

Животноводство и кормопроизводство. 2024. Т. 107, № 1. С. 42-50.  
Animal Husbandry and Fodder Production. 2024. Vol. 107, no 1. P. 42-50.

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

Научная статья  
УДК 636.088.31  
doi:10.33284/2658-3135-107-1-42

**Анализ российских популяций крупного рогатого скота мясного направления продуктивности по полиморфизмам гена кальпаина 1**

Елена Николаевна Коновалова<sup>1</sup>, Ольга Сергеевна Романенкова<sup>2</sup>, Елена Александровна Гладырь<sup>3</sup>  
<sup>1,2,3</sup>Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ им. академика Л.К. Эрнста, Дубровицы, Россия  
<sup>1</sup>konoval-elena@vandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2170-5259>  
<sup>2</sup>ksilosa@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2682-6164>  
<sup>3</sup>elenagladyr@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5210-8932>

**Аннотация.** Проведённые исследования были направлены на выявление генетических маркеров, влияющих на нежность говядины, как наиболее важной определяющей вкус характеристики. В ходе работы были созданы тест-системы, основанные на методах ПЦР-ПДРФ и РВ-ПЦР, для идентификации аллельных вариантов полиморфизмов гена кальпаина 1 – CAPN1\_530 и CAPN1\_4751. Генотипирование популяций крупного рогатого скота абердин-ангусской (n поп № 1=140, n поп № 2=20) и галловейской (n=100) пород по изучаемым полиморфизмам показало наличие в генотипах поп № 1 крупного рогатого скота абердин-ангусской породы предпочтительного аллеля C-CAPN1\_4751 в частоте 0,44. Примечательно, что в данной популяции при достаточно высокой доле гетерозигот (122 животных из 140, что составило 87,1 %) гомозиготных по аллелю C-CAPN1\_4751 животных не оказалось. В популяции породы галловей животных-носителей аллеля C-CAPN1\_4751 обнаружено не было. Желательного в отношении нежности мяса аллеля G-CAPN1\_530 не было выявлено ни в одной из изучаемых популяций. Ввиду наличия большого влияния гена кальпаина 1 на нежность мяса, а также выявления генетической изменчивости по CAPN1\_4751 среди российских популяций крупного рогатого скота мясных пород, считаем целесообразным проведение дальнейших исследований на большем поголовье животных. Это будет способствовать поиску дополнительных генетических маркеров мясной продуктивности с перспективой их внедрения в системы геномной селекции для повышения точности геномного прогноза в мясном скотоводстве.

**Ключевые слова:** крупный рогатый скот, мясные породы, маркеры продуктивности, нежность мяса, генные полиморфизмы, кальпаин 1, CAPN1\_530, CAPN1\_4751

**Благодарности:** работа выполнена при поддержке Российского научного фонда, проект № 23-26-00176, <https://rscf.ru/project/23-26-00176>

**Для цитирования.** Коновалова Е.Н., Романенкова О.С., Гладырь Е.А. Анализ российских популяций крупного рогатого скота мясного направления продуктивности по полиморфизмам гена кальпаина 1 // Животноводство и кормопроизводство. 2024. Т. 107, № 1. С. 42-50. <https://doi.org/10.33284/2658-3135-107-1-42>

BREEDING, SELECTION, GENETICS

Original article

**The analysis of the Russian beef cattle population on polymorphism of CAPN1 gene**

Elena N Konovalova<sup>1</sup>, Olga S Romanenkova<sup>2</sup>, Elena A Gladyr<sup>3</sup>  
<sup>1,2,3</sup>Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, Dubrovitsy, Russia  
<sup>1</sup>konoval-elena@vandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-2170-5259>  
<sup>2</sup>ksilosa@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0002-2682-6164>  
<sup>3</sup>elenagladyr@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0002-5210-8932>

**Abstract.** The conducted studies were aimed at identification of genetic markers that affect the tenderness of beef as the most important characteristic that determines taste. In the course of works, the

test systems for the identification of the allele variants of polymorphism of CAPN1 genes – CAPN1\_530 and CAPN1\_4751, based on PCR-RFLP and RT-PCR methods were created. Genotyping of Aberdeen-Angus cattle populations (n pop No. 1=140, n pop No. 2=20) and Galloway (n=100) breeds according to the studied polymorphisms showed the presence of pop No. 1 in Aberdeen cattle genotypes of the preferred allele C-CAPN1\_4751 at a frequency of 0.44. It is noteworthy that in this population, there were no animals homozygous for the C-CAPN1\_4751 allele with a sufficiently high proportion of heterozygotes (122 animals out of 140, which was 87.1%). No animals carrying the C-CAPN1\_4751 allele were found in the Galloway breed population. The G-CAPN1\_530 allele, which is desirable for meat tenderness, was not identified in any of the studied populations. Due to the large influence of the CAPN1 gene on the tenderness of meat, as well as the revealing of the genetic variability for CAPN1\_4751 among the Russian populations of beef cattle, we consider it advisable to conduct further research on a larger number of animals. This will contribute to the search for additional genetic markers of meat productivity with the prospect of their introduction into genomic selection systems to increase the accuracy of genomic forecasting in beef cattle breeding.

**Keywords:** cattle, beef breeds, productivity markers, meat tenderness, gene polymorphisms, CAPN1, CAPN1\_530, CAPN1\_4751

**Acknowledgments:** the work was supported by the Russian Science Foundation, Project No 23-26-00176, <https://rscf.ru/project/23-26-00176>

**For citation:** Konovalova EN, Romanenkova OS, Gladyr EA. The analysis of the Russian beef cattle population on polymorphism of CAPN1 gene. *Animal Husbandry and Fodder Production*. 2024;107(1):42-50. (In Russ.). <https://doi.org/10.33284/2658-3135-107-1-42>

### Введение.

Обеспечение продовольственной безопасности России является одной из основных задач агропромышленного комплекса нашей страны. Одной из мер достижения необходимого уровня собственного продовольствия и импортозамещения является увеличение объёмов продовольствия и улучшение качества потребляемых продуктов (Дунин И.М. и др., 2020). В частности, одной из проблем является обнаруживаемый в России на протяжении нескольких лет дефицит производства говядины, что подтверждается данными ВНИИ племенного дела – в 2022 году объём производства данного вида мяса составил 1,32 млн т, а потребления – 1,53 млн т (Шичкин Г.И. и др., 2023). Данный факт представляет собой угрозу продовольственной безопасности населения нашей страны, что нельзя оставлять без внимания ввиду высокой биологической ценности мяса крупного рогатого скота вследствие уникального аминокислотного состава и хорошей усвояемости организмом человека (Pighin D et al., 2016).

Помимо высокой стоимости одним из факторов, влияющих на потребительский спрос говядины, являются вкусовые качества, уступающие свинине и мясу птицы. В связи с этим, наряду со стремлением увеличения объёма производства, стоит задача улучшения органолептических характеристик говядины.

Одним из ключевых свойств, определяющих вкусовые качества говядины, считается показатель нежности, важным этапом формирования которого является созревание (старение) мяса. Большую роль в данном процессе играет мышечная протеолитическая система, наиболее значимый компонент которой белок кальпаин участвует в посмертном протеолизе мышечных волокон (Geesink GH, 2006). Система кальпаина состоит из трёх белков (μ-кальпаин, m-кальпаин и кальпаастатин) и её активность зависит от концентрации ионов Ca<sup>2+</sup>. μ-кальпаин и m-кальпаин состоят из идентичной 28-кДа субъединицы и 80-кДа субъединицы, имеющей только 55-60 % аминокислотной гомологии между двумя протеазами, которые кодируется двумя отдельными генами – кальпаин 1 (CAPN1) и кальпаин 2 (CAPN2) (Mengistie D et al., 2021).

Ранее проведённые исследования выявили достоверное влияние вариантов гена μ-кальпаина (CAPN1) и гена кальпаастатина (CAST) на нежность говядины (P<0,05) (Casas E et al., 2006; White SN et al., 2005; Leal-Gutiérrez JD et al., 2018). В частности, были определены три предположительно наиболее значимых полиморфизма гена кальпаина 1, локализованного на ВТА29, образуемых в результате отдельных нуклеотидных замен (SNP): CAPN1\_316 (генетическая локали-

зация: 29:g.44069063C>G, с.947G>C, p.Gly316Ala, rs17872000), *CAPNI\_530* (29:g.44085642G>A, с.1588G>A, p.Val530Ile, rs17871051) и *CAPNI\_4751* (29:g.44087629C>T, с.1800+169C>T, rs17872050). Предпочтительными с точки зрения более нежного мяса были определены аллели *C-CAPNI\_316*, *G-CAPNI\_530* и *C-CAPNI\_4751* (McClure M and McClure J, 2016; Casas E and Kehri Jr ME, 2016).

#### **Цель исследования.**

Разработка ДНК-тестов для определения аллельных вариантов полиморфизмов в позициях 530 и 4751 гена кальпаина 1 и анализ российских популяций крупного рогатого скота мясного направления продуктивности по данным олигонуклеотидным заменам.

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

**Объект исследования.** Крупный рогатый скот абердин-ангусской породы двух популяций, разводимых в хозяйствах Калужской (молодняк, n=140) и Смоленской (быки, n=20) областей, а также галловейской породы (коровы, n=100) популяции Смоленской области.

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.). При проведении исследований были предприняты меры для обеспечения минимума страданий животных и уменьшения количества исследуемых опытных образцов.

**Схема эксперимента.** Исследования проводились в лаборатории молекулярной генетики ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста в 2022-2023 гг. От животных в соответствии с этическими нормами, принятыми в Российской Федерации, отбирался биоматериал (ушные выщипы, кровь), из которого были получены препараты ДНК при помощи стандартно применяемых в лаборатории методик, в частности, посредством использования наборов для выделения нуклеиновых кислот Синтол 1 и 2 (ЗАО «Синтол», Россия) в соответствии с инструкциями производителя.

Разработка тест-систем для выявления аллельных вариантов полиморфизмов гена кальпаина 1 осуществлялась при помощи использования метода на основе полимеразной цепной реакции (ПЦР), в частности ПЦР с последующим анализом длин рестрикционных фрагментов (ПЦР-ПДРФ) и дальнейшего совершенствования разработанных тест-систем методом ПЦР в режиме реального времени (ПЦР-РВ).

Анализ продуктов ПЦР-ПДРФ проводили при помощи электрофореза в 3 %-ном агарозном геле при 120 В посредством системы для электрофореза и гель-документации FireReader V10. Проведение ПЦР-РВ осуществлялось на амплификаторе QuantStudio 5.

**Оборудование и технические средства.** Исследования проводились в лаборатории молекулярной генетики ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста, пробы ДНК были депонированы в банке ДНК Центра коллективного пользования ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста. Для проведения ПЦР использовался термоциклер Gene Explorer (Bioer, Китай), для проведения ПДРФ – термостат BioShake iQ (Analytik Jena, Германия). Анализ продуктов ПЦР-ПДРФ посредством системы для электрофореза и гель-документации FireReader V10 (UVITEC Co., Великобритания). Проведение ПЦР-РВ – на амплификаторе QuantStudio 5 (Applied Biosystems, Сингапур). Полученные данные оценивались при помощи предлагающегося к прибору программного обеспечения.

**Статистическая обработка полученных данных.** Подсчёт и статистическую обработку результатов осуществляли с помощью офисного программного комплекса «Microsoft Office» (США) с применением программы «Excel» («Microsoft», США).

#### **Результаты исследования.**

Для анализа изучаемых SNP при помощи программы Primer3Plus (<https://www.primer3plus.com/>) были подобраны олигонуклеотидные праймеры, позволяющие проводить ПЦР-амплификацию и получать соответствующие ДНК-фрагменты. Анализ последовательностей ДНК области мутаций выявил сайты узнавания для эндонуклеаз рестрикции *Th1H1* (*CAPNI\_530*) и *BstDEI* (*CAPNI\_4751*). Подбор эндонуклеаз рестрикции осуществлялся при помо-

щи программного продукта лаборатории New England Biolab NebCutter V.3.0. (<https://nc3.neb.com/NEBcutter/>).

В результате исследования были разработаны тест-системы на основе метода ПЦР-ПДРФ, позволяющие дифференцировать аллельные варианты, образованные в ходе полиморфизмов *CAPN1\_530* и *CAPN1\_4751*.

Данные тест-системы были модернизированы при помощи метода РВ-ПЦР. Примеры получаемых результатов представлены на рис. 1 и 2.

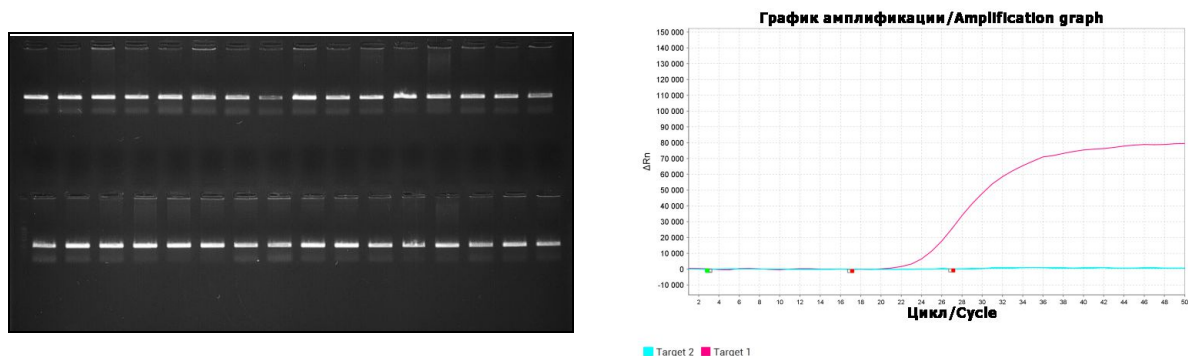


Рисунок 1. Результаты ДНК-диагностики полиморфизма *CAPN1\_530* при помощи методов ПЦР-ПДРФ (левая часть рисунка) и ПЦР-РВ (правая часть рисунка). Все представленные пробы имеют генотип АА

Figure 1. The results of DNA diagnostics of *CAPN1\_530* polymorphism by PCR-RFLP (the left part of the figure) and RT-PCR (the right part of the figure) methods. All present probes have AA-genotype

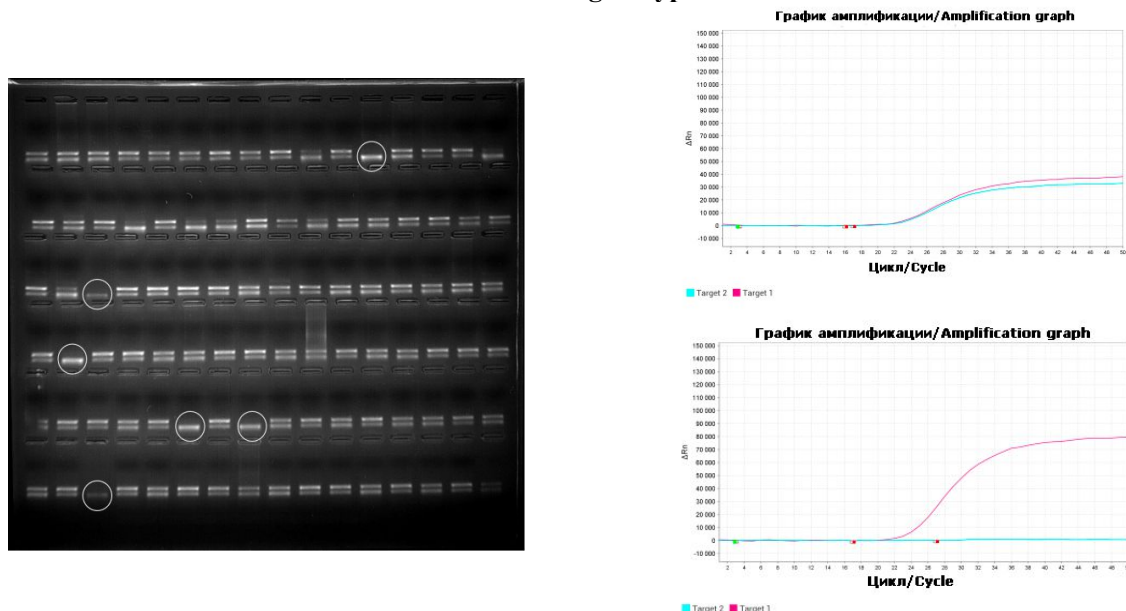


Рисунок 2. Результаты анализа полиморфизма *CAPN1\_4751*. В левой части рисунка – электрофорезграмма ПЦР-ПДРФ. Обведены животные с генотипом ТТ. Остальные пробы на фото имеют генотип СТ. В правой части рисунка – результаты РВ-ПЦР: верхний график – животное с генотипом СТ, нижний – генотип ТТ

Figure 2. The results of *CAPN1\_4751* polymorphism analysis. PCR-RFLP gel electrophoresis is in the left part of the figure. In the circles are the animals with TT genotype. The rest probes on the photo have CT genotype. The RT-PCT results are in the right part of the figure: the upper figure is the animal with CT genotype, the lower – TT genotype

В ходе ПЦР-амплификации области мутации полиморфизма *CAPN1\_530* образуется ДНК-фрагмент длиной 370 п.о., соответствующий аллелю дикого типа А. При наличии в генотипе мутантного аллеля G, ассоциированному с более нежным мясом, в ходе ПДРФ на электрофореграмме визуализировалось бы два фрагмента ДНК размером 162 и 142 п.о.

Однако ни в одной из исследуемых популяций не было обнаружено животного с наличием в генотипе желательного G-аллеля полиморфизма *CAPN1\_530*.

Дизайн системы ПЦР-ПДРФ для выявления аллелей полиморфизма *CAPN1\_4751* предполагает амплификацию ДНК фрагмента области мутации размером 218 п.о. Сайт рестрикции, характерный для эндонуклеазы *BstDEI*, присутствует в аллеле дикого типа, который вследствие ПДРФ расщепляется на два фрагмента 146 и 72 п.о. При наличии мутации, приводящей к образованию желательного аллеля С, ферментного расщепления не происходит и, таким образом, мутантный аллель представлен одним нерестрицированным фрагментом длиной 218 п.о. Обнаруженные в ходе исследования генотипы по полиморфизму *CAPN1\_4751* представлены на рисунке 2.

Проведённое при помощи разработанных тест-систем генотипирование российских популяций абердин-ангусской и галловейской пород не выявило сильной изменчивости по изучаемым полиморфизмам гена кальпаина 1 (табл. 1).

Таблица 1. Результаты генотипирования крупного рогатого скота российских популяций абердин-ангусской и галловейской пород по полиморфизмам гена кальпаина 1

Table 1. The genotyping results of Russian cattle populations of Angus and Galloway breeds on *CAPN1* polymorphisms

Популяция / Population	n	<i>CAPN1_530</i>			<i>CAPN1_4751</i>		
		AA	GA	GG	TT	CT	CC
Абердин-ангус № 1 / <i>Aberdeen-Angus No. 1</i>	140	140	0	0	18	122	0
Абердин-ангус № 2 / <i>Aberdeen-Angus No. 2</i>	20	20	0	0	20	0	0
Галловей / <i>Galloway</i>	100	100	0	0	100	0	0

Как видно из результатов таблицы 1, всё исследуемое поголовье абердин-ангусской и галловейской пород было гомозиготным по аллелю А полиморфизма *CAPN1\_530*.

Полиморфизм *CAPN1\_4751* оказался более вариабельным. И если в популяциях абердин-ангусской породы № 2 и галловейской породы все животные были 100 % носителями генотипа ТТ, то в популяции № 1 абердин-ангусов были выявлены особи, гомозиготные по аллелю дикого типа Т и большая часть – гетерозиготные животные. Примечательно, что животных с генотипом СС, предположительно лучшим в отношении нежности мяса, выявлено не было. Подсчёт частот аллелей С и Т *CAPN1\_4751* в популяции абердин-ангусов № 1 показал, что частота аллеля Т составила 0,56, а аллеля С – 0,44.

#### Обсуждение полученных результатов.

В ходе работы были созданы ДНК-тесты, позволяющие проводить генотипирование крупного рогатого скота независимо от пола, возраста и физиологического состояния по полиморфизмам гена кальпаина 1, предположительно оказывающим влияние на процессы посмертного протеолиза в мышцах и, как следствие, на степень нежности мяса. Данные разработки дают возможность альтернативного определения статуса животных по полиморфизмам гена кальпаина 1 *CAPN1\_530* и *CAPN1\_4751* либо доступным в любой молекулярно-генетической лаборатории методом ПЦР-ПДРФ-анализа (Габидулин В.М. и Алимova С.А., 2016), либо при помощи ПЦР в режиме реального времени, что наиболее подходит для анализа большого количества образцов (Seifi M et al., 2012; Ребриков Д.В. и др., 2020).

Ранее нами при помощи собственного ДНК-теста было проведено изучение полиморфизма гена кальпаина 1 в позиции 316 (*CAPN1\_316*) в российских популяциях абердин-ангусской и галловейской пород (Коновалова Е.Н. и др., 2023а, 2023б). Анализ по данному маркеру выявил наличие аллелей дикого типа и мутантного и трёх возможных генотипов (GG, GC и CC). Причём частота желательного с точки зрения нежности мяса аллеля С составила в популяции ангусов 0,20-0,28 в зависимости от пола животных, а в популяции галловеев – 0,38.

Полученные в настоящем исследовании результаты продемонстрировали наличие в одной из популяций абердин-ангусской породы предпочтительного по продуктивности аллеля С-*CAPN1\_4751* в относительно высокой частоте (0,44).

Всё это позволяет предположить наличие достаточно высокого генетического потенциала мясных стад, разводимых на территории России, в частности, абердин-ангусской и галловейской пород. В связи с этим представляет интерес дальнейший анализ имеющихся и поиск новых генетических маркеров, связанных со свойствами, определяющими вкусовые качества мяса.

#### **Заключение.**

В ходе работы были созданы ДНК-тесты для определения аллельных вариантов полиморфизмов в позициях 530 и 4751 гена кальпаина 1, которые дают возможность альтернативного определения аллельных вариантов данных мутаций при помощи двух модификаций метода ПЦР – с помощью анализа длин рестрикционных фрагментов или в режиме реального времени. Данные разработки позволяют проводить генотипирование крупного рогатого скота по полиморфизмам *CAPN1\_530* и *CAPN1\_4751* молекулярно-генетическим лабораториям разного уровня оснащённости и получать данные о наличии конкретных аллелей вышеуказанных мутаций в генотипах животных независимо от возраста, пола и физиологического статуса.

Анализ трёх российских популяций крупного рогатого скота абердин-ангусской и галловейской пород показал их генетическую однородность по полиморфизму *CAPN1\_530* – все животные были гомозиготными по аллелю дикого типа А, а связанного с более нежным мясом аллеля G в генотипах исследуемого поголовья выявлено не было. Определённая генетическая вариабельность была обнаружена по полиморфизму *CAPN1\_4751* – в одной из популяций абердин-ангусской породы большинство животных имели гетерозиготный генотип СТ (87,1 %). Интересен тот факт, что гомозиготных по аллелю С-*CAPN1\_4751* животных в данном поголовье не оказалось. Вместе с тем, частота благоприятного в отношении нежности мяса аллеля С составила 44 % (0,44), что даёт возможность селекции наиболее продуктивных животных по данному SNP.

Полученные результаты показывают целесообразность дальнейших исследований генетических маркеров мясных продуктивных свойств крупного рогатого скота, увеличивая как количество изучаемых полиморфизмов, так и численность исследуемого поголовья. Данные исследования представляются весьма перспективными. Во-первых, появится возможность определения генетического статуса животных по генам продуктивности, что позволит осуществлять планомерный отбор наиболее ценных особей и разработку программ селекции для получения потомства с наиболее высокими продуктивными показателями. Во-вторых, генетические маркеры с наиболее значительным влиянием могут быть в дальнейшем включены в программы геномной селекции, что повысит точность геномного прогноза и ускорит генетический прогресс стад.

#### **Список источников**

1. Габидулин В.М., Алимова С.А. Метод прогнозирования продуктивности абердин-ангусского скота с учётом результатов полиморфизма генов // Вестник мясного скотоводства. 2016. № 4(96). С. 30-35. [Gabidulin VM, Alimova SA. The method of predicting the productivity of Aberdeen Angus cattle taking into account the results of gene polymorphism. Herald of Beef Cattle Breeding. 2016;4(96):30-35. (In Russ.)].

2. Генетическая оценка крупного рогатого скота породы галловей / Е.Н. Коновалова, О.С. Романенкова, Е.А. Гладырь, А.А. Сермягин // Достижения науки и техники АПК. 2023а. Т. 37. № 10. С. 72-76. [Konovalova EN, Romanenkova OS, Gladyr EA, Sermyagin AA. Genetic evaluation of Galloway cattle. Achievements of Science and Technology of AIC. 2023a;37(10):72-76. (In Russ.).] doi: 10.53859/02352451\_2023\_37\_10\_72
3. ДНК-анализ полиморфизма генов миостатина, лептина и кальпаина 1 у российской популяции крупного рогатого скота абердин-ангусской породы / Е.Н. Коновалова, М.И. Селионова, Е.А. Гладырь, О.С. Романенкова, Л.В. Евстафьева // Сельскохозяйственная биология. 2023б. Т. 58. № 4. С. 622-637. [Konovalova EN, Selionova MI, Gladyr EA, Romanenkova OS, Evstafeva LV. DNA analysis of myostatin, leptin and calpain 1 gene polymorphism in Russian cattle population of Aberdeen Angus breed. Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]. 2023b;58(4):622-637. (in Russ.).] doi: 10.15389/agrobiol.2023.4.622rus doi: 10.15389/agrobiol.2023.4.622eng
4. ПЦР в реальном времени / Д.В. Ребриков, Г.А. Саматов, Д.Ю. Трофимов, П.А. Семёнов, А.М. Савилова, И.А. Кофиади, Д.Д. Абрамов; под ред. д.б.н. Д.В. Ребрикова. 8-е изд., электрон. М.: Лаборатория знаний, 2020. 226 с. [Rebrikov DV, Samatov GA, Trofimov DYU, Semenov PA, Savilova AM, Kofiyadi IA, Abramov DD. PTCR v real'nom vremeni. pod red. d.b.n. Rebrikova DV. 8-e izd., elektron. Moscow: Laboratoriya znaniy; 2020:226 p. (in Russ.).]
5. Состояние мясного скотоводства в Российской Федерации / Г.И. Шичкин, Е.Е. Тяпугин, И.М. Дунин, С.Е. Тяпугин, М.С. Мышкина, Е.В. Герасимова, Н.А. Козлова, Н.В. Семенова // Ежегодник по племенной работе в мясном скотоводстве в хозяйствах Российской Федерации (2022 год) / сост.: Г.И. Шичкин, Д.В. Бутусов, Г.Ф. Сафина, В.В. Чернов, И.М. Дунин и др.; под ред. Т.А. Мороз. М.: Изд-во ФГБНУ ВНИИплем, 2023. С. 3-16. [Shichkin GI, Tyapugin EE, Dunin IM, Tyapugin SE, Myshkina MS, Gerasimova EV, Kozlova NA, Semenova NV. Sostoyanie myasnogo skotovodstva v Rossiiskoi Federatsii. Ezhegodnik po plemennoi rabote v myasnom skotovodстве v khozyaistvakh Rossiiskoi Federatsii (2022 god). Sostaviteli: Shichkin GI, Butusov DV, Safina GF, Chernov VV, Dunin IM et al.; pod. red. T.A. Moroz. Moscow: Izdatel'stvo FGBNU VNIIPlem; 2023:3-16. (in Russ.).]
6. Состояние мясного скотоводства в Российской Федерации: реалии и перспективы / И.М. Дунин, С.Е. Тяпугин, Р.К. Мещеров, В.П. Ходыков, В.К. Аджибеков, Е.Е. Тяпугин, А.В. Дюльдина // Молочное и мясное скотоводство. 2020. № 2. С. 2-7. [Dunin IM, Tyapugin SE, Meshcheroev RK, Hodykov VP, Adzhibekov VK, Tyapugin EE, Dyuldina AV. Condition of meat cattle breeding in the Russian Federation: realities and prospects. Dairy and Beef Cattle Farming. 2020;2:2-7. (in Russ.).] doi: 10.33943/MMS.2020.40.30.001
7. Casas E, Kehrl J ME. A review of selected genes with known effects on performance and health of cattle. Frontiers Veterinary Science. 2016;3:113. doi: 10.3389/fvets.2016.00113
8. Casas E, White SN, Wheeler TL, Shackelford SD, Koohmaraie M, Riley DG, Chase Jr CC, Johnson DD, Smith TPL. Effects of *calpastatin* and  $\mu$ -*calpain* markers in beef cattle on tenderness traits. Journal of Animal Science. 2006;84(3):520-525. doi: 10.2527/2006.843520x
9. Geesink GH, Kuchay S, Chishti AH, Koohmaraie MJ.  $\mu$ -Calpain is essential for post-mortem proteolysis of muscle proteins. Journal of Animal Sciences. 2006;84(10): 2834-2840. doi: 10.2527/jas.2006-122
10. Leal-Gutiérrez JD, Elzo MA, Johnson DD, Scheffler TL, Scheffler JM, Mateescu RG. Association of  $\mu$ -calpain and calpastatin polymorphisms with meat tenderness in a Brahman-Angus population. Frontiers in Genetics. 2018;9:56. doi: 10.3389/fgene.2018.00056
11. McClure M, McClure J. Understanding genetics and complete genetic disease and trait definition (expanded edition). Genetic disease and trait information for IDB genotyped animals in Ireland. ICBF, Highfield House, Shinagh, Bandon, Co. Cork; 2016:88 p.
12. Mengistie D, Tessema TS, Kim KS, Dadi H, Zewdie G. The influence of *CAPN1* and *DGAT1* genes polymorphism and meat quality. Journal of Animal Sciences and Livestock Production. 2021;5(6):002.

13. Mrode R, Ojango JMK, Okeyo AM, Mwacharo JM. Genomic selection and use of molecular tools in breeding programs for indigenous and crossbred cattle in developing countries: current status and future prospects (review article). *Frontiers Genetics*. 2019; 9:694. doi: 10.3389/fgene.2018.00694
14. Pighin D, Pazos A, Chamorro V, Paschetta F, Cunzolo S, Godoy F, Messina V, Pordomingo A, Grigioni G. A contribution of beef to human health: a review of the role of the animal production systems. *The Scientific World Journal*. 2016;2016:8681491. doi: 10.1155/2016/8681491
15. Seifi M, Ghasemi A, Heidarzadeh S, Khosravi M, Namipashaki A, Soofiany VM, Khosroshahi AA, Danaei N. Overview of real-time PCR Principles. In: Hernández-Rodríguez P, Ramires Gomes AP, editors. *Polymerase Chain Reaction*. 2012. InTech. p. 405-442. doi: 10.5772/39220
16. White SN, Casas E, Wheeler TL, Shackelford SD, Koohmaraie M, Riley DG, Chase Jr CC, Johnson DD, Keele JW, Smith TPL. A new single nucleotide polymorphism in *CAPNI* extends the current tenderness marker test to include cattle of *Bos indicus*, *Bos taurus*, and crossbred descent. *Journal of Animal Science*. 2005;83(9):2001-2008. doi: 10.2527/2005.8392001x

### References

1. Gabidulin VM, Alimova SA. The method of predicting the productivity of Aberdeen Angus cattle taking into account the results of gene polymorphism. *Herald of Beef Cattle Breeding*. 2016;4(96):30-35.
2. Konovalova EN, Romanenkova OS, Gladyr EA, Sermyagin AA. Genetic evaluation of Galloway cattle. *Achievements of Science and Technology of AIC*. 2023a;37(10):72-76. doi: 10.53859/02352451\_2023\_37\_10\_72
3. Konovalova EN, Selionova MI, Gladyr EA, Romanenkova OS, Evstafeva LV. DNA analysis of myostatin, leptin and calpain 1 gene polymorphism in Russian cattle population of Aberdeen Angus breed. *Sel'skokhozyaistvennaya Biologiya [Agricultural Biology]*. 2023b;58(4):622-637. doi: 10.15389/agrobiology.2023.4.622eng
4. Rebrikov DV, Samatov GA, Trofimov DYu, Semenov PA, Savilova AM, Kofiady IA, Abramov DD; Real-time PCR. edited by Doctor of Biological Sciences Rebrikova DV. 8th ed., electronic. Moscow: Laboratory of Knowledge; 2020:226 p.
5. Shichkin GI, Tyapugin EE, Dunin IM, Tyapugin SE, Myshkina MS, Gerasimova EV, Kozlova NA, Semenova NV. The state of beef cattle breeding in the Russian Federation. *Yearbook on breeding work in beef cattle breeding on farms of the Russian Federation (2022)*. compiled by: Shichkin GI, Butusov DV, Safina GF, Chernov VV, Dunin IM et al.; under. ed. Moroz TA. Moscow: Publishing house of Moscow: Publishing house of Federal State Budgetary Scientific Institution "All-Russian Research Institute of Animal Breeding"; 2023:3-16.
6. Dunin IM, Tyapugin SE, Meshcherov RK, Hodykov VP, Adzhibekov VK, Tyapugin EE, Dyuldina AV. Condition of meat cattle breeding in the Russian Federation: realities and prospects. *Dairy and Beef Cattle Farming*. 2020;2:2-7. doi: 10.33943/MMS.2020.40.30.001
7. Casas E, Kehrl Jr ME. A review of selected genes with known effects on performance and health of cattle. *Frontiers Veterinary Science*. 2016;3:113. doi: 10.3389/fvets.2016.00113
8. Casas E, White SN, Wheeler TL, Shackelford SD, Koohmaraie M, Riley DG, Chase Jr CC, Johnson DD, Smith TPL. Effects of *calpastatin* and  $\mu$ -*calpain* markers in beef cattle on tenderness traits. *Journal of Animal Science*. 2006;84(3):520-525. doi: 10.2527/2006.843520x
9. Geesink GH, Kuchay S, Chishti AH, Koohmaraie MJ.  $\mu$ -Calpain is essential for post-mortem proteolysis of muscle proteins. *Journal of Animal Sciences*. 2006;84(10): 2834-2840. doi: 10.2527/jas.2006-122
10. Leal-Gutiérrez JD, Elzo MA, Johnson DD, Scheffler TL, Scheffler JM, Mateescu RG. Association of  $\mu$ -calpain and calpastatin polymorphisms with meat tenderness in a Brahman-Angus population. *Frontiers in Genetics*. 2018;9:56. doi: 10.3389/fgene.2018.00056



11. McClure M, McClure J. Understanding genetics and complete genetic disease and trait definition (expanded edition). Genetic disease and trait information for IDB genotyped animals in Ireland. ICBF, Highfield House, Shinagh, Bandon, Co. Cork; 2016:88 p.
12. Mengistie D, Tessema TS, Kim KS, Dadi H, Zewdie G. The influence of *CAPNI* and *DGATI* genes polymorphism and meat quality. Journal of Animal Sciences and Livestock Production. 2021;5(6):002.
13. Mrode R, Ojango JMK, Okeyo AM, Mwacharo JM. Genomic selection and use of molecular tools in breeding programs for indigenous and crossbred cattle in developing countries: current status and future prospects (review article). Frontiers Genetics. 2019; 9:694. doi: 10.3389/fgene.2018.00694
14. Pighin D, Pazos A, Chamorro V, Paschetta F, Cunzolo S, Godoy F, Messina V, Pordomingo A, Grigioni G. A contribution of beef to human health: a review of the role of the animal production systems. The Scientific World Journal. 2016;2016:8681491. doi: 10.1155/2016/8681491
15. Seifi M, Ghasemi A, Heidarzadeh S, Khosravi M, Namipashaki A, Soofiany VM, Khosroshahi AA, Danaei N. Overview of real-time PCR Principles. In: Hernández-Rodríguez P, Ramires Gomes AP, editors. Polymerase Chain Reaction. 2012. InTech. p. 405-442. doi: 10.5772/39220
16. White SN, Casas E, Wheeler TL, Shackelford SD, Koohmaraie M, Riley DG, Chase Jr CC, Johnson DD, Keele JW, Smith TPL. A new single nucleotide polymorphism in *CAPNI* extends the current tenderness marker test to include cattle of *Bos indicus*, *Bos taurus*, and crossbred descent. Journal of Animal Science. 2005;83(9):2001-2008. doi: 10.2527/2005.8392001x

#### **Информация об авторах:**

**Елена Николаевна Коновалова**, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132 Московская обл., г.о. Подольск, п. Дубровицы, д. 60, тел.: +79057256390.

**Ольга Сергеевна Романенкова**, кандидат биологических наук, научный сотрудник лаборатории молекулярной генетики сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская обл., г.о. Подольск, п. Дубровицы, д. 60, тел.: +7(4967)651104.

**Елена Александровна Гладырь**, кандидат биологических наук, ведущий научный сотрудник, зав. лабораторией молекулярной генетики сельскохозяйственных животных, Федеральный исследовательский центр животноводства – ВИЖ имени академика Л.К. Эрнста, 142132, Московская обл., г.о. Подольск, п. Дубровицы, д. 60, тел.: +74967651104.

#### **Information about the authors:**

**Elena N Konovalova**, Cand. Sci. (Biology), senior researcher, Laboratory of Molecular Genetics of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy, Podolsk district, Moscow region, 142132, cell: +79057256390.

**Olga S Romanenkova**, Cand. Sci. (Biology), researcher, Laboratory of Molecular Genetics of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy, Podolsk district, Moscow region, 142132, cell: +7(4967)651102.

**Elena A Gladyr**, Cand. Sci. (Biology), leading researcher, chef of the Laboratory of Molecular Genetics of Farm Animals, Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member LK Ernst, 60 Dubrovitsy, Podolsk district, Moscow region, 142132, cell: +7(4967)651102.

Статья поступила в редакцию 17.11.2023; одобрена после рецензирования 15.01.2024; принята к публикации 18.03.2024.

The article was submitted 17.11.2023; approved after reviewing 15.01.2024; accepted for publication 18.03.2024.