

УДК 636.2.033 / 57.087

DOI <https://doi.org/10.32851/2226-0099.2020.113.25>

ПОЛІМОРФІЗМ ТА АСОЦІАЦІЯ STR-ЛОКУСІВ З ОЗНАКАМИ РОСТУ ТЕЛИЦЬ ПІВДЕННОЇ М'ЯСНОЇ ПОРОДИ¹

Крамаренко О.С. – к.с.-г.н., старший викладач кафедри технології переробки, стандартизації і сертифікації продукції тваринництва,

Миколаївський національний аграрний університет

Сухоручко Т.О. – студент магістратури кафедри технології виробництва продукції тваринництва,

Миколаївський національний аграрний університет

Крамаренко С.С. – д.б.н., професор, професор кафедри генетики годівлі тварин та біотехнології,

Миколаївський національний аграрний університет

У процесі дослідження був проведений пошук вірогідних асоціацій між приростами живої маси телиць південної м'ясної породи (ПМП) та їх поліморфізмом за STR-локусами. Дослідження було проведено на поголів'ї телиць таврійського внутрішньопородного типу ПМП (загалом – 192 голови) ДП «ДГ Асканійське». В дослідженнях використовувались чотири мікросателітних локуси, які рекомендовані ISAG – TGLA227, BM2113, BM1818 та BM1824. Були використані три показники (у з) динаміки живої маси телиць ПМП: середньодобовий приріст від народження до віку 18 міс. (ADG); середньодобовий приріст від народження до відлучення (ADG1); середньодобовий приріст на відгодівлі (до віку 18 міс.) (ADG2).

За локусом TGLA227 найвищу частоту було зауважено для алелей довжиною в 77, 81, 83, 89, 93 та 97 п.н. Доведено, що алель TGLA227⁸³ є маркером більш інтенсивної швидкості наростання живої маси від народження до відлучення телиць ПМП.

Щодо локусу BM2113 найбільш поширеними серед телиць ПМП були алелі довжиною у 125, 129, 135, 137, 139 та 141 п.н. Особини, які мали алель BM2113¹⁴¹, характеризувались найнижчою інтенсивністю росту живої маси протягом перших 18 міс. (498 ± 18 з), і, таким чином, даний алель може бути маркером повільного розвитку телиць ПМП.

За локусом BM1818 найвищу частоту мали сім алелів із довжиною 258, 260, 262, 264, 266, 268 та 270 п.н. Водночас найвищі оцінки середньодобового приросту від народження до відлучення було помічено серед тварини ПМП з алелем BM1818²⁵⁸ (865 ± 38 з).

За локусом BM1824 найвищу частоту мали п'ять алелів із довжиною 178, 180, 182, 188 та 192 п.н. Найвищі оцінки середньодобового приросту від народження до віку 18 міс. було помічено серед тварини ПМП, котрі мали алель BM1824¹⁷⁸ (648 ± 41 з).

Отже, було встановлено три алелі (BM1824¹⁷⁸, TGLA227⁸³, BM1818²⁵⁸), наявність яких у генотипі телиць ПМП забезпечували більш інтенсивний ріст живої маси та один (BM2113¹⁴¹), що пов'язаний із більш повільним зростанням живої маси в різні вікові періоди.

Ключові слова: мікросателіти ДНК, поліморфізм, середньодобові прирости живої маси, велика рогата худоба, південна м'ясна порода

Kramarenko A.S., Sukhoruchko T.O., Kramarenko S.S. Polymorphism and association of STR loci with growth traits in heifers of the Southern beef cattle

In the course of the study, a search was made for possible associations between average daily gain of heifers of the Southern beef cattle (SMB) and their polymorphism by STR-loci. The study was conducted on the herd of heifers of the Taurian intra-breed type SMB (total – 192 heads) at Askaniiske state research enterprise.

During the study, we used four microsatellite loci recommended by ISAG – TGLA227, BM2113, BM1818 and BM1824.

¹ Публікація містить результати досліджень, проведених за грантом Президента України за конкурсним проектом Ф82/2019 (номер державної реєстрації 0119U103477).

Three characteristics were used as indicators of the live weight dynamics of the SMB heifers (in g): average daily gain from birth to 18 months of age (ADG); average daily gain from birth to weaning (ADG1); average daily gain of fattening (up to 18 months of age) (ADG2).

In TGLA227 locus, alleles 77, 81, 83, 89, 93 and 97 bp was observed in highest frequency. It is shown that the allele TGLA227⁸³ is a marker of a more vigorous rate of growth of live weight from birth to weaning in the SMB heifers.

In BM2113 locus, the most common among the SMB heifers were alleles 125, 129, 135, 137, 139 and 141 bp. Individuals who had the BM2113¹⁴¹ allele were characterized by the lowest gain of live weight during the first 18 months (498 ± 18 g), which indicates that this allele may be a marker of slow development of the SMB heifers.

In BM1818 locus, seven alleles (258, 260, 262, 264, 266, 268, and 270 bp) had the highest frequency. The highest estimates of average daily gain from birth to weaning were observed among animals with allele BM1818²⁵⁸ (865 ± 38 g).

In BM1824 locus, five alleles (178, 180, 182, 188, and 192 bp) had the highest frequency. The highest estimates of average daily gain from birth to age 18 months was observed among animals with allele BM1824¹⁷⁸ (648 ± 41 g).

Thus, there were identified three alleles (BM1824¹⁷⁸, TGLA227⁸³, BM1818²⁵⁸), the presence of which in the genotype of the SMB heifers provided a more intensive gain, and one (BM2113¹⁴¹) associated with a slow growth in live weight at different age periods.

Key words: microsatellites DNA, polymorphism, average daily gain, beef cattle, Southern beef breed.

Постановка проблеми. Останнім часом все більшого застосування під час вивчення рівня генетичної мінливості та генетичної диференціації порід свійських тварин різних видів набувають мікросателіти ДНК – короткі тандемні олігонуклеотидні повтори завдовжки 2–6 пар нуклеотидів (п.н.). Вони характеризуються дуже високим рівнем генетичної мінливості (можуть містити до 15–20 алельних варіантів). З іншого боку, вони мають дуже високу видоспецифічність (наявність однакових маркерів можливе лише у близькоспоріднених видів). Ці ділянки ДНК відомі також під декількома назвами: мікросателіти ДНК, STMS (Sequence Tagged Microsatellite Site), STR (Short Tandem Repeat), SSR (Simple Sequence Repeat) [10; 22; 31].

Згідно з базою даних INRA (French National Institute for Agricultural research; institut.inra.fr) вже на початку 2010-х років на всіх 30 парах хромосом худоби було виявлено 2402 STR-локусів, із яких 2244 є картованими [16].

Серед різноманітних напрямів використання мікросателітів у скотарстві можна виділити такі: контроль походження (встановлення батьківства) та паспортизація тварин; оцінка рівня генетичної різноманітності (алельний спектр, гетерозиготність, наявність/відсутність генетичної рівноваги) на породному та внутрішньопородному рівні; оцінка рівня міжпородної генетичної диференціації та встановлення філогенетичних зв'язків; ступінь інтрогресії геномів під час створення нових порід (особливо використовуючи міжвидову гібридизацію для тварин роду *Bos L.*, 1758); оцінювання негативних наслідків генетико-демографічних процесів, особливо для нечисельних та автохтонних порід; пошук зв'язків з показниками продуктивності та оцінка можливого використання цих зв'язків у маркер-допоміжній селекції [19].

Аналіз останніх досліджень і публікацій. Незважаючи на те, що а-пріорі мікросателіти ДНК є нейтральними молекулярно-генетичними маркерами, починаючи із середини 1990-х років почали з'являтися повідомлення про наявність вірогідних зв'язків між наявністю/відсутністю певних алелів досліджуваних локусів мікросателітів та різними ознаками продуктивності сільськогосподарських тварин.

Так, алель *BM1500*¹³⁶ є маркером найвищого надою, а алелі *BM1500*¹³⁶⁻¹³⁸ пов'язані з підвищеним вмістом жиру в молоці [11; 20]. Аналогічно, тварини голштин-

ської породи з генотипом *BM6438*^{268/268} характеризувались найвищим надоем, у той час як худоба з генотипами *BM6438*^{256/258} та *BM6438*^{258/268}, навпаки, мала найнижчі показники молочної продуктивності [30].

Заслугує на увагу й те [1], що худоба зебу з певними генотипами за локусами *ILSTS005*, *ILSTS006*, *TGLA227*, *INRA035*, *BM2113* та *CSSM66* є найбільш резистентною до туберкульозу.

Деякі забійні та м'ясні якості також пов'язані з певними локусами мікросателітів. Так, наявність алеля *BM2113*¹⁴² забезпечує більший вихід чистого м'яса, а алель *BM2113*¹⁷¹ позитивно пов'язаний із товщиною філейної частини туші в помісних тварин Grassland Red Cattle × Limousine [29], а тварини Angus × Brahman із генотипом *ETH10*^{220/222} мали кращі характеристики мармуровості м'яса та більшу забійну масу [15]. Низка локусів мікросателітів пов'язана і з екстер'єрними характеристикам будови тіла тварин. Позитивний зв'язок з основними промірами худоби (насамперед висотою в холці, глибиною та шириною грудей, косою довжиною тулуба) встановлено для локусів *BM2113* [26], *IDVGA46* [23], *ETH131*, *INRA5* та *INRA64* [6].

Проте пошук асоціацій між приростами телиць південної м'ясної породи (ПМП) та їх поліморфізмом за локусами мікросателітів раніше ще не проводився.

Постановка завдання. Мета статті – пошук вірогідних асоціацій між ознаками росту телиць південної м'ясної породи та їх поліморфізмом за STR-локусами.

Виклад основного матеріалу дослідження. Матеріали і методи досліджень. Дослідження було проведено на поголів'ї телиць таврійського внутрішньопородного типу ПМП (загалом – 192 голови) ДП «ДГ Асканійське» Асканійської державної сільськогосподарської дослідної станції Інституту зрошуваного землеробства НААН Каховського району Херсонської області. Порода була створена внаслідок поєднання генетичного матеріалу таких порід, як червона степова, шортгорн, санта-гертруда, герфорд, шароле та кубинський зебу. Вона – єдина порода в Україні й на Європейському континенті, сформована шляхом міжвидової гібридизації між *Bos taurus* та *B. indicus* [28].

Усі лабораторні дослідження було проведено в умовах лабораторії молекулярних основ селекції тварин Центру біотехнології та молекулярної діагностики Федерального наукового центру тваринництва ім. академіка Л.К. Ернста. Методи лабораторного аналізу детально наведено в роботах [19; 33]. У дослідженнях використовували чотири мікросателітних локуси, які рекомендовані ISAG – *TGLA227*, *BM2113*, *BM1818* та *BM1824*.

Як показники динаміки живої маси телиць ПМП були використані три показники інтенсивності росту (у г): середньодобовий приріст від народження до віку 18 міс. (ADG); середньодобовий приріст від народження до відлучення (ADG1); середньодобовий приріст на відгодівлі (до віку 18 міс.) (ADG2).

Основу експерименту становила перевірка нуль-гіпотези (з використанням критерію Стьюдента) щодо відсутності відмінностей за показниками росту живої маси між тваринами, котрі мали певний алель за дослідженими STR-локусами – для цього тварини були розподілені на дві групи за наявністю/відсутністю в їх генотипі відповідного алеля.

Усю статистичну обробку було проведено за допомогою програмного забезпечення MS Excel та PAST [13].

На рисунку 1 наведено розподіл частот алелей за окремими STR-локусами телиць ПМП.

За локусом *TGLA227* найвищу частоту було помічено для алелів довжиною в 77, 81, 83, 89, 93 та 97 п.н. (див. рис. 1).

Водночас тварини з різними алелями, вірогідно, відрізнялись між собою щодо середньодобового приросту від народження до відлучення ($F = 2,27$; $df_1 = 5$; $df_2 = 94$; $P = 0,050$). Найвищі оцінки середньодобового приросту від народження до відлучення було помічено серед телиць ПМП, які мали в генотипі алель *TGLA227*⁸³ (873 ± 46 г), у той час як особини, що мали інші алелі, характеризувалися більш повільним ростом живої маси протягом цього періоду (рис. 2).

Тест множинних порівнянь (LSD-тест) також доводить наявність вірогідних відмінностей тварин, котрі мають алель *TGLA227*⁸³, у той час як серед решти генотипових груп особин наявність вірогідних відмінностей встановлено не було (див. рис. 2). Таким чином, можна вважати, що алель *TGLA227*⁸³ є маркером більш інтенсивної швидкості наростання живої маси від народження до відлучення телиць ПМП. Вірогідний ефект заміни будь-якого алеля в генотипі телиць ПМП на алель *TGLA227*⁸³ доведено також результатами логістичної регресії ($\chi^2 = 7,05$; $df = 1$; $P = 0,008$).

Щодо локусу *BM2113* найбільш поширеними серед телиць ПМП були алелі довжиною у 125, 129, 135, 137, 139 та 141 п.н. (див. рис. 1). На підставі результатів LSD-тесту встановлено, що телиці з алелем *BM2113*¹⁴¹ за даним локусом у генотипі, вірогідно, відрізнялись від тварин щодо середньодобового приросту з народження до віку 18 міс. за виключенням особин, які мали алель довжиною у 129 п.н. (рис. 3).

Водночас особини, які мали алель *BM2113*¹⁴¹, характеризувались найнижчою інтенсивністю росту живої маси протягом перших 18 міс. (498 ± 18 г), що свідчить про те, що цей алель може бути маркером повільного розвитку телиць

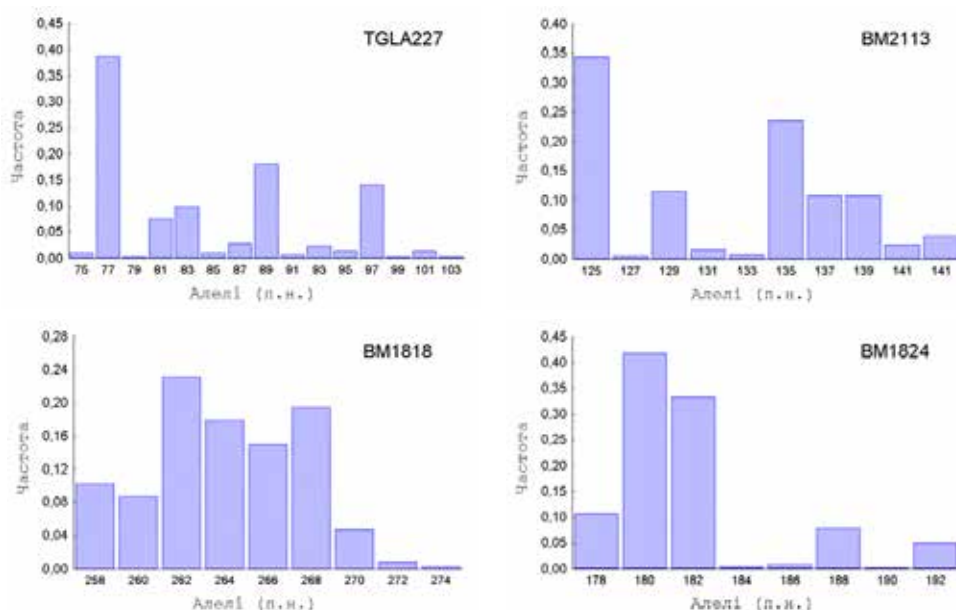


Рис. 1. Розподіл телиць ПМП за частотою алелей STR-локусів *TGLA227*, *BM2113*, *BM1818* та *BM1824*

ПМП. Вірогідний ефект заміни будь-якого алеля в генотипі телиць ПМП на алель *BM2113*¹⁴¹ також підтверджується результатами логістичної регресії ($\chi^2 = 6,99$; $df = 1$; $P = 0,008$).

За локусом *BM1818* найвищу частоту мали сім алелів із довжиною 258, 260, 262, 264, 266, 268 та 270 п.н. (див. рис. 1). Установлено, що телиці, які мали в генотипі різні алелі за цим локусом, вірогідно, відрізнялись між собою щодо середньодобового приросту від народження до відлучення ($F = 2,51$; $df_1 = 6$; $df_2 = 137$; $P = 0,025$). Водночас найвищі оцінки середньодобового приросту від народження

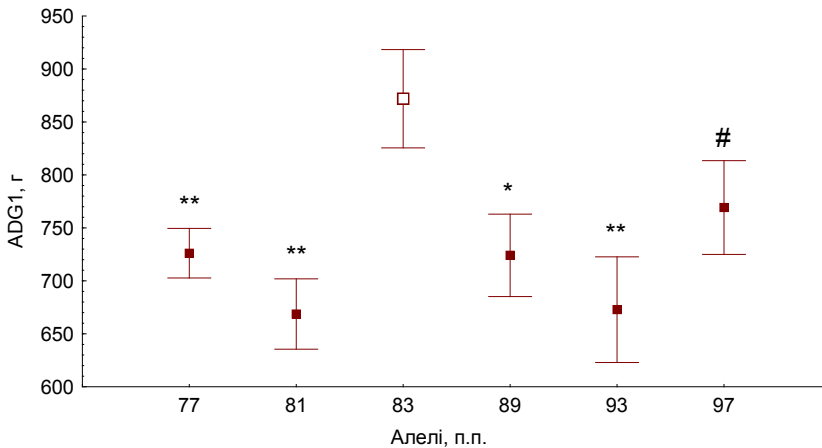


Рис. 2. Оцінки ($\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$) середньодобового приросту від народження до відлучення телиць ПМП з різними алелями за локусом *TGLA227* у генотипі. Наведено результати LSD-тесту під час порівняння з особинами, які мали алель *TGLA227*⁸³: # – $P < 0,10$; * – $P < 0,05$; ** – $P < 0,01$

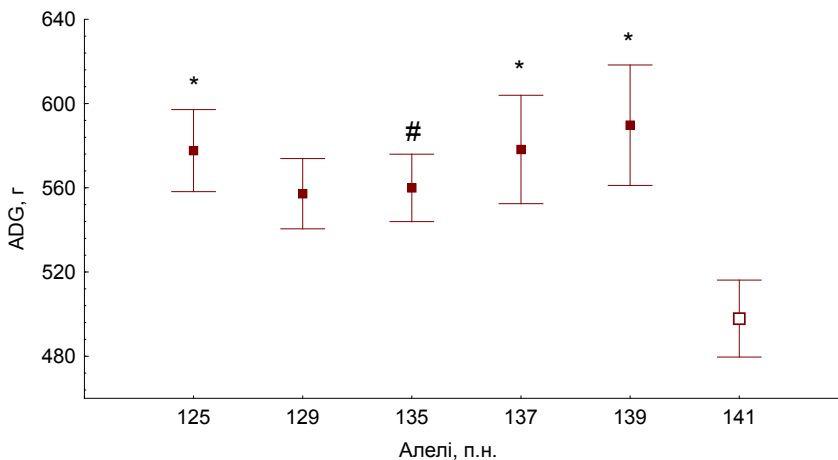


Рис. 3. Оцінки ($\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$) середньодобового приросту від народження до віку 18 міс. телиць ПМП з різними алелями за локусом *BM2113* у генотипі. Наведено результати LSD-тесту під час порівняння з особинами, котрі мали алель *BM2113*¹⁴¹: # – $P < 0,10$; * – $P < 0,05$

до відлучення було помічено серед тварин ПМП з алелем $VM1818^{258}$ (865 ± 38 г), у той час як решта особин, що мали інші шість алелів, характеризувалися повільним ростом живої маси протягом даного періоду та, вірогідно, не відрізнялись між собою (рис. 4).

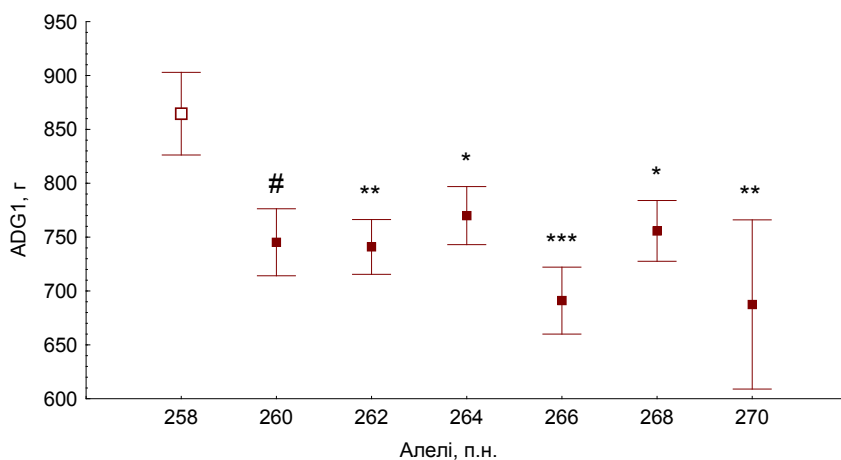


Рис. 4. Оцінки ($\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$) середньодобового приросту від народження до відлучення телиць ПМП з різними алелями за локусом TGLA227 у генотипі. Наведено результати LSD-тесту під час порівняння з особинами, які мали алель TGLA227⁸³: # – $P < 0,10$; * – $P < 0,05$; ** – $P < 0,01$

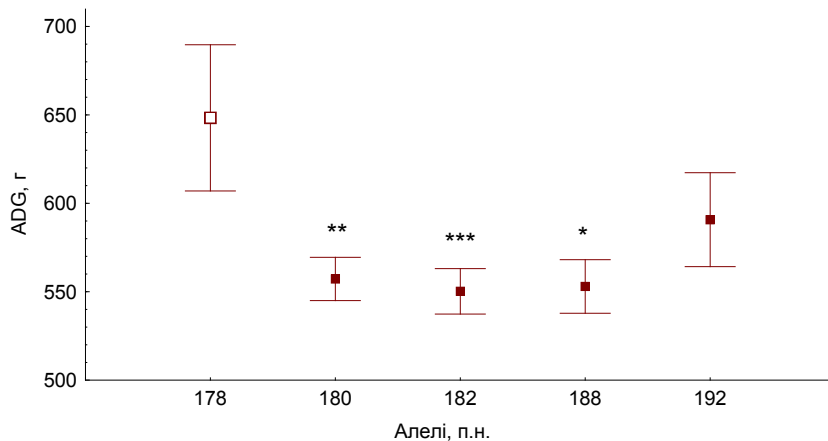


Рис. 5. Оцінки ($\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$) середньодобового приросту від народження до віку 18 міс. телиць ПМП з різними алелями за локусом VM1824 в генотипі. Наведено результати LSD-тесту під час порівняння з особинами, котрі мали алель VM1824¹⁷⁸: * – $P < 0,05$; ** – $P < 0,01$; *** – $P < 0,001$

Таким чином, можна вважати, що алель $VM1818^{258}$ може слугувати маркером більш інтенсивної швидкості наростання живої маси від народження до відлу-

чення серед досліджених телиць ПМП. Доведено також високовірогідний ефект заміни будь-якого алеля в генотипі телиць ПМП на алель *BM1818*²⁵⁸ результатами логістичної регресії ($\chi^2 = 10,40$; $df = 1$; $P < 0,001$).

За локусом *BM1824* найвищу частоту мали п'ять алелів із довжиною 178, 180, 182, 188 та 192 п.н. (див. рис. 1). Установлено, що телиці, котрі мали в генотипі різні алелі за цим локусом, вірогідно, відрізнялись між собою щодо середньодобового приросту від народження до віку 18 міс. ($F = 3,08$; $df_1 = 4$; $df_2 = 97$; $P = 0,020$). Водночас найвищі оцінки середньодобового приросту від народження до віку 18 міс. було помічено серед тварини ПМП з алелем *BM1824*¹⁷⁸ (648 ± 41 г), у той час як решта особин, які мали інші алелі, характеризувались повільним ростом живої маси протягом цього періоду та, вірогідно, не відрізнялись між собою (рис. 5). Тест множинних порівнянь (LSD-тест) також доводить наявність вірогідних відмінностей тварин, що мають алель *BM1824*¹⁷⁸, у той час як серед решти генотипових груп особин наявність вірогідних відмінностей встановлено не було (див. рис. 5).

Таким чином, отримані нами дані свідчать про те, що тварини, в генотипі яких були присутні певні алелі за STR-локусами, вірогідно, відрізнялися щодо приростів живої маси в різні вікові періоди (табл. 1).

Таблиця 1

Результати перевірки гіпотези щодо впливу наявності/відсутності певних алелів за STR-локусами на прирости телиць ПМП, г

Локус	Алель (п.н.)	Ознака	Алель відсутній		Алель присутній		<i>t</i>	<i>P</i>
			<i>n</i>	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	<i>n</i>	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$		
<i>TGLA227</i>	83	ADG1	138	743 ± 13	10	873 ± 46	2,59	0,011
<i>BM2113</i>	141	ADG	97	570 ± 9	7	498 ± 18	2,10	0,038
<i>BM1818</i>	258	ADG1	132	738 ± 13	16	865 ± 38	3,10	0,002
<i>BM1824</i>	178	ADG	93	555 ± 8	11	648 ± 41	3,47	<0,001

Загалом було помічено три алелі (*BM1824*¹⁷⁸, *TGLA227*⁸³, *BM1818*²⁵⁸), наявність яких у генотипі телиць ПМП забезпечували більш інтенсивний ріст живої маси та один (*BM2113*¹⁴¹), який пов'язаний із повільним зростанням живої маси в різні вікові періоди.

Обговорення. На початку 2000-х років дуже актуальним був напрям, що пов'язаний з аналізом у геномі сільськогосподарських тварин (зокрема й худоби м'ясного напрямку) ділянок, котрі зв'язані з генами кількісних ознак (QTL). Так, на другій хромосомі (BTA2) тварин порід Hereford та помісей Angus \times Brahman було знайдено ділянку, яка впливає на живу масу з народження. Характерно, що в межах цього QTL були розташовані мікросателіти *BM2113* та *OarFCB11* [15; 12].

Загалом було виявлено цілу низку QTL, розташованих на різних хромосомах, що пов'язані з показниками живої маси тварин на різних етапах їх росту та фланковані локусами мікросателітів, використаних нами під час аналізу телиць ПМП (табл. 3). Наприклад, QTL, які, вірогідно, пов'язані із живою масою від народження, були розташовані на певних ділянках BTA2, BTA5, BTA21 та BTA23 й містили локуси мікросателітів, що було виявлено нами під час аналізу характеру росту молодняку піддослідної популяції ПМП.

Водночас нами було встановлено, що показники приростів живої маси (як від народження до відлучення, так і на відгодівлі) також були тісно пов'язані з наявністю певних алелів за локусами *TGLA227*, *BM2113*, *BM1824* та *BM1818* (див. табл. 2). Раніше вже було помічено, що інтенсивність росту живої маси молодняку худоби була пов'язана із QTL, розташованими на п'ятій та 23-й хромосомах та фланкованими певними мікросателітами, зокрема *BM1818* (табл. 2).

Таблиця 2

QTL (та фланкуючі їх мікросателіти), котрі пов'язані із живою масою та інтенсивністю росту молодняку різних порід свійської худоби та зебу

Хромосома	Ознака ¹	Порода (або вид)	Локуси мікросателітів, які фланкують ділянку QTL ²	Джерело
BTA1	BWT	Brahman × Hereford	<i>BMS1789 – UWCA46 – BMS4014</i>	[27]
BTA2	BWT	Hereford × composite	<i>BM2113</i> – <i>OarFCB11</i>	[12]
BTA2	BWT	Angus × Brahman	<i>BM2113</i> – <i>OarFCB11</i>	[15]
BTA5	BWT	Angus × Brahman	<i>CSSM34 – RM500 – ETH10</i>	[15]
BTA6	BWT, YW	Belgian Blue × MARC III	<i>BM3026 – BMS483</i>	[4]
BTA21	BWT	Brahman × Angus	<i>BMS2815 – TGLA337 – TGLA122</i>	[5]
BTA21	BWT	Angus × Brahman	<i>TGLA337 – TGLA122 – CSSM18</i>	[15]
BTA23	BWT	<i>B. taurus</i> (line M1)	<i>RM185 – BM1818</i>	[18]
BTA23	WT1-4L	Finnish Ayrshire	<i>BM1258 – BoLA DRBP1</i>	[9]
BTA5	ADG1	<i>B. taurus</i> (line M1)	<i>ETH10 – IGF1 – BM1819 – RM29</i>	[21]
BTA23	ADG1	<i>B. taurus</i> (line M1)	<i>RM185 – BM1818</i>	[18]
BTA5	ADG2	<i>B. taurus</i> (line M1)	<i>RM500 – BR2936 – BMS490 – ETH10</i>	[21]

Примітки: ¹ BWT – жива маса з народження; YW – жива маса в 1-річному віці; WT1-4L – жива маса протягом 1–4-ої лактації; ADG1 – приріст від народження до відлучення; ADG2 – приріст на відгодівлі. ² Непівжирним шрифтом виділені ті STR-локуси, котрі використані в поданій роботі.

До того ж різними вченими серед різних порід свійської худоби та зебу доведено наявність позитивної (або негативної) кореляції між окремими алелями (або генотипами) мікросателітів та показниками їх росту та розвитку (табл. 4).

Так, у роботі ДеАтлей зі співавторами [8] показано, що локус *ETH10* був тісно пов'язаний із живою масою від народження (для помісних тварин Angus × Brahman) та під час відлучення (для тварин породи Angus).

Худоба породи Hereford із генотипом *CSFM50*^{180/184} мала найвищу живу масу під час відлучення, а присутність у їх генотипі алеля *CSFM50*¹⁷⁶, навпаки, призвела до значного зниження показника цієї ознаки [3].

Наявність (AT)_n-алеля довжиною у 225 п.н. за локусом мікросателіта в межах гену *IGF1* позитивно корелювала із живою масою від народження та відлучення помісних тварин *B. Indicus* × *B. taurus*, у той час як наявність алеля довжиною 231 п.н., навпаки, маркувала тварин із найнижчими значеннями цих ознак [2]. З іншого боку, 229→225 заміна за цим маркером серед зебу породи Nellore та 225→229 заміна серед худоби породи Angus мали протилежний ефект щодо ознак живої маси, хоча в обох випадках не була вірогідною [7].

Для маркера *bGHR* у промоторному регіоні встановлено наявність повтору (TG)_n, де n може варіювати від 16 до 20 (L-алель, який притаманний різним породам *B. taurus*), або n = 11 (S-алель, що притаманний зебу). Серед плідників породи Angus встановлено вірогідну різницю тварин із генотипами L/L та L/S щодо живої маси під час відлучення (17 ± 4 кг; $P < 0,01$), у той час як для живої маси від народження такі відмінності були відступні [14]. Крім того, L→S заміна за цим маркером призводила до вірогідної зміни як живої маси тіла як деяких порід зебу (Nellore та Canchim) та BPX (Angus), так і їх приросту на відгодівлі [7].

Відомі і приклади позитивного впливу наявності певних алелів за STR-локусами на показники приросту. Так, тварини породи Japanese Black cattle, що мали алель (TG)₁₉ на ділянці 5'UTR гену *GHSR1*, характеризувались найвищими приростами протягом періоду експерименту [17]. Також аналогічну дію було встановлено для низки алелей локусів *INRA11*, *INRA64* та *ETH131* у тварин породи Piemontese [6].

Таблиця 3

STR-локуси, які пов'язані із живою масою та інтенсивністю росту молодняку різних порід BPX та зебу

Локус	Порода (або вид)	Ознака ¹	Джерело
<i>ETH10</i>	Brahman × Angus	BWT	[8]
<i>ETH10</i>	Hereford	BWT	[25]
<i>IGF1-(AT)n</i>	<i>B. indicus</i> × <i>B. taurus</i>	BWT	[2]
<i>BMS1248</i>	Bali cattle	жива маса	[24]
<i>bGHR-(TG)n</i>	Nellore, Canchim, 1/2 Angus	жива маса	[7]
<i>INRA5</i>	Piemontese	жива маса у віці 250 та 350 днів	[6]
<i>INRA64</i>	Piemontese	жива маса у віці 150 та 350 днів	[6]
<i>CSFM50</i>	Hereford	WW	[3]
<i>MS-IGF1</i>	<i>B. indicus</i> × <i>B. taurus</i>	WW	[2]
<i>ETH10</i>	Angus	WW	[8]
<i>bGHR-(TG)n</i>	Angus	WW	[14]
<i>INRA11</i> , <i>INRA16</i> , <i>ETH131</i>	Piemontese	ADG	[6]
<i>5'UTR-GHSR1</i>	Japanese Black	ADG	[17]
<i>bGHR-(TG)n</i>	Nellore, Canchim, 1/2 Angus	ADG2	[7]

Примітка: ¹WW – жива маса під час відлучення.

Висновки і пропозиції. Отже, нами було проведено пошук асоціацій між ознаками росту телиць ПМПІ та їх поліморфізмом за локусами мікросателітів. За локусом *TGLA227* найвищу частоту було зауважено для алелів довжиною в 77, 81, 83, 89, 93 та 97 п.н. Найвищі оцінки середньодобового приросту від народження до відлучення було помічено серед телиць ПМПІ, які мали в генотипі алель *TGLA227*⁸³ (873 ± 46 г), у той час як особини, що мали інші алелі, характеризувались більш повільним ростом живої маси протягом цього періоду. Таким чином,

можна вважати, що алель *TGLA227*⁸³ є маркером більш інтенсивної швидкості наростання живої маси від народження до відлучення телиць ПМП.

Щодо локусу *BM2113*, найбільш поширеними серед телиць ПМП були алелі довжиною у 125, 129, 135, 137, 139 та 141 п.н. Особини, які мали алель *BM2113*¹⁴¹, характеризувались найнижчою інтенсивністю росту живої маси протягом перших 18 міс. (498 ± 18 г), це свідчить про те, що даний алель може бути маркером повільного розвитку телиць ПМП.

За локусом *BM1818* найвищу частоту мали сім алелів із довжиною 258, 260, 262, 264, 266, 268 та 270 п.н. Водночас найвищі оцінки середньодобового приросту від народження до відлучення було помічено серед тварини ПМП з алелем *BM1818*²⁵⁸ (865 ± 38 г).

За локусом *BM1824* найвищу частоту мали п'ять алелів із довжиною 178, 180, 182, 188 та 192 п.н. Найвищі оцінки середньодобового приросту від народження до віку 18 міс. було помічено серед тварини ПМП з алелем *BM1824*¹⁷⁸ (648 ± 41 г).

Загалом було зауважено три алеля (*BM1824*¹⁷⁸, *TGLA227*⁸³, *BM1818*²⁵⁸), наявність яких у генотипі телиць ПМП забезпечували більш інтенсивний ріст живої маси та один (*BM2113*¹⁴¹), що пов'язаний із повільним зростанням живої маси в різні вікові періоди.

СПИСОК ВИКОРИСТАНОЇ ЛІТЕРАТУРИ:

1. Ali A.A., Thomson P.C., Kadarmideen H.N. Association between microsatellite markers and bovine tuberculosis in Chadian Zebu cattle. *Open Journal of Animal Sciences*. 2013. Vol. 3(01). P. 27–35.
2. Andrade P.C., Grossi D.A., Paz C.C.P., Alencar M.M., Regitano L.C.A., Munari D.P. Association of an insulin-like growth factor 1 gene microsatellite with phenotypic variation and estimated breeding values of growth traits in Canchim cattle. *Animal genetics*. 2008. Vol. 39(5). P. 480–485.
3. Bressel R.M.C., Regitano L.D.A., Toral F.L.B., Moreira H.L.M. Association of microsatellite *CSFM50* with weaning weight in Hereford beef cattle. *In Proceedings of the World Conference on animal production*. Porto Alegre : SBZ: WAAP: ALPA: UFRGS, 2003. P. 241–244.
4. Casas E., Shackelford S.D., Keele J.W., Stone R.T., Kappes S.M., Koohmaraie M. Quantitative trait loci affecting growth and carcass composition of cattle segregating alternate forms of myostatin. *Journal of animal science*. 2000. Vol. 78(3). P. 560–569.
5. Casas E., Keele J.W., Shackelford S.D., Koohmaraie M., Stone R.T. Identification of quantitative trait loci for growth and carcass composition in cattle. *Animal Genetics*. 2004. Vol. 35(1), P. 2–6.
6. Ciampolini R., Mazzanti E., Cianci D. DNA microsatellites associated with morphological traits in beef cattle. *Annali della Facoltà di Medicina veterinaria*. 2002. Vol. 55, P. 205–221.
7. Curi R.A., De Oliveira H.N., Silveira A.C., Lopes C.R. Effects of polymorphic microsatellites in the regulatory region of *IGF1* and *GHR* on growth and carcass traits in beef cattle. *Animal Genetics*. 2005. Vol. 36(1). P. 58–62.
8. DeAtley K.L., Rincon G., Farber C.R., Medrano J.F., Luna-Nevarez P., Enns R.M., Thomas M.G. Genetic analyses involving microsatellite *ETH10* genotypes on bovine chromosome 5 and performance trait measures in Angus- and Brahman-influenced cattle. *Journal of animal science*, 2011. Vol. 89(7). P. 2031–2041.
9. Elo K.T., Vilkkki J., de Koning D.J., Velmala R.J., Mäki-Tanila A.V. A quantitative trait locus for live weight maps to bovine chromosome 23. *Mammalian Genome*. 1999. Vol. 10(8), P. 831–835.
10. Ellegren H. Microsatellites: simple sequences with complex evolution. *Nature reviews genetics*. 2004. 5(6), P. 435–445.

11. Fitzsimmons C.J., Schmutz S.M., Bergen R.D., McKinnon J.J. A potential association between the *BM1500* microsatellite and fat deposition in beef cattle. *Mammalian Genome*. 1998. Vol. 9(6). P. 432–434.
12. Grosz M.D., MacNeil M.D. Putative quantitative trait locus affecting birth weight on bovine chromosome 2. *Journal of Animal Science*. 2001. Vol. 79(1). P. 68–72.
13. Hammer Ø., Harper D.A., Ryan P.D. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontologia Electronica*. 2001. Vol. 4. P. 1–9.
14. Hale C.S., Herring W.O., Shibuya H., Lucy M.C., Lubahn D.B., Keisler D.H., Johnson G.S. Decreased growth in angus steers with a short TG-microsatellite allele in the P1 promoter of the growth hormone receptor gene. *Journal of Animal Science*. 2000. Vol. 78(8). P. 2099–2104.
15. Kim J.J., Farnir F., Savell J., Taylor J.F. Detection of quantitative trait loci for growth and beef carcass fatness traits in a cross between *Bos taurus* (Angus) and *Bos indicus* (Brahman) cattle. *Journal of Animal Science*. 2003. Vol. 81(8). P. 1933–1942.
16. Киселева, Т.Ю., Подоба, Б.Е., Заблудовский, Е.Е., Терлецкий, В.П., Воробьев, Н. И., Кантанен, Ю. Анализ 30 микросателлитных маркеров у шести локальных популяций крупного рогатого скота. *Сельскохозяйственная биология*. 2010. № 45(6). С. 20–25.
17. Komatsu M., Itoh T., Fujimori Y., Satoh M., Miyazaki Y., Takahashi H., Morita M. Genetic association between *GHSR1a* 5' UTR-microsatellite and nt-7 (C>A) loci and growth and carcass traits in Japanese Black cattle. *Animal Science Journal*. 2011. Vol. 82(3). P. 396–405.
18. Kneeland J., Li C., Basarab J., Snelling W.M., Benkel B., Murdoch B., Moore S.S. Identification and fine mapping of quantitative trait loci for growth traits on bovine chromosomes 2, 6, 14, 19, 21, and 23 within one commercial line of *Bos taurus*. *Journal of animal science*. 2004. Vol. 82(12). P. 3405–3414.
19. Крамаренко О. С. Оцінювання генетичної структури та прогнозування продуктивності тварин південної м'ясної породи за ДНК-маркерами : монографія. Миколаїв : Іліон, 2017. 166 с.
20. Lali F. A., Bindu K.A. Microsatellite *BM1500* polymorphism and milk production traits in Vechur and crossbred cattle of Kerala. *Veterinarski arhiv*. 2011. Vol. 81(1). P. 35–42.
21. Li C., Basarab J., Snelling W.M., Benkel B., Murdoch B., Moore S.S. The identification of common haplotypes on bovine chromosome 5 within commercial lines of *Bos taurus* and their associations with growth traits. *Journal of animal science*. 2002. Vol. 80(5). P. 1187–1194.
22. Li Y.C., Korol A.B., Fahima T., Beiles A., Nevo E. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Molecular ecology*. 2002. Vol. 11(12). P. 2453–2465.
23. Napolitano F., Leone P., Puppo S., Moioli B.M., Pilla F., Comincini S., Carretta A. Exploitation of microsatellites as genetic markers of beef-performance traits in Piemontese × Chianina crossbred cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 1996. Vol. 113(1–6). P. 157–162.
24. Puja I.K., Wandia I.N., Sulabda I.N., Suastika P. Correlation analysis of microsatellite DNA markers with body size, length, and height of Bali cattle. *Global Veterinaria*. 2013. Vol. 11(5). P. 689–693.
25. Rogberg-Muñoz A., Melucci L., Prando A., Villegas-Castagnasso E.E., Ripoli M.V., Peral-García P., Giovambattista G. Association of bovine chromosome 5 markers with birth and weaning weight in Hereford cattle raised under extensive conditions. *Livestock science*. 2011. Vol. 135(2–3). P. 124–130.
26. Schrooten C., Bovenhuis H., Coppieters W., Van Arendonk J.A.M. Whole genome scan to detect quantitative trait loci for conformation and functional traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*. 2000. Vol. 83(4). P. 795–806.

27. Stone R.T., Keele J.W., Shackelford S.D., Kappes S.M., Koohmaraie M. A primary screen of the bovine genome for quantitative trait loci affecting carcass and growth traits. *Journal of Animal Science*. 1999. Vol. 77(6). P. 1379–1384.
 28. М'ясне скотарство в степовій зоні України / Ю.В. Вдовиченко, В.І. Вороненко, В.О. Найдьонова, Л.О. Омельченко. Нова Каховка : ПИЕЛ, 2012. 308 с.
 29. Yang G.Z., Yang C.J., Ge J., Hao R.C., Li Y.K., Zhang Y.P., Zan L.S. Effect of Microsatellite Marker on Bull Meat Traits. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 2012. Vol. 11(3). P. 318–322.
 30. Zabolewicz T., Czarnik U., Strychalski J., Pareek C.S., Pierzchała M. The association between microsatellite *Bm6438* and milk performance traits in Polish Holstein-Friesian cattle. *Czech Journal of Animal Science*. 2011. Vol. 56(3), P. 107–113.
 31. Zane L., Bargelloni L., Patarnello T. Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular ecology*. 2002. Vol. 11(1), P. 1–16.
 32. Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов. *Достижения науки и техники АПК*. 2011. №. 9. С. 19–20.
-