

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ GH, TG, LEP И ЕГО ВЗАИМОСВЯЗЬ С ЖИВОЙ МАССОЙ У МОЛОДНЯКА КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВОЙ ПОРОДЫ

Е.С. Суржикова, О.С. Веремеенко, Т.Н. Михайленко

Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр, Ставропольский край, Михайловск, Россия

E-mail: immunogenetika@yandex.ru

Для цитирования: Суржикова Е.С., Веремеенко О.С., Михайленко Т.Н. Полиморфизм генов GH, TG, LEP и его взаимосвязь с живой массой у молодняка казахской белоголовой породы // Вестник НГАУ (Новосибирский государственный аграрный университет). – 2025. – № 4 (77). – С. 270–279. – DOI: 10.31677/2072-6724-2025-77-4-270-279.

Ключевые слова: полиморфизм, казахская белоголовая, аллель, ген, мясная продуктивность.

Реферат. В исследованиях была проведена оценка результатов ДНК-тестирования при подборе родительских пар у молодняка крупного рогатого скота мясного направления продуктивности. В работе описана наследуемость селекционно-значимых аллелей по генам GH, TG, LEP, отвечающих за мясную продуктивность, связь наличия желательных маркерных (GH^V , TG^T , LEP^T) аллелей у молодняка крупного рогатого скота казахской белоголовой породы с живой массой. При подборе коров ($n = 20$) с комплексными генотипами ($GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$; $GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{LL}TG^{TC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CC}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{TT}$), несущими в себе от одной до пяти селекционно-значимых аллелей, и быков-производителей ($n = 2$) с генокомплексом ($GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CT}$ и $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$) с пятью и двумя маркерными аллелями были сформированы родительские пары и получены потомки (F1), с различными генокомплексом. В результате проведенного генотипирования потомков (F1) было выявлено, что особи, имеющие в своем генокомплексе ($GH^{LV}TG^{TC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CC}$) четыре маркерные желательные аллели по трем генам, имели большую живую массу в 205 дней (218,75 кг – бычки и 197,15 кг – телочки), чем носители одной желательной ($GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$ – телочки) аллели – 183,00 кг. Среднесуточный прирост также был различным и составил от 775,61 до 933,51 г, в зависимости от наследуемости числа селекционно-значимых аллелей по изучаемым генам.

POLYMORPHISM OF THE GH, TG, AND LEP GENES AND ITS RELATIONSHIP TO BODY WEIGHT IN YOUNG KAZAKH WHITE-HEADED CATTLE

E.S. Surzhikova, O.S. Veremeenko, T.N. Mikhailenko

North Caucasus Federal Scientific Agrarian Center, Stavropol Territory, Mikhailovsk, Russia

E-mail: immunogenetika@yandex.ru

Keywords: polymorphism, Kazakh white-headed, allele, gene, meat productivity.

Abstract. The research evaluated the results of DNA testing in the selection of parental pairs in young cattle of meat production. The paper describes the heritability of breeding-significant alleles in the GH, TG, and LEP genes responsible for meat productivity, and the association of the presence of desirable marker (GH^V , TG^T , LEP^T) alleles in young Kazakh white-headed cattle with live weight. So, when selecting cows ($n = 20$) with complex ($GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$; $GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{LL}TG^{TC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CC}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{TT}$) with genotypes carrying from one to five selectively significant alleles, and breeding bulls ($n = 2$) with gene complexes ($GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CT}$ and $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$) with five and two marker alleles, parental pairs were formed and offspring (F1) with different gene complexes were obtained. As a result of the genotyping of offspring (F1), it was revealed that individuals with four markers in their gene complex ($GH^{LV}TG^{TC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CC}$) desirable alleles for three genes had a greater live weight at 205 days (218.75 kg for bulls and 197.15 kg for heifers) than carriers of one desirable ($GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$ – heifers) allele – 183.00 kg. The average daily increase was also different and ranged from 775.61 to 933.51 grams, depending on the heritability of the number of breeding-significant alleles for the studied genes.

Мясное скотоводство России сталкивается с рядом проблем, включая низкую продуктивность. Одним из вариантов решения этой проблемы является внедрение современных технологий и развитие генетических исследований [1].

Геномная селекция имеет ряд преимуществ в исследовании продуктивности животных. В частности, в мясном скотоводстве это возможность установить генотип особи сразу же после рождения и выявить наличие генов, отвечающих за хозяйственно полезные признаки [2, 3]. Работа значительного числа генов определяет действие целого генома. Важно учитывать также predisposed отдельного животного в том, чтобы максимально проявить свой генетический потенциал под воздействием условий кормления и содержания, факторов окружающей среды [4]. Внедрение геномной селекции позволяет значительно ускорить процесс улучшения пород и повысить рентабельность производства [5, 6].

Популяция животных с благоприятным сочетанием генетических характеристик может быть расширена посредством подбора родительских пар. Основная роль в формировании генетического потенциала будущего стада принадлежит производителям: проведение тщательного отбора коров и быков и их точно установленная племенная ценность при формировании родительских пар дают большую гарантию в получении молодняка, отвечающего требованиям селекции [7, 8].

Маркер-ассоциированная селекция позволяет отбирать бычков и телок, обладающих генетическим потенциалом для производства высококачественной говядины с улучшенной мраморностью [9]. В этой связи нами были изучены гены, отвечающие за рост, метаболизм и гормональную регуляцию [10].

Ген соматотропина (*GH*), или гормона роста, выполняет центральную роль в стимуляции роста и развития тканей, включая мышечную. Вариации в гене *GH* могут влиять на скорость роста, соотношение мышечной массы к жировой, общее качество туши. Исследования направлены на выявление аллелей гена *GH*, ассоциированных с повышенной продуктивностью мясного скота [11, 12].

Ген тиреоглобулин (*TG*) кодирует белок, необходимый для синтеза гормонов щитовидной

железы. Эти гормоны регулируют скорость метаболизма, рост и развитие, а также энергетический обмен. Вариации в гене *TG* могут влиять на общее состояние здоровья животных и их способность к эффективному набору массы [13, 14].

Ген лептин (*LEP*) кодирует гормон лептин, который регулирует энергетический баланс и аппетит. Он влияет на отложение жира, метаболизм глюкозы, функционирование иммунной системы, рост и конституцию. Полиморфизмы в гене *LEP* связаны с мраморностью мяса, содержанием жира, убойным выходом, а также влияют на молочные показатели [15].

Целью исследований являлось проведение оценки результатов использования ДНК-тестирования при подборе родительских пар у молодняка крупного рогатого скота мясного направления продуктивности, а также определение связи желательных генотипов генов *GH*, *TG*, *LEP* с показателями живой массы.

ОБЪЕКТЫ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Молекулярно-генетические исследования проводились в лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий отдела генетики и биотехнологии ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» [16]. Объектом исследований являлся крупный рогатый скот казахской белоголовой породы ($n = 42$), разводимый в СПК им. Апанасенко, Апанасенковского района Ставропольского края. Геномная ДНК, выделенная из цельной крови с использованием набора реагентов «*DIAtomtmDNAPrep*» «Изоген» (Россия), послужила материалом для проведения генетических исследований.

ДНК-тестирование изучаемого поголовья крупного рогатого скота по трем маркерным генам (*GH*, *TG*, *LEP*) проводили методом ПЦР-ПДРФ на программируемом термоциклере «Терцик» фирмы «ДНК-ТЕХНОЛОГИЯ» (Россия) с использованием специфических олигонуклеотидов (НПЛ «Синтол», Россия) в 20 мкл реакционной смеси [17]. Для ПЦР-ПДРФ применяли наборы «GenePakPCRCore» «Изоген» (Россия) [18] (табл. 1).

Таблица 1

Условия проведения ПЦР-ПДРФ по изучаемым генам *GH*, *TG*, *LEP*
Conditions for conducting PCR-RFLP for the studied genes *GH*, *TG*, *LEP*

GH		TG		LEP	
Амплификация					
Праймеры 5'-3'	Прим.	Праймеры 5'-3'	Прим.	Праймеры 5'-3'	Прим.
For: <i>gct-gct-cct-gag-cct-tcg</i> Rew: <i>gcg-gcg-gca-ctt-cat-gac-cct</i>	223 п.н.	For: <i>ggg-gat-gac-tac-gag-tat-gac-tg</i> Rew: <i>gtg-aaa-ata-ttg-tgg-agg-ctg-ta</i>	548 п.н.	For: <i>tgg-agt-ggc-ttg-tta-ttt-tct-tct</i> Rew: <i>gtc-ccc-gct-tct-ggc-tac-cta-act</i>	424 п.н.
Рестрикция					
Alu I	37 °C 3-5 ч	BstX2 I	37 °C 3-5 ч	BstMB	37 °C 3-5 ч
Детекция					
агарозный гель 2,0 %	223, 171, 52 п.н.	агарозный гель 2,5 %	473, 295, 178, 75 п.н.	агарозный гель 2,5 %	390, 303, 88, 32 п.н.

Наличие и качество ампликонов после электрофоретического разделения продуктов реакции в агарозном геле (2–2,5 %) визуально оценивали. При расщеплении амплифицированных участков рестриктазами по генам: *GH* – Alu I (AG↓CT TC↑GA), *TG* – BstX2 I (R↓GATCY YCTAG↑R), *LEP* – BstMB (↓GATC GTAG↑) при 37 °C [19] идентифицировали следующие генотипы: *GH^{VV}*, *GH^{LV}*, *GH^{LL}*; *TG^{CC}*, *TG^{TC}*, *TG^{TT}*; *LEP^{CC}*, *LEP^{CT}*, *LEP^{TT}*.

Данные по живой массе предоставлены зоотехником СПК им. Апанасенко из акта «Бонитировка (2024)». Статистическая обработка проводилась с помощью офисного программного комплекса Microsoft Office с применением программы Excel. Для популяционно-генетической характеристики молодняка *F1* (*n* = 20) изучаемой породы определяли число эффективно действующих аллелей, степень генетической изменчивости *V*, уровни фактической *H_{OBS}* и теоретической ожидаемой гетерозиготности *H_{EX}*, уровень гомозиготности *Ca* и величину информационного полиморфизма *PIC* по приведенным ниже формулам [20, 21].

Уровень полиморфности локуса, или число эффективно действующих аллелей *Na*, является величиной, обратной степени гомозиготности:

$$Na = 1/Ca,$$

где *Na* – уровень полиморфности локуса; *Ca* – уровень гомозиготности локуса.

Уровень гомозиготности рассчитывается:

$$Ca = P(A)^2 + P(B)^2.$$

Степень генетической изменчивости популяции *V* выражают через коэффициент (по А. Робертсону):

$$V = 1 - Ca/1-1/N*100,$$

где *N* – количество животных, *Ca* – коэффициент гомозиготности.

Величина информационного полиморфизма

$$PIC = 1 - Ca.$$

Уровень фактической гетерозиготности

$$H_{OBS} = nij/(nii + nij + njj),$$

где *nij* – фактическое количество гетерозигот, *n*; *nii*, *njj* – фактическое количество гомозигот, *n*.

Математический расчет теоретически ожидаемого числа животных проводится с использованием формул:

$$Nii = Pi^2N - \text{для гомозигот},$$

$$Nij = PiPj2N - \text{для гетерозигот},$$

где *Nii*, *Nij* – теоретически ожидаемое число животных; *Pi*, *Pj* – частота *i* и *j* аллелей; *N* – общее количество животных.

Уровень теоретически ожидаемой гетерозиготности

$$H_{EX} = Nij/(Nii + Njj).$$

РЕЗУЛЬТАТЫ ИССЛЕДОВАНИЙ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Полиморфизм генов *GH*, *TG*, *LEP*, ассоциируемых с мясной продуктивностью, установлен генотипированием крупного рогатого скота казахской белоголовой породы и представлен тремя генотипами *GH^{VV}*, *GH^{LV}*, *GH^{LL}*; *TG^{CC}*, *TG^{TC}*, *TG^{TT}* и *LEP^{TT}*, *LEP^{CT}*, *LEP^{CC}* соответственно; аллелями

GH^V и GH^L , TG^T и TG^C , LEP^T и LEP^C с разной частотой встречаемости.

Частота встречаемости желательных для селекции аллелей GH^V , TG^T и LEP^T изучаемых генов

GH , TG , LEP в группе коров ($n = 20$) казахской белоголовой породы варьировала от минимального значения 0,13 (TG^T) до максимальных 0,48 (LEP^T) и 0,60 (GH^V), что отражено на рис. 1.

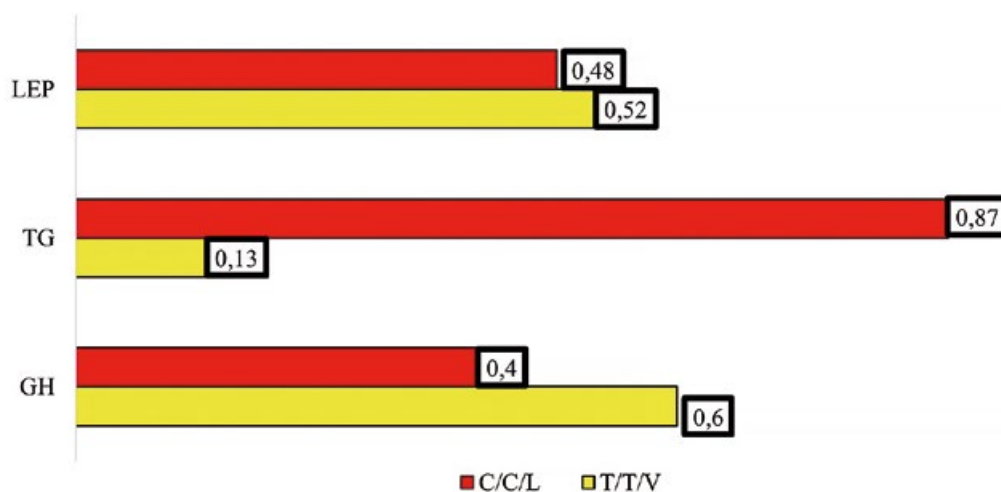


Рис. 1. Варианты частоты встречаемости аллелей у коров ($n = 20$) по генам GH , TG , LEP
Variants of allele frequency in cows ($n = 20$) for the GH , TG , LEP genes

Ряд учёных (Л.А. Танана, Т.А. Sedykh, 2016) выявили связь между генотипами гормона роста и характеристиками мясной продуктивности у мясного скота. В частности, отмечено, что герефордская порода с генотипом GH^{VV} демонстрировала превосходство по массе туши на 5–10 кг по сравнению с животными, имеющими другие генотипы [22].

В наших исследованиях выявлено, что частота встречаемости желательных генотипов

изучаемых генов GH , TG , LEP составила: GH^{VV} – 45,0 и GH^{LV} – 30,0 %; TG^{TT} – полное отсутствие и TG^{TC} – 25,0 %; LEP^{TT} – 25,0 и LEP^{CT} – 45,0 %. Число эффективно действующих аллелей по изучаемым генам GH , TG , LEP варьировало от 1,28 до 1,99. Концентрация желательных аллелей в выборке коров казахской белоголовой породы составила: для GH – 0,75, LEP – 0,7, а для TG всего лишь 0,25 (рис. 2).

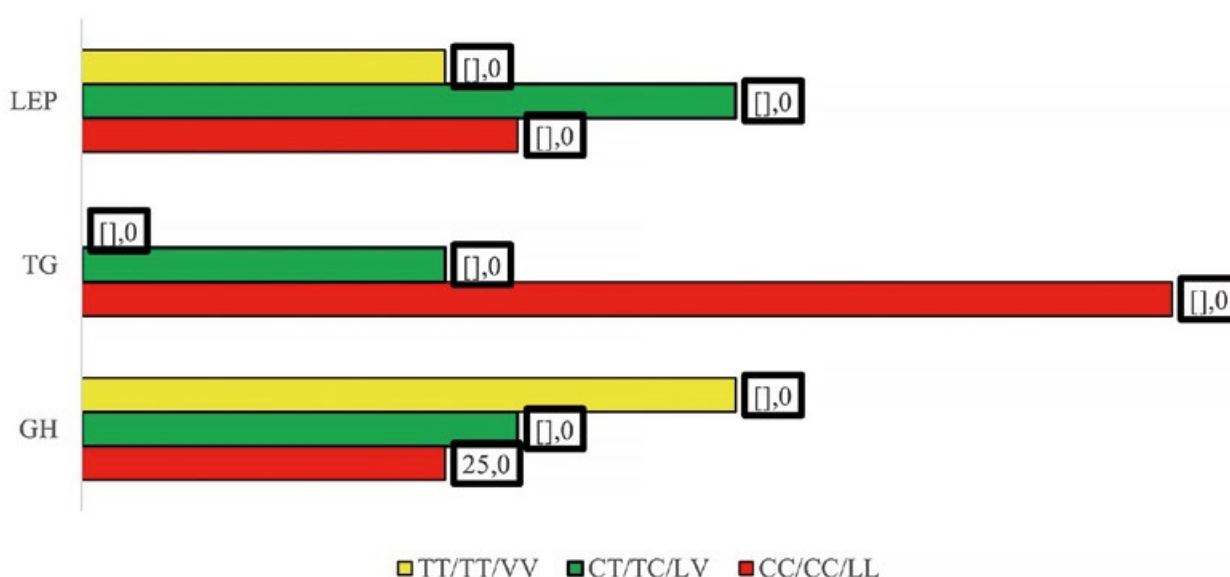


Рис. 2. Варианты частоты встречаемости генотипов у коров ($n = 20$) по генам GH , TG , LEP
Frequency variants of genotypes in cows ($n = 20$) for the GH , TG , LEP genes

По результатам генетико-статистического анализа в исследуемой выборке коров определены варианты комплексных генотипов по изучаемым генам. Доля коров-носителей комплексных генотипов изучаемой породы, включающих пять ($GH^{VV}TG^{TC}LEP^{TT}$) и четыре ($GH^{VV}TG^{CC}LEP^{TT}$) желательные маркерные аллели

трех генов, составила 15,0 % у трех животных, трех желательных ($GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{LL}TG^{TC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CC}$) – 30,0 % у шести животных и двух ($GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$; $GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CC}$) аллелей – 30,0 % у шести животных, а с одной ($GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$) составила 25,0 % – пять животных (рис. 3).

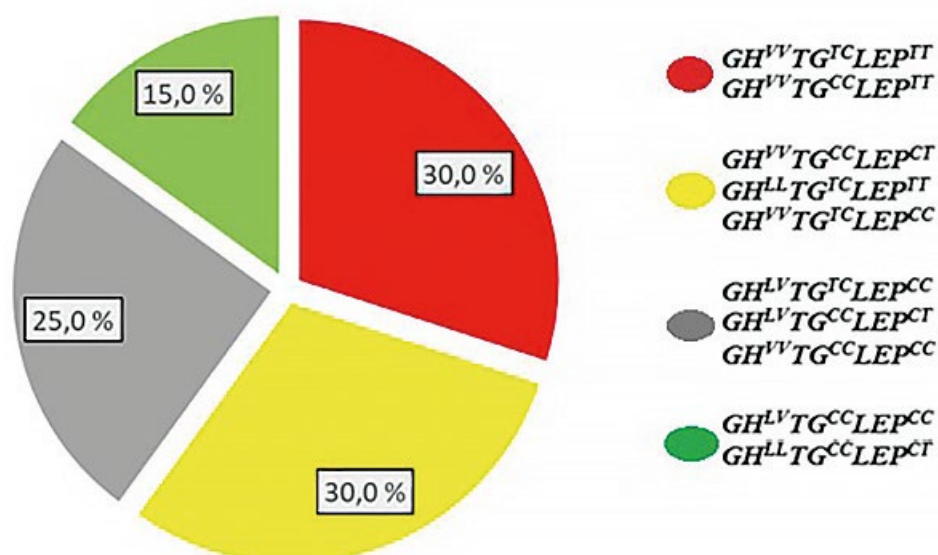


Рис. 3. Доля коров казахской белоголовой породы – носителей комплексных генотипов по генам *GH*, *TG*, *LEP*
The proportion of Kazakh White-Headed cows that are carriers of complex genotypes for the *GH*, *TG*, and *LEP* genes

Для получения высокопродуктивного потомства были сформированы две группы животных для подбора родительских пар. Так, в каждую группу было отобрано по 10 голов коров и по одному быку-производителю, имеющих в своем генокомплексе селекционно-значимые аллели. В первую группу входили коровы ($n = 10$), имеющие варианты генокомплексов, состоящих из одной-трех желательных маркерных аллелей ($GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CC}$) и скрещивали их с быком-производителем, носителем генокомплекса ($GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CT}$), включающего пять маркерных аллелей в трех генах. Вторая группа состояла из коров ($n = 10$), имеющих комплексные варианты генотипов ($GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CC}$; $GH^{LV}TG^{CC}LEP^{TT}$; $GH^{LL}TG^{TC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{TT}$), которые включали одну-пять маркерных аллелей, а у быка-производителя был генокомплекс ($GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$).

Анализом полученных результатов в популяции молодняка $F1$ ($n = 20$) казахской белоголовой породы по изучению полиморфизма было выявлено присутствие желательных аллелей в генах *GH*, *TG*, *LEP*. Так, частота встречаемости желательного аллеля GH^V гена гормона роста была высокой и составила 0,78 в исследуемой выборке животных. Это обеспечило присутствие гомозиготного варианта GH^{VV} (60,0 %) и гетерозиготного GH^{LV} (35,0 %) генотипов. Присутствие аллелей TG^T и TG^C (0,43 и 0,57 соответственно) гена тиреоглобулина обеспечило лишь 5,0 % животных с гомозиготным TG^{TT} генотипом, а 75,0 % оказались особи с гетерозиготным вариантом TG^{TC} генотипа. Гомозиготный TG^{CC} генотип в исследуемой группе животных составил 20,0 %. В локусе гена лептина частота встречаемости аллелей LEP^T и LEP^C (0,48 и 0,52) обеспечила присутствие гомозиготных вариантов LEP^{TT} и LEP^{CC} генотипов 10,0 и 15,0 %, с гетерозиготным LEP^{CT} – 75,0 % (рис. 4).

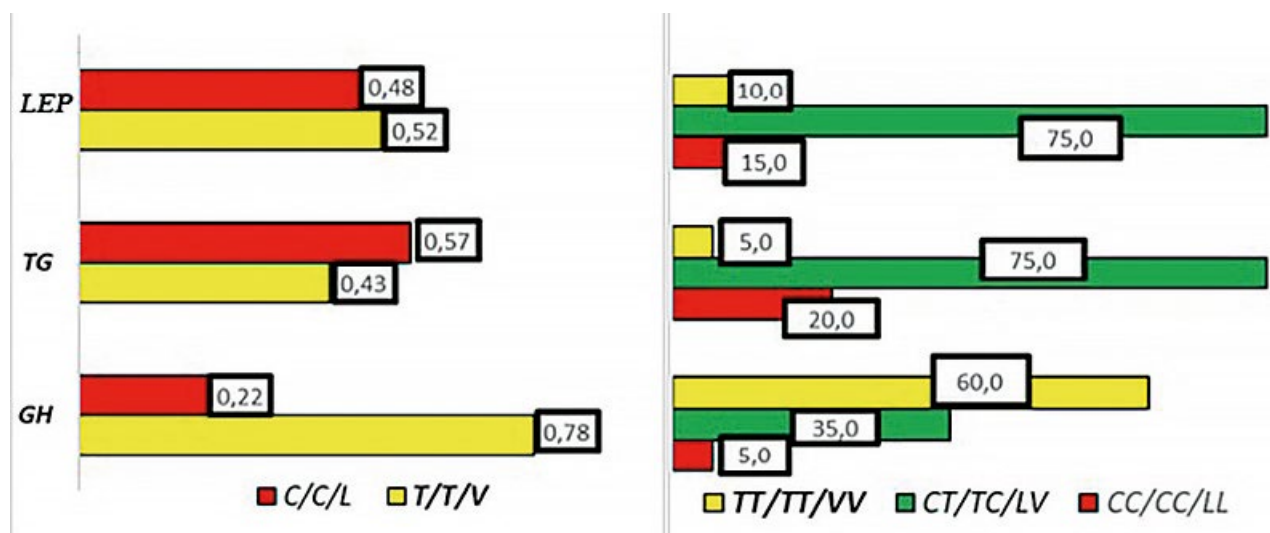


Рис. 4. Варианты частоты встречаемости аллелей и генотипов у молодняка F1 ($n = 20$) по генам GH, TG, LEP
Frequency variants of alleles and genotypes in F1 young animals ($n = 20$) for the GH, TG, LEP genes

А.А. Сафронова (2024) методом ПЦР-ПДРФ выявляла полиморфизм генов гормона роста GH L127V и тиреоглобулина TG5 C422T, а также у подопытных животных определяли убойные показатели, химический, жирнокислотный и аминокислотный составы мяса. Значительное влияние полиморфизма GH L127V отмечалось на массу туши ($P \leq 0,05$) и аминокислотный состав мяса. Полиморфизм TG5 C422T оказывал значительное ($P \leq 0,05$) влияние на дифференциацию бычков по соотношению полиненасыщенных и насыщенных жирных кислот. Автор сообщает, что генетическая изменчивость бычков по генам гормона роста и тиреоглобулина может быть использована для улучшения как количественных, так и качественных показателей мясной продуктивности герефордского скота при маркер-зависимой селекции [23].

Полученная информация о вариантах частоты аллелей и генотипов в выборке молодняка F1 казахской белоголовой породы по генам GH, TG, LEP послужила основанием для проведения генетико-статистического анализа. Выявить и описать генетическое разнообразие исследуемой выборки позволил проведенный нами анализ, что дало ценную информацию о ее генетической структуре. Для диплоидных особей самой распространенной мерой генетической изменчивости является гетерозиготность H . Так, по генам GH, TG, LEP значение наблюдаемой гетерозиготности H_{OBS} составило 0,35; 0,75 и 0,75 соответственно. Ожидаемая гетерозиготность H_{EX} в этих генах соответствовала значениям: 0,538; 0,955 и 0,995, что говорит о достаточном количестве гетерозигот. Для оценки генетического разнообразия использу-

ют такие критерии, как уровень полиморфности, степень гомозиготности. Степень гомозиготности (Ca , %) в проведенных исследованиях характеризовалась средней величиной 50,13–51,13 % по генам LEP и TG и немного высокой 65,13 % – GH. Наиболее высокий показатель уровня полиморфности выявлен в генах TG (1,95) и LEP (1,99), среднее его значение определено по гену GH (1,53). Концентрация желательного аллеля по изучаемым генам составила: GH^V – 0,95; TG^T – 0,80, LEP^T – 0,85. Степень генетической изменчивости V , которая зависит от степени гомозиготности и количества исследуемых особей, была в диапазоне от 29,88 (GH) до 44,88 % (LEP).

Способность генетического маркера устанавливать распределение частоты встречаемости аллелей, полиморфизм популяции в зависимости от их числа, определяется величиной информационного полиморфизма PIC [24]. Так, в гене GH величина информационного полиморфизма обладала средней полиморфностью, составив 0,349, а для генов TG и LEP была немного повышенной, 0,489 и 0,499 соответственно.

Н.П. Герасимов с соавторами (2020) исследовал оценку взаимосвязи убойных качеств животных крупного рогатого скота абердин-ангусской породы с наличием полиморфизмов LEP 528C/T и LEP 73C/T. После генотипирования коров и телок абердин-ангусской породы группировали в соответствии с генотипами. В результате исследований выявили, что гетерозиготные генотипы телок при нуклеотидных заменах в разных регионах отличались повышенным уровнем мясной продуктивности. Они превосходили сверстниц на 16,3–30,4 кг (3,01–5,76 %; $P \geq 0,05$) и 9,1–14,2 кг

(1,67–2,63 %; $P \geq 0,05$) по предубойной массе, а по массе туши – на 8,3–9,8 кг (2,64–3,14 %; $P \geq 0,05$) и 2,4–2,7 кг (0,76–0,85 %; $P \geq 0,05$) соответственно при полиморфизме LEP 528C/T и LEP 73C/T. В свою очередь, желательная мутация в гомозиготной форме TT при полиморфизме LEP 528C/T у коров способствовала максимальной выраженности живой массы, массы и выхода туши у их носителей [25].

Генетико-статистическими методами анализа установлено, что среди полученного молодняка F1 (как у бычков, так и у телочек), имеющего

желательный комплексный ($GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CC}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CT}$; $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{TT}$) генотип, включающий четыре маркерных аллелей трех генов, доля животных составила 60,0 % (12 особей). У четырех животных (20,0 %) выявлены комбинации из трех желательных ($GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CT}$) аллелей, из двух ($GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$; $GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CT}$) маркерных аллелей у трех животных (15,0 %), а у одного животного (5,0 %) одна аллель ($GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$) трех генов (рис. 5).

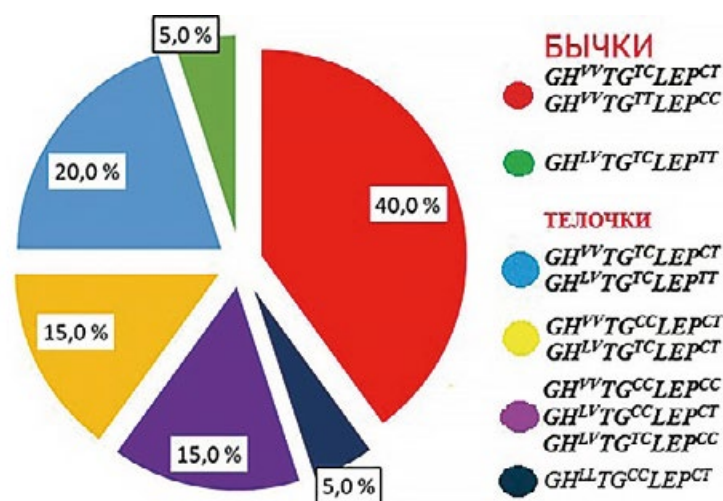


Рис. 5. Доля полученного молодняка F1, носителей комплексных генотипов по генам GH, TG, LEP

The proportion of F1 offspring obtained, carriers of complex genotypes for the GH, TG, LEP genes

Оценка мясной продуктивности (живая масса при рождении, за 205 дней и среднесуточный прирост) у полученного молодняка F1 (бычки и телочки) казахской белоголовой породы проводилась в зависимости от комплексных генотипов генов GH, TG, LEP. Так, живая масса за 205 дней у бычков ($n = 9$) исследуемой породы с разными генокомплексными ($GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CC}$; $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{TT}$) и ($GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CT}$) составила в среднем 217,4 кг, а среднесу-

точный прирост – 927,90 г. У телочек ($n = 7$) этой же породы с генокомплексными ($GH^{LV}TG^{TC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CT}$) и ($GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CT}$) показатель живой массы в среднем равнялся 195,10 кг, при среднесуточном приросте 827,36 г. А у трех телочек с генокомплексными ($GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CC}$; $GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CT}$; $GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$) составила в среднем 184,50 кг и среднесуточный прирост – 781,22 г (табл. 2).

Таблица 2

Живая масса у молодняка F1 в зависимости от комплексных генотипов генов GH, TG, LEP ($n = 20$)
Live weight of F1 young animals depending on the complex genotypes of the GH, TG, LEP genes ($n = 20$)

Варианты комплексных генотипов	n	Показатель		
		Живая масса		Среднесуточный прирост, г
		при рождении	205 дней	
1	2	3	4	5
Бычки ($n = 9$)				
$GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CT}$	7	27,38±0,15	218,75±1,57	933,51
$GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CC}$	1			

1	2	3	4	5
$GH^{LV}TG^{TC}LEP^{TT}$	1	26,00	207,00	882,93
Телочки ($n = 11$)				
$GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CT}$	2	$25,75 \pm 0,32$	$197,15 \pm 1,89$	836,10
$GH^{LV}TG^{TC}LEP^{TT}$	2			
$GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CT}$	2	$25,16 \pm 0,49$	$192,37 \pm 2,79$	815,66
$GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CT}$	1			
$GH^{VV}TG^{CC}LEP^{CC}$	3	$24,33 \pm 0,63$	$184,45 \pm 2,35$	781,22
$GH^{LV}TG^{CC}LEP^{CT}$				
$GH^{LV}TG^{TC}LEP^{CC}$				
$GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$	1	24,00	183,00	775,61

ВЫВОДЫ

1. В ходе проведенных нами исследований получены сведения об эффективности подбора родительских пар на основе анализа их ДНК-генотипирования. Полученное потомство характеризовалось повышенным продуктивным потенциалом.

2. В результате проведенного генотипирования потомков $F1$ было выявлено, что особи, имеющие в своем генокомплексе четыре желательные маркерные ($GH^{LV}TG^{TC}LEP^{TT}$; $GH^{VV}TG^{TC}LEP^{CT}$; $GH^{VV}TG^{TT}LEP^{CC}$) аллели по трем генам имели большую живую массу в 205 дней ($218,75$ кг – бычки и $197,15$ кг – телочки), чем носители одной

желательной ($GH^{LL}TG^{CC}LEP^{CT}$ –телочки) аллели – $183,00$ кг.

3. Среднесуточный прирост был различным и варьировался от $775,61$ до $933,51$ г в зависимости от наследуемости числа селекционно-значимых аллелей по изучаемым генам.

4. В результате проведенных исследований выявлена связь наследуемости желательных генотипов по генам GH , TG , LEP с показателями живой массы у полученного потомства. Для получения более точных результатов рекомендуется проведение аналогичных исследований на большей выборке молодняка крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Глазко В.И., Косовский Г.Ю., Глазко Т.Т. Поколения молекулярно-генетических маркеров в решении задач геномной селекции // Вестник Российской академии естественных наук. – 2017. – Т. 17, № 2. – С. 66–70.
2. Молекулярно-генетические маркеры в селекционной работе разными видами сельскохозяйственных животных / М.И. Селионова, Е.А. Гладырь, Т.И. Антоненко [и др.] // Вестник АПК Ставрополя. – 2012. – № 2 (6). – С. 30–35.
3. Племяшов К. Геномная селекция – будущее животноводства // Животноводство России. – 2014. – № 5. – С. 2–4.
4. Подход к оценке генетического разнообразия с.-х. животных / Ю.А. Колосов, Д.Д. Чертков, Н.В. Широкова [и др.] // Вестник Донского государственного аграрного университета. – 2016. – № 4-1 (22). – С. 14–22.
5. Перспективные генетические маркеры крупного рогатого скота / М.И. Селионова, Л.Н. Чижова, Г.Т. Бобрышова [и др.] // Вестник АПК Ставрополя. – 2018. – № 3 (31). – С. 44–51.
6. Шевелева О.М., Свяженина М.А., Часовицкова М.А. Селекционно-генетические параметры отбора коров по молочной продуктивности при совершенствовании стада крупного рогатого скота // Вестник Курганской ГСХА. – 2023. – № 1 (45). – С. 60–68.
7. Система комплексной оценки селекционной перспективности племенных стад и их генетического благополучия на основе ДНК-диагностики / Л.Н. Чижова, Г.Т. Бобрышова, Е.С. Суржикова [и др.]. – Ставрополь, – 2020. – 92 с.
8. Молекулярно-генетические аспекты селекции мясного скота по мраморности мяса / А.А. Шарипов, Ш.К. Шакиров, Ю.Р. Юльметьева Л.И. Гафурова // Вестник мясного скотоводства. – 2014. – № 2 (85). – С. 59–64.
9. Оценка быков-производителей с разными генотипами генов соматотропинового каскада по молочной продуктивности и качеству молока ближайших женских предков / Л.Р. Загидуллин, И.Ю. Гилемханов, Р.У. Зарипов [и др.] // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Баумана. – 2020. – Т. 244 (4). – С. 86–91.

10. *Маркер-ассоциированная и геномная селекция мясного скота* / М.И. Селионова, Л.В. Евстафьева, Е.Н. Коновалова, Е.Н. Белая // Тимирязевский биологический журнал. – 2023. – № 2. – С. 37–48. – DOI: 10.26897/2949-4710-2023-2-37-48.
11. *Polymorphisms of CAPN1, CAST, GDF5, TG5 and GH genes in Russian Hereford cattle* / K. Dzhulamanov, N. Gerasimov, M. Dubovskova, A. Baktygalieva // Bulgarian Journal of Agricultural Science. – 2019. – Vol. 25 (2). – P. 375–379.
12. *Аллельный спектр генов соматотропинового каскада у молодняка крупного рогатого скота мясного направления продуктивности* / З.К. Гаджиев, Е.С. Суржикова, Д.Д. Евлагина [и др.] // Достижения науки и техники АПК. – 2023. – Т. 37, № 5. – С. 80–84. – DOI: 10.53859/02352451_2023_37_5_80.
13. *Каюмов Ф.Г., Третьякова Р.Ф., Третьякова Н.А. Качественные и количественные показатели мясной продуктивности бычков разных генотипов по генам CAPN1 и TG5* // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. – 2021. – № 2 (88). – С. 242–245. – DOI: 10.37670/2073-0853-2021-88-2-242-245.
14. *Макаев Ш.А., Герасимов Н.П. Влияние генотипа быков-отцов казахской белоголовой породы по генам CAPN1, CAST и TG5 на качественные показатели мяса у потомков* // Животноводство и кормопроизводство. – 2020. – Т. 103, № 3. – С. 102–113. – DOI: 10.33284/2658-3135-103-3-102.
15. *Суржикова Е.С., Дубовскова М.П., Герасимов Н.П. Полиморфизм генов CAPN1(с.316C>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. – Т. 104, № 4. – С. 67–78.
16. *Онищенко О.Н., Чернобай Е.Н., Суржикова Е.С. Генетический полиморфизм генов GH, GDF9 у овец породы российский мясной меринос* // Овцы, козы, шерстяное дело. – 2023. – № 2. – С. 14–17. – DOI: 10.26897/2074-0840-2023-2-14-17.
17. *Полиморфизм генов CAST, GH, GDF9 овец дагестанской горной породы* / А.А. Оздемиров, Л.Н. Чинова, А.А. Хожиков [и др.] // Юг России: экология, развитие. – 2021. – Т. 16, № 2 (59). – С. 39–44. – DOI: 10.18470/1992-1098-2021-2-39-44.
18. *Межпородные особенности полиморфизма генов соматотропин, пролактин у коров молочного направления продуктивности* / Л.Н. Чинова, Е.С. Суржикова, Г.П. Ковалева, Т.Н. Михайленко // Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. – 2017. – Т. 2, № 10. – С. 108–113.
19. *ДНК-тестирование аллельного полиморфизма генов IGF-1, GDF5, GH, у молодняка мясного скота* / З.К. Гаджиев, Е.С. Суржикова, Д.Д. Евлагина [и др.] // Аграрный научный журнал. – 2023. – № 9. – С. 82–87. – DOI: 10.28983/asj.y2023i9pp82-87.
20. *Изучение и проведение ДНК-тестирования сельскохозяйственных животных по генам, определяющим продуктивные качества: методические рекомендации* / З.К. Гаджиев, Е.С. Суржикова, Т.Н. Михайленко, Д.Д. Евлагина. – Ставрополь, 2022. – 78 с.
21. *Ольховская Л.В., Абонеев В.В. Биохимический полиморфизм в селекции коз* / Российская акад. с.-х. наук, Гос. науч. учреждение Ставропольский науч.-исслед. ин-т животноводства и кормопроизводства. – Ставрополь, 2007. – С. 43–52.
22. *Использование ДНК-тестирования по маркерным генам в селекции крупного рогатого скота СКФО: монография* / З.К. Гаджиев, Е.С. Суржикова, Д.Д. Евлагина [и др.]. – Ставрополь, 2025. – 190 с.
23. *Сафронова А.А. Формирование мясной продуктивности и качества мяса у герефордских бычков разных генотипов* // Животноводство и кормопроизводство. – 2024. – Т. 107, № 2. – С. 61–70. – DOI: 10.33284/2658-3135-107-2-61.
24. *Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism* / D. Botstein, R.L. White, M.H. Skalnick, R.W. Davies // Am. J. Hum. Genet. – 1980. – № 32. – P. 314–331.
25. *Оценка взаимосвязи послеубойных качеств животных крупного рогатого скота с наличием полиморфизмов LEP 528C/T и LEP 73C/T* / Н.П. Герасимов, В.И. Колпаков, Д.Б. Косян [и др.] // Животноводство и кормопроизводство. – 2020. – Т. 103, № 3. – С. 114–126. – DOI: 10.33284/2658-3135-103-3-114. – EDN YBCNEG.

REFERENCES

1. Glazko V.I., Kosovskii G.Yu., Glazko T.T., *Vestnik RAEN*, 2017, No. 17 (2), pp. 66–70. (In Russ.)
2. Selionova M.I., Gladyr' E.A., et al., *Vestnik APK Stavropol'ya*, 2012, No. 2 (6), pp. 30–35. (In Russ.)
3. Plemyshev K., *Zhivotnovodstvo Rossii*, 2014, No. 5, pp. 2–4. (In Russ.)
4. Kolosov Yu.A., Chertkov D.D., Shirokova N.V., Bakoev N.F., Romanets T.S., Romanets E.A., Mikhtodzhova Sh.D., *Vestnik Donskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*, 2016, No. 4–1 (22), pp. 14–22. (In Russ.)
5. Selionova M.I., Chizhova L.N., Bobryshova G.T., Surzhikova E.S., Mikhailenko A.K., *Vestnik APK Stavropol'ya*, 2018, No. 3 (31), pp. 44–51. (In Russ.)
6. Sheveleva O.M., Svyazhenina M.A., Chasovshchikova M.A., *Vestnik Kurganskoi GSKhA*, 2023 No. 1 (45), pp. 60–68. (In Russ.)

7. Chizhova L.N., Bobryshova G.T., Surzhikova E.S., Efimova N.I., Mikhailenko T.N. et al, *Sistema kompleksnoi otsenki selektsionnoi perspektivnosti plemennykh stad i ikh geneticheskogo blagopoluchiya na osnove DNK-diagnostics* (A system for comprehensive assessment of the breeding potential of breeding herds and their genetic well-being based on DNA diagnostics), Stavropol', 2020, pp. 92. (In Russ.)
8. Sharipov A.A., Shakirov Sh.K., Yul'met'eva Yu.R., Gafurova L.I., *Vestnik myasnogo skotovodstva*, 2014, No. 2 (85), pp. 59–64. (In Russ.)
9. Zagidullin L.R., Gilemkanov I.Yu., Zaripov R.U. [et al.], *Uchenye zapiski Kazanskoi GAVM*, 2020, No. 244 (4). pp. 86–91. (In Russ.)
10. Selionova M.I., Evstaf'eva L.V., Konovalova E.N., Belaya E.N., *Timiryazevskii biologicheskii zhurnal*, 2023, No. 2, pp. 37–48. (In Russ.)
11. Dzhulamanov K., Gerasimov N., Dubovskova M., Baktygalieva A., Polymorphisms of CAPN1, CAST, GDF5, TG5 and GH genes in Russian Hereford cattle, *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 2019, Vol. 25 (2), pp. 375–379.
12. Gadzhiev Z.K., Surzhikova E.S., Evlagina D.D. [et al.], *Dostizheniya nauki i tekhniki APK*, 2023, No. 37 (5), pp. 80–84. (In Russ.)
13. Kayumov F.G., Tret'yakova R.F., Tret'yakova N.A., *Izvestiya Orenburgskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta*, 2021, No. 2 (88), pp. 242–245. (In Russ.)
14. Makaev Sh. A., Gerasimov N.P., *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*, 2020, No. 103 (3), pp. 102–113. (In Russ.)
15. Surzhikova E.S., Dubovskova M.P., Gerasimov N.P., *Zhivotnovodstvo i kormoproizvodstvo*, 2021, No. 104 (4), pp. 67–78. (In Russ.)
16. Onishchenko O.N., Chernobai E.N., Surzhikova E.S., *Ovtsy, kozy, sherstyanoe delo*, 2023, No. 2, pp. 14–17. (In Russ.)
17. Ozdemirov A.A., Chizhova L.N., Khozhokov A.A. [et al.], *Yug Rossii: ekologiya, razvitie*, 2021, No. 2 (59), pp. 39–44. (In Russ.)
18. Chizhova L.N., Surzhikova E.S., Kovaleva G.P., Mikhailenko T.N., *Sbornik nauchnykh trudov Vserossiiskogo nauchno-issledovatel'skogo instituta ovtsevodstva i kozovodstva*, 2017, No. 2 (10), pp. 108–113. (In Russ.)
19. Gadzhiev Z.K., Surzhikova E.S., Evlagina D.D. [et al.], *Agrarnyi nauchnyi zhurnal*, 2023, No. 9, No. 82–87. (In Russ.)
20. Gadzhiev Z.K., Surzhikova E.S., Mikhailenko T.N., Evlagina D.D., *Izuchenie i provedenie DNK-testirovaniya sel'skookhozyajstvennykh zhivotnykh po genam, opredelyayushchim produktivnye kachestva* (Study and DNA testing of farm animals for genes that determine productive qualities), Stavropol', 2022, pp. 78.
21. Olkhovskaya L.V., Aboneev V.V., *Biohimicheskij polimorfizm v selekcii koz* (Biochemical polymorphism in goat breeding), Stavropol, 2007, pp. 43–52.
22. Gadzhiev Z.K., Surzhikova E.S., Evlagina D.D. [et al.], *Ispol'zovanie DNK-testirovaniya po markernym genam v selekcii krupnogo rogatogo skota SKFO* (Use of DNA testing for marker genes in cattle breeding in the North Caucasus Federal District), Stavropol, 2025. 190 p.
23. Safronova A.A., *Animal Husbandry and Feed Production*, 2024, Vol. 107, No. 2, pp. 61–70, DOI: 10.33284/2658-3135-107-2-61. (In Russ.)
24. Botstein D., White R.L., Skalnicky M.H., Davies R.W., Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism, *Am. J. Hum. Genet.*, 1980, No. 32, pp. 314–331.
25. Gerasimov N.P., Kolpakov V.I., Kosyan D.B. [et al.], *Animal husbandry and feed production*, 2020, Vol. 103, No. 3, pp. 114–126, DOI: 10.33284/2658-3135-103-3-114, EDN YBCNEG. (In Russ.)

Информация об авторах:

Е.С. Суржикова, кандидат сельскохозяйственных наук

О.С. Веремеенко, научный сотрудник

Т.Н. Михайленко, научный сотрудник

Contribution of the authors:

E.S. Surzhikova, Candidate of Agricultural Sciences

O.S. Veremeenko, researcher

T.N. Mikhailenko, researcher

Вклад авторов:

Все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации.

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.