

Животноводство и кормопроизводство. 2022. Т. 105, № 3. С. 47-55.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2022. Vol. 105, no 3. P. 47-55.

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

Научная статья
УДК 636.082:636.082.11
doi:10.33284/2658-3135-105-3-47

Генотипирование скота герефордской породы по генам GHR, IGF-1 и GDF5

Марина Павловна Дубовскова¹

¹Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, Оренбург, Россия
¹dubovskova.m@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6915-4647>

Аннотация. В результате генотипирования скота герефордской породы выявлена частота гетерозигот от $0,079 \pm 0,044$ (7,90 %) гена GDF5, до $0,316 \pm 0,075$ (31,6 %) гена IGF-I. Гетерозиготные генотипы (FY) с аллелем F гена GHR встречались в 2,3 раза чаще, чем гомозиготные варианты (FF). По гену GDF5 гетерозиготы с аллелем (T) имели в 1,5 раза большую частоту распространения в стаде, чем гомозиготы с этим аллелем. Частота встречаемости аллеля В гена IGF-1 составила $0,737 \pm 0,052$, гомозиготных генотипов (BB) было в два раза больше, чем гетерозиготных носителей аллеля В. Потомки по частоте встречаемости аллелей Т и В генов GDF5 и IGF-1 занимали промежуточное положение между коровами и быками. Степень наблюдаемой гетерозиготности у потомков была ниже на 19 % и на 10 %, чем у быков, а также ниже на 10 % и 3 %, чем у коров, по генам IGF-I и GDF5 соответственно. У потомства показатель отклонения частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой доли гетерозигот во всех генах-маркерах был отрицательный, что свидетельствует о консолидированности молодняка по изучаемым генетическим маркерам. Эффективное число аллелей по генам GHR, IGF-1 и GDF5 у потомства на 5-9 % меньше, чем у быков-производителей, что объясняется специфичным наследованием генетических профилей и характерным уровнем препотентности быков-производителей.

Ключевые слова: мясное скотоводство, герефордская порода, однонуклеотидный полиморфизм генов GHR, IGF-I и GDF5, частота генотипов, частота аллелей, гетерозиготы, гомозиготы

Благодарности: работа выполнена в соответствии с планом НИР на 2021-2023 гг. ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (№ 0526-2021-0001).

Для цитирования: Дубовскова М.П. Генотипирование скота герефордской породы по генам GHR, IGF-1 и GDF5 // Животноводство и кормопроизводство. 2022. Т. 105, № 3. С. 47-55. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-105-3-47>

BREEDING, SELECTION, GENETICS

Original article

Genotyping of Hereford cattle for GHR, IGF-1 and GDF5 genes

Marina P Dubovckova¹

¹Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, Orenburg, Russia
¹dubovskova.m@mail.ru, <http://orcid.org/0000-0001-6915-4647>

Abstract. As a result of genotyping of Hereford cattle, the frequency of heterozygotes varied from 0.079 ± 0.044 (7.90%) in GDF5 gene to 0.316 ± 0.075 (31.6%) in IGF-I gene. Heterozygous genotypes (FY)

with F allele occurred 2.3 times more than homozygous variants (FF) in GHR gene. According to the GDF5 gene, heterozygotes with T allele had a 1.5 times higher distribution frequency than homozygotes with this allele in the herd. The frequency of B allele in IGF-1 gene was 0.737 ± 0.052 , there were twice as many homozygous genotypes (BB) than heterozygous B allele carriers. Progeny occupied an intermediate position between cows and sires in terms of the frequency of T and B alleles in GDF5 and IGF-1 genes. The level of observed heterozygosity in progeny was lower by 19% and 10% than in sires, and also lower by 10% and 3% than in cows, respectively for IGF-I and GDF5 genes. The indicator of the frequencies deviation of heterozygous genotypes from the theoretically expected proportion of heterozygotes was negative in all genes marker in offspring, which indicates the consolidation of young animals according to the studied genetic markers. The effective number of alleles for the GHR, IGF-1 and GDF5 genes was 5-9% less in the progeny than in sires, which is explained by the specific inheritance of genetic profiles and the characteristic level of prepotency of sires.

Keywords: beef cattle breeding, Hereford breed, single nucleotide polymorphisms in GHR, IGF-I and GDF5 genes, genotype frequencies, allelic frequencies, heterozygous, homozygous

Acknowledgments: the work was performed in accordance to the plan of research works for 2021-2023 FSBRI FRC BST RAS (No. 0526-2021-0001).

For citation: Dubovckova MP. Genotyping of Hereford cattle for GHR, IGF-1 and GDF5 genes. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2022;105(3):47-55. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-105-3-47>

Введение.

Порода герефорд имеет особую ценность в России, поскольку она входит в тройку самых распространённых пород, а производство высококачественной говядины во многом зависит от её совершенствования (Дунин И.М. и др., 2020). Методы объективной оценки генетического потенциала продуктивности, совмещающие спектр информации о локусах количественных признаков (quantitative trait loci, QTL) и биологические возможности организма животных, позволяют значительно повысить эффективность селекции (Седых Т.А и др., 2020; Селионова М.И. и Плахтюкова В.Р., 2020; Новиков А.А. и др., 2021; Bhati M et al., 2020). Достижение нового селекционного уровня породы возможно при генотипировании скота по мясным генам-маркерам. Развитие технологий молекулярной генетики позволяет определить спектр эффективных маркеров продуктивности крупного рогатого скота, среди которых довольно значимыми являются гены, контролирующие скорость роста, обмена веществ, формирование габитуса животного. GHR – ген рецептора гормона роста, определяющий интенсивность роста, IGF-I – инсулиноподобный фактор роста, контролирующий содержание жира в теле, площадь мышечного глазка, среднесуточный прирост, биоконверсию корма в формирование мякоти туши и в целом обмен веществ в организме (Бейшова И.С., 2018а; Curi RA et al., 2005). Дифференцирующий фактор роста GDF5, у которого однонуклеотидный полиморфизм в 1 экзоне гена в позиции T586C ассоциируется формированием размера скелетной структуры и типа телосложения у разных пород мясного скота (Kolpakov VI et al., 2019; Liu Y et al., 2010).

Для построения генетических профилей при подборе родительских пар ценным материалом являются их потомки с оптимальной сочетаемостью генетических комплексов. Выявление стойких ассоциаций генокомплексов (генетических маркеров) у родителей и потомков обеспечивает эффективность прижизненной оценки генетического потенциала животных, а также характер наследования значимых генокомплексов (Tyulebaev SD et al., 2021). В исследованиях Юлдашбаева Ю.А. и Бейшовой И.С. (2020) приведён анализ генетической структуры скота абердин-ангусской породы казахстанской селекции по полиморфным генам соматотропинового каскада (bGH, bGHR и bIGF-1) в связи с фенотипическими эффектами, что создаёт условия для определения направленности отбора на повышение частоты встречаемости в стадах определённых аллелей, их комбинаций, ассоциированных с ценными признаками.

Цель исследования.

Определение структуры популяции герефордского скота по полиморфизму генов GHR, IGF-I и GDF5 и характера наследования генокомплексов от родителей к потомкам в условиях искусственного отбора в стаде.

Материалы и методы исследований.

Объект исследования. Бычки, тёлки, коровы и быки-производители герефордской породы.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями российских нормативных актов (1987 г.; Приказ Минздрава СССР No 755 от 12.08.1977 «О мерах по дальнейшему совершенствованию организационных форм работы с использованием экспериментальных животных») и «Guide for the Care and Use of Laboratory Animals» (National Academy Press, Washington, D.C., 1996). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

Схема эксперимента. Исследования проведены в ОАО (племенной завод) «Белокопанское» Ставропольского края. Были сформированы 3 группы: I группа – быки-производители (n=8), II группа – коровы (n=8), III группа – молодняк (n=22). Животные содержались по технологии мясного скотоводства. ДНК выделяли из крови животных, взятую из ярёмной вены, с использованием набора реагентов «DIAtomtmDNAprep». Выход ДНК составил 3-5 мкг/100 мкл с OD 260/280 от 1,6 до 2,0.

Оборудование и технические средства. Исследования выполнялись на оборудовании Лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий ВНИИОК-филиал ФГБНУ Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» (свидетельство ПЖ-77 № 008326 от 18.04.2018 г). ДНК выделяли с использованием набора реагентов «DIAtomtmDNAprep» (IsoGeneLab, Москва). Для проведения ПЦР применяли наборы «GenePakPCRCore» (IsoGeneLab, Москва).

Для оценки полиморфизма изучаемых генов проводили генотипирование методом ПЦР-ПДРФ на программируемом термоциклере «Терцик» (ДНК-технология, Россия) с использованием праймеров, синтезированных в НПФ «Литех»: GHR – (F: 5'-ata-tgt-agc-agt-gac-aat-at -3' и R: 5'-acg-ttt-cac-tgg-gtt-gat-ga -3'), IGF-1 – (F: 5'-att-caa-agc-tgc-ctg-cccc-3' и R: 5'-aca-cgt-atg-aaa-gga-act-3'), GDF5 – (F: 5'-tgt-ccg-atg-ctg-aca-gaa-agg-3' и R: 5'-gag-tga-ggt-taa-tcc-cag-ata-cca-3').

Для рестрикции амплифицированных участков генов использовали рестриктазы: для GHR – SspI, для IGF-1 – SnaBI, для GDF5 – MvaI. Полученные продукты разделяли методом горизонтального электрофореза в 1x трис-боратного буфера при напряжении 80 В в 2,5 %-ном агарозном геле с окрашиванием бромистого этидия. После чего гель анализировали в ультрафиолетовом свете на трансиллюминаторе «UVT-1», фотографирование с помощью системы «VITran v.1.0». Определение длины фрагментов проводили с помощью маркера молекулярных масс «GenePakR DNA Ladder M 50» (IsoGene Lab, Москва).

Статистическая обработка. Анализ данных проводили с использованием программы «Statistica 10» («Stat Soft Inc.», США) по алгоритмам непараметрической статистики. Соответствие наблюдаемых и ожидаемых генотипов генному равновесию проверяли методом хи-квадрат (χ^2).

Результаты исследований.

Исследование генетической структуры популяции позволило определить уровень её гетерозиготности в целом по стаду и в половозрастных группах. Частота аллеля F гена GHR у исследуемых животных в среднем составила $0,171 \pm 0,038$, причём гетерозиготные генотипы (FY) с этим аллелем встречались в 2,3 раза чаще, чем гомозиготные (FF) (табл. 1).

Таблица 1. Полиморфизм генов GHR, IGF-I и GDF5 у скота герефордской породы (n=38)
 Table 1. Polymorphism of GHR, IGF-I and GDF5 genes in Hereford cattle (n=38)

Ген / Gene	Генотип / Genotype	Частота генотипов/Genotype frequencies		Частота аллелей / Allelic frequencies	X ²
		наблюдаемая / observed	ожидаемая / expected		
GHR	YY	0,737±0,071 (73,7 %)	0,687	Y=0,829±0,038 F=0,171±0,038 (82,9% и 17,1 %)	4,67
	FY	0,184±0,063 (18,4 %)	0,284		
	FF	0,079±0,044 (7,90 %)	0,029		
IGF-I	AA	0,105±0,050 (10,5 %)	0,069	A=0,263±0,052 B=0,737±0,052 (26,3% и 73,7 %)	1,31
	AB	0,316±0,075 (31,6 %)	0,388		
	BB	0,579±0,080 (57,9 %)	0,543		
GDF5	CC	0,868±0,055 (86,8 %)	0,824	C=0,958±0,023 T=0,042±0,023 (95,8% и 4,2 %)	10,59
	CT	0,079±0,044 (7,9 %)	0,167		
	TT	0,053±0,036 (5,3 %)	0,009		

Аналогичная ситуация полиморфизма наблюдалась и по гену GDF5: гетерозиготы с аллелем Т имели в 1,5 раза большую частоту распространения в стаде, чем гомозиготы с этим аллелем. Следовательно, гетерозиготные генотипы способствуют генетическому разнообразию популяции и являются источником аллеля Т генов GHR и GDF5. Иная ситуация установлена по полиморфизму гена IGF-1. Частота встречаемости аллеля В была высокой и составила 0,737±0,052. Причём, гомозиготных генотипов ВВ было в два раза больше, чем гетерозиготных носителей аллеля В. В данном случае основным источником аллеля В являются гомозиготные генотипы.

Анализ наследования аллелей Т и В генов GDF5 и IGF-1 показал, что потомки по частоте их встречаемости занимали промежуточное положение между коровами и быками. Между тем, по гену GHR у потомков частота аллеля F была ниже, чем у родителей.

Генетическая изменчивость родителей и их потомков по SNP-маркерам определена с учетом значений генетических констант: наблюдаемой (H₀) и ожидаемой (H_e) гетерозиготности, теста гетерозиготности (D) и эффективного числа аллелей (N_e) (табл. 2).

Таблица 2. Уровень гетерозиготности по генам GHR, IGF1 и GDF5 у герефордского скота
 Table 2. The level of heterozygosity for the GHR, IGF1 and GDF5 genes in Hereford cattle

Ген / Gene	Группа / Group	Наблюдаемая гетерозиготность (H ₀) / Observed heterozygosity (H ₀)	Ожидаемая гетерозиготность (H _e) / Expected heterozygosity (H _e)	Оценка избытка гетерозигот (D)/Estimation of heterozygote excess (D)	Эффективное число аллелей (N _e) / Effective number of alleles (N _e)
GHR	Быки / Sires	0,37	0,30	0,23	1,44
	Коровы / Cows	0,00	0,37	-1,00	1,60
	Потомство/Progeny	0,18	0,24	-0,23	1,31
IGF-1	Быки / Sires	0,37	0,43	-0,13	1,75
	Коровы / Cows	0,37	0,30	0,23	1,44
	Потомство/Progeny	0,27	0,40	-0,31	1,66
GDF5	Быки / Sires	0,00	0,22	-1,00	1,28
	Коровы / Cows	0,12	0,12	0,07	1,13
	Потомство/Progeny	0,09	0,16	-0,45	1,20

Разнообразие популяции по изучаемым ген-маркерам более выражена у родителей, чем у потомков. Установлено, что степень наблюдаемой гетерозиготности генов GHR и IGF-1 у потомков была ниже, чем у быков на 19 % и на 10 % и чем у коров по генам IGF-1 и GDF5 на 10 % и 3 %

соответственно. Вероятно, снижение фактической гетерозиготности генетической структуры связано с более выраженным давлением искусственного отбора в популяции потомков.

Уровень фактической и ожидаемой гетерозиготности у половозрастных групп свидетельствует о различном характере её распределения в изучаемых генах. Так, у быков-производителей наблюдаемая гетерозиготность изменялась от 0 по гену GDF5 до 0,389 – по генам GHR и IGF-1. Ожидаемая гетерозиготность в группе быков по этим генам изменялась в пределах 0,22-0,43. У коров по гену IGF-1 фактическая гетерозиготность на 23,3 % выше, чем ожидаемая, что определило положительную оценку избытка гетерозигот.

В процессе исследований выявлено, что у потомства показатель отклонения частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой доли гетерозигот во всех генах-маркерах был отрицательный. Дефицит гетерозигот свидетельствует о консолидированности молодняка по изучаемым генетическим маркерам. Установлено, что по сравнению с потомством большее эффективное число аллелей характерно для родителей. Наследование структуры аллельных профилей неоднозначно – эффективное число аллелей по генам GHR, IGF1 и GDF5 у потомства на 5-9 % меньше, чем у быков-производителей. Вероятно, это связано со специфичным наследованием генетических профилей и характерным уровнем препопентности быков-производителей.

Обсуждение полученных результатов.

Определение генетической характеристики быков-производителей, коров и их потомков по аллельному профилю ген-маркеров мясной продуктивности позволило выявить наличие и частоту аллелей и, соответственно, частоту желательных генотипов. В доступной информации гены GHR, IGF-1 и GDF5 рассматриваются как гены-кандидаты для QTL, влияющие на накопление в теле питательных веществ, рост и формирование организма. Установлено, что частота аллеля F гена GHR у исследуемых животных в среднем составила $0,171 \pm 0,038$, причём гетерозиготные генотипы (FY) с этим аллелем встречались в 2,3 раза чаще, чем гомозиготные FF. Литературные данные свидетельствуют о самой различной частоте встречаемости генотипов и аллелей генов-маркеров мясной продуктивности: кальпаина (CAPN1), тиреоглобулина (TG5), гормона роста (bGH), лептина (LEP) и других. Так, в ходе исследования Седых Т.А. (2020) установлено, что частоты встречаемости аллелей T и C гена TG5 составили у герефордского скота 0,75 и 0,25 и у лимузинского – 0,65 и 0,35 соответственно. В аналогичных исследованиях популяции герефордского скота, разводимого в Сибири, установлено, что 65-76 % животных имеют генотип CC, гетерозиготный генотип встречается от 20 до 35 %, носители желательного генотипа TT (2 %) выявлены только в одном стаде. В исследованиях Шарипова А.А. с коллегами (2014) определено, что у герефордской породы не было обнаружено ни одной особи с генотипом TT. В наших исследованиях гетерозиготные генотипы способствуют генетическому разнообразию популяции и являются источником благоприятных аллелей генов GHR и GDF5.

В проведённых нами исследованиях установлено, что по сравнению с потомством большее эффективное число аллелей характерно для родителей. При этом эффективное число аллелей по генам GHR, IGF-1 и GDF5 у потомства на 5-9 % меньше, чем у быков-производителей. В наших, ранее проведённых исследованиях (Дубовскова М.П. и Герасимов Н.П., 2021), в динамике поколений (III и IV) степень гомозиготности снижалась по генам GH и TG5 на 4,4 % и на 41,7 % соответственно. При этом число эффективных аллелей увеличилось на 0,213 и на 0,11, что способствовало целенаправленному отбору селекционного материала. Вероятно, характер наследования эффективных аллелей в поколениях и от родителей потомкам зависит от конкретного генетического маркера.

Бейшовой И.С. с соавторами (2018б) для более выраженного фенотипического эффекта у молодняка предложено использовать генетические маркеры, представляющие собой диплотипы, которые по отдельности не ассоциированы с признаками мясной продуктивности, но в парных сочетаниях могут проявлять повышенный или пониженный статистически значимый фенотипический эффект по сравнению с общей выборкой. Генетическими маркерами у скота аулиекольской

породы служили гены соматотропинового каскада, белковые продукты которых являются ключевыми звеньями одной цепи (bPit-1, bGH, bGHR, bIGF-1). Авторы считают, что такие сочетания могут быть применены в качестве генетических маркеров продуктивности в селекционных программах (Бейшова И.С., 2018б). Наличие представленной информации свидетельствует о целесообразности использования нами генов-маркеров мясной продуктивности для внутривоупуляционной генетики по селекционируемым признакам.

Заключение.

В результате проведенных исследований в популяции герефордов установлена частота генотипов и аллелей генов-маркеров мясной продуктивности GHR, IGF-I и GDF5. Выявлена генетическая изменчивость родителей и их потомков по SNP-маркерам с учётом значений генетических констант: наблюдаемой (H_0) и ожидаемой (H_e) гетерозиготности, теста гетерозиготности (D) и эффективного числа аллелей (N_e). Установлено внутривоупуляционное разнообразие генетической структуры стада герефордского скота по полиморфизму генов GHR, IGF-I и GDF5 и наследование структуры аллельных профилей от родителей потомкам. Для селекционных целей в данной популяции рационально использовать генетический маркер IGF-I, на что будут направлены дальнейшие исследования в поколениях животных. Таким образом, генетическая характеристика популяции, ее изменчивость, наличие и динамика эффективного числа аллелей, частота желательных генотипов формируют давление селекционного отбора и способствуют созданию стада современной селекции.

Список источников

1. Бейшова И.С. Полиморфизмы генов соматотропинового каскада, ассоциированные с мясной продуктивностью коров казахской белоголовой породы // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. 2018а. № 1. С. 58-62. [Bejshova IS. Gene of somatotropin cascade polymorphisms, associated with beef productivity of kazakh white-headed breed cows. Bulletin Samara State Agricultural Academy. 2018a; 1:58-62. (In Russ.)]. doi: 10.12737/20419
2. Бейшова И.С. Фенотипические эффекты генов соматотропинового каскада, ассоциированных с мясной продуктивностью у коров казахской белоголовой породы // Известия Самарской государственной сельскохозяйственной академии. 2018б. № 1. С. 48-53. [Bejshova IS. Phenotypic effects of somatotroponogo cascade genes associated with beef productivity of kazakh white-headed breed cows. Bulletin Samara State Agricultural Academy. 2018b;1:48-53. (In Russ.)]. doi: 10.12737/20417
3. Дубовскова М.П., Герасимов Н.П. Характеристика генетической структуры стада племенных бычков герефордской породы по полиморфизму генов GH (С. 2141С>G) и TG5 (С. -422С>Т) в динамике поколений // Животноводство и кормопроизводство. 2021. Т. 104. № 4. С.47-56. [Dubovskova MP, Gerasimov NP. Characteristics of genetic structure of the herd of breeding bulls of the Hereford breed by polymorphism of genes GH (c. 2141C> G) and TG5 (c. -422C> T) in the dynamics of generations. Animal Husbandry and Fodder Production. 2021;104(4):47-56. (In Russ.)]. doi: 10.33284/2658-3135-104-4-47
4. Качество туш мясного скота различных генотипов по гену тиреоглобулина (TG5) / Т.А. Седых, Л.А. Калашникова, Р.С. Гизатуллин, В.И. Косилов // Зоотехния. 2020. № 7. С. 4-8. [Sedykh TA, Kalashnikova LA, Gizatullin RS, Kosilov VI. The quality of carcasses of beef cattle of different genotypes of the thyroglobulin (Tg5) gene). Zootechniya. 2020;7:4-8. (In Russ.)]. doi: 10.25708/ZT.2020.98.58.002
5. Молекулярно-генетические аспекты селекции мясного скота по мраморности мяса / А.А. Шарипов, Ш.К. Шакиров, Л.И. Юльметьева, Ю.Р. Гафурова // Вестник мясного скотоводства. 2014. Т. 2(85). С. 59-64. [Sharipov AA, Shakirov ShK, Yulmeteva YuR, Gafurova LI. Molecular and genetic aspects of selection of beef cattle according to meat marbling. Herald of Beef Cattle Breeding. 2014;2(85):59-64. (In Russ.)].

6. Новиков А.А., Семак М.С., Калашникова Л.А. Необходимость совершенствования системы генетической экспертизы племенной продукции в Российской Федерации // Зоотехния. 2021. № 6. С. 2-6. [Novikov AA, Semak MS, Kalashnikova LA. The need to improve the system of genetic expertise of breeding products in the Russian Federation. Zootechniya. 2021;6:2-6. (*In Russ.*)]. doi: 10.25708/ZT.2021.17.85.001

7. Оценка ассоциации парных сочетаний полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада BPIT-1, bGH, bGHR и bIGF с мясной продуктивностью крупного рогатого скота аулиекольской породы казахстанской селекции / И.С. Бейшова, Е.В. Белая, В.П. Терлецкий, В.В. Траисов, В.И. Косилов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2018. № 1 (69). С.160-164. [Beishova IS, Belaya YV, Terletsky VP, Traisov BB, Kosilov VI. Assessment of the association of pair combinations of polymorphic variants of genes of the somatotrophic cascade of BPIT-1, bGH, bGHR and bIGF with beef performance of auliokol cattle of kazakhstan selection. Izvestia Orenburg State Agrarian University. 2018;1(69):160-164. (*In Russ.*)].

8. Полиморфизм гена соматотропного гормона в связи с качеством туш мясного скота / Т.А. Седых, Р.С. Гизатуллин, И.Ю. Долматова, И.В. Гусев, Л.А. Калашникова // Российская сельскохозяйственная наука. 2020. № 2. С. 53-57. doi: 10.31857/S2500-2627-2020-2-53-57 [Sedykh TA, Gizatullin RS, Dolmatova IYu, Gusev IV, Kalashnikova LA. Growth hormone gene polymorphism in relation to beef cattle carcass quality. Russian Agricultural Sciences. 2020;46:289-294. (*In Russ.*)]. doi: 10.3103/S1068367420030167

9. Селионова М.И., Плахтыюкова В.Р. Мясная продуктивность бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам CAPN1 и GH // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 4. С. 9-12. [Selionova MI, Plakhtyukova VR. Meat productivity of kazakh whiteheaded steers of different genotypes by genes CAPN1 and GH. Dairy and Beef Cattle Farming. 2020;4:9-12. (*In Russ.*)]. doi: 10.33943/MMS.2020.96.35.003

10. Состояние мясного скотоводства в Российской Федерации: реалии и перспективы / И.М. Дунин, С.Е. Тяпугин, Р.К. Мещеров, В.П. Ходыков, В.К. Аджибеков, Е.Е. Тяпугин, А.В. Дюльдина // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 2. С. 2-7. [Dunin IM, Tyapugin SE, Meshcherov RK, Hodykov VP, Adzhibekov VK, Tyapugin EE, Dyuldina AV. Condition of meat cattle breeding in the Russian Federation: realities and prospects. Dairy and Beef Cattle Farming. 2020;2:2-7. (*In Russ.*)]. doi: 10.33943/MMS.2020.40.30.001

11. Юлдашбаев Ю.А., Бейшова М.С., Ковальчук А.М. Влияние полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада bGH, bGHR и bIGF-1 на признаки мясной продуктивности у крупного рогатого скота мясного направления казахстанской селекции // Доклады ТСХА: сб. ст. М.: Изд-во РГАУ-МСХА, 2020. Вып. 292. Ч. IV. С. 613-617. [Juldashbaev JuA, Bejshova MS, Koval'chuk AM. Vliyanie polimorfnyh variantov genov somatotropinovogo kaskada bGH, bGHR i bIGF-1 na priznaki mjasnoj produktivnosti u krupnogo rogatogo skota mjasnogo napravlenija kazahstanskoj selekcii. Doklady TSHA: sb. st. Moscow: Izdatel'stvo RGAU-MSHA, 2020;292(4):613-617. (*In Russ.*)].

12. Bhati M, Kadri KN, Crysanto D, Pausch H. Assessing genomic diversity and signatures of selection in Original Braunvieh cattle using whole-genome sequencing data. BMC Genomics. 2020;21:27. doi: 10.1186/s12864-020-6446-y

13. Curi RA, de Oliveira HN, Silveira AC, Lopes CR. Effects of polymorphic microsatellites in the regulatory region of IGF1 and GHR on growth and carcass traits in beef cattle. Anim Genet. 2005;36(1):58-62. doi: 10.1111/j.1365-2052.2004.01226.x

14. Kolpakov VI, Dzhulamanov KM, Gerasimov NP. The association of polymorphism of bovine growth differentiation factor-5 gene with development of body measurements. FEBS Open Bio. 2019;9(S1):97. doi: 10.1002/2211-5463.12675

15. Liu Y, Jiao Y, Zan L, Xin Y, Li L, Tian W. Molecular characterization, polymorphism of growth differentiation factor 5 gene and association with ultrasound measurement traits in native Chinese cattle breeds. African Journal of Biotechnology. 2010;9(33):5269-5273.

16. Tyulebaev SD, Kadysheva MD, Kosilov VI, Gabidulin VM. The state of polymorphism of genes affecting the meat quality in micropopulations of meat Simmentals. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science: International Conference on World Technological Trends in Agribusiness 4-5 July 2020, Omsk City, Western Siberia, Russian Federation, Bristol, England: IOP Publishing;2021;624:012045. doi: 10.1088/1755-1315/624/1/012045

References

1. Bejshova IS. Gene of somatotropin cascade polymorphisms, associated with beef productivity of Kazakh white-headed breed cows. Bulletin Samara State Agricultural Academy. 2018a;1:58-62. doi: 10.12737/20419

2. Bejshova IS. Phenotypic effects of somatotroponogo cascade genes associated with beef productivity of kazakh white-headed breed cows. Bulletin Samara State Agricultural Academy. 2018b;1:48-53. doi: 10.12737/20417

3. Dubovskova MP, Gerasimov NP. Characteristics of genetic structure of the herd of breeding bulls of the Hereford breed by polymorphism of genes GH (c. 2141C> G) and TG5 (c. -422C> T) in the dynamics of generations. Animal Husbandry and Fodder Production. 2021;104(4):47-56. doi: 10.33284/2658-3135-104-4-47

4. Sedykh TA, Kalashnikova LA, Gizatullin RS, Kosilov VI. The quality of carcasses of beef cattle of different genotypes of the thyroglobulin (Tg5) gene. Zootechniya. 2020;7:4-8. doi: 10.25708/ZT.2020.98.58.002

5. Sharipov AA, Shakirov ShK, Yulmeteva YuR, Gafurova LI. Molecular and genetic aspects of selection of beef cattle according to meat marbling. Herald of Beef Cattle Breeding. 2014;2(85):59-64.

6. Novikov AA, Semak MS, Kalashnikova LA. The need to improve the system of genetic expertise of breeding products in the Russian Federation. Zootechniya. 2021;6:2-6. doi: 10.25708/ZT.2021.17.85.001

7. Beishova IS, Belaya YV, Terletsky VP, Traisov BB, Kosilov VI. Assessment of the association of pair combinations of polymorphic variants of genes of the somatotrophic cascade of BPIT-1, BGH, BGHR and BIGF with beef performance of auliekol cattle of kazakhstan selection. Izvestia Orenburg State Agrarian University. 2018;1(69):160-164

8. Sedykh TA, Gizatullin RS, Dolmatova IYu, Gusev IV, Kalashnikova LA. Growth hormone gene polymorphism in relation to beef cattle carcass quality. Russian Agricultural Sciences. 2020;46:289-294. doi: 10.3103/S1068367420030167

9. Selionova MI, Plakhtyukova VR. Meat productivity of kazakh whiteheaded steers of different genotypes by genes CAPN1 and GH. Dairy and Beef Cattle Farming. 2020;4:9-12. doi: 10.33943/MMS.2020.96.35.003

10. Dunin IM, Tyapugin SE, Meshcherov RK, Hodykov VP, Adzhibekov VK, Tyapugin EE, Dyuldina AV. Condition of meat cattle breeding in the Russian Federation: realities and prospects. Dairy and Beef Cattle Farming. 2020;2:2-7. doi: 10.33943/MMS.2020.40.30.001

11. Juldashbaev JuA, Bejshova MS, Koval'chuk AM. The effect of polymorphic variants of the somatotropic cascade bGH, bGHR and bIGF-1 genes on the traits of meat productivity in beef cattle of Kazakhstan breeding. Reports of Russian State Agrarian University-Moscow Agricultural Academy named after K.A. Timiryazev: Digest of articles. Moscow: Publishing House RSAU - MAA, 2020;292(4):613-617.

12. Bhati M, Kadri KN, Crysanto D, Pausch H. Assessing genomic diversity and signatures of selection in Original Braunvieh cattle using whole-genome sequencing data. BMC Genomics. 2020;21:27. doi: 10.1186/s12864-020-6446-y

13. Curi RA, de Oliveira HN, Silveira AC, Lopes CR. Effects of polymorphic microsatellites in the regulatory region of IGF1 and GHR on growth and carcass traits in beef cattle. Anim Genet. 2005;36(1):58-62. doi: 10.1111/j.1365-2052.2004.01226.x

14. Kolpakov VI, Dzhulamanov KM, Gerasimov NP. The association of polymorphism of bovine growth differentiation factor-5 gene with development of body measurements. *FEBS Open Bio.* 2019;9(S1):97. doi: 10.1002/2211-5463.12675

15. Liu Y, Jiao Y, Zan L, Xin Y, Li L, Tian W. Molecular characterization, polymorphism of growth differentiation factor 5 gene and association with ultrasound measurement traits in native Chinese cattle breeds. *African Journal of Biotechnology.* 2010;9(33):5269-5273.

16. Tyulebaev SD, Kadysheva MD, Kosilov VI, Gabidulin VM. The state of polymorphism of genes affecting the meat quality in micropopulations of meat Simmentals. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science: International Conference on World Technological Trends in Agribusiness 4-5 July 2020, Omsk City, Western Siberia, Russian Federation, Bristol, England: IOP Publishing;2021;624:012045.* doi: 10.1088/1755-1315/624/1/012045

Информация об авторах:

Марина Павловна Дубовскова, доктор сельскохозяйственных наук, ведущий научный сотрудник селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, тел.: 8-922-621-61-78.

Information about the authors:

Marina P Dubovckova, Dr. Sci. (Agriculture), Leading Researcher, Breeding and Genetic Center For Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29 9 Yanvary St., Orenburg, 460000, tel.: 8-922-621-61-78.

Статья поступила в редакцию 23.08.2022; одобрена после рецензирования 07.09.2022; принята к публикации 12.09.2022.

The article was submitted 23.08.2022; approved after reviewing 07.09.2022; accepted for publication 12.09.2022.