47

Животноводство и кормопроизводство. 2021. Т. 104, № 4. С. 47-56. Animal Husbandry and Fodder Production. 2021. Vol. 104, no 4. P. 47-56.

РАЗВЕЛЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

Научная статья УДК 636.082

doi:10.33284/2658-3135-104-4-47

Характеристика генетической структуры стада племенных бычков герефордской породы по полиморфизму генов GH (с. 2141C>G) и TG5 (с. -422C>T) в динамике поколений

Марина Павловна Дубовскова¹, Николай Павлович Герасимов²

^{1,2}Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, Оренбург, Россия dubovskova.m@mail.ru, https://orcid.org/0000-0001-6915-4647 ²nick.gerasimov@rambler.ru, https://orcid.org/0000-0003-2295-5150

Аннотация. Селекционно-племенная работа по совершенствованию продуктивности в популяции бычков герефордской породы проводится с использованием молекулярно-генетических методов, определяющих взаимосвязь функциональной изменчивости с желательными аллелями ген-маркеров мясной продуктивности. Цель исследования – формирование популяции бычков герефордской породы с учётом полиморфизма ген-маркеров мясной продуктивности GH (с. 2141C>G) и TG5 (с. -422C>T) в динамике поколений. Подопытными животными являлись ремонтные бычки III и IV поколений от родоначальников герефордской породы Северо-Кавказской популяции в возрастной период с 8 до 15 мес. Изучали полиморфизм генов, частоту аллелей и их профили, частоту генотипов – фактическую и ожидаемую в динамике поколений, а также живую массу и интенсивность роста молодняка с разной комбинацией генотипов GH и TG5. Анализ генетического разнообразия свидетельствует о преобладании частоты гомозигот над гетерозиготами в III поколении по гену GH и TG5 на 69.2 % и на 23.0 %. В IV поколении частота гетерозиготных генотипов TG5^{TC} была больше по сравнению с гомозиготными на 14,2 %. В динамике поколений степень гомозиготности снижалась по гену GH и TG5 на 4,4 % и на 41,7 %. В результате число эффективных аллелей увеличилось на 0,213 и на 0,11, что способствовало наличию большего разнообразия селекционного материала. Частота селекционно-значимых аллелей V и T в динамике поколений возросла на 4,9 % и на 7,1 %. Увеличилась живая масса в динамике поколений у бычков-носителей селекционнозначимых аллелей в возрасте 8 мес. на 6,6 кг (3,1 %), в 15 мес. – на 4,3 кг (1,0 %). В результате выявлены животные-носители особо ценных генотипов со специфичным аллельным профилем генов GH и TG5 для формирования высокоценной популяции.

Ключевые слова: мясное скотоводство, бычки, герефордская порода, однонуклеотидный полиморфизм генов GH и TG5, частота генотипов, эффективные аллели, живая масса, среднесуточный прирост

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

Для цитирования: Дубовскова М.П., Герасимов Н.П. Характеристика генетической структуры стада племенных бычков герефордской породы по полиморфизму генов GH (c. 2141C>G) и TG5 (с. -422C>T) в динамике поколений // Животноводство и кормопроизводство. 2021. Т. 104, № 4. C. 47-56. https://doi.org/10.33284/2658-3135-104-4-47

BREEDING, SELECTION, GENETICS

Original article

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

Marina P Dubovskova¹, Nikolay P Gerasimov²

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

2 nick.gerasimov@rambler.ru, https://orcid.org/0000-0003-2295-5150

Abstract. Selection and breeding work to improve productivity in the population of Hereford bulls is carried out using molecular genetic methods that determine the relationship of functional variability with the desired alleles of the gene-markers of meat productivity. The aim of the study is to form a popu-

[©]Дубовскова М.П., Герасимов Н.П., 2021

lation of Hereford bulls taking into account the polymorphism of the gene-markers of meat productivity GH (c. 2141C> G) and TG5 (c. -422C> T) in the dynamics of generations. The experimental animals were replacement bulls of the 3rd and 4th generations from the ancestors of the Hereford breed of the North Caucasian population in the age period from 8 to 15 months. We studied the polymorphism of genes, the frequency of alleles and their profiles, the frequency of genotypes - actual and expected in the dynamics of generations, as well as the live weight and growth rate of young animals with different combinations of GH and TG5 genotypes. Analysis of genetic diversity indicates the prevalence of the frequency of homozygotes over heterozygotes in the third generation for the GH and TG5 gene by 69.2% and 23.0%. In the 4th generation, the frequency of heterozygous TG5TC genotypes was 14.2% higher than that of homozygous ones. In the dynamics of generations, the degree of homozygosity decreased for the GH and TG5 gene by 4.4% and by 41.7%. As a result, the number of effective alleles increased by 0.213 and by 0.11, which contributed to the availability of a greater variety of breeding material. The frequency of the selection-significant V and T alleles in the dynamics of generations increased by 4.9% and 7.1%. The live weight increased in the dynamics of generations in bulls-carriers of breeding-significant alleles at the age of 8 months. by 6.6 kg (3.1%), at 15 months. – by 4.3 kg (1.0%). As a result, animal carriers of especially valuable genotypes with a specific allelic profile of the GH and TG5 genes were identified for the formation of a high-value population.

Keywords: beef cattle breeding, bulls, Hereford breed, single-nucleotide polymorphism of GH and TG5 genes, frequency of genotypes, effective alleles, live weight, average daily gain

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: 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.). https://doi.org/10.33284/2658-3135-104-4-47

Введение.

Увеличение производства высококачественной говядины является одной из актуальных проблем агропромышленного комплекса России. Мясное скотоводство представляет собой один из важных резервов решения этой задачи и его дальнейшее развитие будет обеспечивать устойчивый рост производства мясной продукции. Создание высокопродуктивных племенных стад способствует дальнейшему развитию и укреплению племенной базы мясного скотоводства и росту генетического потенциала продуктивности. Совершенствование популяций мясного скота по селекционным признакам особенно эффективно при использовании информации по генетическим маркерам QTL, определяющим взаимодействие изменчивости с желательными аллелями генов (Селионова М.И. и др., 2018; Новиков А.А. и др., 2021).

В настоящее время спектр маркеров продуктивности животных достаточно широк, но особенно актуальными являются исследования полиморфизма ген-маркеров, контролирующих количественные и качественные показатели мясного скота (Горлов И.Ф. и др., 2014; Waters SM et al., 2011). GH (соматотропин) – ген гормона роста, расположен на участке хромосомы 19 крупного рогатого скота и состоит из пяти экзонов и четырех интронов. Для мясных пород скота важным коммерческим показателем является скорость роста молодых животных, которая обусловлена в значительной степени и функцией соматотропина, который вызывает увеличение прироста живой массы. Ген гормона тиреоглобулина (ТG5) контролирует обменные процессы в организме и обозначен в качестве маркера ранней диагностики мраморности мяса (Casas E et al., 2007).

Однонуклеотидный полиморфизм этих генов позволяет выявить их желательные аллели и определить частоту встречаемости для использования в селекционном процессе.

Цель исследования.

Формирование популяции бычков герефордской породы с учётом полиморфизма генмаркеров мясной продуктивности GH (с. 2141С>G) и TG5 (с. -422С>Т) в динамике поколений. Выявить долю внутрипопуляционного разнообразия, определить генотипы-носители селекционнозначимых аллелей, маркирующих признаки мясной продуктивности.

Материалы и методы исследований.

Объект исследования. Бычки герефордской породы в возрастной период с 8 до 15 мес. Северо-Кавказской популяции.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями российских нормативных актов (1987 г.; Приказ Минздрава СССР № 755 от 12.08 1977 «О мерах по дальнейшему совершенствованию организационных форм работы с использованием экспериментальных животных») и «Guide for the Carre and Use of Laboratory Animals» (National Academy Press, Washington, D.C., 1996). При проведении исследований были предприняты меры, чтобы свести к минимуму страдания животных и уменьшения количества исследованных опытных образцов.

Схема эксперимента. Для проведения исследований в ОАО (племенной завод) «Белокопанское» Ставропольского края были сформированы 2 группы ремонтных бычков «Димитровского» типа герефордской породы III (n=13) и IV (n=7) поколений от быков-улучшателей канадской селекции. Живую массу измеряли в возрасте 8 и 15 мес., среднесуточный прирост – с 8 до 15 мес. Полиморфизм ген-маркеров мясной продуктивности GH (c. 2141C>G) и TG5 (с. -422C>T) изучали в динамике поколений. Определяли долю внутрипопуляционного разнообразия, генотипыносители селекционно-значимых аллелей, маркирующих признаки мясной продуктивности.

Оборудования 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 из крови животных с использованием набора реагентов «DIAtomtmDNAPrep» (IsoGeneLab, Москва). Выход ДНК составил 3-5 мкг/100 мкл с OD 260/280 от 1,6 до 2,0.

Для проведения ПЦР применяли наборы «GenePakPCRCore», (IsoGeneLab, Москва). Для оценки полиморфизма генов гормона роста (GH) и тиреоглобулина (TG5) проводили генотипирование методом ПЦР-ПДРФ на программируемом термоциклере «Терцик» (ДНК-технология, Россия) с использованием праймеров, синтезированные в НПФ «Литех»: GH- (F: 5'- gct-gct-cct-gag-cct-tcg -3' и R: 5'- gcg-gcg-gca-ctt-cat-gac-cct -3'), TG5- (F: 5'-ggg-gat-gac-tac-gag-tat-gac-tg-3' и R: 5'-gtg-aaa-atc-ttc-tgg-agg-ctg-ta-3').

ПЦР-программа: 1) для гена GH: «горячий старт» – 5 мин при +95 °C; 35 циклов: денатурация – 45 с при +94 °C, отжиг – 45 с при +65 °C, синтез – 45 с при +72 °C; достройка – 7 мин при +72 °C; 2) для гена TG5: «горячий старт» – 4 мин при +94 °C; 35 циклов: денатурация – 60 с при +94 °C, отжиг – 60 с при +62 °C, синтез – 60 с при +72 °C; достройка – 4 мин при +72 °C.

Для рестрикции амплифицированных участков генов использовали эндонуклеазы: GH-AluI, TG5-BstX2I. Расщепление продуктов проводили при +37 °C, генотипы идентифицировали методом гель-электрофорез с визуализацией под УФ-светом. Идентификация продуктов для гена гормона роста: $GH^{GG}-223$ п. н.; $GH^{CG}-223$, 171, 52 п. н.; $GH^{CC}-171$, 52 п. н.; для гена тиреоглобулина: $TG5^{TT}-473$, 75 п. н.; $TG5^{CT}-473$, 295, 178, 75 п. н.; $TG5^{CC}-295$, 178, 75 п. н. Полученные продукты разделяли методом горизонтального электрофореза (в 1х 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).

Для взвешивания животных использовали весы «ВСП4-Ж» (цена деления – 1 кг).

Статистическая обработка. Статистический анализ результатов проводился при помощи пакета статистических программ «Statistica 10.0» («Stat Soft Inc.», США). Сравнение результатов проводилось с использованием критерия Тьюки для неравных групп и критерия Фишера. За предел достоверности применялся параметр $P \le 0.05$.

Частоту встречаемости определяли по формуле:

$$p=n/N$$

где p — частота генотипа;

n– количество особей, имеющих определённый генотип;

N — число особей.

Ошибку частоты генотипической и аллельной встречаемости определяли по формуле:

$$S_p = \sqrt{\frac{p(1-p)}{N}},$$

где S_p – ошибка частоты встречаемости;

р – частота встречаемости в выборке;

N – количество животных.

Ожидаемые частоты генотипов вычисляли по формуле Харди-Вайнберга. Для сравнения частот аллелей между поколениями животных использовали критерий χ^2 Пирсона с поправкой Йейтса.

Результаты исследований.

Анализ генетической структуры бычков по результатам генотипирования показал, что полиморфизм генов, контролирующих мясную продуктивность, представлен двумя аллелями и тремя генотипами: ген GH — аллелями С и G, генотипами СС, СG и GG; ген TG5 — аллелями Т и C, генотипами ТТ, ТС и СС с разной частотой встречаемости (табл. 1).

Таблица 1. Полиморфизм генов GH (c. 2141C>G) и TG5 (c. -422C>T) у бычков герефордской породы разных поколений (n=20)

Table 1. Polymorphism of genes GH (c. 2141C> G) and TG5 (c. -422C> T) in the Hereford bulls of different generations (n=20)

Ген/ <i>Gene</i>	Генотип / <i>Genotype</i>	п	Частота генотипов/ Gen	notype frequency	Постото отгото	X ²			
			наблюдаемая/ observed	ожидаемая/ expected	Частота аллелей / Allele frequency				
III поколение (n=13) / III Generation									
GH	GG	3	0,231±0,117	0,095	C=0.209±0.002	4,973			
	CG	2	$0,154\pm0,100$	0,426	G=0,308±0,092 C=0,692±0,092				
	CC	8	$0,615\pm0,135$	0,479	C=0,092±0,092				
TG5	TT	1	$0,077\pm0,074$	0,072	T-0.260+0.000	0,013			
	TC	5	$0,385\pm0,135$	0,394	T=0,269±0,089 C=0,731±0,089				
	CC	7	$0,538\pm0,138$	0,534	C=0,731±0,089				
IV поколение (n=7) / IV Generation									
GH	GG	1	$0,143\pm0,132$	0,127	C=0.257±0.122	0,027			
	CG	3	$0,429\pm0,187$	0,460	G=0,357±0,132 C=0,643±0,132				
	CC	3	$0,429\pm0,187$	0,413	C=0,043±0,132				
TG5	TT	1	$0,143\pm0,132$	0,183	T-0.429±0.127	0,672			
	TC	4	$0,571\pm0,187$	0,490	T=0,428±0,137 C=0,572±0,137				
	CC	2	$0,286\pm0,171$	0,327	C=0,372±0,137				

Невысокая частота встречаемости аллеля G гена GH (30,8 %) и более значимая частота аллеля C (69,2 %) способствовали наличию низкой частоты встречаемости генотипа GG (0,231) и более высокой генотипа CC (0,615).

Для полиморфизма гена TG5 характерна аналогичная ситуация. Так, высокая частота встречаемости аллеля C (73,1 %) и более низкая – аллеля T (29,9 %) создали ситуацию преобладания частоты генотипа CC (0,538), над гомозиготным TT (0,077).

Следует отметить, что частота селекционно-значимых аллелей в динамике поколений увеличивалась. Так, частота аллеля G гена GH у животных IV поколения увеличилась на 4.9 % (P=0,9718), частота аллеля G гена GH у животных GH поколении бычков увеличилась и частота желательного генотипа GH по гену GH отмечено снижение частоты гомозиготного генотипа GH на 8.8 % и увеличение гетерозиготного — на 27.5 %.

Рост частоты минорных аллелей в динамике поколений способствовал снижению гомозиготности и увеличению генетического разнообразия (табл. 2).

Таблица 2. Аллельные профили в генах GH (с. 2141C>G) и TG5 (с. -422C>T) в динамике поколений герефордской породы

Table 2. Allele profiles in genes GH (c. 2141C> G) and TG5 (c. -422C> T) in the dynamics of generations of the Hereford breed

	Показатель / <i>Index</i>							
Половозрастная группа / Gender and sex group	степень гомози- готности, % / de- gree of homozygosi- ty, %	число эффективных аллелей / number of effective alleles	тест гетерози- готности / hetero- zygosity test					
GH								
Быки-производители / Sires Бычки I поколения /	53,9	1,855	-0,072 Φ <t< td=""></t<>					
I Generation Bulls Бычки III поколения /	53,9	1,855	-0,117 Ф<Т					
III Generation Bulls Бычки IV поколения /	61,5	1,748	-0,043 Φ <t< td=""></t<>					
IV Generation Bulls	57,1	1,961	+0,081 Ф>Т					
TG5								
Быки-производители/Sires Бычки I поколения /	76,1	1,314	-0,072 Φ <t< td=""></t<>					
I Generation Bulls Бычки III поколения /	58,0	1,724	-0,139 Ф<Т					
III Generation Bulls Бычки IV поколения /	84,6	1,742	-0,272 Φ <t< td=""></t<>					
IV Generation Bulls	42,9	1,852	-0,031 Ф<Т					

Степень гомозиготности по генам GH и TG5 у бычков IV поколения снизилась по сравнению с животными III поколения на 4,4 % и на 41,7 % соответственно. Между быками и потомками I поколения по гену TG5 – на 18,1 %. По гену GH этот показатель оставался практически на одном уровне. Число эффективных аллелей у бычков IV поколения увеличилось по сравнению с животными III поколения по гену GH на 0,23 и на 0,11.

В динамике поколений продуктивность бычков с разной комбинацией генотипов GH и TG5 увеличивалась (табл. 3). Так, живая масса в возрасте 8 мес. и 15 мес. увеличилась на 2,6 кг (1,2 %) и на 4,9 кг (1,1 %). Среднесуточный прирост — на 10,6 г (10,0 %). В эти возрастные периоды увеличилась живая масса в динамике поколений у бычков-носителей селекционно-значимых аллелей (табл. 4).

Таблица 3. Продуктивность бычков III и IV поколений (п=20) с разной комбинацией генотипов GH (с. 2141C> G) и TG5 (с. -422C>T)

Table 3. Productivity of bulls of III and IV generation (n=20) with different combinations of GH (c. 2141C> G) and TG5 (c. -422C>T) genotypes

	Показатель /Index						
Поколение	живая масса ((кг) в возра at the age	среднесуточный прирост с 8 до 15 мес., г / average daily gain from 8 to 15 months, g				
/Generation	8				15		
	$X\pm S_x$	$\mathbf{C}_{\mathbf{V}}$	$X\pm S_x$	$\mathbf{C}_{\mathbf{V}}$	$X\pm S_x$	$\mathbf{C}_{\mathbf{V}}$	
III	213,7±2,15	3,50	439,1±5,73	4,52	1058,4±24,92	8,16	
IV	$216,3\pm3,83$	4,34	$444,0\pm 5,75$	3,17	$1069,0\pm31,89$	7,31	

Таблица 4. Продуктивность бычков III (n=8) и IV (n=5) поколений-носителей селекционно-значимых аллелей генов GH (G) и TG5 (T)

Table 4. Productivity of bulls of III (n=8) and IV (n=5) generations-carriers of selection-significant alleles of genes GH (G) and TG5 (T)

	Показатель /Index						
Поколение	живая масс	a (кг) в воз (kg), at the a	среднесуточный прирост с 8 до 15 мес., г/average				
/Generation	8		15		daily gain from 8 to 15 months, g		
	X±S _x	$\mathbf{C}_{\mathbf{V}}$	X±S _x	Cv	X±S _x	$\mathbf{C}_{\mathbf{V}}$	
III	212,2±2,60	3,24	445,3±7,72	4,59	1093,6±33,62	8,13	
IV	218,8±4,26	3,89	$449,6\pm6,09$	2,71	1083,4±39,95	7,37	

В возрасте 8 мес. — на 6,6 кг (3,1 %), в 15 мес. — на 4,3 кг (1,0 %) отмечено снижение среднесуточного прироста — на 10,2 г (0,9 %). Данное обстоятельство, вероятно, объясняется особенностью подбора и формирования родительских пар.

Обсуждение полученных результатов.

Создание Димитровского типа герефордского скота на Северном Кавказе базировалось на отборе высокоценных массивных животных крупного экстерьера с совершенствованием местной популяции генетикой канадского происхождения. В первую очередь носителями улучшающего генотипа являлись быки-лидеры герефордского генофонда: Фордер 191, Талли 65х М, Дьюти 141АНА. В настоящее время получено уже четвёртое поколение этих быков. Ремонтное потомство отбирается с учётом весовых и линейных признаков, а также проводится селекция, направленная на повышение частоты желательных аллелей генов, ассоциируемых с мясной продуктивностью. В последующем ремонтные бычки интенсивно используются в маточном стаде для распространения своих полезных качеств и желательных аллелей на целое стадо.

Среди идентифицированных ДНК-маркеров с достоверным влиянием на фенотип мясного скота нами для генотипирования поголовья используются CAPN1, GH, LEP, TG5. Изменения в нуклеотидной последовательности в этих генах связаны с весовым и линейным ростом у животных, с качественными характеристиками мясной продукции (Casas E et al., 2006; Kaplanova K et al., 2013; Page BT et al., 2002).

По сообщениям Lee J-H с соавторами (2013), в результате нуклеотидной замены в позиции C2141G пятого экзона гена GH происходит кодирование валина вместо лейцина, что значительно влияет на показатели роста и мясную продуктивность у мясного скота. Гомозиготный (GG или VV)

молодняк имел достоверное превосходство по интенсивности весового роста относительно сверстников (Р≤0,05). В наших исследованиях ремонтные герефордские бычки носители желательной аллели (G) хотя и недостоверно, но превосходили аналогов по весовому росту на 1,0-3,1 %. Следует отметить, что селекция с учётом гена гормона роста даёт положительные результаты на частоту встречаемости желательного аллеля. Так, всего лишь за одно поколение концентрация аллеля в бычьем стаде повысилась на 4,9 %, что в дальнейшем окажет существенное влияние на продуктивные и племенные качества Северо-Кавказской популяции в целом. Наши данные по частоте встречаемости аллеля G (0,308-0,357 ед.) в Дмитровском типе совпадают с результатами генотипирования Sedykh TA с коллегами (2020), которые зафиксировали аналогичное (0,31 ед.) распространение этой аллели в герефордской популяции.

В свою очередь ген тиреоглобулина связан с процессами жироотложения и формированием мраморной говядины (Dolmatova I et al., 2020; Седых Т.А. и др., 2020). Расположение гена тиреоглобулина ноходится на четрындцатой хромосоме в области центромеры, весь локус охватывает более 200 kb (Barendse W et al., 2004). Полиморфизм С422Т происходит в 5'-промоторной области ТG5 (Hou GY et al., 2011). Нуклеотидная замена С→Т способствует появлению двух аллельных вариантов, фенотип у носителей которых заметно различается по балльной оценки мраморности «мышечного глазка». Селекционно-племенная работа, направленная на повышение частоты желательного аллеля Т в стаде Северо-Кавказской популяции, дала более существенные результаты. Так, распространение предпочтительного гомозиготного генотипа ТТ за поколение выросло на 6,5 %. По данным Веппеtt GL с соавторами (2013), совершенствование помесного стада также было ориентировано на повышение частоты «желательных» аллелей через селекцию быков-производителей. Для этого использовали 24 гетерозиготных по комбинации CSN1S1×TG быка в течение 3 лет. Такой подход способствовал повышению частоты минорных аллелей в двух генах с 0,30 до 0,45.

Заключение.

Совершенствование Дмитровского типа герефордского скота проводится через селекцию быков-производителей носителей желательных аллелей в генах GH и TG5 с целью повысить частоту встречаемости в популяции генотипов, ассоциируемых с весовым ростом и мраморностью мяса. Эта работа контролируется ежегодным мониторингом поголовья на наличие в стаде представителей с предпочтительным генотипом. Этапом нашей работы являлось изучение генотипической и аллельной динамики в III и IV поколениях. Установлено, что всего за одно поколение концентрация аллеля G гена GH в бычьем стаде повысилась на 4,9 %, а аллеля T гена TG5 – 15,9 %. Вместе с этим увеличился и весовой рост на 1,0-3,1 % у ремонтных бычков. Полученные данные свидетельствуют о наличии внутрипопуляционного разнообразия генетического материала в поколениях животных, увеличении числа селекционно-значимых аллелей в динамике поколений, что позволило определить наличие желательных генотипов для формирования стада высокопродуктивных животных.

Список источников

- 1. Качество туш мясного скота различных генотипов по гену тиреоглобулина (ТG5) / 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
- 2. 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

- 3. Перспективные генетически маркеры крупного рогатого скота / М.И. Селионова, Л.Н. Чижова, Г.Т. Бобрышова, Е.С. Суржикова, А.К. Михаленко // Вестник АПК Ставрополья. 2018. № 3(31). С. 44-51. [Selionova MI, Chizhova LN, Bobryshova GT, Surzhikova ES, Mikhaylenko AK. Perspective genetic markers of horned cattle. Agricultural Bulletin of Stavropol Region. 2018;3(31):44-51. (*In Russ*)]. doi: 10.31279/2222-9345-2018-7-31-44-51
- 4. Полиморфизм генов bGH, RORC и DGAT1 у мясных пород крупного рогатого скота России / И.Ф. Горлов, А.А. Федюнин, Д.А. Ранделин, Г.Е. Сулимова // Генетика. 2014. Т. 50. № 12. С. 1448-1454. [Gorlov IF, Fedunin AA, Randelin DA, Sulimova GE. Polymorphisms of bGH, RORC, and DGAT1 genes in Russian beef cattle breeds. Russian Journal of Genetics. 2014;50(12):1302-1307. (In Russ)]. doi: 10.1134/S1022795414120035
- 5. Barendse W, Bunch R, Thomas M et al. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle. Australian Journal of Experimental Agriculture. 2004;44(7):669-674. doi: 10.1071/EA02156
- 6. Bennett GL, Shackelford TL, Wheeler TL, King DA, Casas E, Smith TPL. Selection for genetic markers in beef cattle reveals complex associations of thyroglobulin and casein 1-S1 with carcass and meat traits. J Anim Sci. 2013;91(2):565-571. doi: 10.2527/jas.2012-5454
- 7. Casas E, White SN, Wheeler TL, Shackelford SD, Koohmaraie M, Riley DG, Chase CC, Johnson DD, Smith TPL. Effects of calpastatin and micro-calpain markers in beef cattle on tenderness traits. J Anim Sci. 2006;84(3):520-525. doi: 10.2527/2006.843520x
- 8. Casas E, White SN, Shackelford SD, Wheeler TL, Koohmaraie M, Bennett GL, Smith TPL. Assessing the association of single nucleotide polymorphisms at the thyroglobulin gene with carcass traits in beef cattle. J Anim Sci. 2007;85(11):2807-2814. doi: 10.2527/jas.2007-0179
- 9. Dolmatova I, Sedykh T, Valitov F, Gizatullin R, Khaziev D, Kharlamov A. Effect of the bovine TG5 gene polymorphism on milk- and meat-producing ability. Veterinary World. 2020;13(10):2046-2052. doi: 10.14202/vetworld.2020.2046-2052
- 10. Hou GY, Yuan ZR et al. Association of thyroglobulin gene variants with carcass and meat quality traits in beef cattle. Molecular Biology Reports. 2011;38:4705-4708. doi: 10.1007/s11033-010-0605-1
- 11. Kaplanova K, Dufek A, Drackova E, Simeonova J, Subrt J, Vrtková I, Dvořák J. The association of CAPN1, CAST, SCD, and FASN polymorphisms with beef quality traits in commercial crossbred cattle in the Czech Republic. Czech J Anim Sci. 2013;58:489-496. doi: 10.17221/7044-CJAS
- 12. Lee J-H, Lee Y-M, Lee J-Y, Oh D-Y, Jeong D-J, Kim J-J. Identification of single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the bovine growth hormone (bGH) gene associated with growth and carcass traits in Hanwoo. Asian-Austral. J Anim Sci. 2013;26(10):1359-1364. doi: 10.5713/ajas.2013.13248
- 13. Page BT, Casas E, Heaton MP, Cullen NG, Hyndman DL, Morris CA, Crawford AM, Wheeler TL, Koohmaraie M, Keele JW, Dikeman ME, Smith TPL. Evaluation of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat tenderness in cattle. J Anim Sci. 2002;80(12):3077-3085. doi: 10.2527/2002.80123077x
- 14. 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(3):289-294. doi: 10.3103/S1068367420030167
- 15. Waters SM, McCabe MS, Howard DJ, Giblin L, Magee DA, MacHugh DE, Berry DP. Associations between newly discovered polymorphisms in the Bos taurus growth hormone receptor gene and performance traits in Holstein-Friesian dairy cattle. Anim Genet. 2011;42(1):39-49. doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02087.x

References

1. 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

- 2. 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
- 3. Selionova MI, Chizhova LN, Bobryshova GT, Surzhikova ES, Mikhaylenko AK. Perspective genetic markers of horned cattle. Agricultural Bulletin of Stavropol Region. 2018;3(31):44-51. doi: 10.31279/2222-9345-2018-7-31-44-51
- 4. Gorlov IF, Fedunin AA, Randelin DA, Sulimova GE. Polymorphisms of bGH, RORC, and DGAT1 genes in Russian beef cattle breeds. Russian Journal of Genetics. 2014;50(12):1302-1307. doi: 10.1134/S1022795414120035
- 5. Barendse W, Bunch R, Thomas M et al. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle. Australian Journal of Experimental Agriculture. 2004;44(7):669-674. doi: 10.1071/EA02156
- 6. Bennett GL, Shackelford TL, Wheeler TL, King DA, Casas E, Smith TPL. Selection for genetic markers in beef cattle reveals complex associations of thyroglobulin and casein 1-S1 with carcass and meat traits. J Anim Sci. 2013;91(2):565-571. doi: 10.2527/jas.2012-5454
- 7. Casas E, White SN, Wheeler TL, Shackelford SD, Koohmaraie M, Riley DG, Chase CC, Johnson DD, Smith TPL. Effects of calpastatin and micro-calpain markers in beef cattle on tenderness traits. J Anim Sci. 2006;84(3):520-525. doi: 10.2527/2006.843520x
- 8. Casas E, White SN, Shackelford SD, Wheeler TL, Koohmaraie M, Bennett GL, Smith TPL. Assessing the association of single nucleotide polymorphisms at the thyroglobulin gene with carcass traits in beef cattle. J Anim Sci. 2007;85(11):2807-2814. doi: 10.2527/jas.2007-0179
- 9. Dolmatova I, Sedykh T, Valitov F, Gizatullin R, Khaziev D, Kharlamov A. Effect of the bovine TG5 gene polymorphism on milk- and meat-producing ability. Veterinary World. 2020;13(10):2046-2052. doi: 10.14202/vetworld.2020.2046-2052
- 10. Hou GY, Yuan ZR et al. Association of thyroglobulin gene variants with carcass and meat quality traits in beef cattle. Molecular Biology Reports. 2011;38:4705-4708. doi: 10.1007/s11033-010-0605-1
- 11. Kaplanova K, Dufek A, Drackova E, Simeonova J, Subrt J, Vrtková I, Dvořák J. The association of CAPN1, CAST, SCD, and FASN polymorphisms with beef quality traits in commercial crossbred cattle in the Czech Republic. Czech J Anim Sci. 2013;58:489-496. doi: 10.17221/7044-CJAS
- 12. Lee J-H, Lee Y-M, Lee J-Y, Oh D-Y, Jeong D-J, Kim J-J. Identification of single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the bovine growth hormone (bGH) gene associated with growth and carcass traits in Hanwoo. Asian-Austral. J Anim Sci. 2013;26(10):1359-1364. doi: 10.5713/ajas.2013.13248
- 13. Page BT, Casas E, Heaton MP, Cullen NG, Hyndman DL, Morris CA, Crawford AM, Wheeler TL, Koohmaraie M, Keele JW, Dikeman ME, Smith TPL. Evaluation of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat tenderness in cattle. J Anim Sci. 2002;80(12):3077-3085. doi: 10.2527/2002.80123077x
- 14. 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(3):289-294. doi: 10.3103/S1068367420030167
- 15. Waters SM, McCabe MS, Howard DJ, Giblin L, Magee DA, MacHugh DE, Berry DP. Associations between newly discovered polymorphisms in the Bos taurus growth hormone receptor gene and performance traits in Holstein-Friesian dairy cattle. Anim Genet. 2011;42(1):39-49. doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02087.x

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.

Николай Павлович Герасимов, доктор биологических наук, старший 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.: 8-912-358-96-17.

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, 460000, Orenburg, 29 9 Yanvarya St., cell.: 8-922-621-61-78.

Nikolay P Gerasimov, Dr. Sci. (Biology), Senior Researcher, Breeding and Genetic Center For Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 460000, Orenburg, 29 9 Yanvarya St., cell: 8-912-358-96-17.

Статья поступила в редакцию 13.10.2021; одобрена после рецензирования 21.10.2021; принята к публикации 13.12.2021.

The article was submitted 13.10.2021; approved after reviewing 21.10.2021; accepted for publication 13.12.2021.