4. МУК 4.2.1890-04 Определение чувствительности микроорганизмов к антибактериальным препаратам. Методические указания. Введ. 2004-04-03. М., 2004 23с
5. Оспанова, А.К. Метод мультислойной сборки как альтернатива антибактериальным покрытиям медико-биологических имплантатов / А.К. Оспанова, Р.А. Омарова, У.А. Абдуразаков, Р.Н. Жартыбаев, М.К. Исакова, Б.Е. Савденбекова, М.А. Амхадова // Стоматология. – 2016. – №95(1). – С. 9-13.
6. Пасатецкая Н. А., Кипенко А. В., Лопатин А. И., Полякова Е. М., Лопатина Е. В. Сравнительный анализ влияния фосфомицина и ванкомицина на рост ткани кости в условиях органотипического культивирования // Волгоградский научно-медицинский журнал 4/2016. – С. 44.
7. Полякова Е.М., Божкова С.А. Сравнительная характеристика фенотипической и генотипической устойчивости к аминогликозидам штаммов *staphylococcus aureus*, выделенных в травматолого-ортопедическом стационаре // Клиническая лабораторная диагностика, № 11, 2015. – С. 50.
8. Grigoreva M.V. Polyurethane composites as drug carriers: release patterns as drug carriers: release patterns // BIOTECHNOLOGIA ACTA, V. 6, No 5, 2013. – P. 41.

Наметов А.М.¹, Шамшидин А.С.¹, Бейшова И.С.¹, Ковальчук А.М.¹, Поддудинская Т.В.²

Межпородный анализ генетической структуры по генам гормона роста и инсулиноподобного фактора роста-1 крупного рогатого скота, разводимого на территории Республики Казахстан

¹НАО «Западно-Казахстанский аграрно-технический университет имени Жангир хана»
(Казахстан, Уральск)

²РГП на ПХВ «Костанайский государственный университет имени А. Байтурсынова»
(Казахстан, Костанай)

doi: 10.18411/lj-08-2020-18

idsp: ljjournal-08-2020-18

Аннотация

Целью нашей работы было провести межпородный анализ генетической структуры по генам гормона роста (*bGH*) и инсулиноподобного фактора роста-1 (*bIGF-1*) крупного рогатого скота, разводимого на территории Республики Казахстан. Генотипы животных были определены методом ПЦР-ПДРФ, для обработки полученных результатов были использованы методы генетико-статистического анализа. Определены частоты аллелей и генотипов генов *bGH* и *bIGF-1* у четырех пород крупного рогатого скота, разводимого в Казахстане (абердин-ангус, герефордской, голштинской и черно-пестрой). Во всех исследуемых популяциях по полиморфизму гена гормона роста преобладал аллель *bGH-AluI^L*. Частоты аллеля *bGH-AluI^L* варьировали от 0,513 до 0,801, генотипов *bGH-AluI^{LL}* – от 29,20% до 64,06%, *bGH-AluI^{LV}* – от 28,79% до 44,30%. Максимальная частота *bGH-AluI^L* аллеля и *bGH-AluI^{LL}* генотипа отмечена у голштинской породы (0,801 и 64,06%). По полиморфизму *bIGF-1-SnaBI* у представителей пород абердин-ангус и голштинская более распространенным был аллель *bIGF-1-SnaBI^A* (0,529 и 0,598). У герефордской породы его частота составила 0,394, у черно-пестрой – 0,353. У большинства исследуемых пород наиболее часто встречался генотип *bIGF-1-SnaBI^{AB}* (47,67-54,55%), исключение составила черно-пестрая порода, где наиболее распространены животные с генотипом *bIGF-1-SnaBI^{BB}* (46,16%). Для отдельных групп было показано достоверное отличие наблюдаемого распределения генотипов от ожидаемого, в основном в сторону снижения гетерозиготности.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, ген гормон роста (*bGH*), ген инсулиноподобного фактора роста-1 (*bIGF-1*).

Abstract

The aim of our work was to carry out an interbreed analysis of the genetic structure for the genes of growth hormone (*bGH*) and insulin-like growth factor-1 (*bIGF-1*) of cattle bred

in the territory of the Republic of Kazakhstan. The genotypes of animals were determined by the PCR-RFLP method; the methods of genetic-statistical analysis were used to process the results obtained. The frequencies of alleles and genotypes of the bGH and bIGF-1 genes were determined in four breeds of cattle bred in Kazakhstan (Aberdeen Angus, Hereford, Holstein, and Black and White). In all studied populations, the bGH-AluIL allele prevailed in growth hormone gene polymorphism. The frequencies of the bGH-AluIL allele varied from 0.513 to 0.801, of the bGH-AluILL genotypes - from 29.20% to 64.06%, and bGH-AluILV - from 28.79% to 44.30%. The maximum frequency of the bGH-AluIL allele and the bGH-AluILL genotype was observed in the Holstein breed (0.801 and 64.06%). According to the bIGF-1-SnaBI polymorphism, the bIGF-1-SnaBIA allele (0.529 and 0.598) was more common in the representatives of the Aberdeen-Angus and Holstein breeds. In the Hereford breed, its frequency was 0.394, in the black-and-white breed - 0.353. In most of the studied breeds, the bIGF-1-SnaBIAB genotype was most frequently encountered (47.67-54.55%), with the exception of the black-and-white breed, where animals with the bIGF-1-SnaBIBB genotype are most common (46.16%). For individual groups, a significant difference between the observed distribution of genotypes and the expected one was shown, mainly towards a decrease in heterozygosity.

Key words: cattle, growth hormone (bGH) gene, insulin-like growth factor-1 (bIGF-1) gene.

Введение

Повышенный интерес к изучению генетического полиморфизма у сельскохозяйственных животных вызван тем, что с его помощью по фенотипу без проведения гибридологических скрещиваний у медленно размножающихся животных можно судить об их генетике [1]. Ряд разработок в этой области успешно используют для повышений эффективности селекции сельскохозяйственных животных.

С использованием ДНК-маркеров возможна массовая оценка генетического материала на наличие желательных аллельных сочетаний генов, связанных с продуктивностью и наследственными заболеваниями. Проблема скрининга племенной продукции сейчас, в условиях интенсивного завоза племенных животных из-за рубежа, особенно актуальна. Это относится как к широко распространённым наследственным заболеваниям, так и к генетическим полиморфизмам, ассоциированным с повышенным уровнем продуктивности у сельскохозяйственных животных [2-4].

Генетическое маркирование позволяет более детально оценить индивидуальные и групповые особенности животных. Использование генетического мониторинга в дополнении к традиционным зоотехническим методам дает возможность определения верных, и самое главное, наиболее эффективных путей решения поставленных задач при ведении селекционно-племенной работы, что является залогом экономического благополучия и повышения конкурентоспособности производства. По расчетам некоторых специалистов совокупность этих мероприятий позволяет повысить эффективность селекции до 30% [5-7].

Ген гормона роста (*bGH*) локализован на 19-й хромосоме, играет ключевую роль в регуляции синтеза белков, делении клеток, роста организма, а также характеризуется лактогенным действием и влияет на процессы мобилизации жира в организме. AluI-рестрикционный полиморфизм в пятом экзоне гена связан с трансверсией С-Г, что приводит к аминокислотной замене лейцина (Leu) на валин (Val) в белковом продукте гена, способствует повышению темпов прироста массы тела животного, а у лактирующих животных – лактации [8, 9]. Ген инсулиноподобного фактора-1 (*bIGF-1*), полиморфизм которого связан с признаками мясной и молочной продуктивности, у представителей вида *Bos taurus* находится на 5-й хромосоме. Наиболее изученной формой полиморфизма *bIGF-1* является Т→С однонуклеотидный полиморфизм, распознаваемый SnaBI-рестриктазой, который находится в 5' фланкирующей области первого экзона [10-13]. Инсулиноподобный фактор роста-1 является важнейшим

эндокринным посредником действия соматотропного гормона, поэтому несомненной является роль гена *bIGF-1* в оценке генетического потенциала по хозяйственно-полезным признакам крупного рогатого скота.

У крупного рогатого скота выявлен широкий набор аллелей генов гормона роста и инсулиноподобного фактора роста-1, представляющих интерес для маркер-ассоциированной селекции (MAS-селекции) в качестве генетических маркеров хозяйственно полезных признаков. Однако в ряде случаев опубликованные данные об ассоциации аллелей этих генов с признаками продуктивности, полученные на разных породах, трудно сопоставимы и противоречат друг другу [14], а для значительной части выявленных аллелей такие исследования не проводились.

С другой стороны, основным критерием оценки животных всегда являлось генетическое биоразнообразие. Ограничение биоразнообразия внутри вида или породы приводило к ограничению ее использования или к возникновению новых мутаций, что позволяло и дальше применение данной популяции. А так как скотоводство – это, прежде всего породы, то пренебрежительное отношение к объективным законам природы вызывает прогрессирующую эрозию генофонда отечественных пород. Темпы сокращения генетического разнообразия настолько серьезны, что увеличение численности животных той или иной породы не в состоянии сдержать интенсивность этого процесса. Постоянный импорт скота из-за рубежа привел к формированию однотипного стада. Поэтому огромное значение при изучении пород и оценке перспектив применения современных методов MAS-селекции на конкретном поголовье приобретает оценка частот встречаемости потенциальных генетических маркеров хозяйственно-полезных признаков в популяциях современных пород.

Целью нашей работы было провести межпородный анализ генетической структуры по генам *bGH* и *bIGF-1* у крупного рогатого скота, разводимого на территории Республики Казахстан.

Материалы и методы

Материалом для исследования послужили образцы крови и волосяных луковиц, отобранных от крупного рогатого скота мясного (герефорд, $n = 198$, абердин-ангус $n = 192$) и молочного (голландская, $n = 128$, черно-пестрая, $n = 143$) направления.

Выделение ДНК проводилось коммерческими наборами «Pure Link Genomic DNA Kits» и «ДНК-Экстрен-2» согласно протоколам фирм производителей. Определение генотипов осуществлялось методом ПЦР-ПДРФ. Для амплификации фрагментов генов *bGH* и *bIGF-1* использовали следующие пары праймеров, синтезированные ЗАО «Синтол» (Россия):

bGH F: 5'-ccgtgtctatgagaagc-3';

bGH R: 5'-gttcttgagcagcgcggt-3' [15];

bIGF-1 F: 5'-attacaaagctgcctgcccc-3';

bIGF-1 R: 5'-accttaccggtatgaaaggaataacgt-3' [16].

ПЦР проводили в следующих режимах:

- для гена *bGH* первый этап - 5 мин. 95°C. Далее 45 циклов в режиме: 95°C – 30 сек - денатурация; отжиг праймеров – 1 мин - при температуре 61°C; синтез ДНК - 72°C – 1 мин. Достройка при 72°C – 10 мин;
- для гена *bIGF-1* первый этап - 5 мин. 95°C. Далее 40 циклов в режиме: 94°C – 30 сек - денатурация; отжиг праймеров – 30 сек – при температуре 62°C; синтез ДНК - 72°C – 30 сек. Достройка при 72°C – 10 мин.

Продукт амплификации гена гормона роста имеет длину 428 п.н., инсулиноподобного фактора роста-1 - 249 п.н. Амплификаты гена гормона роста расщепляли эндонуклеазами рестрикции *AluI*, гена инсулиноподобного фактора роста-1 - *SnaBI*, изготовленными компанией «Thermo Fisher Scientific». Характеристика фрагментов рестрикции аллельных вариантов генов *bGH* и *bIGF-1* представлена в таблице 1.

Таблица 1

Характеристика фрагментов рестрикции аллельных вариантов генов *bGH*, *bIGF-1*

Ген	Генотипы	Длина фрагментов рестрикции (п.н.)
<i>bGH</i>	<i>bGH</i> -AluI ^{LL}	265, 96, 51, 16
	<i>bGH</i> -AluI ^{LV}	265, 147, 96, 51, 16
	<i>bGH</i> -AluI ^{VV}	265, 147, 16
<i>bIGF-1</i>	<i>bIGF-1</i> -SnaBI ^{AA}	223, 26
	<i>bIGF-1</i> -SnaBI ^{AB}	249, 223, 26
	<i>bIGF-1</i> -SnaBI ^{BB}	249

Исследование генетической структуры анализируемых популяций включает сравнение выборок по распределению частот аллельных вариантов генов гормона роста и инсулиноподобного фактора роста-1, а также оценку соответствия распределения частот генотипов теоретически ожидаемому в соответствии с законом Харди-Вайнберга. Для обработки полученных результатов использовали методы генетико-статистического анализа [16].

Результаты

Анализ генетической структуры по данным генотипирования образцов ДНК ской, герефордской, голштинской и черно-пестрой пород по полиморфизмам *bGH*-AluI и *bIGF-1*-SnaBI позволяет оценивать уровень генетического разнообразия. Результаты генотипирования животных по исследуемым полиморфизмам приведены в таблице 2.

Таблица 2

Частоты генотипов полиморфных генов *bGH* и *bIGF-1* в выборках крупного рогатого скота мясного и молочного направления

Полиморфизм	<i>bGH</i> -AluI			<i>bIGF-1</i> -SnaBI		
Генотип	LL	LV	VV	AA	AB	BB
Абердин-ангус (n = 192)	56	85	51	50	82	40
Герефорд (n = 198)	107	57	34	24	108	66
Голштинская (n = 128)	82	41	5	43	67	18
Черно-пестрая (n = 143)	46	32	12	24	53	66

Оценка аллелофонда исследуемых популяций проводилась на основании рассчитанных частот аллелей исследуемых полиморфных генов гормона роста и инсулиноподобного фактора роста-1. Результаты расчетов, отражающие характер распределения аллелей исследуемых генов приведен в таблице 3.

Таблица 3

Распределение относительных частот аллелей исследуемых генов в выборках крупного рогатого скота мясного и молочного направления ($Q \pm SQ$)

Полиморфизм	<i>bGH</i> -AluI		<i>bIGF-1</i> -SnaBI	
Аллель	<i>bGH</i> -AluI ^L	<i>bGH</i> -AluI ^V	<i>bIGF-1</i> -SnaBI ^A	<i>bIGF-1</i> -SnaBI ^B
Абердин-ангус	0,513±0,003	0,487±0,003	0,529±0,003	0,471±0,003
Герефорд	0,684±0,002	0,316±0,002	0,394±0,002	0,606±0,002
Голштинская	0,801±0,003	0,199±0,003	0,598±0,003	0,402±0,003
Черно-пестрая	0,689±0,004	0,311±0,004	0,353±0,003	0,647±0,003

Примечание – Различие между породами значимо при $P < 0,05$.

Из таблицы 3 видно, что аллель *bGH*-AluI^L является наиболее распространенным по сравнению с аллелем *bGH*-AluI^V во всех исследуемых группах. Частота аллеля *bGH*-AluI^L варьирует от 0,513 до 0,801. Максимальное содержание *bGH*-AluI^L аллеля отмечено у крупного рогатого скота голштинской породы, минимальное – у породы абердин-ангус. Эти данные соотносятся и с результатами исследований, проводимыми зарубежными учеными на других популяциях крупного рогатого скота. Так, у КРС пород мясного направления продуктивности частота аллеля *bGH*-AluI^L варьирует от 0,642 до 0,900, молочного направления – от 0,720 до 0,936 [17-25]. Это позволяет

Частоты генотипов гена *bGH* различаются у исследованных пород. Частоты генотипа *bGH*-AluI^{LL} варьируют от 29,20 % до 64,06 %, *bGH*-AluI^{LV} – от 28,79 % до 44,30 %. Следует отметить, что во всех исследуемых группах редко встречаются животные с генотипом *bGH*-AluI^{VV}, так, его частота варьирует от 3,91 % до 26,50 %. Соотношение наблюдаемых и ожидаемых частот генотипов у большинства исследованных пород соответствовало равновесию Харди-Вайнберга. Однако в группе герефордской породы было показано статистически значимое отклонение распределения частот в сторону снижения гетерозиготности. Полученные данные могут свидетельствовать в пользу того, что гетерозиготные по данному полиморфизму особи по каким-то причинам элиминируются в ходе отбора.

Относительно полиморфизма *bIGF-1*-SnaBI распределение генотипов отличается в исследуемых группах. У большинства пород наиболее часто встречается генотип *bIGF-1*-SnaBI^{AB}, его частота варьирует от 47,67 % до 54,55 %, исключение составляет черно-пестрая порода, где наиболее распространены животные с генотипом *bIGF-1*-SnaBI^{BB} (46,16 %), а за ними следуют животные с генотипом *bIGF-1*-SnaBI^{AB} (37,06 %). У животных пород абердин-ангус и голштинская показана наименьшая частота генотипа *bIGF-1*-SnaBI^{BB} (23,26 % и 14,06 %), а у герефордской и черно-пестрой пород – наименьшая частота генотипа *bIGF-1*-SnaBI^{AA} (12,12 % и 16,78 %).

Также следует отметить, что по полиморфизму *bIGF-1*-SnaBI распределение генотипов в популяциях герефордской и черно-пестрой пород значимо отклоняется от теоретически ожидаемого по закону Харди-Вайнберга. Превышение количества наблюдаемых в популяции герефордов гетерозигот *bIGF-1*-SnaBI^{AB} (54,55% наблюдаемых по отношению к 47,74% теоретически ожидаемых по закону Харди-Вайнберга) позволяет предположить ассоциацию этого генотипа с некоторыми селекционными преимуществами у животных носителей. В группе черно-пестрой породы, наоборот, отмечено понижение гетерозиготности у (37,06 % наблюдаемых по отношению к 45,45 % теоретически ожидаемых).

Закключение

Таким образом, межпородный анализ генетической структуры позволил выявить следующее. Во всех исследуемых популяциях по полиморфизму гена гормона роста преобладал аллель *bGH*-AluI^L. Частоты аллеля *bGH*-AluI^L варьировали от 0,513 до 0,801, генотипов *bGH*-AluI^{LL} – от 29,20 % до 64,06 %, *bGH*-AluI^{LV} – от 28,79 % до 44,30 %. Максимальная частота *bGH*-AluI^L аллеля и *bGH*-AluI^{LL} генотипа отмечена у голштинской породы (0,801 и 64,06 %). По полиморфизму *bIGF-1*-SnaBI у представителей пород абердин-ангус и голштинская более распространенным был аллель *bIGF-1*-SnaBI^A (0,529 и 0,598). У герефордской породы его частота составила 0,394, у черно-пестрой – 0,353. У большинства исследуемых пород наиболее часто встречался генотип *bIGF-1*-SnaBI^{AB} (47,67-54,55 %), исключение составила черно-пестрая порода, где наиболее распространены животные с генотипом *bIGF-1*-SnaBI^{BB} (46,16 %). Для отдельных групп было показано достоверное отличие наблюдаемого распределения генотипов от ожидаемого, в основном в сторону снижения гетерозиготности.

Данная работа выполнялась в рамках проектов грантового финансирования Министерства образования и науки Республики Казахстан на МОН РК 2018-2020 гг.

«Complex genetic marking of meat productivity in cattle of Hereford and Angus breeds of Kazakhstan selection for genes that regulate growth rates» (№ государственной регистрации 0118PK00396) и «Development and implementation of a comprehensive program to improve productive longevity of high yielding cows of local selection» (№ государственной регистрации AP05135046).

1. Шадманов, С.И. Полиморфные системы крови крупного рогатого скота и аспекты их использования в селекции [Текст] / С.И. Шадманов // Ташкент: Мехнат, 1986. - 127с.

2. Эрнст, Л.К. Современное состояние и перспективы биотехнологии сельскохозяйственных животных [Текст] / Л.К. Эрнст // Зоотехния. - 2008. - № 1. - С. 11-12.
3. Калашникова, Л.А. Современное состояние и проблемы использования методов анализа ДНК в генетической экспертизе племенных животных [Текст] / Л.А. Калашникова // Аграр. Россия. - 2002. - № 5. - С. 7-11.
4. Калашникова, Л.А. ДНК-технологии оценки сельскохозяйственных животных [Текст] / Л.А. Калашникова, И.М. Дунин, В.И. Глазко, Н.В. Рыжова, Е.П. Голубина. // Лесные Поляны: Изд-во ВНИИПлем, 1999. - 148 с.
5. Букаров, Н.Г. Новый уровень познания маркерных генов групп крови скота [Текст] / Н.Г. Букаров, Е.Ю. Лебедев, И.М. Морозов // Молочное и мясное скотоводство. - 2005. - №7. - С. 39-41.
6. Попов, Н.А. Аллелофонд пород крупного рогатого скота по ЕАВ-локусу [Текст] / Н.А. Попов, Г.В. Ескин // Справочный каталог, Москва, 2000. - 299 с.
7. Турбина, И.С. Характеристика быков-производителей по различным генетическим маркерам [Текст] / И.С. Турбина // дис. ... канд. биол. наук. Москва, 2006. - 112 с.
8. Россоха, В.И. Полиморфизм генов гормона роста и каппа-казеина крупного рогатого скота породы шароле [Текст] / В.И. Россоха, Н.Н. Шкавро, О.В. Дробязко // Сб. науч. тр./РУП «НПЦ НАН Б по животноводству». - 2014. - № 49. - С. 146-153.
9. Белая, Е.В. Ассоциация полиморфных генов соматотропинового каскада с признаками молочной продуктивности у крупного рогатого скота [Текст] / Е.В. Белая // дис. ... канд. биол. наук: специальность 03.02.07 Генетика, Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси».
10. Hines, H.C. Association of genetic markers in growth hormone and insulin-like growth factor I loci with lactation traits in Holsteins [Текст] / H.C. Hines, W. Ge, Q. Zhao, M.E. Davis // Animal Genetics. - 1998. - V.29. - P. 69-74.
11. Lien, S. A primary screen of the bovine genome for quantitative trait loci affecting twinning rate [Текст] / S. Lien, A. Karlsten, G. Klemetsdal, D.I. Vage, I. Olsaker, H. Klungland, M. Aasland, B. Heringstad, J. Ruane, L. Gomez-Raya // Mammalian Genome. - 2000. - V.11. - P.877-882.
12. Ruprechter, G. Metabolic and endocrine profiles and reproductive parameters in dairy cows under grazing conditions: effect of polymorphisms in somatotrophic axis genes [Текст] / G. Ruprechter, M. Carriquiry, J.M. Ramos, I. Pereira, A. Meikle // Acta Veterinaria Scandinavica. - 2011. - V.53. - P.35-44.
13. Siadkowska, E. Effect of polymorphism in IGF-1 gene on production traits in Polish Holstein-Friesian cattle [Текст] / E. Siadkowska, L. Zwierzchowski, J. Oprządek, N. Strzalkowska, E. Bagnicka, E. Krzyżewski // Animal Science Papers and Reports. - 2006. - V.24. - P.225-237.
14. Белая, Е.В. Комбинированные фенотипические эффекты полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада (bPit-1, bPRL, bGH, bGHR и bIGF-1) на признаки молочной продуктивности у крупного рогатого скота голштинской породы [Текст] / Е.В. Белая, М.Е. Михайлова, Н.В. Батин // Молекулярная и прикладная генетика: сб. науч. тр. - 2012. - Т. 13. - С. 36-43.
15. Skinkytė, R. Distribution of allele frequencies important to milk production traits in lithuanian black & white and lithuanian red cattle [Текст] / R. Skinkytė, L. Zwierzchowski, L. Riaubaitė, L. Baltrėnaitė, I. Miceikienė // Veterinarija ir zootechnika. - 2005. - T.31 (53). - P. 93-97.
16. Айала, Ф. Современная генетика [Текст] / Ф. Айала, Дж. Кайгер // М.: Мир, 1988. - 335 с.
17. Lucy, M.C. Variants of somatotropin in cattle: gene frequencies in major dairy breeds and associated milk production [Текст] / M.C. Lucy, S.D. Hauser, P.J. Eppard, G.G. Krivi, J.H. Clark, D.E. Bauman, R.J. Collier // Dom. Anim. Endocrin. - 1993. - V. 10. - P. 325-333.
18. Sadeghi, M. Association Between Gene Polymorphism of Bovine Growth Hormone and Milk Traits in the Iranian Holstein Bulls [Текст] / M. Sadeghi, M. Moradi Shahr-e-Babak, G. Rahimi, A. Nejati Javaremi // Asian Journal of Animal Sciences. - 2008. - V. 2(1). - P. 1-6.
19. Hartatik, T. Associations between polymorphism of growth hormone gene with milk production, fat and protein content in Friesian Holstein cattle [Текст] / T. Hartatik, D. Kurniawati // J.Indonesian Trop. Anim. Agric. - 2015. - V. 40(3). - P. 133-137.
20. Dolmatova, I.Yu. Association of Cattle Growth Hormone Gene Polymorphism with Milk Productivity [Текст] / I.Yu. Dolmatova, I.G. Ilyasov // Russian Journal of Genetics. - 2011. - V. 47. - №. 6. - P. 720-725.
21. Beishova, I. Assessment of pairwise combinations' association of polymorphic variants of the genes of bPIT-1, bGH, bGHR bIGF somatotrophic cascade with meat productivity of the cattle bred in Kazakhstan [Текст] / I. Beishova, A.M. Nametov, G.D. Chuzhebaeva, I.M. Tegza, A.V. Belaya // Journal of Pharmaceutical Sciences and Research. - 2018. - V. 10(8). - P.1906-1911.
22. Fedota, O.M. SNP L127V of growth hormone gene in breeding herd of aberdeen angus IN Kharkiv region, Eastern Ukraine [Текст] / O.M. Fedota, S.Yu. Ruban, N.G. Lysenko, A.I. Kolisnyk, I.V. Goraichuk, T.V. Tyzhnenko // Journal for Veterinary Medicine, Biotechnology and Biosafety. - 2016. - V. 2(3). - P.5-11.
23. Dybus, A. Polymorphism of the growth hormone gene in Limousine cattle [Текст] / A. Dybus, M. Kmiec, B. Wiśniewski, H. Wierzbicki // Czech J. Anim. Sci. - 2002. - V. 47 (2). - P. 76-79.

24. Седых, Т.А. Полиморфизм генов гормона роста и диацилглицерол-ацилтрансферазы у бычков мясных пород [Текст] / Т.А. Седых // Ученые записки УО ВГАБМ. – 2017. – Т.53(1). – С. 266-269.
25. Krasnopiorova, N. Growth hormone gene polymorphism and its influence on milk traits in cattle bred in lith [Текст] / N. Krasnopiorova, L. Baltreinaite, I. Miceikiene // Veterinarija ir Zootechnika. – 2012. – V. 58. – P. 42-46.
26. Nametov, A. Analysis of the Genetic Structure of the Hereford Population Bred in Kazakhstan [Текст] / A. Nametov, I. Beishova, A. Kovalchuk, T.Poddudinskaya, A. Belaya // Advances in Animal and Veterinary Sciences. – 2019. – V. 7(1). – P. 70-77.
27. Mehmannaavaz, Y. Association of IGF-1 gene polymorphism with milk production traits and paternal genetic trends in Iranian Holstein bulls [Текст] / Y. Mehmannaavaz, C. Amirinia, M. Bonyadi, R. Vaez Torshizi // African Journal of Microbiology Research. – 2010. – V.4. – P.110–114.
28. Nicolini, P. A polymorphism in the insulin-like growth factor 1 gene is associated with postpartum resumption of ovarian cyclicity in Holstein-Friesian cows under grazing conditions [Текст] / P. Nicolini, M. Carriquiry, A. Meikle // Acta Veterinaria Scandinavica. – 2013 – V. 55(11). – P.1-8.
29. Rogberg-Muñoz, A. Longitudinal analysis of the effects of IGF1-SnaBI genotypes on the growth curve of Angus bull calves [Текст] / A. Rogberg-Muñoz, J.C. Rodolfo Cantet, M.E. Fernández, J.P. Lirón, A. Prando, A.N. Birchmeier, M.V. Ripoli, G. Giovambattista // Livestock Science. – 2013. – V. 154. – P. 55-59.
30. Lirón, J.P. Association between GNRHR, LHR and IGF1 polymorphisms and timing of puberty in male Angus cattle [Текст] / J.P. Lirón, A. Prando, M.E. Fernández, M.V. Ripoli, A. Rogberg-Muñoz, D.E. Goszczynski, D.M. Posik, P. Peral-García, A. Baldo, G. Giovambattista // BMC Genetics. – 2012. –V. 13. – P. 26.

Пилипко Е.Н., Зарубина Л.В.

**Лесонарушение как материальный и экологический ущерб на территории
Вологодской области**

Вологодская государственная молочнохозяйственная академия имени Н.В.

Вережагина

(Россия, Вологда)

doi: 10.18411/lj-08-2020-19

idsp: ljjournal-08-2020-19

Аннотация

Рассмотрены некоторые аспекты лесонарушения в Вологодском регионе на примере Тотемского района. Выявлены основные нарушения материального и экологического характера. Сделан краткий анализ лесонарушений за период 2017 – 2019 годов. Приведены последствия экологического ущерба лесонарушений.

Ключевые слова: лесонарушения, материальный ущерб, экологический ущерб, лесовосстановление.

Abstract

Some aspects of forest trespass within the Vologda region are considered on the case of the Tot'ma district. The main violations of material and environmental nature were identified. A brief analysis of forest trespass for the period 2017 - 2019 is made. The environmental damage consequences of forest trespass are presented.

Keywords: forest trespass, material damage, environmental damage, reforestation.

Лесонарушение – виновное противоправное действие (бездействие), направленное на установленный порядок использования, охраны, защиты и воспроизводства лесов, на право лесной собственности, вещные и иные права граждан [5]. Действующий Лесной кодекс РФ не закрепил понятия лесонарушения и не содержит перечня хотя бы основных его видов.

Существует определенный узаконенный порядок лесопользования. Нарушение его может быть выражено в различных аспектах: невыполнение правил заготовки древесины, либо заготовка не древесных материалов, таких как пни, кора деревьев и тому подобное. В настоящее время регламентирован порядок заготовки пищевых