

Научная статья

УДК 636.082:591.4

doi: 10.33284/2658-3135-109-1-133

### Морфологический состав туш и микроструктура мышечной ткани казахских белоголовых бычков разных генотипов

Николай Павлович Герасимов<sup>1</sup>, Киниспай Мурзагулович Джуламанов<sup>2</sup>,  
Бауыржан Кенесович Елемесов<sup>3</sup>, Альбек Комарович Сангаков<sup>4</sup>, Иван Михайлович Дунин<sup>5</sup>

<sup>1,2,3,4</sup>Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, Оренбург, Россия

<sup>5</sup>Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела, Московская область, Лесные Поляны, Россия

<sup>1</sup>nick.gerasimov@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2295-5150>

<sup>2</sup>kinispai.d@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8039-7471>

<sup>3</sup>elemesovb@inbox.ru

<sup>4</sup>sangakovak@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-9843-4572>

<sup>5</sup>vniiplem@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4310-9551>

**Аннотация.** Успехи в области молекулярной генетики позволили маркировать основные количественные признаки мясного скота. Представлены результаты изучения морфологического состава туши и микроструктуры длиннейшей мышцы спины бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по *GH*, *DGAT1*, *TG5*, *CAST*, *LEP*, *CAPN 1*, *SCD1*, *RORC* генам, ассоциируемым с ростом и развитием тканей, липидным и энергетическим обменом. Молодняк (n=12) выращивали до 15 месяцев при одинаковых условиях кормления и содержания, период контрольного выращивания завершали убоем. Животных для убоя отбирали, исходя из их генотипа по изучаемым 8 генам с расчетом получения групп не менее 3 голов каждого генотипа. После охлаждения тушу раздельвали на отруба и проводили обвалку. Носители генотипа *GH-VV* значительно превосходили сверстников по массе охлажденной туши и массе мякоти. Гетерозиготные особи по *CAST* гену имели достоверное преимущество по выходу мякоти и уступали по массе и выходу костей относительно *CAST-AA* гомозигот. Значительное влияние на микроструктуру длиннейшей мышцы спины оказывал полиморфизм *LEP* гена, гетерозиготные бычки превосходили *LEP-AA* сверстников по диаметру миофибрилл и содержанию мышечной ткани. Полученные результаты свидетельствуют о потенциальном влиянии *GH* гена на синтез и формирование мышечной ткани, что подтверждается существенными различиями между носителями разных вариантов гена на микроструктуру длиннейшей мышцы спины. С другой стороны, потребуются дальнейшая работа для обоснования выявленных ассоциаций изученных генов на более крупной популяции.

**Ключевые слова:** бычки, казахская белоголовая порода, ген, аллель, морфологический состав, микроструктура мышечной ткани

**Благодарности:** работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект № 24-26-00264.

**Для цитирования:** Морфологический состав туш и микроструктура мышечной ткани казахских белоголовых бычков разных генотипов / Н.П. Герасимов, К.М. Джуламанов, Б.К. Елемесов, А.К. Сангаков, И.М. Дунин // Животноводство и кормопроизводство. 2026. Т. 109. № 1. С. 133-147. [Gerasimov NP, Dzhulamanov KM, Elemesov BK, Sangakov AK, Dunin IM. Morphological composition of carcasses and microstructure of muscle tissue in Kazakh White-Headed bulls of different genotypes. Animal Husbandry and Fodder Production. 2026;109(1):133-147. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-1-133>

Original article

**Morphological composition of carcasses and microstructure of muscle tissue  
in Kazakh White-Headed bulls of different genotypes**

**Nikolay P Gerasimov<sup>1</sup>, Kinispay M Dzhulamanov<sup>2</sup>, Bauyrzhan K Elemesov<sup>3</sup>, Al'bek K Sangakov<sup>4</sup>,  
Ivan M Dunin<sup>5</sup>**

<sup>1,2,3,4</sup>Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, Orenburg, Russia

<sup>5</sup>All-Russian Scientific Research Institute of Breeding, Moscow region, Lesnye Polyany, Russia

<sup>1</sup>nick.gerasimov@rambler.ru, <https://orcid.org/0000-0003-2295-5150>

<sup>2</sup>kinispai.d@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0001-8039-7471>

<sup>3</sup>elemesovb@inbox.ru

<sup>4</sup>sangakovak@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0005-9843-4572>

<sup>5</sup>vniiplem@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-4310-9551>

**Abstract.** Advances in molecular genetics have made it possible to mark the main quantitative traits of beef cattle. The article presents the results of studying the morphological composition of the carcass and the microstructure of the longissimus dorsi muscle in Kazakh White-Headed bulls of different genotypes according to *GH*, *DGATI*, *TG5*, *CAST*, *LEP*, *CAPN 1*, *SCD1*, and *RORC* genes associated with tissue growth and development, as well as lipid and energy metabolism. The young animals (n=12) were raised to 15 months under the same feeding and housing conditions, and the control period was completed by slaughter. The animals were selected for slaughter based on their genotype for the 8 genes studied, with the aim of obtaining groups of at least 3 animals of each genotype. After cooling, the carcass was divided into cuts and deboned. *GH-VV* carriers significantly exceeded their peers in terms of the cooled carcass weight and the lean weight. Heterozygous individuals for the *CAST* gene had a significant advantage in terms of lean yield, but they were inferior in terms of bone weight and yield compared to *CAST-AA* homozygotes. The polymorphism of the *LEP* gene had a significant effect on the microstructure of the longissimus dorsi muscle; heterozygous bulls surpassed their *LEP-AA* peers in terms of the myofibril diameter and the content of muscle tissue. The results obtained indicate the potential effect of the *GH* gene on the synthesis and formation of muscle tissue, which is confirmed by significant differences between carriers of gene variants in the microstructure of the longissimus dorsi muscle. On the other hand, further work will be required to validate the identified associations of the studied genes in a larger population.

**Keywords:** bulls, Kazakh White-Headed breed, gene, allele, morphological composition, microstructure of muscle tissue

**Acknowledgments:** the work was supported by the Russian Science Foundation, Project No. 24-26-00264.

**For citation:** Gerasimov NP, Dzhulamanov KM, Elemesov BK, Sangakov AK, Dunin IM. Morphological composition of carcasses and microstructure of muscle tissue in Kazakh White-Headed bulls of different genotypes. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2026;109(1):133-147. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-109-1-133>

**Введение.**

В мясном скотоводстве все большее внимание уделяется выявлению генетической основы изменчивости количественных признаков продуктивности с использованием молекулярных методов (Лазебная И.В. и др., 2022). Вследствие полигенной формы наследуемости определение достоверных генетических ассоциаций хозяйственно-полезных качеств животных затруднительно, так как формирование мясной продуктивности происходит при прямом или косвенном участии нескольких генов. Внутривидное разнообразие на основе информации о структуре генофонда является важным элементом для совершенствования стад и популяций, сохранения генетических ресурсов, адаптации к конкретным условиям разведения (Тарасова Е.И. и др., 2024). Определение полиморфизма генов имеет важное значение в селекции сельскохозяйственных животных для определения генотипов и их связей с продуктивными, репродуктивными и другими хозяйственно-полезными признаками.

Успехи в области молекулярной генетики позволили маркировать основные количественные признаки мясного скота. Выбор эффективных ДНК-маркеров племенных и продуктивных ка-

честв и разработка новых систем селекции с использованием генетики представляют собой актуальные задачи в животноводстве, решение которых позволит повысить точность оценки генетического потенциала и ускорить темпы совершенствования животных (Позовникова М.В. и др., 2017; Зарипов О.Г., 2023). В этом контексте достижение более высоких показателей мясной продуктивности является важным фактором обеспечения продовольственной независимости и конкурентоспособности отечественного мясного скотоводства.

Показатели мясной продуктивности трудно улучшать исключительно с помощью традиционной селекции, поскольку значительного прогресса можно добиться лишь после смены нескольких поколений животных. За последнее время проведены многочисленные исследования по оценке генетических факторов формирования мясной продуктивности крупного рогатого скота (Колпаков В.И., 2020; Селионова М.И. и др., 2023). Подход, основанный на использовании генов-кандидатов, позволяет отбирать желательные генотипы особей по однонуклеотидным полиморфизмам (SNP), детерминирующим интересующие признаки. Важнейшими показателями при производстве говядины являются масса туши, выход основных тканей, химический состав и микроструктура мяса. В этом отношении гены, которые участвуют в биологических процессах, связанных с ростом и развитием тканей и органов, липидным и энергетическим обменом, выступают ключевыми факторами генетической изменчивости мясной продуктивности. Наибольшее применение в маркерной селекции мясного скота нашли гены гормона роста (*GH*), стеароил-КоА-дегидрогеназы (*SCD*), лептина (*LEP*), тиреоглобулина (*TG*), диацилглицерол-О-ацилтрансферазы (*DGAT1*), орфанного рецептора *C* (*RORC*), кальпаина (*CAPN1*) и кальпастина (*CAST*). Ген *GH* участвует в процессах роста и дифференциации тканей и органов и ассоциируется с массой и выходом туши, площадью мышечного глазка, развитием жировой ткани (Gorlov I et al., 2017). Причем это участие реализуется через сложную сеть взаимодействий белков (соматотропная ось), которая определяет большинство хозяйственно-полезных признаков у животных, в том числе молокообразование и интенсивность прироста живой массы (Кожевникова И.С. и др., 2025). *SCD* является одним из основных липогенных ферментов и участвует в превращении насыщенных в ненасыщенные жирные кислоты, что определяет органолептические свойства мяса (Safina NYu et al., 2018; Otto JR et al., 2023). Важнейшая функция *LEP* заключается в регулировании усвоения, накопления и использования энергии из питательных веществ (Селионова М.И. и Евстафьева Л.В., 2024). *TG* регулирует обмен веществ и отложение жира, а также участвует в развитии жировых клеток (Колпаков В.И., 2020). *DGAT1* играет роль в процессах синтеза триглицеридов и катализирует последнюю стадию синтеза триглицеридов из диацилглицерина в жирные кислоты (Абдулхаликов Р.З. и др., 2024; Третьякова Р.Ф. и Каюмов Ф.Г., 2024; Sedykh TA et al., 2023). Кальпаин-кальпастиновая система ответственна за протеолиз основных миофибриллярных белков во время посмертного созревания мяса (Коновалова Е.Н. и др., 2024а).

Липидный и энергетический обмены являются одними из основных элементов роста животных и, следовательно, эффективности производства говядины (Otto JR et al., 2022). Ранее опубликованные работы широко освещали влияние генов, изученных в ходе нашего исследования, на продуктивность и качество мяса у различных пород крупного рогатого скота. Однако имеющейся информации о потенциальном влиянии этих генов на показатели мясной продуктивности казахской белоголовой породы совершенно недостаточно.

#### **Цель исследования.**

Изучить морфологический состав туши и микроструктуру мышечной ткани бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по генам, ассоциируемым с количественными и качественными показателями мясной продуктивности.

#### **Материалы и методы исследования.**

**Объект исследования.** Бычки казахской белоголовой пород (n=12). В качестве биосубстратов у контрольных животных была взята на анализ кровь, образцы длиннейшей мышцы спины.

Обслуживание животных и экспериментальные исследования были выполнены в соответствии с инструкциями и рекомендациями нормативных актов: Модельный закон Межпарламентской Ассамблеи государств-участников Содружества Независимых Государств "Об обращении с животными", ст. 20 (постановление МА государств-участников СНГ № 29-17 от 31.10.2007 г.), протоколы Женевской конвенции и принципы надлежащей лабораторной практики (Национальный стандарт Российской Федерации ГОСТ Р 53434-2009), Руководство по работе с лабораторными животными ([http://fncbst.ru/?page\\_id=3553](http://fncbst.ru/?page_id=3553)). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов. Все процедуры над животными были выполнены в соответствии с правилами Комитета по этике животных ФНЦ БСТ РАН.

**Схема эксперимента.** Исследования проведены в ООО «Омеко-труд» Оренбургской области. Бычков разных генотипов выращивали при одинаковых условиях кормления и содержания до 15-месячного возраста, после чего провели контрольный убой по методике согласно ГОСТ Р 34120-2017. После охлаждения тушу разделявали на отруба и проводили обвалку. Из левой полутуши перед обвалкой взяли путем поперечного среза мышцы пробу (200 г) длиннейшей мышцы спины на уровне 9-11-го ребер. Животных для убоя отбирали, исходя из их генотипа по изучаемым 8 генам с расчетом получения групп не менее 3 голов каждого генотипа. Носителей *CAPNI-CC* и *CAST-GG* в стаде не выявлено, поэтому эти варианты отсутствуют в анализе. Кроме того, по генотипу *TG5-TT* представлены данные только по одному носителю.

Генотипирование по полиморфизмам генов *GH C2141G* (гормона роста), *CAPNI C316G* (кальпаина 1), *TG5 C422T* (5'-нетранслируемой области тиреоглобулина), *CAST C282G* (кальпастаина), *LEP C239T* (лептина), *DGATI K232A* (диацилглицерол О-ацилтрансферазы 1), *SCDI T878C* (стеариол-КоА-десатуразы 1) и *RORC A3984G* (орфанного рецептора С) проводилось на основе ДНК, выделенной из крови с использованием реагентов *DIAtom™ DNA Prep* (IsoGeneLab, Москва). Для проведения полимеразной цепной реакции – полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ) применялись наборы *Gene Pak PCR Core* (IsoGeneLab, Москва) на программируемом термоциклере «Терцик» (ДНК-технология, Россия). Для амплификации участков использовались праймеры (табл. 1), синтезированные в НПФ «Литех» (Россия).

Таблица 1. Праймеры для амплификации полиморфизмов генов *GH, DGATI, TG5, CAST, LEP, CAPNI, SCD1, RORC*

Table 1. Primers for amplification of *GH, DGATI, TG5, CAST, LEP, CAPNI, SCD1, RORC* gene polymorphisms

Полиморфизм / <i>Polymorphism</i>	Последовательность праймера / <i>Primer sequence</i>	Ампликон, п.н. / <i>Amplicon, bp</i>
<i>GH L127V</i>	F: 5'-GCTGCTCCTGAGGGCCCTTCG-3' R: 5'-GCGGCGGCACTTCATGACCCT-3'	208
<i>DGATI K232A</i>	F: 5'-GTTCTTCCTTGGTGGCTCAG-3' R: 5'-CTGTAGGGGAGCAGAACCAG-3'	411
<i>TG5 C422T</i>	F: 5'-GGGGATGACTACGAGTATGACTG-3' R: 5'-GTGAAAATCTTCTGGAGGCTGTA-3'	545
<i>CAST C282G</i>	F: 5'-TGGGGCCCAATGACGCCATCGATG-3' R: 5'-GGTGGAGCAGCACTTCTGATCACC-3'	624
<i>LEP A80V</i>	F: 5'-GGGAAGGGCAGAAAGATAG-3' R: 5'-CCAAGCTCTCCAAGCTCTC-3'	458
<i>SCDI T878C</i>	F: 5'-CCTAAGCAGCAGACCACTAG-3' R: 5'-TGGGCTCAACGTCACCTG-3'	163
<i>RORC A3984G</i>	F: 5'-AAGCCCACTGGGCAAGTAGAAGG-3' R: 5'-GCAGGGAAGAGCATGTTCATTCATTC-3'	249
<i>CAPNI C316G</i>	F: 5'-AGCAGCCCACCATCAGAGAAA-3' R: 5'-TCAGCTGGTTCGGCAGAT-3'	415

Примечание: F – прямой праймер, R – обратный праймер

Note: F – forward primer, R – reverse primer

ПЦР-программа включала следующие шаги: 1) для гена *GH*: «горячий старт» – 5 мин при +95 °С; 35 циклов: денатурация – 45 с при +94 °С, отжиг – 45 сек при +65 °С, синтез – 45 с при +72 °С; элонгация – 7 мин при +72 °С;

2) для гена *TG5*: «горячий старт» – 4 мин при +94 °С; 35 циклов: денатурация – 60 с при +94 °С, отжиг – 60 с при +62 °С, синтез – 60 с при +72 °С; элонгация – 4 мин при +72 °С.

3) для гена *LEP*: «горячий старт» – 5 мин при +95 °С; 30 циклов: +94 °С 30 с – денатурация; отжиг праймеров – 40 с при температуре +62 °С; синтез ДНК – +72 °С, 40 с; элонгация при +72 °С, 7 мин.

4) для гена *CAST*: «горячий старт» – 5 мин при +94 °С; 32 цикла: денатурация – 30 с при +94 °С, отжиг – 45 с при +62 °С, синтез – 45 с при +72 °С; элонгация – 5 мин при +72 °С.

5) для гена *DGATI*: «горячий старт» – 15 мин при +95 °С; 35 циклов: денатурация – 60 с при +94 °С, отжиг – 60 с при +60 °С, синтез – 60 с при +72 °С; элонгация – 3 мин при +72 °С.

6) для гена *SCD1*: первоначальная денатурация – 1 мин при +94 °С; 35 циклов: денатурация – 30 с при +95 °С, отжиг – 30 с при +56 °С, синтез – 30 с при +72 °С; элонгация – 10 мин при +72 °С.

Для рестрикции амплифицированных участков генов использовали эндонуклеазы: *GH* – *AluI*, *TG5* – *BstX2I*, *LEP* – *Sau3AI*, *CAST* – *HhaI*, *DGATI* – *CfrI*, *SCD1* – *FauI*, *RORC* – *HinfI*. Расщепление продуктов проводили при 37 °С, генотипы идентифицировали методом гель-электрофорез с визуализацией под УФ-светом. Определение длины фрагментов проводили с помощью маркера молекулярных масс GenePakR DNA Ladder M 50 («IsoGene Lab», Москва).

Полиморфизм гена *CAPNI C316G* диагностировали на анализаторе нуклеиновых кислот АНК-32, используя набор реагентов *CAPNI*-Детект, который предназначен для выявления бинарной SNP-мутации *C316G* в пробах ДНК методом ПЦР в реальном времени с использованием аллель-специфичных зондов (ООО «Синтол», Россия). Программа амплификации гена кальпаина включала следующие шаги: 1-я ступень – 200 с при +95 °С – 1 цикл; 2-я ступень – 50 с при +62 °С – 50 циклов; 3-я ступень – 20 с при +95 °С – 50 циклов.

**Оборудование и технические средства.** Взвешивание молодняка производили на платформенных весах ВСП4-Ж (Россия). Исследования биосубстратов выполнялись на оборудовании Лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий ВНИИОК - филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» (свидетельство ПЖ-77 № 008326 от 18.04.2018 г.) и в ЦКП ФНЦ БСТ РАН (г. Оренбург) (<http://цкп-бст.рф>). Для генотипирования использовали пробирки с 600 мкл этилендиаминтетрауксусной кислоты (ЭДТА).

**Статистическая обработка.** Анализ данных проводили с применением программы «Excel» («Microsoft», США) и обработкой данных в «Statistica 10.0» («StatSoft Inc.», США) по алгоритмам описательной статистики. Определение достоверности разницы между средними по группам проводили по критерию Фишера (F-критерий), при этом критический уровень значимости принимался  $P \leq 0,05$ .

### Результаты исследования.

При убое от бычков получены туши средней массой 247,2 кг (табл. 2). Наибольшая выраженность этого признака была зафиксирована у носителей *GH-VV* генотипа, которые превосходили сверстников с LL-вариантом на 16,3 кг (6,8 %;  $P \leq 0,01$ ), а гетерозиготных особей на 7,4 (3,0 %;  $P \leq 0,05$ ). Также различия на уровне тенденции по массе охлажденной туши установлены между генотипами *LEP-AV* и *LEP-AA* на 8,7 кг (3,6 %;  $P = 0,09$ ) в пользу бычков с гетерозиготным вариантом гена. Таким образом, из 8 изучаемых полиморфизмов 6 генов не оказали существенного влияния на вариабельность показателя.

Значительную часть туши составляет мышечная ткань, ее доля варьировала в изучаемой выборке в пределах 68,6-74,1 %, при среднем значении – 70,9 %. Достоверная разница по данному показателю выявлена между генотипами *CAST-AG* и *CAST-AA* на уровне 2,4 % ( $P \leq 0,05$ ). Также следует отметить различия на уровне тенденции между носителями *TG5-CC* и *TG5-CT* (на 1,5 %;  $P = 0,18$ ), *GH-VV* и *GH-LL* (на 1,5 %;  $P = 0,09$ ), *DGATI-AK* и *DGATI-AA* (на 1,7 %;  $P = 0,14$ ).

Таблица 2. Морфологический состав туш бычков в зависимости от генотипов по генам *GH*, *DGAT1*, *TG5*, *CAST*, *LEP*, *CAPN 1*, *SCD1*, *RORC*Table 2. Morphological composition of carcasses in bulls depending on the genotypes of *GH*, *DGAT1*, *TG5*, *CAST*, *LEP*, *CAPN 1*, *SCD1*, and *RORC* genes

Ген, генотип / <i>Gene, genotype</i> (n)		Масса охлажденной туши, кг / <i>Cooled carcass weight, kg</i>	Мякоть / <i>Lean</i>		Жир / <i>Fat</i>		Кости / <i>Bones</i>	
			выход, % / <i>yield, %</i>	масса, кг / <i>weight, kg</i>	выход, % / <i>yield, %</i>	масса, кг / <i>weight, kg</i>	выход, % / <i>yield, %</i>	масса, кг / <i>weight, kg</i>
<i>TG5</i>	CC (n=4)	246,8±4,19	71,8±1,19	177,3±5,55	9,9±0,04	24,4±0,33	14,5±0,98	35,8±1,91
	CT (n=7)	245,7±2,33	70,3±0,40	172,7±2,05	10,3±0,20	25,2±0,36	15,5±0,41	38,0±1,10
	TT (n=1)	259,3	71,4	185,1	11,0	28,5	14,1	36,6
<i>GH</i>	LL (n=4)	239,4±1,87	70,0±0,39	167,5±1,17	10,3±0,28	24,6±0,49	15,8±0,46	37,9±1,37
	LV (n=5)	248,3±1,30	70,8±0,90	175,7±2,50	10,2±0,20	25,2±0,44	15,2±0,72	37,7±1,80
	VV (n=3)	255,7±3,24	72,2±0,60	184,7±3,07	10,2±0,42	26,0±1,29	13,8±0,49	35,2±1,07
<i>DGAT1</i>	AA (n=5)	248,6±2,90	70,0±0,50	174,0±3,00	10,4±0,23	25,9±0,79	15,7±0,56	39,1±1,11
	AK (n=4)	248,7±5,29	71,7±0,63	178,4±5,07	10,2±0,32	25,2±0,37	14,1±0,45	35,1±0,99
	KK (n=3)	242,9±2,12	71,2±1,51	173,1±5,15	9,9±0,03	24,1±0,20	15,1±1,11	36,6±2,40
<i>SCD1</i>	CC (n=4)	243,7±1,69	70,8±1,14	172,6±3,67	10,2±0,24	24,8±0,68	15,2±0,80	37,1±1,75
	CT (n=5)	248,6±4,85	71,4±0,62	177,6±4,70	10,3±0,30	25,7±0,77	14,4±0,58	35,8±1,16
	TT (n=3)	249,5±1,90	70,0±0,70	174,8±2,80	10,0±0,12	25,0±0,33	15,8±0,81	39,4±1,83
<i>CAST</i>	AA (n=9)	247,4±2,00	70,3±0,40	173,9±2,10	10,2±0,15	25,2±0,51	15,6±0,36	38,5±0,71
	AG (n=3)	246,5±7,11	72,7±1,07	179,3±7,37	10,3±0,42	25,3±0,43	13,4±0,55	33,0±0,58
<i>LEP</i>	AA (n=4)	242,7±1,51	70,9±1,13	172,0±3,80	10,0±0,05	24,2±0,17	15,4±0,85	37,4±1,86
	AV (n=5)	251,4±2,20	70,7±0,60	177,7±2,50	10,1±0,23	25,5±0,78	15,2±0,59	38,2±1,28
	VV (n=3)	246,1±7,10	71,2±1,14	175,4±7,43	10,6±0,40	26,0±0,43	14,3±0,81	35,1±1,65
<i>RORC</i>	AA (n=6)	243,9±2,80	71,0±0,70	173,1±3,00	10,2±0,19	24,8±0,34	15,0±0,51	36,5±1,21
	AG (n=3)	250,0±4,72	71,7±1,07	179,3±6,06	9,9±0,12	24,7±0,33	14,5±1,04	36,2±1,91
	GG (n=3)	251,0±4,19	69,9±0,82	175,4±4,86	10,6±0,38	26,5±1,22	15,7±0,95	39,4±1,94
<i>CAPN1</i>	GG (n=7)	247,7±2,42	70,9±0,80	175,7±3,26	10,0±0,15	24,9±0,39	15,1±0,66	37,4±1,45
	CG (n=5)	246,5±4,20	70,8±0,40	174,6±3,60	10,4±0,27	25,7±0,77	14,9±0,41	36,8±0,96

Доля жировой ткани в тушах бычков изменялась в пределах 9,7-11,1 %, при среднем показателе жиронакопления 10,2 %. Невысокая изменчивость в пределах всей выборки относительно доли мышечной ткани объясняется возрастом (15 мес.) убоя молодняка, который был ниже периода интенсивного жиροотложения у бычков казахской белоголовой породы. Поэтому генотипы, ассоциируемые с липидным обменом мясного скота, несущественно проявились в фенотипе животных. Тем не менее необходимо отметить тенденции превосходства носителей *RORC-GG* относительно *RORC-AG* на 0,7 % ( $P=0,10$ ) и *LEP-VV* над *LEP-AA* на 0,6 % ( $P=0,12$ ) по доле жировой ткани в туше.

Несмотря на невысокий удельный вес костей в тушах бычков, в среднем по выборке достигающий 15,0 %, индивидуальная изменчивость животных по данному показателю колебалась в диапазоне 12,8-17,4 %. Значительные различия по доле костей установлены между генотипами *CAST-AA* и *CAST-AG* на уровне 2,4 % ( $P\leq 0,05$ ) в пользу первого варианта гена. Разница на уровне тенденции зафиксирована между носителями *DGATI-AK* и *DGATI-AA* (на 1,6 %;  $P=0,10$ ) и *GH-VV* и *GH-LL* (на 2,0 %;  $P=0,16$ ).

При производстве говядины более актуальным вопросом является абсолютное содержание тканей в туше. Анализ данных свидетельствует о том, что формирование мышечной ткани значительно детерминировано генотипом по гену *GH* с превосходством *VV* варианта. Так, различия по массе мышечной ткани по сравнению с гетерозиготными особями составляли 9,0 кг (5,1 %;  $P\leq 0,05$ ), а относительно альтернативных гомозиготных носителей 17,2 кг (10,3 %;  $P\leq 0,001$ ). Оставшиеся 7 генов не ассоциировались с изменчивостью развития мускулатуры у казахских белоголовых бычков.

Вариабельность количества накопленного жира в туше обуславливалась полиморфизмами генов липидного обмена на уровне тенденции. Так, отмечалось превосходство генотипов *DGATI-AA* над *DGATI-KK* на 1,8 кг (7,5 %;  $P=0,09$ ), *LEP-VV* над *LEP-AA* на 1,8 кг (7,4 %;  $P=0,15$ ), а также *RORC-GG* относительно *RORC-AA* и *RORC-AG* на 1,7-1,8 кг (6,9-7,3 %;  $P=0,07-0,08$ ). Частично ассоциации на уровне тенденции может быть связана с эффектом выборки, то есть с небольшим размером выборки ( $n=12$ ) в данном исследовании, так что некоторые значимые связи генов липидного обмена с развитием жировой ткани у казахских белоголовых бычков, возможно, не были обнаружены.

Полиморфизм гена *CAST* определял существенную разницу по массе костей в тушах молодняка на уровне 5,5 кг (16,7 %;  $P\leq 0,05$ ) в пользу гомозиготного *AA* варианта. Менее значимые различия фиксировались между генотипами *DGATI-AA* и *DGATI-AK* на 4,0 кг (11,4 %;  $P=0,06$ ), а также *SCDI-TT* и *SCDI-CT* на 3,6 кг (10,0 %;  $P=0,14$ ).

Размер миофибрилл значительно детерминирован генотипом по генам *GH* и *LEP* (табл. 3). Превосходство по диаметру мышечного волокна установлено на стороне носителей *GH-VV* по сравнению с *GH-LL* на 11,5 мкм (26,2 %;  $P\leq 0,05$ ) и *LEP-AA* относительно гетерозиготных особей по гену *LEP* на 9,8 мкм (22,4 %;  $P\leq 0,05$ ). Также по величине изучаемого показателя различия на уровне тенденции выявлены между генотипами *DGATI-AK* и *DGATI-KK* на 9,4 мкм (21,8 %;  $P=0,10$ ), *SCDI-CT* и *SCDI-TT* относительно *SCDI-CC* на 6,8-8,0 мкм (15,6-18,3 %;  $P=0,15-0,16$ ).

Количество миофибрилл на единицу площади также определялось генотипом по гену *GH* с максимальной выраженностью признака у особей с *GH-LL* вариантом, их преимущество по сравнению с группой *GH-VV* составляло 123,9 шт./мм<sup>2</sup> (58,9 %;  $P\leq 0,05$ ). Кроме того, следует отметить различия между генотипами *DGATI-AK* и *DGATI-KK* на 98,3 шт./мм<sup>2</sup> (40,0 %;  $P=0,12$ ), *LEP-AA* относительно гетерозиготного варианта гена на 98,3 шт./мм<sup>2</sup> (41,6 %;  $P=0,07$ ).

В образцах длиннейшей мышцы спины бычков-носителей *GH-VV* содержалось на 6,7-8,3 % ( $P<0,05$ ) больше мышечной ткани по сравнению с другими вариантами гена. Также значительное превосходство установлено у гетерозиготного генотипа по гену *LEP* относительно особей с *LEP-AA* на 6,2 % ( $P\leq 0,05$ ). Заметная разница выявлена между генотипами *DGATI-AK* и *DGATI-KK* на 5,7 % ( $P=0,12$ ), *SCDI-CT* и *SCDI-CC* на 5,5 % ( $P=0,09$ ), *RORC-AA* и *RORC-AG* на 5,5 % ( $P=0,12$ ), *CAPNI-CG* и *CAPNI-GG* на 4,0 % ( $P=0,15$ ).

По содержанию жировой ткани в мышце значительных различий между генотипами по изучаемым генам не установлено. Разница на уровне тенденции зафиксирована у носителей *GH-VV* и *GH-LL* в пределах 0,7 % ( $P=0,07$ ) и *CAST-AA* и *CAST-AG* на 0,5 % ( $P=0,07$ ).

Таблица 3. Микроструктура длиннейшей мышцы спины бычков разных генотипов по генам *GH, DGAT1, TG5, CAST, LEP, CAPN 1, SCD1, RORC*Table 3. Microstructure of the longissimus dorsi muscle in bulls depending on the genotypes of *GH, DGAT1, TG5, CAST, LEP, CAPN 1, SCD1, and RORC* genes

Ген, генотип / <i>Gene, genotype</i>	Диаметр мышечного волокна, мкм / <i>Muscle fiber diameter, μm</i>	Количество волокон на мм <sup>2</sup> / <i>Number of fibers per mm<sup>2</sup></i>	Удельный вес ткани, % / <i>Tissue specific share, %</i>			
			мышечная / <i>muscle</i>	соединительная / <i>connective</i>	жировая / <i>fat</i>	
<i>TG5</i>	CC	45,7±2,77	313,7±33,93	76,8±2,34	21,5±2,29	1,7±0,21
	CT	49,5±3,07	278,4±33,21	79,1±1,75	18,9±1,76	2,0±0,17
	TT	52,9	228,0	84,0	14,6	1,4
<i>GH</i>	LL	43,8±1,09	334,2±17,11	76,0±1,47	21,8±1,58	2,2±0,29
	LV	48,3±3,73	282,8±42,09	77,6±1,93	20,5±2,04	1,9±0,14
	VV	55,3±2,03	210,3±14,77	84,3±1,25	14,2±1,32	1,5±0,10
<i>DGAT1</i>	AA	48,6±3,09	283,0±34,14	79,6±1,74	18,4±1,66	2,1±0,25
	AK	52,5±4,01	246,0±45,12	80,6±2,77	17,7±2,78	1,6±0,10
	KK	43,1±1,30	344,3±20,80	74,9±2,03	23,2±2,09	1,8±0,26
<i>SCD1</i>	CC	43,7±1,07	335,7±17,03	75,4±1,51	22,7±1,58	1,9±0,21
	CT	50,5±3,22	263,2±35,31	80,9±2,34	17,3±2,27	1,8±0,28
	TT	51,7±5,48	257,7±62,80	79,7±2,29	18,4±2,41	1,9±0,12
<i>CAST</i>	AA	49,6±2,34	272,2±24,58	79,7±3,20	18,3±1,36	2,0±0,15
	AG	45,2±4,22	327,3±52,67	75,9±3,20	22,6±3,21	1,5±0,07
<i>LEP</i>	AA	43,7±1,11	334,7±17,55	75,7±1,65	22,2±1,81	2,1±0,32
	AV	53,5±3,35	236,4±37,52	81,9±1,91	16,3±1,89	1,8±0,12
	VV	46,6±3,70	303,7±45,43	77,5±2,62	20,8±2,57	1,7±0,24
<i>RORC</i>	AA	47,5±3,15	300,3±35,06	76,9±1,85	21,2±1,91	1,8±0,13
	AG	52,8±3,97	236,3±36,79	82,4±2,43	15,6±2,13	2,0±0,46
	GG	46,3±3,53	307,0±44,77	78,8±2,64	19,5±2,46	1,8±0,23
<i>CAPN1</i>	GG	46,5±2,29	307,1±27,08	77,1±1,36	21,1±1,35	1,8±0,13
	CG	51,4±3,55	256,4±37,86	81,1±2,38	17,0±2,34	1,9±0,27

Межгрупповые различия по содержанию соединительной ткани в длиннейшей мышце спины повторяли таковые по мышечной ткани, однако ранг распределения генотипов менялся на обратный.

#### Обсуждение полученных результатов.

В данном исследовании предлагается оценить влияние полиморфизмов генов *GH, DGAT1, TG5, CAST, LEP, CAPN 1, SCD1, RORC* на морфологический состав туш и микроструктуру длиннейшей мышцы спины бычков казахской белоголовой породы. Анатомо-морфологическая характеристика молодняка изучалась после убоя путем обвалки и жиловки туш. Из-за небольшого размера выборки ( $n=12$ ) наше исследование имеет ограничения, поэтому некоторые различия между генотипами по изучаемым показателям, возможно, не достигли статистически значимого уровня. В исследованиях Sood V et al. (2023a) выявлена высокая наследуемость содержания мякоти ( $h^2=0,41-0,61$ ) и жира ( $h^2=0,46-0,62$ ) в туше и средняя для костной ткани ( $h^2=0,22-0,48$ ), что свидетельствует о наличии генетических факторов, определяющих особенности развития этих тканей у мясного скота. Raza SHA et al. (2020) приводят данные о различных QTL, ассоциированных с формированием туши и отдельных тканей тела у животных. В частности, выявлен 41 ген на участках BTA4, BTA13 и BTA25, которые принимают участие в синтезе мякоти туши (Sood V et al., 2023b). Sasazaki S (2021) отмечал ассоциацию полиморфизма *GH L127V* с выходом туши и мякоти у мяс-

ного скота. Нуклеотидные замены в гене *GH* сопряжены с изменчивостью у носителей разных генотипов массы туши, площади мышечного глазка и содержанию жира в туше (Zalewska M et al., 2021; Romero JV et al., 2024). Эти данные согласуются с результатами наших исследований, формирование мускулатуры у казахских белоголовых бычков значительно детерминировано генотипом по гену *GH* с превосходством *VV* варианта. Кроме того, значительные эффекты на морфологический состав туш бычков были установлены в зависимости от аллельного варианта гена *CAST*, который ассоциируется с формированием нежности мяса при посмертном созревании. По остальным генам, изучаемых в нашей работе, не выявлены достоверные различия между генотипами. Однако, по данным Dolmatova I et al. (2020) и Sycheva I et al. (2023) более интенсивным жиरोотложением отличались животные с *TT*-генотипом гена *TG5*, а *T*-аллель ассоциировалась с повышенным содержанием жира в туше и мясе. Zhang LP et al. (2015) отмечали значительное ( $P \leq 0,05$ ) влияние полиморфизмов гена тиреоглобулина (*TG*) на выход мякоти и площадь мышечного глазка. Невысокая частота встречаемости (1,7 %) генотипа *TG5-TT* в стаде казахской белоголовой породы не позволила нам оценить межгрупповые различия по этому полиморфизму.

Скелетные мышцы бычков отечественных популяций мясного скота состоят примерно на 76,2-77,3 % из мышечных волокон и на 22,2-23,6 % из соединительной и жировой тканей. Соединительная ткань в мышцах представлена эндомизием, который окружает каждое мышечное волокно, перимизием, который окружает пучки мышечных волокон, и эпимизием, который окружает мышцу в целом (Третьякова Р.Ф. и др., 2021). Скелетные мышцы также содержат жировую ткань и, в меньшей степени, сосудистую и нервную ткани. Потенциал роста мышцы, а, следовательно, и масса мякотной части туши, в значительной степени определяется количеством и площадью мышечных волокон. В то же время увеличение размера миофибрилл негативно влияет на качество мяса, в частности, на влагоудерживающую способность и нежность (Lee SH et al., 2010). В наших исследованиях доля мышечной ткани в длиннейшей мышце спины варьировала в пределах 72,2-86,6 %, а соединительная – 11,7-26,4 %, содержание жировой ткани колебалось в диапазоне 1,4-2,9 %. Коновалова Е.Н. с коллегами (2024б) выявили связь генотипов бычков абердин-ангусской породы по генам *CAST* и *CAPN 1* с микроструктурой мышц. Selionova MI and Plakhtyukova VR (2020) установили ассоциацию генов *CAPN 1* и *GH* на содержание соединительной ткани и размер миофибрилл. Селионова М.И. и Евстафьева Л.В. (2024) нашли значительную связь полиморфизма гена *LEP* с микроморфологическим составом скелетной мускулатуры бычков. Наши данные подтвердили лишь существенную ассоциацию генов *GH* и *LEP* с внутривидовой динамикой микроструктуры длиннейшей мышцы спины. Результаты анализа связи полиморфизмов *DGATI*, *TG5*, *CAST*, *CAPN 1*, *SCD1*, *RORC* и морфометрической характеристикой мышц свидетельствуют о тенденции различия, обусловленных генотипом, что по-видимому объясняется эффектом небольшой выборки животных.

### Заключение.

Представлены результаты изучения морфологического состава туши и микроструктуры длиннейшей мышцы спины бычков казахской белоголовой породы разных генотипов по *GH*, *DGATI*, *TG5*, *CAST*, *LEP*, *CAPN 1*, *SCD1*, *RORC* генам, ассоциируемым с ростом и развитием тканей, липидным и энергетическим обменом. Носители генотипа *GH-VV* значительно превосходили сверстников по массе охлажденной туши и массе мякоти. Гетерозиготные особи по *CAST* гену имели достоверное преимущество по выходу мякоти и уступали по массе и выходу костей относительно *CAST-AA* гомозигот. Значительное влияние на микроструктуру длиннейшей мышцы спины оказывал полиморфизм *LEP* гена, гетерозиготные бычки превосходили *LEP-AA* сверстников по диаметру миофибрилл и содержанию мышечной ткани. Полученные результаты свидетельствуют о потенциальном влиянии *GH* гена на синтез и формирование мышечной ткани, что подтверждается существенными различиями между носителями разных вариантов гена на микроструктуру длиннейшей мышцы спины. С другой стороны, потребуется дальнейшая работа для обоснования выявленных ассоциаций изученных генов на более крупной популяции.

Список источников

1. ГОСТ 34120-2017. Крупный рогатый скот для убоя. Говядина и телятина в тушах, полутушах и четвертинах. Технические условия. Введ. 01.01.2019. М.: «Стандартинформ», 2020. 19 с. [State Standard 34120-2017. Cattle for slaughter. Beef and veal carcasses, semi-carcasses and quarters. Specifications. Vved. 01.01.2019. Moscow: Standartinform. 2020:19 p. (*In Russ.*)].
2. Зарипов О.Г. Влияние полиморфизмов генов *SCD1* (стерол-КоА десатураза) и *AGPAT6* (1-ацилглицерин-3-фосфат-о-ацилтрансфераза) на содержание и жирнокислотный состав молочного жира у коров голштинизированной черно-пестрой породы // Международный научно-исследовательский журнал. 2023. № 11(137). URL: <https://research-journal.org/archive/11-137-2023-november/10.23670/IRJ.2023.137.148> (дата обращения: 10.10.2025). [Zaripov OG. Influence of *SCD1* (sterol-CoA desaturase) and *AGPAT6* (1-acylglycerol-3-phosphate-o-acyltransferase) genes polymorphisms on content and fat composition of milk fat in Holstinized Black-and-White cows. International Research Journal. 2023;11(137). URL: <https://research-journal.org/en/archive/11-137-2023-november/10.23670/IRJ.2023.137.148> (accessed: 10.10.2025). (*In Russ.*)]. doi: 10.23670/IRJ.2023.137.148
3. Кожевникова И.С., Ступина А.О., Классен И.А. Роль генов соматотропной оси в регуляции продуктивных качеств молочного и мясного скота (обзор) // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2025. № 26(4). С. 713-724. [Kozhevnikova IS, Stupina AO, Klassen IA. The role of somatotrophic axis genes in regulating the productivity traits of dairy and beef cattle (review). Agricultural Science Euro-North-East. 2025;26(4):713-724. (*In Russ.*)]. doi: 10.30766/2072-9081.2025.26.4.713-724
4. Колпаков В.И. Влияние некоторых полиморфных генов на мясную продуктивность и качество мяса у крупного рогатого скота (обзор) // Животноводство и кормопроизводство. 2020. Т. 103. № 4. С. 47-64. [Kolpakov VI. Influence of some polymorphic genes on meat productivity and meat quality of cattle (review). Animal Husbandry and Fodder Production. 2020;103(4):47-64. (*In Russ.*)]. doi: 10.33284/2658-3135-103-4-47
5. Лазебная И.В., Перчун А.В., Лазебный О.Е. Внутривидовая дифференциация аборигенной костромской породы крупного рогатого скота на основе SNP-маркеров мясной продуктивности // Успехи современной биологии. 2022. Т. 142. № 5. С. 463-476. [Lazebnaya IV, Perchun AV, Lazebny OE. Intra-breed differentiation of the native Kostroma cattle breed based on SNP-markers of meat productivity. Advances in Current Biology. 2022;142(5):463-476. (*In Russ.*)]. doi: 10.31857/S0042132422050088
6. Маркер-ассоциированная и геномная селекция мясного скота / М.И. Селионова, Л.В. Евстафьева, Е.Н. Коновалова, Е.В. Белая // Тимирязевский биологический журнал. 2023. № 2. С. 37-48. [Selionova MI, Evstafyeva LV, Konovalova EN, Belaya EV. Marker-assisted and genomic selection of beef cattle. Timiryazev Biological Journal. 2023;2:37-48. (*In Russ.*)]. doi: 10.26897/2949-4710-2023-2-37-48
7. Полиморфизм генов *FASN* и *DGATI* у мясного скота и их связь с параметрами фенотипа / Р.З. Абдулхаликов, М.М. Шахмурзов, Т.Т. Тарчоков, А.Ф. Шевхужев, К.Г. Магомедов // Аграрный научный журнал. 2024. № 8. С. 61-66. [Abdulkhalikov RZ, Shakhmurzov MM, Tarchokov TT, Shevkhezhev AF, Magomedov KG. Polymorphism of *FASN* and *DGATI* genes in beef cattle and their relationship with phenotype parameters. Agrarian Scientific Journal. 2024;8:61-66. (*In Russ.*)]. doi: 10.28983/asj.y2024i8pp61-66
8. Связь полиморфизмов генов лептина и кальпаина-1 с эффективностью откорма и убойными качествами крупного рогатого скота мясных пород / Е.Н. Коновалова, Л.В. Евстафьева, М.И. Селионова, О.С. Романенкова, Е.А. Гладырь // Молочное и мясное скотоводство. 2024а. № 2. С. 31-35. [Konovalova EN, Evstafyeva LV, Selionova MI, Romanenkova OS, Gladyr EA. The relationship of leptin and kalpain-1 genes polymorphisms with fattening efficiency and slaughter traits of beef cattle. Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding. 2024a;2:31-35. (*In Russ.*)]. doi: 10.33943/MMS.2024.91.72.007

9. Связь полиморфных вариантов гена Стеароил-КоА-Десатураза (*SCD1*) с хозяйственно ценными признаками в российской популяции коров айширской породы / М.В. Позовникова, Г.Н. Сердюк, О.В. Тулинова и др. // Сельскохозяйственная биология. 2017. Т. 52. № 6. С. 1139-1147. [Pozovnikova MV, Serdyuk GN, Tulinova OV, et al. Association of polymorphic types of Stearoyl-CoA desaturase gene (*SCD1*) with economically valuable traits in Russian population of Ayrshire cows. Agricultural Biology [Sel'skokhozyaistvennaya biologiya]. 2017;52(6):1139-1147. (In Russ.)]. doi: 10.15389/agrobiol.2017.6.1139rus doi: 10.15389/agrobiol.2017.6.1139eng
10. Селионова М.И., Евстафьева Л.В. Влияние полиморфизма в гене лептина на качество говядины у бычков абердин ангусской породы // Молочное и мясное скотоводство. 2024. № 5. С. 13-18. [Selionova MI, Evstafyeva LV. The influence of leptin gene polymorphism on beef quality in Aberdeen Angus bulls. Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding. 2024;5:13-18. (In Russ.)]. doi: 10.33943/MMS.2024.30.56.003
11. Тарасова Е.И., Полякова В.С., Сизова Е.А. Связь полиморфизма гена *DGAT1* с элементарным составом биосубстратов и продуктивностью коров чёрно-пёстрой породы Ленинградской, Вологодской и Оренбургской областей // Животноводство и кормопроизводство. 2024. Т. 107. № 3. С. 8-24. [Tarasova EI, Polyakova VS, Sizova EA. Association of *DGAT1* gene polymorphism with the elemental composition of biosubstrates and productivity of black-and-white cows in the Leningrad, Vologda, and Orenburg regions. Animal Husbandry and Fodder Production. 2024;107(3):8-24. (In Russ.)]. doi: 10.33284/2658-3135-107-3-8
12. Третьякова Р.Ф., Каюмов Ф.Г. Влияние полиморфизма гена *DGAT1* на продуктивность мясного скота калмыцкой породы // Молочное и мясное скотоводство. 2024. № 3. С. 16-19. [Tretyakova RF, Kayumov FG. The effect of *DGAT1* gene polymorphism on the productivity of Kalmyk beef cattle. Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding. 2024;3:16-19. (In Russ.)]. doi: 10.33943/MMS.2024.55.52.004
13. Третьякова Р.Ф., Каюмов Ф.Г., Третьякова Н.А. Морфофункциональная характеристика длинной мышцы спины и двуглавой мышцы бедра бычков разных генотипов // Животноводство и кормопроизводство. 2021. Т. 104. № 4. С. 89-97. [Tretyakova RF, Kayumov FG, Tretyakova NA. Morphofunctional characteristics of the longest back muscle and biceps femoris muscle of different bulls genotypes. Animal Husbandry and Fodder Production. 2021;104(4):89-97. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-104-4-89>
14. Химический состав и гистологическая структура длинной мышцы спины крупного рогатого скота абердин-ангусской породы в зависимости от генотипа / Е.Н. Коновалова, Л.В. Евстафьева, С.С. Сафонова, О.С. Романенкова, Е.А. Гладырь // Животноводство и кормопроизводство. 2024б. Т. 107. № 4. С. 41-52. [Konovalova EN, Evstafeva LV, Safonova SS, Romanenkova OS, Gladyr EA. Chemical composition and histological structure of the longest muscle of the back of Aberdeen-Angus cattle depending on genotype. Animal Husbandry and Fodder Production. 2024b;107(4):41-52. (In Russ.)]. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-107-4-41>
15. 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. Vet World. 2020;13(10):2046-2052. doi: 10.14202/vetworld.2020.2046-2052
16. Gorlov I, Sulimova G, Perchun A, et al. Genetic polymorphism of the *RORC*, *bGH*, *bGHR*, *LEP*, *LEPR* genes in Russian hornless cattle breed. Engineering for Rural Development. 2017;16:201-206. doi: 10.22616/ERDev2017.16.N038
17. Lee SH, Joo ST, Ryu YC. Skeletal muscle fiber type and myofibrillar proteins in relation to meat quality. Meat Sci. 2010;86(1):166-70. doi: 10.1016/j.meatsci.2010.04.040
18. Otto JR, Mwangi FW, Pewan SB, Adegboye OA, Malau-Aduli AEO. Lipogenic gene single nucleotide polymorphic DNA markers associated with intramuscular fat, fat melting point, and health-beneficial Omega-3 long-chain polyunsaturated fatty acids in Australian pasture-based Bowen genetics forest pastoral angus, Hereford, and wagyu beef cattle. Genes (Basel). 2022;13(8):1411. doi: 10.3390/genes13081411

19. Otto JR, Pewan SB, Edmunds RC, Mwangi FW, Kinobe RT, Adegboye OA, Malau-Aduli AEO. Differential expressions of *FASN*, *SCD*, and *FABP4* genes in the ribeye muscle of omega-3 oil-supplemented Tattykeel Australian White lambs. *BMC Genomics*. 2023;24(1):666. doi: 10.1186/s12864-023-09771-x
20. Raza SHA, Khan S, Amjadi M, Abdelnour SA, Ohran H, Alanazi KM, Abd El-Hack ME, Taha AE, Khan R, Gong C, Schreurs NM, Zhao C, Wei D, Zan L. Genome-wide association studies reveal novel loci associated with carcass and body measures in beef cattle. *Arch Biochem Biophys*. 2020;694:108543. doi: 10.1016/j.abb.2020.108543
21. Romero JV, Olleta JL, Resconi VC, Santolaria P, del Mar Campo M. Genetic markers associated with beef quality: a review. *Livest Sci*. 2024;289: 105583. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2024.105583>
22. Safina NYu, Shakirov ShK, Zinnatova FF, Fattakhova ZF, Gaynutdinova ER, Shakhmetova LN. Dynamics of dairy production of heifers of different genotypes of stearoylcoa desaturase (*SCD1*). *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*. 2018;9(6):2028-2031.
23. Sasazaki S. Development of DNA markers for improvement of meat quality in a Japanese Black cattle population in Hyogo Prefecture. *Anim Sci J*. 2021;92(1):e13663. doi: 10.1111/asj.13663
24. Sedykh TA, Kalashnikova LA, Dolmatova IYu, Gizatullin RS, Kosilov VI. Developing meat productivity in bull calves of different *DGATI* genotypes. *Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture*. 2023;15(3):155-174. doi: 10.12731/2658-6649-2023-15-3-155-174
25. Selionova MI, Plakhtyukova VR. Biochemical and histological indicators of blood and m. longissimus dorsi of young bulls of Kazakh white-headed breed of different genotypes by the *CAPN1* and *GH* genes. *Theory and Practice of Meat Processing*. 2020;5(2):20-25. doi: 10.21323/2414-438X-2020-5-2-20-25
26. Sood V, Rodas-González A, Valente TS, Li C, Vinsky M, Lam S, López-Campos Ó, Segura J, Basarab J, Juárez M. Estimation of genetic parameters for primal tissue component traits in commercial crossbred beef cattle. *Meat Sci*. 2023a;202:109200. doi: 10.1016/j.meatsci.2023.109200
27. Sood V, Rodas-González A, Valente TS, Virtuoso MCS, Li C, Lam S, López-Campos Ó, Segura J, Basarab J, Juárez M. Genome-wide association study for primal cut lean traits in Canadian beef cattle. *Meat Sci*. 2023b;204:109274. doi: 10.1016/j.meatsci.2023.109274
28. Sycheva I, Latynina E, Mamedov A, Tsibizova O, Kozak Yu, Svistounov D, Bystrenina I, Orishev A. Effect of *TG5* and *LEP* polymorphisms on the productivity, chemical composition, and fatty acid profile of meat from Simmental bulls. *Veterinary World*. 2023;16(8):1647-1654.
29. Zalewska M, Puppel K, Sakowski T. Associations between gene polymorphisms and selected meat traits in cattle - A review. *Anim Biosci*. 2021;34(9):1425-1438. doi:10.5713/ab.20.0672
30. Zhang LP, Gan QF, Hou GY, Gao HJ, Li JY, Xu SZ. Investigation of *TG* gene variants and their effects on growth, carcass composition, and meat quality traits in Chinese steers. *Genet Mol Res*. 2015;14(2):5320-6. doi: 10.4238/2015.May.22.2

## References

1. State Standard 34120-2017. Cattle for slaughter. Beef and veal carcasses, semi-carcasses and quarters. Specifications. Implementation date 01.01.2019. Moscow: Standartinform. 2020:19 p.
2. Zaripov OG. Influence of *SCD1* (sterol-CoA desaturase) and *AGPAT6* (1-acylglycerol-3-phosphate-o-acyltransferase) genes polymorphisms on content and fat composition of milk fat in Holsteinized Black-and-White cows. *International Research Journal*. [Internet] 2023;11(137). Available from: <https://research-journal.org/en/archive/11-137-2023-november/10.23670/IRJ.2023.137.148> (cited: 2025 Oct. 10). doi: 10.23670/IRJ.2023.137.148
3. Kozhevnikova IS, Stupina AO, Klassen IA. The role of somatotrophic axis genes in regulating the productivity traits of dairy and beef cattle (review). *Agricultural Science Euro-North-East*. 2025;26(4):713-724. doi: 10.30766/2072-9081.2025.26.4.713-724

4. Kolpakov VI. Influence of some polymorphic genes on meat productivity and meat quality of cattle (review). *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2020;103(4):47-64. doi: 10.33284/2658-3135-103-4-47
5. Lazebnaya IV, Perchun AV, Lazebny OE. Intrabreed differentiation of the native Kostroma cattle breed based on SNP-markers of meat productivity. *Advances in Current Biology*. 2022;142(5):463-476. doi: 10.31857/S0042132422050088
6. Selionova MI, Evstafeva LV, Konovalova EN, Belaya EV. Marker-assisted and genomic selection of beef cattle. *Timiryazev Biological Journal*. 2023;2:37-48. doi: 10.26897/2949-4710-2023-2-37-48
7. Abdulkhalikov RZ, Shakhmurzov MM, Tarchokov TT, Shevkhuzhev AF, Magomedov KG. Polymorphism of *FASN* and *DGATI* genes in beef cattle and their relationship with phenotype parameters. *Agrarian Scientific Journal*. 2024;8:61-66. doi: 10.28983/asj.y2024i8pp61-66
8. Konovalova EN, Evstafeva LV, Selionova MI, Romanenkova OS, Gladyr EA. The relationship of leptin and kalpain-1 genes polymorphisms with fattening efficiency and slaughter traits of beef cattle. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2024a;2:31-35. doi: 10.33943/MMS.2024.91.72.007
9. Pozovnikova MV, Serdyuk GN, Tulinova OV, et al. Association of polymorphic types of Stearoyl-CoA desaturase gene (*SCDI*) with economically valuable traits in Russian population of Ayrshire cows. *Agricultural Biology [Sel'skokhozyaistvennaya biologiya]*. 2017;52(6):1139-1147. doi: 10.15389/agrobiology.2017.6.1139rus doi: 10.15389/agrobiology.2017.6.1139eng
10. Selionova MI, Evstafyeva LV. The influence of leptin gene polymorphism on beef quality in Aberdeen Angus bulls. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2024;5:13-18. doi: 10.33943/MMS.2024.30.56.003
11. Tarasova EI, Polyakova VS, Sizova EA. Association of *DGATI* gene polymorphism with the elemental composition of biosubstrates and productivity of black-and-white cows in the Leningrad, Vologda, and Orenburg regions. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(3):8-24. doi: 10.33284/2658-3135-107-3-8
12. Tretyakova RF, Kayumov FG. The effect of *DGATI* gene polymorphism on the productivity of Kalmyk beef cattle. *Journal of Dairy and Beef Cattle Breeding*. 2024;3:16-19. doi: 10.33943/MMS.2024.55.52.004
13. Tretyakova RF, Kayumov FG, Tretyakova NA. Morphofunctional characteristics of the longest back muscle and biceps femoris muscle of different bulls genotypes. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2021;104(4):89-97. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-104-4-89>
14. Konovalova EN, Evstafeva LV, Safonova SS, Romanenkova OS, Gladyr EA. Chemical composition and histological structure of the longest muscle of the back of Aberdeen-Angus cattle depending on genotype. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024b;107(4):41-52. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-107-4-41>
15. 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. *Vet World*. 2020;13(10):2046-2052. doi: 10.14202/vetworld.2020.2046-2052
16. Gorlov I, Sulimova G, Perchun A, et al. Genetic polymorphism of the *RORC*, *bGH*, *bGHR*, *LEP*, *LEPR* genes in Russian hornless cattle breed. *Engineering for Rural Development*. 2017;16:201-206. doi: 10.22616/ERDev2017.16.N038
17. Lee SH, Joo ST, Ryu YC. Skeletal muscle fiber type and myofibrillar proteins in relation to meat quality. *Meat Sci*. 2010;86(1):166-70. doi: 10.1016/j.meatsci.2010.04.040
18. Otto JR, Mwangi FW, Pewan SB, Adegboye OA, Malau-Aduli AEO. Lipogenic gene single nucleotide polymorphic DNA markers associated with intramuscular fat, fat melting point, and health-beneficial Omega-3 long-chain polyunsaturated fatty acids in Australian pasture-based Bowen genetics forest pastoral angus, Hereford, and wagyu beef cattle. *Genes (Basel)*. 2022;13(8):1411. doi: 10.3390/genes13081411
19. Otto JR, Pewan SB, Edmunds RC, Mwangi FW, Kinobe RT, Adegboye OA, Malau-Aduli AEO. Differential expressions of *FASN*, *SCD*, and *FABP4* genes in the ribeye muscle

of omega-3 oil-supplemented Tattykeel Australian White lambs. BMC Genomics. 2023;24(1):666. doi: 10.1186/s12864-023-09771-x

20. Raza SHA, Khan S, Amjadi M, Abdelnour SA, Ohran H, Alanazi KM, Abd El-Hack ME, Taha AE, Khan R, Gong C, Schreurs NM, Zhao C, Wei D, Zan L. Genome-wide association studies reveal novel loci associated with carcass and body measures in beef cattle. Arch Biochem Biophys. 2020;694:108543. doi: 10.1016/j.abb.2020.108543

21. Romero JV, Olleta JL, Resconi VC, Santolaria P, del Mar Campo M. Genetic markers associated with beef quality: a review. Livest Sci. 2024;289: 105583. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2024.105583>

22. Safina NYu, Shakirov ShK, Zinnatova FF, Fattakhova ZF, Gaynutdinova ER, Shakhmetova LN. Dynamics of dairy production of heifers of different genotypes of stearoylcoa desaturase (*SCD1*). Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences. 2018;9(6):2028-2031.

23. Sasazaki S. Development of DNA markers for improvement of meat quality in a Japanese Black cattle population in Hyogo Prefecture. Anim Sci J. 2021;92(1):e13663. doi: 10.1111/asj.13663

24. Sedykh TA, Kalashnikova LA, Dolmatova IYu, Gizatullin RS, Kosilov VI. Developing meat productivity in bull calves of different *DGATI* genotypes. Siberian Journal of Life Sciences and Agriculture. 2023;15(3):155-174. doi: 10.12731/2658-6649-2023-15-3-155-174

25. Selionova MI, Plakhtyukova VR. Biochemical and histological indicators of blood and m. longissimus dorsi of young bulls of Kazakh white-headed breed of different genotypes by the *CAPNI* and *GH* genes. Theory and Practice of Meat Processing. 2020;5(2):20-25. doi: 10.21323/2414-438X-2020-5-2-20-25

26. Sood V, Rodas-González A, Valente TS, Li C, Vinsky M, Lam S, López-Campos Ó, Segura J, Basarab J, Juárez M. Estimation of genetic parameters for primal tissue component traits in commercial crossbred beef cattle. Meat Sci. 2023a;202:109200. doi: 10.1016/j.meatsci.2023.109200

27. Sood V, Rodas-González A, Valente TS, Virtuoso MCS, Li C, Lam S, López-Campos Ó, Segura J, Basarab J, Juárez M. Genome-wide association study for primal cut lean traits in Canadian beef cattle. Meat Sci. 2023b;204:109274. doi: 10.1016/j.meatsci.2023.109274

28. Sycheva I, Latynina E, Mamedov A, Tsibizova O, Kozak Yu, Svistounov D, Bystrenina I, Orishev A. Effect of *TG5* and *LEP* polymorphisms on the productivity, chemical composition, and fatty acid profile of meat from Simmental bulls. Veterinary World. 2023;16(8):1647-1654.

29. Zalewska M, Puppel K, Sakowski T. Associations between gene polymorphisms and selected meat traits in cattle - A review. Anim Biosci. 2021;34(9):1425-1438. doi:10.5713/ab.20.0672

30. Zhang LP, Gan QF, Hou GY, Gao HJ, Li JY, Xu SZ. Investigation of *TG* gene variants and their effects on growth, carcass composition, and meat quality traits in Chinese steers. Genet Mol Res. 2015;14(2):5320-6. doi: 10.4238/2015.May.22.2

#### Информация об авторах:

**Николай Павлович Герасимов**, доктор биологических 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, д. 29, тел: 8-912-358-96-17.

**Киниспай Мурзагулович Джуламанов**, доктор сельскохозяйственных наук, заведующий селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, д. 29, тел.: 8(3532)30-81-74.

**Бауыржан Кенесович Елемесов**, аспирант селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, д. 29.

**Альбек Комарович Сангаков**, аспирант селекционно-генетического центра по мясным породам скота, Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий Российской академии наук, 460000, г. Оренбург, ул. 9 Января, д. 29.

**Иван Михайлович Дунин**, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик РАН, руководитель научного направления «Селекция, разведение крупного рогатого скота и информационное обеспечение племенного скотоводства», Всероссийский научно-исследовательский институт племенного дела, 141212, Московская область, г. Пушкино, пос. Лесные Поляны, ул. Ленина, д. 13, тел.: +7(495)515-95-57.

**Information about the authors:**

**Nikolay P Gerasimov**, Dr. Sci. (Biology), 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 Yanvarya St., Orenburg, 460000, tel.: 8-912-358-96-17.

**Kinispay M Dzhulamanov**, Dr. Sci. (Agriculture), Head of the Breeding and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29, 9 Yanvarya St., Orenburg, 460000, tel.: 8(3532)30-81-74.

**Bauyrzhan K Elemesov**, postgraduate student of the Breeding and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29, 9 Yanvarya St., 460000, Orenburg.

**Al'bek K Sangakov**, postgraduate student of the Breeding and Genetic Center for Beef Cattle Breeds, Federal Research Centre of Biological Systems and Agrotechnologies of the Russian Academy of Sciences, 29, 9 Yanvarya St., Orenburg, 460000.

**Ivan M Dunin**, Dr. Sci. (Agriculture), Professor, Academician of the Russian Academy of Sciences, head of the Scientific Direction "Selection, breeding of cattle and information support for cattle breeding" All-Russian Scientific Research Institute of Breeding, village Lesnye Polyany, Lenin Str., 13, Moscow region, Pushkino, 141212, tel.: +7(495)515-95-57.

Статья поступила в редакцию 12.12.2025; одобрена после рецензирования 15.01.2026; принята к публикации 16.03.2026.

The article was submitted 12.12.2025; approved after reviewing 15.01.2026; accepted for publication 16.03.2026.