалу з інтенсивним ростом, великою живою масою та високим забійним виходом. З іншого боку, шаролезька худоба широко залучається у програмах відтворного та промислового схрещування з місцевими й імпортованими породами для одержання помісей із підвищеним потенціалом м'ясної продуктивності. Завдяки високій комбінувальній здатності бугаїв-плідників породи шароле з коровами інших порід вдається значно поліпшувати інтенсивність росту, масивність туші та вихід м'ясних відрубів у гібридного потомства. Важливою перевагою є те, що при раціональній організації годівлі та утримання тварини цієї породи демонструють достатню адаптивність до кліматичних умов України, що дозволяє використовувати їх у різних природно-економічних зонах.

З огляду на поєднання високого генетичного потенціалу м'ясної продуктивності та доброї придатності до використання в програмах схрещування, порodu шароле доцільно розглядати як одну з ключових ланок у стратегії розвитку вітчизняного м'ясного скотарства. Її цілеспрямоване залучення до селекційних програм із застосуванням

молекулярно-генетичних маркерів, зокрема генів, пов'язаних з інтенсивністю росту та м'ясністю, може забезпечити відчутний приріст продуктивності та якості яловичини при збереженні адаптивності та стійкості популяцій до несприятливих факторів зовнішнього середовища.

Таким чином, проведений огляд літератури свідчить, що різні м'ясні породи, що розводяться в Україні, мають специфічний генетичний фонд, що визначає необхідність індивідуального підходу до селекції та застосування маркерних генетичних технологій. При цьому, порода шароле є однією з найперспективніших м'ясних порід в Україні, характеризується стабільною генетичною структурою та високим потенціалом для впровадження MAS. Маркер-асоційована селекція є сучасним і ефективним інструментом для прискореного відбору тварин за бажаними ознаками, особливо в умовах інтенсивної селекції та зниження генетичного різноманіття. Ген гормону росту GH відіграє суттєву роль у регуляції ростових і продуктивних процесів, а його поліморфізми, зокрема bGH_ex5_C2141G, можуть слугувати селекційними маркерами для м'ясних і молочних порід ВРХ.

РОЗДІЛ 2. Матеріали і методи

2.1. Об'єкт і матеріал дослідження

Об'єктом дослідження була популяція великої рогатої худоби породи шароле, що утримувалася в агрофірмі «Привілля» Луганської області у 2021 році. Порода шароле є однією з найбільш продуктивних м'ясних порід у світі, характеризується високими темпами постембріонального росту, значною масивністю туші й високим коефіцієнтом конверсії корму, що робить її об'єктом значного наукового та прикладного інтересу. У межах цього дослідження було сформовано вибірку з 30 корів, відібраних методом рандомізованої вибірки серед основного маточного поголів'я. До вибірки включали лише тварин із документально підтвердженою породністю та відповідною інформацією про їхній походження, щоб мінімізувати можливість спорідненості у найближчих поколіннях.

Стан популяції породи шароле в Україні перебуває на етапі становлення, що зумовлює актуальність генетичного моніторингу та досліджень поліморфізму генів, пов'язаних із продуктивністю. Вивчення поліморфізму гена гормону росту (GH) має подвійне значення: по-перше, цей ген безпосередньо впливає на ріст, розвиток м'язової тканини та енергетичний метаболізм; по-друге, SNP у структурних генах часто виступають ефективними маркерами для селекційних програм. Вибір саме цього гена як об'єкта аналізу обґрунтований фактом наявності функціонально значущого поліморфізму bGH_ex5_C2141G, який визначає амінокислотну заміну в поліпептидному ланцюгу GH і потенційно може бути асоційований з ростовими та відтворювальними показниками худоби.

Для потреб дослідження було використано не лише дані сучасної вибірки, але й порівняльний матеріал із попереднього дослідження 2012 року ($n = 49$), у якому вивчали тварин породи шароле, що утримувалися у ФХ «Хирлюк и Ко» в Донецькій області [20]. Це дало змогу простежити генетичні тенденції в межах породи на території України та оцінити можливі зміни в структурі популяції за десятирічний період, що є важливим для розуміння впливу селекції, імпорту племінного матеріалу та зміни умов утримання.

2.2. Схема дослідження

Схема дослідження була побудована таким чином, щоб забезпечити комплексний аналіз генетичної структури популяції та встановити можливий зв'язок поліморфізму гена GH з продуктивними ознаками тварин. На першому етапі здійснювали відбір проб біологічного матеріалу, документування інформації про тварин та підготовку даних для подальшого аналізу. Особливу увагу приділяли точності фіксації показників живої маси телят і репродуктивних характеристик корів, що дозволяло забезпечити достовірність фенотипових даних.

Другий етап дослідження включав виділення геномної ДНК із крові та проведення її первинної оцінки. Для цього використовували набір «ДНК-сорб», оскільки він забезпечує стабільно високий вихід нуклеїнових кислот і добре зарекомендував себе у ветеринарній та біотехнологічній практиці. Після оцінки концентрації та чистоти ДНК відбирали зразки, які відповідали вимогам щодо ПЛР-аналізу.

Третій етап охоплював процес ампліфікації цільового фрагмента гена GH методом ПЛР. Застосування специфічних праймерів, описаних у попередніх дослідженнях [23], дозволило отримати амплікон, що містить

SNP bGH_ex5_C2141G. Температурно-часовий режим реакції був оптимізований для забезпечення високої специфічності, мінімізації неспецифічного зв'язування праймерів та отримання достатньої кількості продукту для подальшого рестрикційного аналізу.

На четвертому етапі проводили рестрикційний гідроліз амплікону з використанням ендонуклеази AluI, яка розрізняє алельні варіанти гена GH залежно від наявності або відсутності специфічного сайту рестрикції. Це дозволяло однозначно визначити генотип тварини за характером фрагментації ДНК. Після рестрикції продукти розділяли електрофоретично у 3 % агарозному гелі при постійній напрузі 200 V. Використання підвищеної концентрації агарози забезпечувало чіткість розділення фрагментів різної довжини, що особливо важливо для підтвердження коректності ідентифікації генотипів.

На п'ятому етапі здійснювали розрахунок частот алелів і генотипів, оцінку відповідності популяції рівновазі Харді–Вайнберга та порівняння отриманих даних з результатами 2012 року. Це дозволило проаналізувати, чи відбувалися зміни у генетичній структурі популяції під впливом селекційного відбору, імпорту племінних тварин або зміни системи розведення. Завершальним етапом було статистичне оцінювання зв'язку між генотипами корів та показниками живої маси телят у різні вікові періоди.

2.3. Методики

2.3.1. Виділення та очищення ДНК

Виділення та очищення ДНК проводили із проб крові, відібраних у стерильних умовах із дотриманням ветеринарних і біоетичних норм. Для екстракції використовували комерційний набір «ДНК-сорб»

(«AmplifySens»), який забезпечує відтворюваний рівень чистоти та концентрації генетичного матеріалу, придатного для ПЛР-ампліфікації.

Кров відбирали у вакуумні пробірки з ЕДТА, після чого проводили лізис клітин, сорбцію ДНК на силікагель-вмісному носії, багатоетапне промивання та елюцію. Чистоту та концентрацію оцінювали спектрофотометрично при 260/280 нм. ДНК з показником співвідношення 1,7–1,9 вважалася придатною для ПЛР-аналізу. Отримана ДНК додатково контролювалася спектрофотометрично для підтвердження відсутності деградації та інгібіторів реакції

2.3.2. Полімеразна ланцюгова реакція (ПЛР)

Ампліфікацію проводили з використанням специфічних праймерів, що охоплюють ділянку п'ятого екзону гена GH (bGH_ex5_C2141G). ПЛР виконували у загальному об'ємі 25 мкл, до якого входили буфер, MgCl₂, дНТФ, праймери, Taq-полімераза та 100 нг ДНК. Температурний режим відповідав умовам, наведеним у [23]: 94 °C – денатурація, 64 °C – відпал праймерів, 72 °C – елонгація. Циклічність реакції забезпечувала достатній вихід амплікону та високу специфічність.

2.3.3. Рестрикційний аналіз

Рестрикцію амплікону проводили за допомогою ендонуклеази AluI («Thermo Scientific»), яка має специфічний сайт розпізнавання AG↓CT. При наявності цього сайту у фрагменті ДНК фермент розщеплює амплікон, що дозволяє розрізняти алельні варіанти:

- алель L – фрагменти 171 і 52 п.н.;
- алель V – фрагмент 223 п.н.;
- гетерозигота LV – набір із трьох фрагментів.

Дані дійшли узгодження з результатами авторів [25]

2.3.4. Електрофоретичне розділення та візуалізація

Електрофорез у 3 % агарозному гелі проводили при постійній напрузі 200 V упродовж 40 хв. Візуалізацію рестрикційних продуктів здійснювали після фарбування бромідом етидію в УФ-діапазоні. Розміри фрагментів визначали за маркером pUC19 DNA/MspI (HpaII), що дозволяло забезпечити достовірність ідентифікації генотипів.

2.3.5. Вивчення показників продуктивності

Живу масу телят при народженні та при відлученні визначали шляхом прямого зважування на електронних вагах із точністю 0,1 кг. Середньодобовий приріст розраховували шляхом ділення приросту за період вирощування на кількість днів (210), що дозволяло стандартизувати показники між тваринами різного віку. Дані фіксували у індивідуальних картках вирощування відповідно до методики, наведеної в джерелі [24].

2.3.6. Статистичний аналіз

Частоти алелів та генотипів визначали за класичними формулами популяційної генетики. Для перевірки відповідності рівновазі Харді–Вайнберга застосовували χ^2 -критерій. Фенотипові показники (маса при народженні, маса при відлученні, середньодобовий приріст) порівнювали

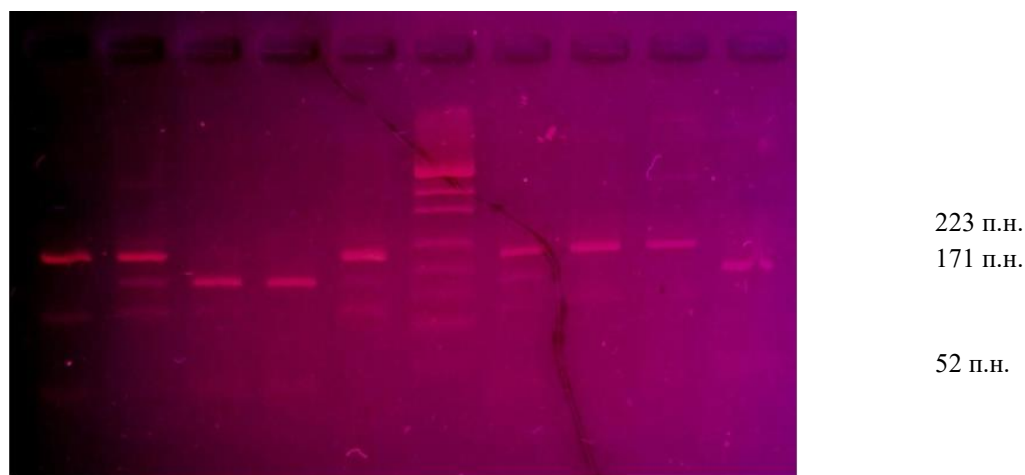
між генотиповими групами із застосуванням t-критерію Ст'юдента. Достовірність приймали на рівні $p < 0,05$. Статистичну обробку проводили згідно з методичними рекомендаціями [24].

РОЗДІЛ 3. РЕЗУЛЬТАТИ ТА ОБГОВОРЕННЯ

3.1. Поліморфізм гена *GH*

В результаті досліджень встановлено, що фрагмент гена *GH* у тварин даної популяції шароле за цією мутацією є поліморфним. Після рестрикції ампліконів (223 п.н.) було виявлено 2 алелі, які згідно літературним джерелам, переважна більшість авторів позначають як аллель лейцина (L) и аллель валіна (V). Наявність сайту рестрикції *AluI* відповідає наявності амінокислоти лейцин (L) у положенні 127 поліпептиду *GH* великої рогатої худоби, тоді як відсутність цієї ділянки свідчить про присутність валіну (V) у тій же позиції [25 та ін]. В нашому експерименті алель L дорівнювала 171, 52 п.н., V - 223 п.н. За цією мутацією було виявлено 3 генотипи: LL, LV та VV (рисунок 1).

Рис.1. Електрофореграма продуктів рестрикції фрагмента гена *GH* у породи шароле великої рогатої худоби (2021 рік)



амплікон LV LL LL LV pUC19 LV VV VV LL

Примітка: амплікон – 223 п.н., генотип VV – 223 п.н., LL – 171, 52 п.н., LV – 223, 171, 52 п.н., маркер молекулярних мас рUC19 DNA/MspI (*HpaII*): 501, 404, 331, 242, 190, 147, 111 п.н.

Табл. 1 Генотипи тварин породи шароле агрофірми «Привілля» Луганської області (зразки крові 2021 р)

	Кличка корови (або номер бика)	Генотип	Дата генотипування
	Олеся	LL	28.01.22
	Опра	WW	28.01.22
	Яся	LW	28.01.22
	Аріна	LW	01.02.22
	Яхта	LL	28.01.22
	Еліта	LL	28.01.22
	Діксі2	LL	28.01.22
	Etase	LW	28.01.22
	Есмеральда	LW	28.01.22
0	Бик 1	LL	01.02.22
1	Ора II	LL	01.02.22
2	Волошка	LL	01.02.22
3	Дімера	LL	01.02.22
4	Ефіопія	LL	09.02.22
5	Діксі	WW	01.02.22
6	Ельза	LL	09.02.22
7	Далла	LW	09.02.22
8	Аліса	LL	09.02.22
9	Дана	WW	09.02.22
0	Незабудка	WW	26.01.22
1	Ерре	LL	26.01.22
2	Etania	LW	26.01.22

	Кличка корови (або номер бика)	Генотип	Дата генотипування
3	Бариня	LW	09.02.22
4	Джузі	LW	09.02.22
5	Сірія	LL	09.02.22
6	Фіксі	LL	09.02.22
7	Estasie	WW	09.02.22
8	Etoile	WW	09.02.22
9	Бик 2	LL	09.02.22
0	Бик 3	LW	09.02.22

Як видно із табл. 1, кількість тварин з генотипом LL дорівнювала 15, LW – 9, WW – 6.

Частота алелю L у нашому експерименті складала $0,65 \pm 0,061$, V – $0,35 \pm 0,061$.

Згідно літературним джерелам, у більшості вивчених порід частота аллеля L перевищувала частоту аллеля V, незалежно від м'ясного чи молочного напрямку продуктивності корів і дорівнювала 0, 51- 1,00. Так, у м'ясних пород частота аллеля L складала: у породи Hereford - 0,65-0,69 [11, 26–28], Limousin - 0,71-0,73 [11, 27, 28], East Anatolian Red - 0,78 [29], Canchim - 0,87 [30], Alentejana - 0,86, Aroquesa - 0,71, Barossa - 0,59, Marinhoa - 0,88 , Mertolenga - 0,96 , Mirandesa - 0,93 , Preta - 0,76 [31], Казахская белоголовая – 0,60 – 0, 81 [32], Південно-м'ясна – 0,77 [33, 34], Sahivai- 1,00 [35], у м'ясо – молочних пород Brown Swiss 0,78 [29], Zavot 0,76 [29], Костромская 0,94 [36], у молочних Holstein 0,63-0,96 [37– 48], Black-and- white 0,51-0,82 [11, 45], Українська чорно-ряба - 0,78 – 0,95 [4, 37, 49], Белорусская чернопестрая - 0,81- 0,95 [50, 51], Черно-пестрая - 0,64

– 0,72 [52, 53], українська червоно ряба - 0,92 [37], холмогорская - 0,74 [53], Cholistani 0,85 [54], Red Sindhi 0,84 [54], Fresian 0,68 [55].

Внутришньопородна гетерогенність за вивчаємою мутацією була притаманна м'ясо-молочній симентальській породи, за різними авторами частота алеля L коливалась від 0,42 (тобто була нижче за V) до 0, 73 [29, 37, 53, 56]. Частота алеля V перевищувала частоту алеля L також у однієї дослідженій популяції молочної породи Черно-пестрая в Беларусі, в зрівнянні з іншими і дорівнювала 0,76 [51], також у м'ясо - молочної породи Bestuzhev частота алеля V складала 0,62 [11, 52], у м'ясної породи Maronessa – 0,60 [31].

Окремо слід розглянути дані, які були отримані на породі шароле. Серед відомих нами робіт, проведених за допомогою метода ПЛР-ПДРФ за використання ендонуклеази рестрикції *AluI*, поліморфізм саме даного локусу вивчали лише на популяції шароле у Бразилії, де частота алеля L дорівнювала 0,72 [18].

Отримані нами дані знаходяться в межах частот, які були виявлені іншими дослідниками, і свідчать про більш високу частоту алеля V в дослідженій популяції шароле, яка розводиться в Україні, в зрівнянні з іншими популяціями цієї породи. Перевага частоти алеля L над V, яка була виявлена у породи шароле, не відрізняється від тенденцій у більшості інших порід великої рогатої худоби різних напрямків продуктивності, виявлених іншими авторами при вивченні поліморфізму гену *GH* за цією мутацією.

Частота генотипів LL дорівнювала 0,5, VV – 0,2, LV – 0,3.

Виявлено, що теоретично очікувана кількість генотипів, розрахована за

законом Харді-Вайнберга достовірно не відрізнялась від фактичної кількості, тобто за цими алелями дана популяція знаходиться у рівноважному стані.

3.2. Порівняння частоти алелей в популяціях шароле 2011 і 2021 року.

В популяції шароле в 2012 року частота алелю L у складала $0,67 \pm 0,047$, V – $0,33 \pm 0,047$ [20].

Достовірних відмін між частотами алелей за даним геном у популяції за період 10 років виявлено не було. Тобто популяція 2021 року не відрізнялись цієї ж популяції 2012 року за частотами алелей гену *GH*. Це свідчить про відсутність впливу чинників динаміки популяції, таких як селективний відбір, дрейф генів на частоти даного гену за період 10 років.

3.3. Дослідження господарсько-цінних ознак у тварин різних за генотипом гена *GH*

У різних за генотипом *GH* тварин розраховано значення господарсько-цінних ознак.

Показники маси телят при народженні (кг), приросту живої маси телят при відлученні (кг) та середньодобовий приріст телят (г) у корів породи шароле різних за генотипом за *GH* надано у табл.2

Таблиця 2. Маса телят при народженні, приріст живої маси телят при відлученні (за 210 діб) (кг) та середньодобовий приріст телят (г) у корів породи шароле різних за генотипом за *GH*.

Генотип корів за геном гормону роста	Маса телят при народ женні, кг	Приріст живої маси телят при відлученні (за 210 діб), кг.	Середньод обовий приріст телят, г
VV	43,17 $\pm 3,82$	209,17 $\pm 24,77$	996,03 ± 117 ,97

Генотип корів за геном гормону роста	Маса телят при народ женні, кг	Приріст живої маси телят при відлученні (за 210 діб), кг.	Середньод обовий приріст телят, г
LL	43,38 ±4,29	198,92±9,66	944,69±46, 07
LV	44,5± 7,50	200,38±35,14	957,54±172 ,02

Як свідчать результати, наведені у таблиці, маса телят при народженні мала близькі значення у різних за геном *GH* генотипів шароле, достовірних

відмін за цим показником виявлено не було. Не показано також достовірної

різниці між VV, LL і LV за показниками приросту живої маси телят привідлученні та середньодобового приросту телят. Але у тварин з генотипом VV було помітна тенденція до збільшення цих показників у зрівнянні з іншими генотипами. Так, приріст живої маси телят при відлученні у тварин з генотипом VV дорівнював 209,17±24,77 кг, у зрівнянні з 198,92±9,66 кг у LL і 200,38±35,14 кг у LV. Значення середньодобового приросту телят з генотипом VV було 996,03±117,97 г, LL – 944,69±46,07 г, LV - 957,54±172,02. Таким чином, отримані дані свідчить про тенденції до збільшення приросту живої маси у телят при відлученні з генотипом VV, низька кількість яких, можливо не дозволила виявити достовірний вплив вивчених алелів *GH* на ці показники і потребують подальшого вивчення.

Аналіз літературних джерел щодо вивчення асоціацій *AluI* поліморфізму гену *GH* з господарсько-цінними показниками м'ясної продуктивності свідчить про неоднозначний вплив алелей L та V на ознаки різних порід великої рогатої худоби. Так, бычки с генотипом LL породи Hereford, лимузин и черно-пестрая мали достовірно більш високу передзабійну живу масу, а також середньодобові прирости живої маси в зрівнянні з генотипами LV і VV [11]. Подібні дані отримані також на породі Hereford свідчать, що бычки з генотипом LL мали статистично вищі показники передзабійної живої маси, маси туши, забійної маси та площі корейки loin-eye area [27]. В інших роботах йдеться про перевагу показників тварин з генотипом LV. Так, в роботі [31] показано, що генотип LV породи Alentejana, Marinhoa і Preta связан с более вискими показниками живій маси тварин на пізніх стадіях розвитку, в зрівнянні з LL, в той же час автори зазначають недостатню кількість тварин VV для висновків щодо впливу цього генотипу на дані ознаки. Також, у породи Canchim виявлено позитивний зв'язок показника річної маси тварин з генотипом LV [30]. При вивченні *AluI* поліморфізму гену *GH* у казахської білоголової породи показано, навпаки, перевага за низкою показників у тварин з генотипом VV, в зрівнянні з тваринами з іншими генотипами. Так, у носіїв генотипа VV були вище показники живої маси молодняка у 8-и 12-місячному віці, передзабійної, забійної маси тварин, маси туші, відсотка м'якоті в ній, забійного виходу та коефіцієнта м'ясності, а також вміст жиру та білка у м'язовій тканині, інтенсивність ліпідного обміну, кількість волокон довгого м'яза спини на одиницю площі [32]. Таким чином вплив алелей L та V на показники м'ясної продуктивності відрізнявся залежно від породи худоби. На шароле більш сприятливим алелем, виходячи з представленої роботи, можна вважати алель V, але в зв'язку з отриманням лише тенденції до збільшення вивчаємих показників у гомозигот за цим алелем, ці дані потребують подальшого вивчення.

ВИСНОВКИ

В роботі проведено дослідження фрагмента гена гормону росту (bGH_ex5_C2141G) в популяції великої рогатої худоби породи шароле (Україна, Луганська обл., «Привілля»). За використання ПЛР-ПДРФ з ендонуклеазою рестрикції AluI встановлено поліморфізм фрагменту гена GH, виявлено 2 алелі L (171, 52 п.н.) і V (223 п.н.) з частотой 0,65 і 0,35, відповідно. Показано, що популяція 2021 року не відрізнялась від цієї ж популяції 2012 року за частотами алелей гену *GH*. Достовірних відмін між різними за геном *CH* генотипами за ознаками м'ясної продуктивності не виявлено.

1. В результаті досліджень за допомогою методу ПЛР-ПДРФ за використання ендонуклеази рестрикції AluI встановлено поліморфізм фрагмента гена *CH* (bGH_ex5_C2141G) в популяції великої рогатої худоби породи шароле (Україна, Луганська обл., «Привілля»). Частота алеля L дорівнювала $0,65 \pm 0,061$, V – $0,35 \pm 0,061$.

2. Достовірних відмін між даними частот алелей за даним геном у популяції за період 10 років виявлено не було, тобто популяція 2021 року не відрізнялась цієї ж популяції 2012 року за частотами алелей гену *GH* (в 2012 року частота алелю L була $0,67 \pm 0,047$, V – $0,33 \pm 0,047$). Це свідчить про відсутність впливу чинників динаміки популяції, таких як селективний відбір, дрейф генів на частоти даного гену за період 10 років.

3. Частота генотипів LL дорівнювала 0,5, VV – 0,2, LV – 0,3. Теоретично очікувана кількість генотипів, розрахована за законом Харді-Вайнберга достовірно не відрізнялась від фактичної кількості, тобто за цими алелями дана популяція знаходиться у рівноважному стані.

4. Достовірних відмін між генотипами VV, LL, LV за показниками маси телят при народженні, приросту живої маси телят при відлученні, та середньодобового приросту телят не виявлено.

СПИСОК ВИКОРИСТАНИХ ДЖЕРЕЛ

1. Кухар О. Г. Сучасні тенденції розвитку тваринництва в Україні. *Ефективна економіка*. 2013. № 8. С.1–6.
2. Прудніков В. Г., Криворучко Ю. І., Колісник О. І. Генофонд м'ясної худоби в Україні. *Вісник Полтавської державної аграрної академії*. 2019. № 1. С. 161–168. DOI 10.31210/visnyk2019.01.18
3. Wakchaure R., Ganguly S., Praveen K., Avinash S., Subhash M. Marker Assisted Selection (MAS) in Animal Breeding: A Review. *Journal of Drug Metabolism and Toxicology*. 2015. № 6. P. 1–4. DOI : 10.4172/2157-7609.1000e127.
4. Дубін О. В., Димань Т. М. Генетична структура стада української чорно-рябої молочної породи великої рогатої худоби СТОВ «Агросвіт» за поліморфізмом QTL-генів. *Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва*. 2013. № 9 (103). С. 5 – 8.
5. Coker A., Arman A. Human growth hormone . *Advances in Molecular Biology*. 2009. Vol. 3. № 1-2. P. 9–16.
6. Vorotnykova S. Yu., Pyharova E. A., Dzeranova L. K. Metabolycheskye efekty hormona rosta. *Ozhyrenye y metabolyzm*. 2011. T. 4. С. 55–59.
7. Zelenyi S. B., Lisovskii I. L., Glazko V. I. Polimorfizm somatotropnogo gormona u lokalnykh porod krupnogo rogatogo skota Ukrainy. *Biopolimery i kletka*. 1996. Vol. 12, No. 2. Pp. 38–41.
8. Gordon D. F., Quick D. P., Erwin C. R. , Donelson J. E., Maurer R. A. . Nucleotide sequence of the bovine growth hormone chromosomal gene. *Molecularand Cellular Endocrinology*. 1983. V. 33. P. 81—95. DOI: 10.1016/0303-7207(83)90058-8
9. Pečiulaitienė N., Mišeikienė R., Morkūnienė K., Bižienė R., Kučinskas L. GH gene (2291A>C) polymorphism and its influence on the economic traits in Lithuanian Beef cattle. *Veterinarija ir Zootechnika*. 2021. Vol. 79.

Issue 2. P. 85.

<https://vetzoo.lsmuni.lt/data/vols/2021/7902/pdf/abstracts.pdf>

<https://hdl.handle.net/20.500.12512/113030>

10. Ana María Sifuentes Rincón, Gaspar Manuel Parra Bracamonte, Williams Arellano Vera, Pascuala Ambriz Morales, Antonio Cantú Covarrubias, Víctor Ricardo Moreno Medina. Frequency of SNPs located in candidate genes for growth and their effect on live weight variables in beef cattle from Tamaulipas. *Rev Mex Cienc Pecu.* 2020. 11(1). P. 283–293. DOI: <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i1.4684>
11. Sedykh T. A., Dolmatova I. Y., Valitov F. R., Gizatullin R. S., Kalashnikova L. A. The influence of growth hormone gene polymorphism on growth rate of young cattle. *Iranian Journal of Applied Animal Science.* 2020. 10(3). 445—451.
12. Fedota O. M., Lysenko N. G., Ruban S. Yu., Kolisnyk O. I., and Goraychuk I. V. The effects of polymorphisms in *Growth Hormone* and *Growth Hormone Receptor* genes on production and reproduction traits in Aberdeen-Angus cattle (*Bos taurus* L., 1758). *Cytology and Genetics.* 2017. Vol. 51, No. 5, P. 352–360.
13. Zagidullin L., Gilemhanov I., Khisamov R., Tyulkin S.. Evaluation towards stud bulls with different mixed genotypes relating to somatotropin cascade genes by origin. *BIO Web of Conferences. International scientific-practical conference “Agriculture and food security: Technology, innovation, markets, humanresources.* 2020. V. 17. P. 109. DOI: <https://doi.org/10.1051/bioconf/20201700109>.
14. Çınar M. U., Akyüz B., Metin Kiyici J., Arslan K. , Kaliber M., Aksel E. G. Effects of *GH-AluI* and *MYF5-TaqI* polymorphisms on weaning weight and body measurements in Holstein young bulls. *Kafkas Univ Vet Fak Derg.* 2018. 24 (6). P. 873-880. DOI: 10.9775/kvfd.2018.20193

- 15.Hartati, Soewandi BDP, Hapsari AAR, Anwar S, Pamungkas D. 2019. Identification of GH|MspI and GHR|AluI gene polymorphism and its association with calf birth weight of Grati-PO Cattle. *JITV*. 2019. V. 24. No 2. P. 55-61. DOI: <http://dx.doi.org/10.14334.jitv.v24i2.1939>
- 16.Lucy M. C., Hauser S. D., Eppard P. J., Krivi G. G., Clark J. H., Bauman D. E. , Collier R. J. Variants of somatotropine in cattle: Gene frequencies in major dairy breeds and associated milk production. *Domestic Animal Endocrinology*. 1993. V. 10. P. 325—333. DOI: 10.1016/0739-7240(93)90036-b
- 17.Угнівенко А. М., Петренко С. М., Носевич Д. К., Токар Ю. І. Наукові основи розвитку м'ясного скотарства в Україні. Київ: ЦП КОМПРИНТ, 2016. 329 с.
- 18.Kemenes P. A., Regitano L. C., Rosa A. J., Packer I. U., Razook A. G., Figueiredo L. A., Silva N. A., Etchegaray M. A., Coutinho L. L. K-casein, b-lactoglobulin and growth hormone allele frequencies and genetic distances in Nelore, Gyr, Guzera, Caracu, Charolais, Canchim and Santa Gertrudis Cattle. *Genetics and Molecular Biology*. 1999. V. 22. P. 539—541.
- 19.Kopylova, Ekaterina Viacheslavovna. Polimorfizm genov, assotsiirovannykh s khoziaistvenno-tsennymi priznakami krupnogo rogatogo skota [Text]: dis. kand. s.-kh. nauk: 03.00.15 / Kopylova Ekaterina Viacheslavovna; UAAN, In-t agroekologii. Kyiv, 2006. 122 l.: ill., tables. Bibliogr.: l. 104—121.
- 20.Rossoha V. I., Shkavro N. N., Drobyazko O.V. Growth hormone and kappa-kasein gene polymorphism study of the Charolais Cattle Breed. *Сб. Науч. Тр./Рун «Нпц Нан Б По Животноводству»*. Жодино, 2014. P. 146—153.

21. Трофименко О. Л., Гиль М. І., Сметана О. Ю. Генетика популяцій: підручник ; за ред. професора М. І. Гиль ; МНАУ. Миколаїв : «Гельветика», 2018. 254 с.
22. Копилов К. В., Метлицька О. І., Мохначова Н. Б., Супрович Т. М.. Молекулярно-генетичний моніторинг у системі збереження генетичних ресурсів тварин. *Вісник аграрної науки*. червень 2016. С. 43—47. Ссылка на праймеры из копылова [23].. 24. Лакин Г. Ф. Биометрия. М.: Высшая школа, 1990. 352 с.
23. Silveira L. G., Furlan L. R., Curi R. A., Ferraz A. L., Alencar M. M., Regitano L. C., Martins C. L, Arrigoni M. B., Suguisawa L., Silveira A. C., Oliveira H. N. Growth hormone 1 gene (GH1) polymorphisms as possible markers of the production potential of beef cattle using the Brazilian Canchim breed as a model. *Genetics and Molecular Biology*. 2008. 31 (4). 874—879.
24. Dzhulamanov K., Gerasimov N., Dubovskova M., Baktygalieva A.. Polymorphisms of CAPN1, CAST, GDF5, TG5 and GH genes in Russian Hereford cattle. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*. 2019. 25 (No 2). 375—379.
25. Sedykh T. A., Gizatullin R. S., Dolmatova I. Yu., Gusev I. V., Kalashnikova L. A. Growth hormone gene polymorphism in relation to beef cattle carcass quality. *Russian Agricultural Sciences*. 2020. Vol. 46. No. 3. P. 289—294.
26. Sedykh T. A. Polimorfizm genov gormona rosta i diatsilglitserol-atsiltransferazy u bychkov myasnykh porod. *Uchenye zapiski UO VGAVM*. 2017. Vol. 53, Issue 1. Pp. 266—269.
27. Özgecan Korkmaz Ağaoğlu, Bilal Akyüz. growth hormone gene polymorphism in four cattle breeds in Turkey. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*. 2013. 19 (3). P. 419—422. DOI: 10.9775/kvfd.2012.7961

28. Andriya Pozzi Pereira, Mauricio Mello de Alencar, Henrique Nunes de Oliveira. Association of GH and IGF-1 polymorphisms with growth traits in a synthetic beef cattle breed and Luciana Correia de Almeida Regitano. *Genetics and Molecular Biology*. 2005. 28, 2. P. 230–236
29. Reis, C., D. Navas, M. Pereira and A. Cravador. Growth Hormone *AluI* polymorphism analysis in eight Portuguese Bovine Breeds *Arch. Zootec.* 2001. 50:41–48.
30. Plakhtiukova V. R. Polimorfizm genov kalpaina i somatotropina u krupnogo rohatogo skota kazakhskoi belogolovoi porody i ego sviaz s pokazateliami produktivnosti. Avtoreferat dissertatsii na soiskanie uchenoi stepeni kandidata biologicheskikh nauk. 2020. 22 p.
31. Kramarenko A. S., Gladyr E. A., Naidenova V. A., Dubinskii A. L., Zinov'eva N. A. Geneticheskii polimorfizm gena gormona rosta (bGH) iuzhnoi miasnoi porody skota. Visnyk Sumskoho natsionalnoho ahrarnoho universytetu. Seriia "Tvarynnytstvo". 2015. Issue 2 (27). Pp. 51–55.
32. Крамаренко О. С. Особливості генетичної структури таврійського внутрішньопородного типу південної м'ясної породи великої рогатої худоби за ДНК-маркерами. Автореф. дис. канд. с.-г. наук :. с. Чубинське, Київ. обл., 2015. 23 с.
33. Biswas T. K., Bhattacharya T. K., Narayan A. D., Badola S., Pushpendra Kumar, Arjava Sharma. Growth Hormone Gene Polymorphism and Its Effect on Birth Weight in Cattle and Buffalo. *Asian-Aust. J. Anim Sci.* 2003. Vol 16, No. 4. P. 494–497.
34. Perchun A. V. Otsenka kostromskoi porody krupnogo rohatogo skota po DNK-markeram khoziaistvenno-poleznykh priznakov. Avtoreferat dissertatsii na soiskanie uchenoi stepeni kandidata biologicheskikh nauk. 2015. 23 p.

- 35.Копилов К. В.. Генетична структура різних порід великої рогатої худоби за локусами кількісних ознак. *Розведення і генетика тварин*. 2010. Вип. 44. С. 91–95.
- 36.Бабенко О. І. Генетична структура за локусами кількісних ознак популяції голштинської породи великої рогатої худоби. *Розведення і генетика тварин*. 2010. Вип. 44. С. 34–36.
- 37.S. Amiri, B. Jemmali, M. A. Ferchichi, H. Jeljeli, R. Boulbaba, A.B. Gara. Assessment of growth hormone gene polymorphism effects on reproductive traits in Holstein dairy cattle in Tunisia. *Arch. Anim. Breed.* 2018. 61. P. 481–489. DOI: <https://doi.org/10.5194/aab-61-481-2018>
- 38.Juliana Arango G, M.Sc, Julián Echeverri Z, Albeiro López H. Association of the bovine growth hormone gene with Holstein cattle reproductive parameters. *Rev.MVZ Córdoba*. 2014. 19(3). P. 4249–4258.
- 39.Gubarenko N. Evaluation of milk productivity of cows using genetic markers // *Theoretical and Applied Veterinary Medicine*. 2020. № 8 (2). P. 163–70. DOI: <https://doi.org/10.32819/2020.82023>
- 40.Beishova I. S., Belaia E. V., Poddudinskaia T. V. Polimorfizm gena gormona rosta u korov golshtinskoj porody kazakhstanskoi selektsii. *Intellect, Idea, Innovation – Intellekt, Ideia, Innovatsiia*. 2019. No. 1. Pp. 68–76.
- 41.Safina N. Iu., Zinnatova F. F., Shakirov Sh. K., Gilemkhanov I. Iu. DNK-testirovanie polimorfizma gena GH-ALU I krupnogo rogatogo skota. *Zooteniia*. 2019. No. 6. Pp. 80–83. DOI: 10.26155/vet.zoo.bio.201906012
- 42.Akhmetova A. N., Khalishkhova D. V., Bogotova Z. I., Kuchmenov A. Kh. Geneticheskaia struktura krupnogo rogatogo skota golshtinskoj porody v Kabardino-Balkarii po genam PRL i GH. *Izvestiia Kabardino-Balkarskogo nauchnogo tsentra RAN*. 2020. No. 4 (96). Pp. 26–33. DOI: 10.35330/1991-6639-2020-4-96-26-33

43. Beishova I. S., Ulyanov V. A., Shaikamal G., Papusha N., Belaya E.V. Features of Holstein cattle bred in Kazakhstan by the polymorphic genes of the somatotropin cascade. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*. 2019. 7(s1).
a. P. 60–65. DOI
<http://dx.doi.org/10.17582/journal.aavs/2019/7.s1.60.65>
44. Mohammadabadi M. R., Torabi A., Tahmourespoor M., Baghizadeh A., Esmailizadeh A., Koshkoieh, Mohammadi A. Analysis of bovine growth hormone gene polymorphism of local and Holstein cattle breeds in Kerman i province of Iran using polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP). *African Journal of Biotechnology* 2010. V. 9(41). P. 6848–6852. DOI:10.5897/AJB10.799
45. Hartatik T., Kurnivati D., Adiarto. Associations between polymorphism of growth Hormone gene with milk production, fat and protein content in Fresian Holstein cattle. *Jornal of Indonesian Tropical Animal Agriculture*. 2015. 40 (3). P. 133–137.
46. Çınar M. U., Akyüz B., Metin Kiyici J., Arslan K., Kaliber M., Aksel E. G. Effects of *GH-AluI* and *MYF5-TaqI* polymorphisms on weaning weight and body measurements in Holstein young bulls. *Kafkas Univ Vet Fak Derg*. 2018. 24 (6): P. 873–880. DOI: 10.9775/kvfd.2018.20193
47. Малієнко В.А., Спиридонов В.Г., Новак Н.Б., Мельничук М.Д. Аналіз генетичної структури дійних корів української чорно-рябої молочної породи агрономічної дослідної станції НАУ ‘Митниця’ за генами, пов’язаними з проявом господарсько цінних ознак. Наукові доповіді НАУ. 2008. 1 (9) . С.1–11.
48. Epishko O. A., Peshko V. V., Peshko N. N. Ispolzovanie genov LGB, PRL i GH v kachestve markerov molochnoi produktivnosti v selektsii krupnogo rogatogo skota belorusskoi cherno-pestroi porody. *Uchenye zapiski UO VGAVM*. 2018. Vol. 54, Issue 2. Pp. 84–88.

49. Belaia E. V., Mikhailova M. E., Volchok N. M., Tikhanovich N. I. Vnutripopulatsionnyi analiz geneticheskoi struktury populatsii krupnogo rogatogo skota cherno-pestroi porody belorusskogo razvedeniia po polimorfnyim variantam genov somatotropinovogo kaskada. Molekuliarnaia i prikladnaia genetika. 2010. Vol. 11. Pp. 92–98.
50. Il'iasov A. G. Polimorfizm gena gormona rosta krupnogo rogatogo skota v sviazi s produktivnostiu v Respublike Bashkortostan. Avtoreferat dissertatsii na soiskanie uchenoi stepeni kandidata selskokhoziaistvennykh nauk. 2008. 20 p.
51. Khabibrakhmanova Ia. A. Polimorfizm genov molochnykh belkov i gormonov krupnogo rogatogo skota. Avtoreferat dissertatsii na soiskanie uchenoi stepeni kandidata biologicheskikh nauk. 2009. 19 p.
52. Riaz M. N. Genetic polymorphism of bovine growth hormone (somatotropin), kappa-casein and beta-lactoglobulin genes. Islamabad, Pakistan. 2013. A dissertation submitted for partial fulfillment of the degree of doctor of philosophy in biotechnology. 136 c.
53. Fouda M. M., Hemeda S. H. A., Darwish R. A. and Ateya A. I. Relatedness between growth hormone gene polymorphisms and body weight in Friesian cattle in Egypt. 2014. 8th Int. Sci. Conf. Mansoura. C.803–812.
54. Bekseitov T. K., Abeldinov R. B., Goncharenko G. M., Mukataeva Zh. M. Ekspressiia genov belkovogo i lipidnogo obmena molochnogo skota severo-vostoka Kazakhstana. Pavlodar: Kereku, 2017. 141 p.

ДОДАТКИ



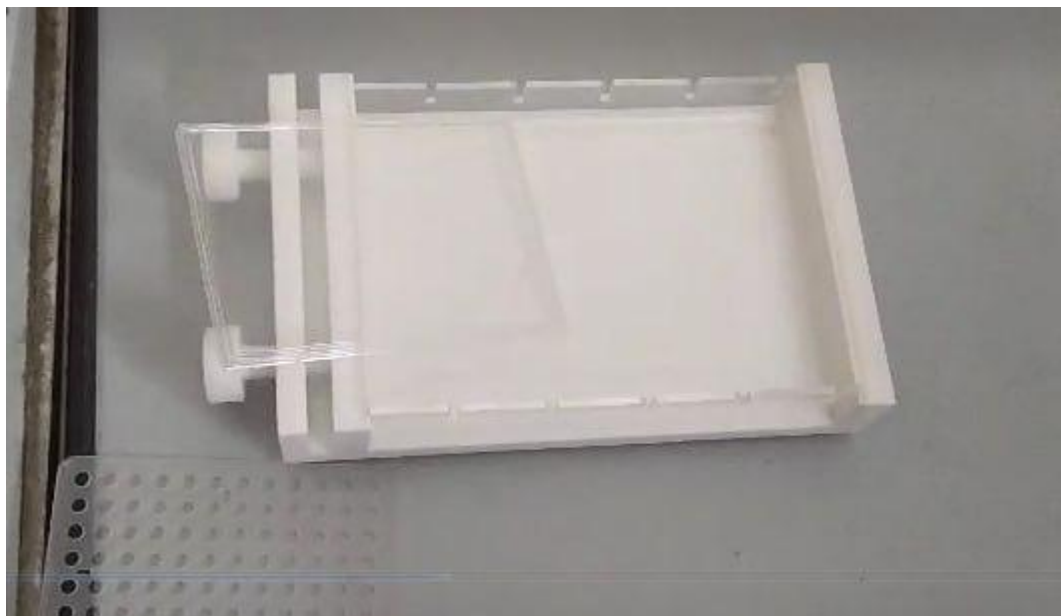
Додаток 1. Зона ампліфікації ДНК



Додаток 2. Термоциклер AMPLY 4



Додаток 3. Джерело тока для проведення горизонтального електрофореза



Додаток 4. Елементи установки для проведення горизонтального електрофорезу в агарозному гелі



Додаток 5. Зона виділення ДНК