**М. И. Селионова, Л. Н. Чижова, Г. Т. Бобрышова, Е. С. Суржикова,
А. К. Михайленко**

Selionova M. I., Chizhova L. N., Bobryshova G. T., Surzhikova E. S., Mikhaylenko A. K.

ПЕРСПЕКТИВНЫЕ ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА

PERSPECTIVE GENETIC MARKERS OF HORNED CATTLE

Среди комплекса мероприятий, направленных на повышение эффективности животноводческой отрасли, важная роль отводится методам молекулярной генетики, в основе которых лежит анализ наследственной информации, позволяющей сохранять и накапливать в породах желательные генотипы, стойко передающие свой наследственный потенциал из поколения в поколение. Это способствует получению особо ценного селекционного материала, являющегося основой при усовершенствовании существующих, создании новых форм сельскохозяйственных животных.

Внедрение методов генной диагностики в практическую селекцию животноводства является актуальным как для фундаментальной, так и для прикладной науки. В странах с развитым животноводством (США, Германия, Дания и др.) генетическое маркирование широко используется в практической селекции. В нашей стране отсутствует системность, последовательность проведения молекулярно-генетических исследований, а если они и проводятся, то, в основном, в племенных хозяйствах Ленинградской, Московской областей, на Юге Российской Федерации – в единичных случаях. На Ставрополье до настоящего времени комплексные исследования не проводились, что и определило актуальность настоящей работы. По результатам генотипирования молочного и мясного скота основных пород, разводимых в племенных хозяйствах Ставропольского края, впервые дана оценка генетической структуры, выявлены генотипы, являющиеся носителями селекционно-значимых аллелей. Установлено, что удельный вес селекционно-значимых генотипов в изученных племенных стадах мясного скота Ставрополья достаточно низок. Так, доля животных, которые имели гомозиготный желательный генотип по всем 3 генам, включающим 8 аллелей ($CA^{CC} GH^{VV} LEP^{AA^{*}YY^{*}}$), составила всего 2,50 %, по 2 генам и 6 аллелям ($CA^{CC} LEP^{AA^{*}YY^{*}}$ и $GH^{VV} LEP^{AA^{*}YY^{*}}$) – 16,25 %.

Ключевые слова: ген, аллели, полиморфизм, гипоталамический фактор транскрипции (PIT-1), пролактин (PRL), соматотропин (GH), лептин (LEP), кальпаин (CAPN1), генотип, молочный, мясной скот, продуктивность.

Among the complex of measures aimed at increasing the efficiency of the livestock sector, an important role is played by methods of molecular genetics based on the analysis of hereditary information allowing to keep and to accumulate in the breeds the desired genotypes that steady transmit their hereditary potential from generation to generation. This contributes to the acquisition of a especially valuable selection material, which is the basis for improving existing, creating new forms of farm animals.

Introduction of gene diagnostics methods into practical selection of animal husbandry is relevant both for fundamental and applied science. In countries with developed animal husbandry (USA, Germany, Denmark etc.) genetic marking is widely used in practical selection. In our country there is no systematics, the sequence of carrying out molecular genetic studies, and if they are, it is mostly in the breeding farms of the Leningrad, Moscow regions, in the south of the Russian Federation, they are observed in isolated cases. To date, the Stavropol Territory has not conducted comprehensive studies, which determined the relevance of this work. Based on the results of dairy and beef cattle genotyping in the main breeds selected in the breeding farms of the Stavropol Territory, an assessment of the genetic structure was made for the first time, genotypes that are carriers of selectively significant alleles were identified. It has been established that the specific gravity of selectively significant genotypes in the studied breeding herds of beef cattle on the Stavropol Territory is quite low. Thus, the proportion of animals that had a homozygous desired genotype for all 3 genes, included 8 alleles ($CA^{CC} GH^{VV} LEP^{AA^{*}YY^{*}}$), was only 2.50 %, in 2 genes it was 6 alleles ($CA^{CC} LEP^{AA^{*}YY^{*}}$ and $GH^{VV} LEP^{AA^{*}YY^{*}}$) and 16,25 %.

Key words: gene, alleles, polymorphism, pituitary factor of transcription (PIT-1), prolactin (PRL), somatotropin (GH), leptin (LEP), calpain (CAPN1), genotype, dairy and beef cattle, productivity.

Селионова Марина Ивановна – профессор РАН, доктор биологических наук, директор Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» г. Ставрополь
Тел.: 8(8652)37-10-39
E-mail: m_selin@mail.ru

Чижова Людмила Николаевна – доктор сельскохозяйственных наук, профессор, главный научный сотрудник лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» г. Ставрополь
Тел.: 8(8652) 71-72-18
E-mail: immunogenetika@yandex.ru

Selionova Marina Ivanovna – Professor of Russian Academy of Sciences (RAS), Doctor of Biological Sciences, Director All-Russian Research Institute of Sheep Breeding and Goat Breeding – branch FSBSI «North Caucasus Federal Agricultural Research Center» Stavropol
Tel.: 8(8652)37-10-39
E-mail: m_selin@mail.ru

Chizhova Lyudmila Nikolaevna – Doctor of Agricultural Sciences, Professor, Chief Researcher of the Laboratory of Immunogenetics and DNA technology All-Russian Research Institute of Sheep Breeding and Goat Breeding – branch FSBSI «North Caucasus Federal Agricultural Research Center» Stavropol
Tel.: 8(8652)71-72-18
E-mail: immunogenetika@yandex.ru

Бобрышова Галина Тимофеевна – кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, заместитель директора Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр» г. Ставрополь
Тел.: 8(8652)35-94-56
E-mail: science@vniok.ru

Суржикова Евгения Семеновна – кандидат сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий Всероссийский научно-исследовательский институт овцеводства и козоводства-филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», г. Ставрополь
Тел.: 8(8652)71-72-18
E-mail: immunogenetika@yandex.ru

Михайленко Антонина Кузьминична – доктор биологических наук, профессор кафедры биологии и экологии ФГБОУ ВО «Ставропольский государственный медицинский университет» г. Ставрополь
Тел.: 8(8652)35-61-85

Bobryshova Galina Timofeevna – Ph.D of Agricultural Sciences, Associate Professor, Deputy Director All-Russian Research Institute of Sheep Breeding and Goat Breeding – branch FSBSI «North Caucasus Federal Agricultural Research Center» Stavropol
Tel.: 8(8652)35-94-56
E-mail: science@vniok.ru

Surzhikova Evgenia Semenovna – Ph.D of Agricultural Sciences, Senior Researcher of the Laboratory for Immunogenetics and DNA technology All-Russian Research Institute of Sheep Breeding and Goat Breeding – branch FSBSI «North Caucasus Federal Agricultural Research Center» Stavropol
Tel.: 8(8652)71-72-18
E-mail: immunogenetika@yandex.ru

Mikhaylenko Antonina Kuzminichna – Doctor of Biological Sciences, Professor of the Department Biology and Ecology FSBEI HE «Stavropol State Medical University» Stavropol
Tel.: 8(8652)35-61-85

В настоящее время одной из актуальных проблем аграрного комплекса является поиск интенсивного пути ведения животноводства, направленного на повышение эффективности селекционно-племенной работы с отечественным генофондом крупного рогатого скота, а также на совершенствование качественных составляющих животноводческой продукции. Современные методы селекции, методы XXI века, основаны на сопоставлении молекулярно-генетических маркеров, взаимодействующих с хозяйственно полезными признаками [1]. По своей сути это интегрированный подход, тесно связывающий генотип с фенотипом, позволяющий выявить ценный генетический материал для целенаправленного использования в практической селекции. Индивидуальный подбор животных, сбор информации о племенной ценности, учет продуктивности, роста, развития, использование современных молекулярно-генетических, статистических методов и компьютерных технологий позволяют выявить выдающихся животных в кратчайшие сроки [2]. Генно-диагностика в практической селекции крупного рогатого скота Ставрополья до настоящего времени не проводилась.

Вышеизложенное предопределило актуальность и своевременность настоящих исследований и послужило основанием для изучения полиморфизма генов, контролирующих молочную и мясную продуктивность крупного рогатого скота основных пород, разводимых в хозяйствах Ставропольского края.

Молочный скот. В качестве перспективных генетических маркеров продуктивности молочного скота выделяют гены: гипофизарный фак-

тор транскрипции (PIT-1), пролактин (PRL), гормон роста соматотропин (GH), лептин (LEP).

Гипофизарный фактор транскрипции (PIT-1) – занимает особое место в детерминации молочной продуктивности и рассматривается как третья, самая высокая ступень в регуляции этого процесса. Доказано, что на ранних этапах эмбриогенеза он направляет дифференциацию клеток гипофиза, определяет развитие зон, ответственных за синтез соматотропина, пролактина и участвует в регуляции экспрессии их генов [3]. Полиморфизм представлен двумя аллелями (A, B), тремя генотипами (AA, BB, AB).

Ген **пролактин (PRL)** является одним из уникальных гормонов гипофиза. Он относится к семейству белковых гормонов, участвующих в инициации и поддержании лактации у крупного рогатого скота, расположен на 23 хромосоме, состоит из пяти экзонов и четырех интронов [4]. Полиморфизм представлен двумя аллелями (A, B), тремя генотипами (AA, BB, AB).

Гормон роста соматотропин (GH) – важный эндогенный фактор, обладающий лактогенным, инсулиноподобным, жиромобилизирующим и нейтронным действием, синтезируется в передней доле гипофиза, интересен тем многообразием функций, которые он выполняет. Основной его биологический эффект заключается как в регуляции постнатального развития, так и стимуляции метаболизма, лактации, состава молока. Аллельные варианты в структуре и регуляторной частях гена гормона роста важны с точки зрения их прямого и опосредованного влияния на молочную продуктивность и качество молока [5]. Полиморфизм представлен двумя аллелями (L, V), тремя генотипами (LL, LV, VV).

Лептин (LEP) – гормон, вырабатываемый адипоцитами – клетками жировой ткани, игра-

ет важную роль в метаболизме, в частности в накоплении жира в организме. Лептин вовлечён в регуляцию пищевого поведения, влияет на функционирование иммунной системы, репродуктивной функции, а также на рост и конституцию животных. Он интересен для селекции тем, что во многом определяет молочную продуктивность, содержание компонентов в молоке (белка, жира) и, что не менее важно, связан с продуктивным долголетием сельскохозяйственных животных [6]. Ген лептин представлен тремя локусами: LEP – R25C: аллели – R, C; генотипы – RR, RC, CC; LEP – A80V: аллели – A, V; генотипы – AA, AV, VV; LEP – Y7F: аллели – Y, F; генотипы – YY, YF, FF.

Мясной скот. Специализированное мясное скотоводство в России на стадии развития. Если в странах Евросоюза в общем поголовье крупного рогатого скота на специализированный мясной скот приходится в среднем 40,0–50,0 %, то в России – около 2,0 % (Госпрограмма, 2012). В настоящее время существует широкий диапазон генетических маркеров мясной продуктивности. Особое значение придается вкусовым характеристикам говядины – её сочности, нежности – мраморности. В качестве позиционных и функциональных генов-кандидатов, контролирующих качественные, количественные признаки, рассматриваются гены кальпаин (CAPN1), соматотропин (GH), лептин (LEP) [7].

Кальпаин (CALP1) – один из генов, ассоциированных с мраморностью мяса, обуславливающий его нежность. Доказано, что в декомпозиции мышечной ткани, происходящей после убоя животного, активное участие принимает белок семейства кальпаинов (calpain). Механизм его действия заключается в том, что система кальпаина, на основе кальций-зависимой цистеин-протеазы и за счет декомпозиции Z-дисков скелетной мускулатуры и ослабления связей между мышечными волокнами, создаёт условия для равномерного

распределения внутримышечного жира между волокнами, что и обеспечивает нежность, сочность мяса, его мраморность [8].

Соматотропин (GH) продуцируется передней долей гипофиза, является одним из важнейших регуляторов соматического роста животных. Установлено, что ген, контролирующий синтез соматотропина, регулирует рост животного, а также играет ключевую роль в обменных процессах (углеводном, жировом) [9].

Лептин (LEP) – гормон, вырабатываемый клетками жировой ткани, играет важную роль в метаболизме, в частности в накоплении жира в организме. В мясном скотоводстве полиморфизм гена лептина является важным генетическим фактором, влияющим на убойный выход и качество мяса [10].

Цель исследования – изучение полиморфизма генов, выявление генотипов носителей генетических маркеров для использования в селекции молочного и мясного скота.

Исследования проводились в лицензируемой лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий ВНИИОК – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» (№ аккредитации РОСС RL/001/21ПД29). Материалом для исследований служила ДНК, выделенная из образцов крови крупного рогатого скота молочного и мясного направлений продуктивности с использованием набора реагентов для выделения ДНК «DIAomtmDNAprep» (IsoGeneLab, Москва). Выход ДНК составил 3–5 мкг/100 мкл с OD 260/280 от 1,6 до 2,0. Для проведения ПЦР применялись наборы «GenePakPCRCore» (IsoGeneLab, Москва).

Объектом исследования служил крупный рогатый скот, разводимый в племенных хозяйствах Ставрополья (табл. 1).

Генотипирование исследуемого поголовья (молочного, мясного скота) по генам *PIT-1*, *PRL*, *GH*, *LEP* (A80V,Y7F) проводилось методом ПЦР-ПДРФ (полиморфизм длин рестрикционных фрагментов).

Таблица 1 – Породный и количественный состав исследуемого поголовья

Хозяйство	Порода	Количество
Коровы молочного направления продуктивности		
СПК КПЗ «Казьминский» Кочубеевского района	Черно-пестрая	20
СПК «Октябрьский» Левокумского района	Красная степная	15
СПК КПЗ «Кубань» Кочубеевского района	Айрширская	18
Итого коров молочного направления продуктивности		53
Быки мясного направления продуктивности		
ОАО «Белокопанское» Апанасенковского района	Герефордская	18
СПК-колхоз «Родина» Красногвардейского района	Герефордская	16
ОАО «Ставропольское» по племенной работе	Абердин-ангусская	6
ООО имени С. М. Кирова Петровского района	Лимузинская	6
СПК колхоз «Гигант» Благодарненского района	Казахская белоголовая	18
СППК «Софиевский» Ипатовского района	Калмыцкая	16
Итого быков-производителей мясного направления продуктивности		80

На программируемом термоциклере «Терцик» фирмы «ДНК-технология» (Россия) осуществлялась ПЦР в объеме 20–25 мкл, содержащем 10 мкл ПЦР-растворителя с использованием праймеров: по 0,5 мкл (PIT-1-F: 5'-caa-tga-gaa-agt-tgg-tgc-3' и PIT-1-R: 5'-tct-gca-ttc-gag-atg-ctc-3'), 2,5 мкл (PRL-F: 5'-cga-gtc-ctt-atg-agc-ttg-att-ctt-3' и PRL-R: 5'-gcc-ttc-cag-aag-tcg-ttt-gtt-ttc-3'), 1,0 мкл (GH-F: 5'-gct-gct-cct-gag-cct-tcg-3' и GH-R: 5'-gcg-gca-ctt-cat-gac-cct-3'), 0,8 мкл (LEP: F: 5'-ctg-cgt-ggt-cta-cag-cac-acc-tc-3' и LEP: R: 5'-agg-gcc-aaa-gcc-aca-gga-ttc-g-3'), 0,8 мкл (LEP: F: 5'-caa-gca-gga-aat-agg-gag-tca-tgg-3' и LEP: R: 5'-ctg-gtg-agg-atc-tgt-tgg-tag-gtc-3') и 3–5 мкл – ДНК-пробы. В соответствии с программой осуществлялась амплификация согласно режимам: PIT-1: 1 этап – 94 °C – 4 мин – 1 цикл; 2 этап – 94 °C – 1 мин, 55 °C – 1 мин, 72 °C – 1 мин (33 цикла); 3 этап – 72 °C – 4 мин – 1 цикл; PRL: 1 этап – 95 °C – 5 мин – 1 цикл; 2 этап – 95 °C – 30 сек, 63 °C – 30 сек, 72 °C – 30 сек (30 циклов); 3 этап – 72 °C – 10 мин – 1 цикл; GH: 1 этап – 95 °C – 5 мин – 1 цикл; 2 этап – 94 °C – 45 сек, 65 °C – 45 сек, 72 °C – 45 сек (35 циклов); 3 этап – 72 °C – 7 мин – 1 цикл; LEP: 1 этап – 95 °C – 30 сек, 95 °C – 2 мин 30 сек – 1 цикл; 2 этап – 95 °C – 30 сек, 67 °C – 30 сек, 72 °C – 30 сек – 1 цикл; 3 этап – 95 °C – 20 сек, 65 °C – 20 сек, 72 °C – 30 сек (33 цикла); 4 этап – 95 °C – 20 сек, 63 °C – 20 сек, 72 °C – 3 мин – 1 цикл. Для идентификации исследуемых генов использовался метод гель-электрофореза с визуализацией продуктов ПЦР-ПДРФ под ультрафиолетовым светом. Рестрикция ДНК проводилась с помощью эндонуклеаз: PIT-1 – HinfI, PRL – RsaI, GH – AluI, LEP – PspEI, Bpu14I.

ДНК-диагностика полиморфизма гена кальпаина – *CAPN1* (мясной скот) проводилась на АНК-32 (анализатор нуклеиновых кислот) с использованием набора реагентов «CAPN1», предназначенного для определения одной бинарной SNP-мутаций C316G гена в пробах геномной ДНК крупного рогатого скота методом полимеразной цепной реакции в реальном времени (ПЦР-РВ) с применением аллель-специфичных зондов (производитель ООО «Синтол»). Использование генетико-статистических методов анализа, путем определения цифровых значений таких генетических констант, как степень гомозиготности (Ca), уровень полиморфности (Na), степень генетической изменчивости (V), дана оценка генетической структуры изучаемых пород молочного и мясного скота (табл. 2, 3).

Степень гомозиготности (Ca), свидетельствующая о консолидации стад, в локусе гена PIT-1 наименьшей была в популяции коров айрширской (50,6 %), более высокой и сравнительно одинаковой – в выборке коров черно-пестрой и красной степной пород (74,5 и 87,0 %).

Степень гомозиготности изучаемых стад в локусах генов PRL и GH была одинаковой – 50,1–52,4 и 50,4–58,0 % соответственно. Достаточно высокой (94,2 %) степень гомозигот-

ности в локусе гена LEP/A80V оказалась в стаде коров черно-пестрой породы, несколько ниже (92,2 %) – айрширской и еще ниже (87,0 %) – красной степной пород. Число эффективно действующих аллелей, т. е. уровень полиморфности (Na), являющееся величиной, обратной степени гомозиготности, в локусе гена PIT-1 было наивысшим (1,97) у коров айрширской породы, ниже и сравнительно одинаковым (1,15–1,34) – у черно-пестрой, красной степной. Разницы в уровне полиморфности локуса PRL в исследуемом поголовье молочного скота не установлено (1,91; 1,96; 1,99). Количество эффективно действующих аллелей в локусе GH было достаточно высоким (1,98 и 1,86) в стадах черно-пестрой и айрширской пород. Величина изучаемого показателя в локусах LEP была незначительной и варьировала от 1,06 до 1,15 – в локусе LEP/A80V и от 1,35 до 1,47, с некоторым превосходством (1,61) у коров черно-пестрой породы – в локусе LEP/Y7F. Сравнительный анализ уровня наблюдаемой (Hobs) и ожидаемой (Hex) гетерозиготности в исследуемых выборках коров свидетельствует о неоднозначности характера его распределения в разных локусах генов. Так, наблюдаемая гетерозиготность в локусе гена PIT-1 варьировала от минимальных (0,111) величин среди коров черно-пестрой породы до максимальных (0,500) – у айрширов. Показатели ожидаемой гетерозиготности оказались максимальными (0,974) у коров айрширской породы, что более чем в 2 раза выше, чем у коров черно-пестрой (0,342) и в 6,5 раза – красной степной (0,149). Значительно выше (0,538; 0,500) уровень наблюдаемой гетерозиготности в локусе гена PRL оказался в выборке коров черно-пестрой и красной степной, ниже (0,256) – у айрширов. Что касается ожидаемой гетерозиготности, то её уровень был достаточно высоким в изучаемых популяциях молочного скота (0,996; 0,962; 0,907). Сравнительный анализ уровней Hobs и Hex в локусах гена GH выявил значительную их вариабельность в исследуемых группах молочного скота: наблюдаемой – от 1,000 до 1,500 – у животных черно-пестрой и красной степной пород, 0,385 – у айрширов. Что касается ожидаемой гетерозиготности, то изменчивость этого показателя варьировала от 0,980 у коров черно-пестрой породы до 0,776 – у красной степной. Вариабельность теста гетерозиготности (ТГ), отражающего отклонение частот встречаемости гетерозиготных генотипов от теоретически ожидаемой доли гетерозигот согласно закону Харди – Вайнберга, оказалась достаточно изменчивой и варьировала в локусах изучаемых генов со знаком плюс от +0,005 до +0,776, со знаком минус от –0,01 до –0,651.

Исследование генетической сбалансированности стад мясного скота позволило установить своеобразие генетической структуры, зависящей как от породной принадлежности, так и от изучаемого гена (табл. 3). Так, степень гомозиготности (Ca) в локусе гена кальпаина была наименьшей (51,28 %) у быков лимузинской,

наивысшей – герефордской породы (86,98 %), вариабельность этого показателя среди быков абердин-ангусской, казахской белоголовой, калмыцкой пород составила от 65,68 до 78,88 %, что свидетельствует о степени консолидации изучаемых пород мясного скота. Число эффективно действующих аллелей (Na) в локусе гена кальпаина варьировало от минимальных (1,15) у герефордов до максимальных значений

(1,95) – у лимузинов. Тест гетерозиготности (ТГ) локуса гена CAPN1 в исследуемых стадах оказался отрицательным со значительной вариабельностью от –0,03 до –0,75. Неоднозначной оказалась и степень гомозиготности (Ca) в локусе гормона роста GH у быков исследуемых пород: наивысшие показатели (65,68–94,18 %) этого признака были среди быков казахской белоголовой и калмыцкой пород.

Таблица 2 – Генетическая структура молочного скота (коров)

Показатель		Порода		
		черно-пестрая	красная степная	айрширская
PIT-1	Гомозиготы (n)	18	13	12
	Гетерозиготы (n)	2	2	6
	Hobs	0,111	0,153	0,500
	Hex	0,342	0,149	0,974
	χ^2	7,39	0,07	1,89
	Ca, %	74,5	87,0	50,6
	Na	1,34	1,15	1,97
	V, %	20,5	6,0	43,4
	ТГ	–0,23 $\Phi < T$	+0,005 $\Phi > T$	–0,474 $\Phi < T$
PRL	Гомозиготы (n)	13	10	14
	Гетерозиготы (n)	7	5	4
	Hobs	0,538	0,500	0,256
	Hex	0,996	0,962	0,907
	χ^2	1,47	1,60	2,71
	Ca, %	50,1	51,0	52,4
	Na	1,99	1,96	1,91
	V, %	44,9	42,0	47,0
	ТГ	–0,46 $\Phi > T$	–0,46 $\Phi > T$	–0,651 $\Phi < T$
GH	Гомозиготы (n)	10	6	13
	Гетерозиготы (n)	10	9	5
	Hobs	1,000	1,500	0,385
	Hex	0,980	0,776	0,857
	χ^2	0,01	2,75	2,85
	Ca, %	50,4	58,0	53,8
	Na	1,98	1,72	1,86
	V, %	44,6	35,0	40,2
	ТГ	+0,02 $\Phi > T$	+0,776 $\Phi > T$	–0,472 $\Phi < T$
LEP/A80V	Гомозиготы (n)	19	13	17
	Гетерозиготы (n)	1	2	1
	Hobs	0,05	0,150	0,08
	Hex	0,06	0,149	0,08
	χ^2	0,042	0,07	0,02
	Ca, %	94,2	87,0	92,2
	Na	1,06	1,15	1,08
	V, %	0,80	6,0	0,01
	ТГ	–0,01 $\Phi < T$	$\Phi = T$	$\Phi = T$
LEP/Y7F	Гомозиготы (n)	20	15	18
	Гетерозиготы (n)	0	0	0
	Hobs	0	0	0
	Hex	0,600	0,470	0,340
	χ^2	10,04	15,0	14,48
	Ca, %	62,0	68,0	74,0
	Na	1,61	1,47	1,35
	V, %	33,0	25,0	18,0
	ТГ	–0,60 $\Phi < T$	–0,47 $\Phi < T$	–0,34 $\Phi < T$

Примечание: Hobs – наблюдаемая гетерозиготность; Hex – ожидаемая гетерозиготность.

Таблица 3 – Генетическая структура мясного скота (быки-производители)

Показатель		Порода				
		герефордская	абердин-ангусская	лимузинская	казахская белоголовая	калмыцкая
CAPN1	Гомозиготы(п)	30	6	5	11	14
	Гетерозиготы (п)	0	0	1	5	2
	Hobs	0	0	0,200	0,450	0,140
	Hex	0,150	0,390	0,950	0,520	0,270
	χ^2	27,426	5,940	2,571	0,1216	3,17
	Ca, %	86,98	71,78	51,28	65,68	78,88
	Na	1,15	1,39	1,95	1,52	1,27
	V, %	13,00	34,00	58,00	36,60	23,00
	ТГ	-0,15 $\Phi < T$	-0,39 $\Phi < T$	-0,75 $\Phi < T$	-0,07 $\Phi < T$	-0,03 $\Phi < T$
GH	Гомозиготы(п)	24	4	5	9	15
	Гетерозиготы (п)	10	2	1	7	1
	Hobs	0,420	0,500	0,200	0,780	0,070
	Hex	0,890	0,790	0,170	0,520	0,060
	χ^2	4,880	0,380	0,057	1,250	0,025
	Ca, %	52,88	55,78	85,28	65,68	94,18
	Na	1,89	1,79	1,17	1,52	1,06
	V, %	48,50	53,00	17,64	36,60	6,20
	ТГ	-0,47 $\Phi < T$	-0,29 $\Phi < T$	+0,03 $\Phi > T$	+0,26 $\Phi > T$	+0,01 $\Phi > T$
LEP/A80V	Гомозиготы(п)	34	5	6	17	13
	Гетерозиготы (п)	0	1	0	1	3
	Hobs	0	0,200	0	0,060	0,231
	Hex	0,127	0,170	0	0,310	0,196
	χ^2	33,42	0,057	0	9,149	0,189
	Ca, %	88,72	85,28	100,0	75,90	83,62
	Na	1,130	1,170	1,000	1,320	1,190
	V, %	11,60	17,70	0	25,50	17,40
	ТГ	-0,127 $\Phi < T$	+0,03 $\Phi > T$	$\Phi = T$	-0,25 $\Phi < T$	+0,035 $\Phi > T$
LEP/Y7F	Гомозиготы(п)	34	6	6	18	15
	Гетерозиготы (п)	0	0	0	0	1
	Hobs	0	0	0	0	0,070
	Hex	0,190	0	0	0,130	0,060
	χ^2	30,078	0	0	14,46	0,0271
	Ca, %	83,62	100	100	88,72	94,18
	Na	1,190	1,000	1,000	1,127	1,060
	V, %	16,87	0	0	11,90	6,20
	ТГ	-0,19 $\Phi < T$	$\Phi = T$	$\Phi = T$	-0,13 $\Phi < T$	+0,01 $\Phi > T$

Примечание: Hobs – наблюдаемая гетерозиготность; Hex – ожидаемая гетерозиготность.

Сравнительно одинаковой (51,7–53,1 %) степень гомозиготности в этом локусе была в стаде быков абердин-ангусской, герефордской и лимузинской пород. Наибольшее число эффективных аллелей (1,89 и 1,93) в изучаемом локусе GH выявлено у быков герефордской, абердин-ангусской пород, меньшее (1,06) – калмыцкой.

Тест гетерозиготности (ТГ) в этом локусе оказался отрицательным (-0,419; -0,47; -0,549) в

стадах быков абердин-ангусской, герефордской и лимузинской, но положительным (+0,26; +0,01) – казахской белоголовой, калмыцкой пород. Степень гомозиготности (Ca) в локусах лептина (LEP/A80V и LEP/Y7F) в стадах мясного скота варьировала от 75,9 до 100 % и от 83,62 до 100 % соответственно. Число эффективных аллелей в локусах лептина исследуемых стад было сравнительно одинаковым: 1,0–1,32 – в локусе LEP/A80V; 1,0–1,12 – в локусе LEP/Y7F.

Таблица 4 – Комбинаторика аллелей, маркирующих мясную продуктивность

Комбинация аллелей	Генотип	%
из 3 генов, 8 аллелей	CAPN1 ^{CC*} GH ^{VV*} LEP ^{AA*YY*}	2,50
из 2 генов, 6 аллелей	CAPN1 ^{CC*} LEP ^{AA*YY*} GH ^{VV*} LEP ^{AA*YY*}	16,25
из 4 аллелей	LEP ^{AA*YY*}	63,75

Сравнительным анализом уровня наблюдаемой (Hobs) и ожидаемой (Hex) гетерозиготности было установлено, что вариабельность наблюдаемой гетерозиготности в локусе кальпаина варьировала от 0 – в стаде быков герефордской и лимузинской до 0,2; 0,45; 0,14 – абердин-ангусской, казахской белоголовой, калмыцкой пород; ожидаемой – от минимальных величин 0,15; 0,27; 0,39 – у быков герефордской, калмыцкой, абердин-ангусской до максимальных 0,52; 0,95 – казахской белоголовой и лимузинской пород. В локусе гормона роста GH уровень наблюдаемой гетерозиготности составил 0,78 – среди быков казахской белоголовой, 0,07; 0,333; 0,454 – калмыцкой, лимузинской, абердин-ангусской пород. Вариабельность ожидаемой гетерозиготности в этом локусе составила 0,06–0,933. При этом наиболее высокие показатели (0,882; 0,89; 0,933) этого признака были обнаружены у быков лимузинской, герефордской и абердин-ангусской пород, средние (0,52) – казахской белоголовой; минимальные (0,06) – калмыцкой пород. Минимальные значения наблюдаемой и ожидаемой

гетерозиготности до полного отсутствия стали характерными для всех изучаемых пород в локусах LEP/A80V и LEP/Y7F.

Анализ комбинаторики аллелей маркеров мясной продуктивности выявил неоднородность их распределения среди быков-производителей изучаемых пород мясного скота. Так, доля животных, которые имели гомозиготный желательный генотип по всем 3 генам, включали 8 аллелей (CA^{CC*} GH^{VV*} LEP^{AA*YY*}), составила всего 2,50 %, по 2 генам, 6 аллелям (CA^{CC*} LEP^{AA*YY*} и GH^{VV*} LEP^{AA*YY*}) – 16,25 % и 1 гену, 4 аллелям (LEP^{AA*YY*}) – 63,75 % (табл. 4).

Анализ результатов генотипирования свидетельствует о том, что удельный вес селекционно-значимых генотипов в племенных стадах крупного рогатого скота, разводимого на Ставрополье, достаточно низок. Регулярное проведение скрининговых работ по выявлению желательных генотипов создаст условия для накопления селекционно-значимых генетических маркеров в племенных стадах мясного и молочного скота, разводимого в хозяйствах Ставропольского края.

Литература

1. Племяшов К. Геномная селекция будущее животноводства // Животноводство России. 2014. № 5. С. 2–4.
2. Подбор родительских пар герефордов с учётом антигенного спектра и ДНК-маркеров / М. П. Дубовскова, М. И. Селионова, Л. Н. Чинова, В. И. Колпаков // Вестник мясного скотоводства. 2016. № 4 (96). С. 46–53.
3. Association of Bgh and Pit-1 gene variants with milk production traits in dairy Gyr bulls / K. Mattos, S. N. Del lama, M. L. Martinez, A. F. Freitas // Pesq. Agropec. Bras. Brasilia. 2004. Vol. 39 (2). P. 147–150.
4. Закирова Г. М., Султанов Р. Р., Зиннатова Ф. Ф. Полиморфизм гена пролактина у коров Татарстанского типа холмогорского скота // Ученые записки Казанской государственной академии ветеринарной медицины им. Н. Э. Баумана. 2011. № 205. С. 61–63.
5. Полиморфизм генов гормона роста, пролактина и изучение его связи с процентным содержанием жиров в молоке коров костромской породы / И. В. Лазебный, О. Е. Лазебный, М. Н. Рузина, Г. А. Базин, Г. Е. Сулимова // Сельскохозяйственная биология. 2011. № 4. С. 46–51.

References

1. Plemishov K. Genomic selection is the future of animal husbandry // Animal husbandry of Russia. 2014. № 5. P. 2–4.
2. Selection of parental pairs of Herefords taking into account the antigenic spectrum and DNA markers / M. P. Dubovskova, M. I. Selionova, L. N. Chizhova, V. I. Kolpakov // Bulletin of beef cattle breeding. 2016. № 4 (96). P. 46–53.
3. Association of Bgh and Pit-1 gene variants with milk production traits in dairy Gyr bulls / K. Mattos, S. N. Del lama, M. L. Martinez, A. F. Freitas // Pesq. Agropec. Bras. Brasilia, 2004. Vol. 39 (2). P. 147–150.
4. Zakirova G. M., Sultanov R. R., Zinnatova F. F. Polymorphism of the prolactin gene in cows of the Tatarstan type of the Holmogorsky cattle // Scientific notes of the Kazan State Academy of Veterinary Medicine named after N. E. Bauman. 2011. № 205. P. 61–63.
5. Polymorphism of the genes of growth hormone, prolactin and the study of its relationship with the percentage content of fats in the milk of the Kostroma breed cows / I. V. Lazebny, O. E. Lazebny, M. N. Ruzina, G. A. Bazin, G. E. Sulimova // Agricultural Biology. 2011. № 4. P. 46–51.

6. Characterization of SNPs of Bovine prolactin gene of Holstein cattle / R. Halabian, M. P. E. Nasab, M. R. Nassiry, A. R. H. Mossavi, S. A. Hosseini, S. Quanbari // *Biotechnology*. 2008. Vol. 71. P. 118–123.
7. Использование метода ПЦР для генотипирования крупного рогатого скота по гену CAPN1 с использованием генетических маркеров / Д. Б. Косян, Л. Г. Сурундаева, Л. А. Маевская, Е. А. Русакова, О. В. Кван // *Вестник Оренбургского государственного университета*. 2012. № 6 (142). С. 26–30.
8. Молекулярно-генетические аспекты селекции мясного скота по мраморности мяса / А. А. Шарипов, Ш. К. Шакиров, Ю. Р. Юльметова, Л. И. Гафурова // *Вестник мясного скотоводства*. 2014. № 2. С. 59–64.
9. Особенности полиморфизма генов гормона роста (GH), кальпаина (CAPN1) быков-производителей мясных пород / М. И. Селионова, Л. Н. Чиждова, М. П. Дубовскова, Е. С. Суржикова, Л. В. Кононова, Г. Н. Шарко // *Вестник мясного скотоводства*. 2017. № 2 (98). С. 65–70.
10. Sharifzaden A., Doosti A. Investigation of leptin gene polymorphism in Iranian native cattle // *Bulgarian Journal of Veterinary Medicine*. 2012. Vol. 15, № 2. P. 86–92.
6. Characterization of SNPs of Bovine prolactin gene of Holstein cattle / R. Halabian, M. P. E. Nasab, M. R. Nassiry, A. R. H. Mossavi, S. A. Hosseini, S. Quanbari // *Biotechnology*. 2008. Vol. 71. P. 118–123.
7. The use of the PCR method for genotyping of horned cattle on the CAPN1 gene using genetic markers / D. B. Kosjan, L. G. Surundaeva, L. A. Maevskaya, E. A. Rusakova, O. V. Kwan // *Bulletin of the Orenburg State University*. 2012. № 6. P. 26–30.
8. Molecular and genetic, aspects of beef cattle selection by the marbling of meat / A. A. Sharihv, Sh. K. Shakirov, Yu. R. Yulmetova, L. I. Gafurova // *Bulletin of beef cattle breeding*. 2014. № 2. P. 59–64.
9. Features of polymorphism of growth hormone (GH), calpain (CAPN1) in servicing bulls of meat breeds / M. I. Selionova, L. N. Chizhova, M. P. Dubovskova, E. S. Surzhikova, L. V. Kononova, G. N. Sharko // *Bulletin of beef cattle breeding*. 2017. № 2 (98). P. 65–70.
10. Sharifzaden A., Doosti A. Investigation of leptin gene polymorphism in Iranian native cattle // *Bulgarian Journal of Veterinary Medicine*. 2012. Vol. 15, № 2. P. 86–92.