

Животноводство и кормопроизводство. 2021. Т. 104, № 4. С. 67-78.
Animal Husbandry and Fodder Production. 2021. Vol. 104, no 4. P. 67-78.

Научная статья
УДК 636.082 (470.63)
doi:10.33284/2658-3135-104-4-67

Полиморфизм генов *CAPN1*(с. 316 C>G), *TG5*(с.-422C>T), *GH* (с.2141C>G), *LEP*(с.73C>T) у молодняка мясного скота герефордской породы Ставропольской популяции

Евгения Семёновна Суржикова¹, Марина Павловна Дубовскова², Николай Павлович Герасимов³

¹Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Михайловск, Россия

^{2,3}Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, Оренбург, Россия

¹lab.dna@fnac.center, <https://orcid.org/0000-0002-3955-0902>

²dubovskova.m@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6915-4647>

³nick.gerasimov@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2295-5150>

Аннотация. В последнее время за счёт использования достижений в молекулярно-генетических исследованиях значительные успехи достигнуты в мясном скотоводстве. Вопрос внедрения прогрессивных ДНК-технологий совершенно не случайно находится в центре внимания специалистов, работающих в условиях рыночного скотоводства, так как привлечение информации о генетических маркерах меняет ценность животных. Целью настоящих исследований являлась оценка генетического профиля ремонтного молодняка крупного рогатого скота герефордской породы на основе ДНК-тестирования по полиморфизмам генов *CAPN1*(с. 316 C>G), *TG5*(с.-422C>T), *GH*(с.2141C>G), *LEP*(с.73C>T), разводимого в племенном хозяйстве Ставропольского края. Методами ПЦР-ПДРФ проведено генотипирование ремонтного молодняка герефордской породы (n=103).

В результате проведённых исследований определён полиморфизм изучаемых генов, который представлен двумя аллелями: *CAPN1*^C и *CAPN1*^G, *TG*^T и *TG*^C, *GH*^G и *GH*^C, *LEP*^T и *LEP*^C тремя генотипами: *CAPN1*^{CC}, *CAPN1*^{GG}, *CAPN1*^{CG}; *TG*^{TT}, *TG*^{CC}, *TG*^{TC}; *GH*^{GG}, *GH*^{CC}, *GH*^{CG}; *LEP*^{CC}, *LEP*^{TT}, *LEP*^{CT} со значительной вариабельностью частоты встречаемости как аллелей, так и генотипов, составившей: для аллелей – от минимальных 0,15, до максимальных величин 0,85, генотипов – от минимальных значений 2,0 % до максимальных 75,0 %, зависящей гена. Установлено, что присутствие желательного генокомплекса из четырёх аллелей четырёх-трёх генов (*TG*^{TC}/*GH*^{GG}/*LEP*^{TT}, либо *CAPN1*^{CG}/*TG*^{TC}/*GH*^{CG}/*LEP*^{CT}) у бычков герефордской породы составило 21,4 %, у телок – 10,0 %. Большая часть стада (64,3-46,7 %) являлась носителями двух маркерных аллелей двух или одного гена. Впервые установлена в результате проведённых исследований специфичность аллельного профиля генов *CAPN1*(с. 316 C>G), *TG5*(с.-422C>T), *GH*(с.2141C>G), *LEP*(с.73C>T) ремонтного молодняка герефордской породы, выявлены особо ценные генотипы, определён их удельный вес для широкого использования в практической селекции Ставропольского края.

Ключевые слова: крупный рогатый скот, ремонтный молодняк, герефордская порода, полиморфизм, генокомплекс, генотип, *CAPN1*, *TG*, *GH*, *LEP*, Ставропольский край

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

Для цитирования: Суржикова Е.С., Дубовскова М.П., Герасимов Н.П. Полиморфизм генов *CAPN1*(с. 316 C>G), *TG5*(с.-422C>T), *GH*(с.2141C>G), *LEP*(с.73C>T) у молодняка мясного скота герефордской породы Ставропольской популяции // Животноводство и кормопроизводство. 2021. Том. 104, № 4. С. 67-78. doi: <https://doi.org/10.33284/2658-3135-104-4-67>

Original article

Polymorphism of genes *CAPN1*(с. 316 C>G), *TG5*(с.-422C>T), *GH*(с.2141C>G), *LEP*(с.73C>T) in young beef animals of Stavropol population Hereford breed

***Evgenia S Surzhikova*¹, *Marina P Dubovskova*², *Nikolay P Gerasimov*³**

¹North Caucasus Federal Agrarian Research Center, Mikhailovsk, Russia

^{2,3}Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, Orenburg, Russia

¹lab.dna@fnac.center, <https://orcid.org/0000-0002-3955-0902>

²dubovskova.m@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0001-6915-4647>

³nick.gerasimov@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2295-5150>

Abstract. Recently, due to the use of advances in molecular genetic research, significant successes have been achieved in meat cattle breeding. The issue of introducing progressive DNA technologies is not accidentally in the spotlight of specialists working in market cattle breeding, since attracting information

about genetic markers changes the value of animals. The purpose of these studies was to evaluate the genetic profile of repair young growth of Hereford cattle breed on the basis of DNA-software testing to polymorphisms genes CAPN1 (with. 316 C > G), TG5 (c.-422C > T), GH (c.2141C > G), LEP (c.73C > T), which were bred in the breeding farm of the Stavropol Territory. PCR-PDRF methods genotyped repair young Hereford (n = 103).

As a result of the studies, the polymorphism of the studied genes was determined. Polymorphism is represented by two alleles: $CAPN1^C$ and $CAPN1^G$, TG^T and TG^C , GH^G and GH^C , LEP^T и LEP^C , three genotypes: $CAPN1^{CC}$, $CAPN1^{GG}$, $CAPN1^{CG}$; TG^{TT} , TG^{CC} , TG^{TC} ; GH^{GG} , GH^{CC} , GH^{CG} ; LEP^{CC} , LEP^{TT} , LEP^{CT} with significant frequency variability of both alleles and genotypes, which was: for alleles - from minimum 0.15, to maximum values 0.85, genotypes - from minimum values 2.0% to maximum 75%. It was found that the presence of the desired gene complex of four alleles which consist from four to three genes ($TG^{TC}/GH^{GG}/LEP^{TT}$ or $CAPN1^{CG}/TG^{TC}/GH^{CG}/LEP^{CT}$) in calves of the Hereford breed was 21.4%, in heifers - 10.0%. Most of the herd (64.3-46.7%) were carriers of two marker alleles which consist from two or one gene. For the first time, the specificity of the allelic profile of genes $CAPN1(c. 316 C>G)$, $TG5(c.-422C>T)$, $GH(c.2141C>G)$, $LEP(c.73C>T)$ of repair young Hereford breed, especially valuable genotypes were identified, their specific gravity was determined for wide use in the practical selection of the Stavropol Territory.

Keywords: cattle, herd replacements, Hereford breed, polymorphism, gene complex, genotype, CAPN1, TG, GH, LEP, Stavropol Territory

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: Surzhikova ES, Dubovskova MP, Gerasimov NP. Polymorphism of genes $CAPN1(c. 316 C>G)$, $TG5(c.-422C>T)$, $GH(c.2141C>G)$, $LEP(c.73C>T)$ in young beef animals of Stavropol population Hereford breed. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2021;104(4):67-78. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-104-4-67>

Введение.

Наиболее актуальным и востребованным в селекционном процессе является изучение генетических детерминант формирования высокой продуктивности. Аттестация племенных животных по генетическим маркерам в комплексе с зоотехническими параметрами создаёт условия для подбора животных с нужной генетической структурой, что значительно повысит генетический потенциал племенных стад отечественных пород и обеспечит значительное ускорение селекционного процесса, повышение его эффективности, достижения экономического благополучия племенных хозяйств (Новиков А.А. и др., 2021; Селионова М.И. и др., 2018). Целесообразность использования методов молекулярной генетики в селекции убедительно доказана в достаточно обширных материалах отечественных, зарубежных исследований. Генетические маркеры оказались незаменимыми при выявлении диапазона видовой, популяционной изменчивости, изучении филогенеза, степени генетического сходства, различия в процессе микроэволюции видов, пород, популяций животных (Зиновьева Н.А. и др., 2019).

Использование информации о генетических параметрах животных воспроизводящей части стада (производители, маточное поголовье) даёт возможность определить вероятную ценность родительского подбора, дифференцировать степень влияния на селекционируемые признаки потомства того или иного родителя, что позволяет следить за движением наследственного материала из поколения в поколение. Наиболее ценным селекционным материалом для построения генетических профилей при подборе родительских пар являются потомки родителей с оптимальной сочетаемостью. Такой подход создаёт условия для выбора направленности отбора на повышение частоты встречаемости в стадах определённых аллелей, их комбинаций ассоциированных с ценными признаками (Туулебаев SD et al., 2021). Генетическое маркирование позволяет оценить генофонд конкретных стад, тем самым практически исключается принятие ошибочных решений, способствует быстрому накоплению аллелей, несущих комплекс желательных признаков. MAS особенно важна для таких признаков, которые фенотипически проявляются достаточно поздно или связаны с полом

животного (например, молочная продуктивность), а также для тех признаков, на уровень проявления которых влияют условия внешних факторов (Ковалюк Н.В. и др., 2015). Так как прогресс в биотехнологии и молекулярной генетике позволяет привлекать сведения об изменчивости непосредственно молекул ДНК, а мерой генетической изменчивости популяций является генетический полиморфизм, то выявление в популяциях нескольких форм гена или признака, встречающихся с определённой частотой, является основой как фундаментальных биологических процессов, таких как адаптация, эволюция, так и селекционных процессов, преобразующих фенотип.

Ген кальпаина (*CAPN1*) ассоциирован с формированием нежности мяса при его созревании. В декомпозиции мышечной ткани, происходящей после убоя животного, активное участие принимает белок семейства кальпаинов, что и обеспечивает нежность и сочность мяса (Smith TPL et al., 2000).

Соматотропин (*GH*) продуцируется передней долей гипофиза, является одним из важнейших регуляторов соматического роста животных. Установлено, что ген, контролирующий синтез соматотропина, регулирует рост животного, а также играет ключевую роль в обменных процессах (углеводном, жировом) (Lee J-H et al., 2013).

Тиреоглобулин (*TG5*) влияет на липидный обмен, участвует в образовании жировых клеток и формирует так называемую «мраморность» мышечной ткани (Barendse W et al., 2004).

Лептин (*LEP*) – гормон, вырабатываемый клетками жировой ткани, играет важную роль в метаболизме, в частности, в накоплении жира в организме. В мясном скотоводстве полиморфизм гена лептина является важным генетическим фактором, влияющим на убойный выход и качество мяса (Buchanan FC et al., 2002).

Цель исследований.

Оценка генетического профиля ремонтного молодняка крупного рогатого скота герефордской породы на основе ДНК-тестирования по полиморфизмам генов *CAPN1* (*c. 316 C>G*), *TG5* (*c. 422C>T*), *GH* (*c.2141C>G*), *LEP* (*c.73C>T*), разводимого в племенном хозяйстве Ставропольского края.

Материалы и методы исследования.

Объект исследования. Бычки и тёлки герефордской породы 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 Care 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. Исследования по ДНК-генотипированию молодняка мясного скота герефордской породы по генам *TG5* (*c. 422C>T*), *GH* (*c.2141C>G*), *LEP* (*c.73C>T*) проводились в аккредитованной лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий отдела генетики и биотехнологии ВНИИОК-филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» методом полимиразно-цепной реакции (ПЦР-ПДРФ) с использованием известных последовательностей праймеров, опубликованных ранее и синтезированных в НПЛ «Синтол» на программируемом четырёхканальном термоциклере «ТЕРЦИК» фирмы «ДНК-технология» (Россия).

Для молекулярно-генетического исследования биологическим материалом служила ДНК, выделенная согласно протоколу изготовителя (Изоген, г. Москва) из образцов крови ($n=103$), с использованием коммерческого набора реагентов «DiatomtmDNAPre200» ремонтного молодняка герефордской породы, разводимого в племенном хозяйстве ООО «Белокопанское» Ставропольского

края. Для проведения полимиразно-цепной реакции (ПЦР) использовались коммерческие специализированные наборы «GenePakPCRCore» (Изоген, Москва) (табл. 1).

Таблица 1. **Индивидуальные характеристики условий ПЦР-ПДРФ для исследуемых полиморфных генов *TG5(c.-422C>T)*, *GH(c.2141C>G)*, *LEP(c.73C>T)***
 Table 1. **Individual characteristics of PCR-PDRF conditions for the studied polymorphic genes *TG5(c.-422C>T)*, *GH(c.2141C>G)*, *LEP(c.73C>T)***

Ген-маркер/ <i>Genetic marker</i>	Олигонуклеотидные Последовательности/ <i>Oligonucleotide sequences</i>	Т°С, отжига праймеров/ <i>T°С, primer annealing</i>	Амплификат, (п.н.)/ <i>Amplicon (bp)</i>	Эндонуклеаза/ <i>Endonuclease</i>	Источник/ <i>Source</i>
<i>TG5 (c.-422C>T)</i>	F:5'-ggggatgactacgagtatgactg-3' R:5'-gtgaaaatcttggaggctgta-3'	62	548	<i>BstX2I</i>	<i>Barendse W et al., 2004</i>
<i>GH(c.2141C>G)</i>	F:5'-gctgctcctgagccttcg -3' R:5'-gcggcggcacttcacaccc-3'	65	223	<i>AluI</i>	<i>Lee J-H et al., 2013</i>
<i>LEP(c.73C>T)</i>	F:5'-ggggatgactacgagtatgactg-3' R:5'-gtgaaaatcttggaggctgta-3'	62	422	<i>BstMBI</i>	<i>Buchanan FC et al., 2002</i>

Методом горизонтального гель-электрофореза при УФ-свете в агарозном геле от 1,8 до 2,5 % в присутствии 10,0 % этидия бромид (10,0 мкл) определялись длина и число фрагментов рестрикции эндонуклеазами, документировали с помощью специальной видеосистемы (рис. 1, 2).

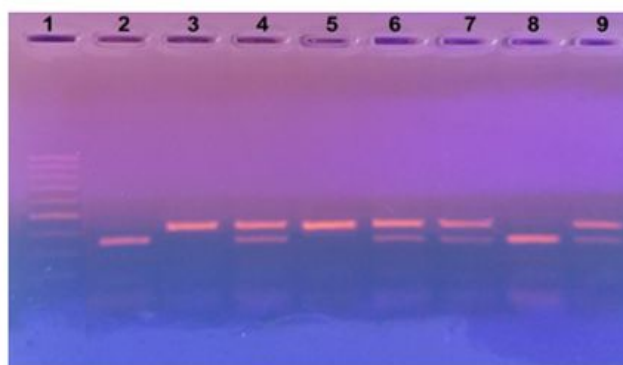
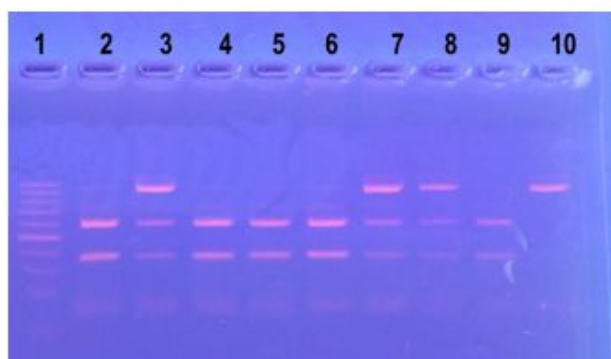


Рис. 1 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ гормон роста (соматотропин) (GH)
 Figure 1 – PCR-PDRF result electrophoregram growth hormone (somatotropin) (GH)

Примечание: 1 – ДНК-маркер 50 bp (Изоген); 2, 8 – генотип LL (171; 52; п.н.);
 4, 6, 7, 9 – генотип LV (223, 171, 53 п.н.); 3, 5 – генотип VV (223 п.н.)
 Note: 1 – DNA marker 50 bp (Isogen); 2, 8 – genotype LL (171; 52; bp.);
 4, 6, 7, 9 – genotype LV (223, 171, 53 bp.); 3, 5 – VV genotype (223 bp.)

Полимеразно-цепная реакция в реальном времени (ПЦР-РВ) с использованием специализированного коммерческого набора реагентов «CAPN1-Детект», («Синтол», Москва) для определения полиморфизма с.316C>G гена кальпаин (*CAPN1*) проводилась на программированном амплификаторе АНК-32.



**Рис. 2 – Электрофореграмма результата ПЦР-ПДРФ тиреоглобулин (TG)/
 Figure 2 – Electrophoregram of PCR-PDRF thyroglobulin (TG) result**

Примечание: 1 – ДНК-маркер 50 bp (Изоген); 2, 4, 5, 6, 9 – генотип СС (295, 178, 75 п.н.);
 3, 7, 8 – ТС (473, 295, 178, 75 п.н.); 10 – ТТ (473, 75 п.н.)

Note: 1 – DNA marker 50 bp (Isogen); 2, 4, 5, 6, 9 – SS genotype (295, 178, 75 bp);
 3, 7, 8 – TC (473, 295, 178, 75 bp); 10 – TT (473, 75 bp)

Статистическая обработка. Частоту встречаемости генотипов определяли по формуле:

$$p = n/N,$$

где p – частота генотипа,

n – количество особей, имеющих определённый генотип,

N – число особей.

Частоту отдельных аллелей определяли по формуле:

$$P_A = (2n_{AA} + n_{AB}) \div 2N,$$

$$q_B = (2n_{BB} + n_{AB}) \div 2N,$$

где P_A – частота аллеля А,

q_B – частота аллеля В,

N – общее число аллелей.

В соответствии с законом Харди-Вайнберга определялись ожидаемые частоты генотипов в популяции герефордского скота.

Оценку избытка гетерозигот (коэффициент Селендера) проводили по формуле:

$$D = \frac{H_o - H_e}{H_e},$$

где H_o и H_e – наблюдаемая и ожидаемая гетерозиготность.

Эффективное число аллелей рассчитывали по формуле:

$$n_a = \frac{1}{1 - H_e}$$

Результаты исследования.

Полученные результаты ПЦР и их анализ свидетельствуют о том, что полиморфизм гена *CAPNI* (*c.316C>G*) представлен аллелью *CAPNI^C* с очень низкой (0,17) и аллелью *CAPNI^G* – высокой (0,83) частотой встречаемости. Выявленная закономерность стала основой присутствия высокой (68,0 %) частоты встречаемости гомозиготного генотипа *CAPNI^{GG}*, но низкой – его аналога (2,0 %) *CAPNI^{CC}*, частота встречаемости гетерозиготного *CAPNI^{CG}* генотипа составила 30,0 %.

Что касается полиморфизма гена *TG5* (*c.-422C>T*), то он также представлен двумя аллелями *TG5^T* и *TG5^C* со сравнительно одинаковой (0,41 и 0,59) частотой встречаемости. Выявленная закономерность стала основой присутствия высокой (68,0%) частоты встречаемости гетерозиготного

генотипа $TG/5^{TC}$, но низкой (7,0 %) – гомозиготного генотипа $TG5^{TT}$, частота встречаемости его аналога $TG5^{CC}$ составила 25,0 % (табл. 2).

Таблица 2. Распределение частоты встречаемости генотипов и аллелей изучаемых генов $CAPN1(c. 316 C>G)$, $TG5(c.-422C>T)$, $GH(c.2141C>G)$, $LEP(c.73C>T)$
Table 2. Distribution of occurrence frequency of genotypes and alleles of studied genes $CAPN1(c. 316 C>G)$, $TG5(c.-422C>T)$, $GH(c.2141C>G)$, $LEP(c.73C>T)$

Ген-маркер/ <i>Genetic marker</i>	Генотип/ <i>Genotype</i>	Частота встречаемости/ <i>Frequency of occurrence</i>	
		Генотипа/ <i>Genotype</i>	Аллеля/ <i>Alleles</i>
$CAPN1(c. 316 C>G)$	$CAPN1^{CC}$	0,02	$CAPN1^C$ 0,17 $CAPN1^G$ 0,83
	$CAPN1^{GG}$	0,68	
	$CAPN1^{CG}$	0,30	
$TG5(c.-422C>T)$	$TG5^{TT}$	0,07	$TG5^T$ 0,41 $TG5^C$ 0,59
	$TG5^{CC}$	0,25	
	$TG5^{TC}$	0,68	
$GH(c.2141C>G)$	GH^{GG}	0,11	GH^G 0,28 GH^C 0,72
	GH^{CC}	0,55	
	GH^{CG}	0,34	
$LEP(c.73C>T)$	LEP^{CC}	0,75	LEP^C 0,85 LEP^T 0,15
	LEP^{TT}	0,05	
	LEP^{CT}	0,20	

Для полиморфизма гена $GH(c.2141C>G)$, характерно присутствие двух аллелей: GH^G , GH^C и трёх генотипов GH^{GG} , GH^{CC} и GH^{CG} с разной частотой встречаемости: 0,28, 0,72; 11,0, 55,0 и 34,0 % соответственно.

Полиморфизм гена $LEP(c.73C>T)$ представлен аллелью LEP^T с очень низкой (0,15) и аллелью LEP^C – высокой (0,85) частотой встречаемости. Что нашло отражение в частоте встречаемости гомозиготного генотипа LEP^C (75,0%) и сравнительно низкой (5,0%) – его аналога LEP^{TT} , частота встречаемости гетерозиготного LEP^{CT} генотипа составила 20,0 %.

Сравнительный анализ генетической структуры исследуемой популяции молодняка герфордской породы свидетельствует о высокой степени гомозиготности (Ca , %) гена $LEP(c.73C>T)$, составившей 74,8 %. Вариабельность степени гомозиготности генов $CAPN1(c. 316 C>G)$, $TG5(c.-422C>T)$ и $GH(c.2141C>G)$ в исследуемой популяции была сравнительно незначительной: от 51,7 – гена $TG5(c.-422C>T)$ до 59,3 % – в локусе гена $GH(c.2141C>G)$ (табл. 3).

Таблица 3. Распределение по генетической структуре ген-маркеров
Table 3. Distribution by genetic structure of genetic marker

Ген-маркер/ <i>Genetic marker</i>	Показатель/ <i>Indicator</i>					
	Ca , %	V , %	Na	$Hobs$	Hex	TF
$CAPN1(c. 316 C>G)$	53,7	44,0	1,39	0,30	0,28	+0,02Ф>Т
$TG5(c.-422C>T)$	51,7	46,1	1,94	0,68	0,48	+0,20Ф>Т
$GH(c.2141C>G)$	59,3	38,4	1,68	0,34	0,40	- 0,06Ф<Т
$LEP(c.73C>T)$	74,8	22,9	1,34	0,20	0,25	- 0,05Ф<Т

Вариабельность числа эффективно действующих аллелей (Na) и уровня генетической изменчивости (V) по всем локусам генов $CAPN1(c. 316 C>G)$, $TG5(c.-422C>T)$, $GH(c.2141C>G)$, $LEP(c.73C>T)$ в исследуемой популяции животных была неодинаковой и варьировала от 1,34 до

1,94; от 22,9 до 46,1 %. По результатам генотипирования по исследуемым генам $GH(c.2141C>G)$, $LEP(c.73C>T)$ в выборке молодняка герефордской породы тест гетерозиготности (TT) оказался отрицательным, что свидетельствует о недостатке гетерозигот.

Для более детальной оценки изменений в гетерогенности стада герефордского скота Ставропольской популяции был изучен коэффициент Селендера (рис. 3).

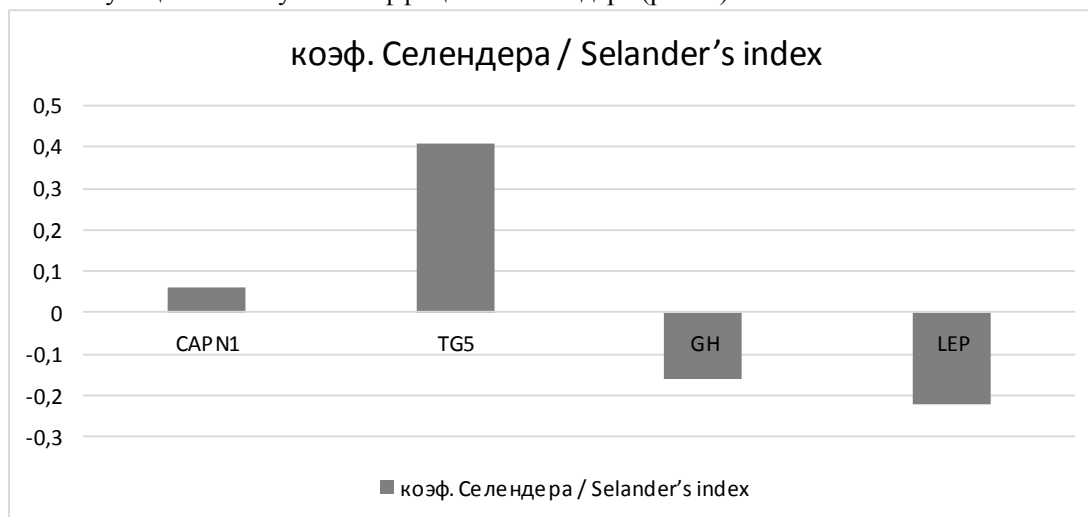


Рис. 3 – Оценка избытка гетерозигот по генам $CAPN1(c.316C>G)$, $TG5(c.-422C>T)$, $GH(c.2141C>G)$, $LEP(c.73C>T)$ в популяции герефордского молодняка Ставропольского края

Figure 3 – Evaluation of excess heterozygotes by genes $CAPN1(c.316C>G)$, $TG5(c.-422C>T)$, $GH(c.2141C>G)$, $LEP(c.73C>T)$ in the Hereford young population of the Stavropol Territory

Так, анализ соотношения наблюдаемой и теоретически ожидаемой гетерозиготности свидетельствует о существенном дефиците гетерозигот у ремонтного молодняка в локусах генов гормона роста и лептина. Так, дефицит гетерозигот в гене GH составлял -0,22 ед., в гене лептина – несколько меньше -0,16 ед. В то же время значительная гетерогенность стада наблюдается по гену тиреоглобулина – 0,41 ед.

Генетико-статистическим анализом комбинаторики аллелей, маркирующих мясную продуктивность, выявлена неоднозначность их распределения в исследуемой популяции мясного скота (табл. 4).

Таблица 4. Распределение селекционно-значимых генотипов
 Table 4. Distribution of selection-significant genotypes

Комбинации желательных генотипов/ <i>Combinations desirable genotypes</i>	Количество желательным генотипом/ <i>Desired genotype quantity</i>	Частота встречаемости комплексного генотипа, %/ <i>Frequency of complex genotype occurrence, %</i>	
		♂	♀
$CAPN1^{CG}/TG5^{TC}/GH^{CG}/LEP^{CT}$	4/4	7,1	3,3
$CAPN1^{CG}/TG5^{TC}/GH^{CG}$	4/3	14,3	6,7
$TG5^{TC}/GH^{CG}/LEP^{CT}$	3/3	7,2	13,3
GH^{CG}/LEP^{CT}	1-2/1	64,3	46,7
отсутствие		7,1	30,0

Присутствие желательного генокомплекса из четырех аллелей четырех -трех генов ($TG5^{TC}/GH^{CG}/LEP^{CT}$, либо $CAPN1^{CG}/TG5^{TC}/GH^{CG}/LEP^{CT}$) у бычков герефордской породы составило 21,4 %, из трех аллелей трех генов ($CAPN1^{CG}/TG5^{TC}/LEP^{CT}$) – 7,2 %, носителями двух-одного аллелей одного-двух генов (GH^{CG}/LEP^{CT}) являлись 64,3 % животных. В стаде тёлочек этой же породы присутствие генокомплекса из четырех аллелей четырех-трех генов ($CAPN1^{CG}/TG5^{TC}/GH^{CG}/LEP^{CT}$)

составило 10,0 %, более половины стада (46,7 %) являлась носителями комбинаций из двух-одного аллеля одного-двух генов. Таким образом, удельный вес особозначенных генотипов в исследуемых выборках был сравнительно низок.

Обсуждение полученных результатов.

Генетическая изменчивость в популяции мясного скота является важной предпосылкой для дальнейшего совершенствования породы (Groeneveld LF et al., 2010). Внедрение в селекционную практику инновационных методов генотипирования животных обеспечило масштабные исследования генофонда и геномов отдельных животных, стад и популяций на основе ДНК-маркеров (Зиновьева Н.А. и др., 2019). По сообщению Coates BS с коллегами (2009), однонуклеотидные полиморфизмы являются наиболее оптимальным типом маркеров для установления родственных связей между особями, изучения степени инбридинга и гетерозиготности стад и, в целом, оценки состояния генетических ресурсов больших популяций. В наших исследованиях проведена оценка генетической изменчивости Ставропольской популяции герефордского скота в зависимости от полиморфизма в генах кальпаина, тиреоглобулина, гормона роста и лептина. При этом изучались генотипическая и аллельная частота встречаемости, ожидаемая и наблюдаемая гетерозиготность, проведена оценка избытка гетерозигот в популяции, количества эффективных аллелей и других генетических констант у ремонтного молодняка. Так, в гене гормона роста число носителей минорной аллели V, которая кодируется путём замены C2141G в пятом экзоне, составляло 28%, в то время как альтернативной аллели L достигало максимума 72% от всего ремонтного молодняка. Эти данные согласуются с результатами Sedykh TA с соавторами (2020), которые получены у герефордов австралийской селекции, разводимых в условиях Республики Башкортостан. В частности, по сообщению авторов, частота встречаемости аллели L в стаде составляло 0,69 ед., а гомозиготного генотипа – LL 0,48 ед., тогда как в Ставропольской популяции соотношение гомозиготных генотипов GG/CC было на уровне 0,11/0,55 ед.

Однако при анализе распределения генотипов по гену тиреоглобулина в стаде герефордов были получены нетипичные результаты для популяции. Так, наибольшее распространение было у носителей гетерозиготного варианта (ТС), которое достигало 68%, в то время как соотношение гомозигот ТТ/СС составляло 7/25%. Тогда как в аналогичных исследованиях, проведённых на холмогорском скоте частота встречаемости генотипа ТТ была 0,014 ед., ТС – 0,357 ед., а СС – 0,629 ед., аллелей С – 0,81 ед., Т – 0,19 ед. (Юльметьева Ю.Р. и Шакиров Ш.К., 2020). Кроме того, по сообщению Тюлькина С.В. с коллегами (2012), частота аллелей в бычьем стаде голштинской породы составляла С – 0,81 ед. и Т – 0,19 ед. Однако в Ставропольской популяции герефордов распределение аллелей было примерно на одном уровне (С – 0,59 ед. и Т – 0,41 ед.), несмотря на невысокое распространение гомозиготных генотипов. Такая дифференциация стада на генотипы объясняется повышенной гетерозиготностью популяции. Об этом свидетельствуют данные по избытку гетерозигот, который составлял по гену тиреоглобулину 0,41 ед. В то время как по другим изучаемым генам наблюдался дефицит гетерозиготности: по гену гормона роста – -0,16 ед., по гену лептина – -0,22 ед. Недостаток гетерозигот в стадах мясного скота является следствием использования ограниченного количества высокоценных быков-производителей в воспроизводстве стада. Об этом сообщают Горлов И.Ф. с коллегами (2014), которые изучали полиморфизм генов bGH, RORC и DGAT1 у казахского белоголового, калмыцкого и монгольского скота. По их данным, дефицит гетерозигот по гену гормона роста наблюдался в стадах казахской белоголовой (-0,045 ед.) и калмыцкой (-0,034 ед.) пород, тогда как у монгольского скота была выявлена избыточная гетерозиготность (0,142 ед.).

В наших исследованиях установлено относительно высокое число эффективно действующих аллелей в генах тиреоглобулина (1,94 ед.) и гормона роста (1,68 ед.), низкое – в генах кальпаина (1,39 ед.) и лептина (1,34 ед.). Эти данные несколько расходятся с результатами, полученными Dzhulamanov KM с соавторами (2019) в уральской популяции герефордов. Причём наиболее существенные различия выявлены в количестве эффективных аллелей гена тиреоглобулина, выражающееся в преимуществе Ставропольской популяции на 0,59 аллелей. Однако уральские стада характеризовались повышенными показателями по генам кальпаина (на 0,14 ед.) и гормона роста (0,16 ед.).

Заключение.

Одним из методических подходов, позволяющих получить объективную информацию о генетическом потенциале племенного мясного скота, разводимого в хозяйстве Ставропольского края, является регулярное проведение скрининговых работ по выявлению желательных для селекции генотипов, контролируемых мясную продуктивность генов кальпаина (*CAPN1*), тиреоглобулина (*TG*), гормона роста (*GH*), лептина (*LEP*). Скрининг генотипов-носителей маркерных аллелей и широкое вовлечение их в селекционный процесс создаст условия для накопления в племенных стадах набора генов, сопряженных с мясной продуктивностью. Результаты анализа генетической структуры рассматриваемых полиморфизмов генов *CAPN1*(с. 316 C>G), *TG5*(с.-422C>T), *GH*(с.2141C>G), *LEP*(с.73C>T) свидетельствуют о неоднозначности распределения предпочтительных для селекции аллелей. Невысокая частота желательных аллелей выявлена в генах кальпаина (С=0,17 ед.) и лептина (Т=0,15 ед.), высокая – в гене тиреоглобулина (Т=0,41 ед.). Полученные данные генотипирования подтверждают целесообразность интенсивного использования быков-носителей селекционно значимых аллелей в генах *CAPN1* и *LEP* для повышения в стаде предпочтительных генетических комплексов.

Список источников

1. Генетические ресурсы животных: развитие исследований аллелофонда российских пород крупного рогатого скота – миниобзор / Н.А. Зиновьева, А.А. Сермягин, А.В. Доцев, О.И. Боронетская, Л.В. Петрикеева, А.С. Абдельманова, G. Brem // Сельскохозяйственная биология. 2019. Т. 54. № 4. С. 631-641. doi: 10.15389/agrobiology.2019.4.631rus [Zinovieva NA, Sermyagin AA, Dotsev AV, Boronetslaya OI, Petrikeyeva LV, Abdelmanova AS, Brem G. Animal genetic resources: developing the research of allele pool of Russian cattle breeds – minireview. Sel'skokhozyaistvennaya biologiya [Agricultural Biology]. 2019;54(4):631-641. (In Russ)]. doi: 10.15389/agrobiology.2019.4.631eng
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 генетические маркеры крупного рогатого скота / М.И. Селионова, Л.Н. Чиждова, Г.Т. Бобрышова, Е.С. Суржилова, А.К. Михайленко // Вестник АПК Ставрополя. 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 аллелей гена *LEP* у субпопуляции крупного рогатого скота айрширской породы / Н.В. Ковалюк, В.Ф. Сацук, А.Е. Волченко, Е.В. Мачульская // Генетика. 2015. Т. 51. № 2. С. 266-270. doi: 10.7868/S0016675815020101 [Kovaljuk NV, Satsuk VF, Volchenko AE, Machulskaja EV. LEP gene allelic polymorphism in a subpopulation of ayrshire cattle. Russian Journal of Genetics. 2015;51(2):214-217. doi: 10.1134/S1022795415020106 (In Russ)].
5. Полиморфизм генов *bGH*, *RORC* и *DGAT1* у мясных пород крупного рогатого скота / И.Ф. Горлов, А.А. Федюнин, Д.А. Ранделин, Г.Е. Сулимова // Генетика. 2014. Т. 50. № 12. С. 1448-1454. doi: 10.7868/S0016675814120030 [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
6. Полиморфизм по генам соматотропина, пролактина, лептина, тиреоглобулина быков-производителей / С.В. Тюлькин, Т.М. Ахметов, Э.Ф. Валиуллина, Р.Р. Вафин // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2012. Т. 16. № 4-2. С. 1008-1012. [Tjulkin SV, Ahmetov TM, Valiullina EF, Vafin RR. Polymorphism of genes for somatotropin, prolactin, leptin, and thyroglobulin in stud bulls. Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2012;16(4-2):1008-1012. (In Russ)].

7. Юльметьева Ю.Р., Шакиров Ш.К. Ассоциативные связи гена тиреоглобулина с продуктивным долголетием молочного скота // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 1. С. 14-19. [Yulmeteva YuR, Shakirov ShK. The association of the thyroglobulin gene with the productive longevity of dairy cattle. Dairy and Beef Cattle Farming. 2020;1:14-19. (In Russ)]. doi: 10.33943/MMS.2020.65.47.004
8. Barendse W, Bunch R, Thomas M, Armitage S, et al. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle. Aust J Exp Agr. 2004;44(7):669-674. doi: 10.1071/EA02156
9. Buchanan FC, Fitzsimmons CJ, Van Kessel AG, Thue TD, Winkelman-Sim DC, Schmutz SM. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. Genet Sel Evol. 2002; 34(1):105-116. doi: 10.1051/gse:2001006
10. Coates BS, Sumerford DV, Miller NJ, Kim KS, Sappington TW et al. Comparative performance of single nucleotide polymorphism and microsatellite markers for population genetic analysis. Journal of Heredity. 2009;100(5):556-564. doi: 10.1093/jhered/esp028
11. Dzhulamanov KM, Gerasimov NP, Dubovskova MP, Baktygalieva AT. Polymorphisms of CAPN1, CAST, GDF5, TG5 and GH genes in Russian Hereford cattle. Bulgarian Journal of Agricultural Science. 2019;25(2):375-379.
12. Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, Toro MA, Scherf B, Pilling D, Negrini R, Finlay EK, Jianlin H, Groeneveld E, Weigend S. Genetic diversity in farm animals – a review. Anim Genet. 2010;41(s1):6-31. doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x
13. 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 Australas. J Anim Sci. 2013;26(10):1359-1364. doi: 10.5713/ajas.2013.13248
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. Smith TPL, Casas E, Rexroad CE et al. Bovine CAPN1 maps to a region of BTA29 containing a quantitative trait locus for meat tenderness. J Anim Sci. 2000;78(10):2589-2594. doi: 10.2527/2000.78102589x
16. Tyulebaev SD, Kadysheva MD, Kosilov VI, Gabidulin VM. The state of polymorphism of genes affecting 2nd the meat quality in micropopulations of meat Simmentals. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. 2021;624:012045. doi: 10.1088/1755-1315/624/1/012045

References

1. Zinovieva NA, Sermyagin AA, Dotsev AV, Boronetslaya OI, Petrikeeva LV, Abdelmanova AS, Brem G. Animal genetic resources: developing the research of allele pool of Russian cattle breeds – mini-review. Agricultural Biology. 2019;54(4):631-641. doi: 10.15389/agrobiol.2019.4.631eng
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. Kovaljuk NV, Satsuk VF, Volchenko AE, Machulskaja EV. LEP gene allelic polymorphism in a subpopulation of ayrshire cattle. Russian Journal of Genetics. 2015;51(2):214-217. doi: 10.1134/S1022795415020106
5. 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
6. Tjulkin SV, Ahmetov TM, Valiullina EF, Vafin RR. Polymorphism of genes for somatotropin, prolactin, leptin, and thyroglobulin in stud bulls. Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2012;16(4-2):1008-1012.

7. Yulmeteva YuR, Shakirov ShK. The association of the thyroglobulin gene with the productive longevity of dairy cattle. *Dairy and Beef Cattle Farming*. 2020;1:14-19. doi: 10.33943/MMS.2020.65.47.004
8. Barendse W, Bunch R, Thomas M, Armitage S, et al. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle. *Aust J Exp Agr*. 2004;44(7):669-674. doi: 10.1071/EA02156
9. Buchanan FC, Fitzsimmons CJ, Van Kessel AG, Thue TD, Winkelmann-Sim DC, Schmutz SM. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. *Genet Sel Evol*. 2002; 34(1):105-116. doi: 10.1051/gse:2001006
10. Coates BS, Sumerford DV, Miller NJ, Kim KS, Sappington TW et al. Comparative performance of single nucleotide polymorphism and microsatellite markers for population genetic analysis. *Journal of Heredity*. 2009;100(5):556-564. doi: 10.1093/jhered/esp028
11. Dzhulamanov KM, Gerasimov NP, Dubovskova MP, Baktygalieva AT. Polymorphisms of CAPN1, CAST, GDF5, TG5 and GH genes in Russian Hereford cattle. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*. 2019;25(2):375-379.
12. Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, Toro MA, Scherf B, Pilling D, Negrini R, Finlay EK, Jianlin H, Groeneveld E, Weigend S. Genetic diversity in farm animals – a review. *Anim Genet*. 2010;41(s1):6-31. doi: 10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x
13. 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 Australas. J Anim Sci*. 2013;26(10):1359-1364. doi: 10.5713/ajas.2013.13248
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. Smith TPL, Casas E, Rexroad CE et al. Bovine CAPN1 maps to a region of BTA29 containing a quantitative trait locus for meat tenderness. *J Anim Sci*. 2000;78(10):2589-2594. doi: 10.2527/2000.78102589x
16. Tyulebaev SD, Kadysheva MD, Kosilov VI, Gabidulin VM. The state of polymorphism of genes affecting 2th the meat quality in micropopulations of meat Simmentals. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. 2021;624:012045. doi: 10.1088/1755-1315/624/1/012045

Информация об авторах:

Евгения Семёновна Суржикова, кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий, Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, 356241, Ставропольский край, Шпаковский р-н, г. Михайловск, ул. Никонова, д. 49, тел.: (8652)71-72-18.

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:

Evgenia S Surzhikova, Cand. Sci. (Agriculture), Senior Researcher, Laboratories of Immunogenetics and DNA Technologies, North Caucasus Federal Agrarian Research Center, 356241, Stavropol Territory, Shpakovsky district, Mikhailovsk, st. Nikonova, 49.

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 14.10.2021; одобрена после рецензирования 22.11.2021; принята к публикации 13.12.2021.

The article was submitted 13.10.2021; approved after reviewing 22.11.2021; accepted for publication 13.12.2021