СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫЕ НАУКИ. ВЕТЕРИНАРИЯ И ЗООТЕХНИЯ

DOI: 10.32786/2071-9485-2020-02-20

RESEARCH OF POLYMORPHISM OF MYOSTATIN GENE IN MONGOLIAN CATTLE

I. F. Gorlov^{1,2}, G.V. Fedotova¹, M. I. Slozhenkina¹, E. U. Anisimova¹, D. A. Mosolova¹,
Tsitsige¹

¹*Volga Region Research Institute of Manufacture and Processing of Meat- And-Milk Production,
Volgograd*

²*Volgograd State Technical University, Volgograd, Russia*

Received 17.12.2019

Submitted 27.04.2020

*The work was carried out under a grant from the President
of the Russian Federation NSh-2542.2020.11*

Summary

The article studies the genetic potential of cattle of the Mongolian breed, which acted as the ancestor of many meat-oriented breeds, including the Kalmyk breed of cattle imported from China. Interest in the Mongolian breed is dictated by the increase in the number of Kalmyk cattle in Russia. To this end, the article analyzes the polymorphism of the MSTN gene in Mongolian cattle, which will form the directions for further genetic improvement of Kalmyk cattle.

Abstract

Introduction. Studying the genetic characteristics of Mongolian cattle will be of interest to Russian breeders involved in breeding and studying the economic and biological characteristics of animals of the Kalmyk cattle breed, to identify related parameters and evidence of their common historical origin. **Object.** The object of research was the properties of the polymorphism of the MSTN gene of the Mongolian cattle breed. **Materials and methods.** Cattle research was carried out on the territory of a farm in the Bayangol district of the Mongolian Autonomous Region of China. **Results and conclusion.** To study the polymorphism of the MSTN gene in Mongolian cattle, 18 blood samples were obtained in the Bayangol Autonomous Region of Xinjiang (China). Primers have been developed for the coding region of the myostatin gene (MSTN). The studies were carried out using molecular genetic diagnostic methods: PCR amplification and sequencing. The results showed that the coding region of the myostatin gene of Mongolian cattle contains 1128 base pairs. A nucleotide polymorphism locus, which contains two types of nucleotides (C 55.6% and T 44.4%) was found in the samples investigated. It means that European cattle (T), zebu (C) and yak (C) have similar haplotypes. This shows that there is a certain genetic link between Mongolian and European cattle, zebu and / or yak, but it is impossible to determine whether Mongolian cattle have a genetic link with zebu or yak. A study of these cattle breeds will help to understand the origin of the Kalmyk breed of cattle, which was migrated with the Mongol-Kalmyk tribes from western China more than 400 years ago. In fact, over the entire period of its existence in the territory of the South of Russia, animals have not lost their breeding traits, on the contrary, they have strengthened the most powerful qualities and deservedly occupy the first place among beef cattle breeds. The unique qualities of this breed of livestock require a more in-depth study and search for the ancestors of the breed at its origin.

Key words: *myostatin; mongolian cattle; nucleotide polymorphism.*

Citation. Gorlov I.F., Fedotova G.V., Slozhenkina M.I., Anisimova E. U., Mosolova D. A., Tsitsige Study of MSTN gene polymorphism in Mongolian cattle. *Proc. of the Lower Volga Agro-University Comp.* 2020. 2(58). 196-205 (in Russian). DOI: 10.32786/2071-9485-2020-02-20.

Author's contribution. All authors of this research paper have directly participated in the planning, execution, or analysis of this study. All authors of this paper have read and approved the final version submitted.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

УДК 632.2.082.12:575.113.1

**ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА MSTN
У МОНГОЛЬСКОГО СКОТА****И. Ф. Горлов^{1,2}**, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, академик РАН**Г. В. Федотова¹**, доктор экономических наук, доцент**М. И. Сложенкина¹**, доктор биологических наук, профессор, член-корреспондент РАН**Е. Ю. Анисимова¹**, кандидат биологических наук**Д. А. Мосолова¹**, младший научный сотрудник**Цицигэ¹**, соискатель¹Поволжский научно-исследовательский институт мясомолочной продукции, г. Волгоград²Волгоградский государственный технический университет, г. Волгоград

Дата поступления в редакцию 17.12.2019

Дата принятия к печати 27.04.2020

Работа выполнена по гранту Президента РФ НШ-2542.2020.11

Актуальность. Изучение генетических особенностей монгольского скота будет представлять интерес для российских селекционеров, занимающихся разведением и изучением хозяйственно-биологических особенностей животных калмыцкой породы крупного рогатого скота для выявления родственных параметров и возможности использования знаний генетических особенностей животных в селекционном процессе. **Объект.** Объектом исследований послужили свойства полиморфизма гена MSTN монгольской породы крупного рогатого скота. **Материалы и методы.** Исследование крупного рогатого скота было проведено на территории фермерского хозяйства в Баянголском районе Монгольского АО Китая. **Результаты и выводы.** Для исследования полиморфизма гена MSTN у крупного рогатого скота монгольской породы были отобраны 18 образцов крови. Для кодирующей области гена миостатина (MSTN) были разработаны праймеры. Исследования выполнялись с помощью методов молекулярно-генетической диагностики: ПЦР-амплификации и секвенирования. Результаты показали, что кодирующая область гена миостатина монгольского крупного рогатого скота содержит 1128 пар оснований. В исследуемых образцах был обнаружен локус нуклеотидного полиморфизма, содержащий два типа нуклеотидов (С 55,6 % и Т 44,4 %), по которому европейский крупный рогатый скот (Т), зебу (С) и як (С) имеют схожие гаплотипы. Это показывает, что между монгольским и европейским скотом, зебу и/или яком существует определённая генетическая связь. Изучение данных пород крупного рогатого скота позволит понять происхождение калмыцкой породы скота, который был перекочеван с монголо-калмыцкими племенами из западной части Китая более 400 лет назад. Фактически за весь период своего существования на территории Юга России животные не утратили своих племенных признаков, наоборот, усилили наиболее ценные качества и заслуженно занимают первое место в строке среди пород скота мясной направленности. Однако для совершенствования уникальных качеств калмыцкого скота необходимы более глубокие знания генетических особенностей предков этой породы в местах ее зарождения.

Ключевые слова: миостатин, монгольский скот, монгольские породы КРС, нуклеотидный полиморфизм.

Цитирование. Горлов И. Ф., Федотова Г. В., Сложенкина М. И., Анисимова Е.Ю., Мосолова Д.А., Цицигэ. Исследование полиморфизма гена MSTN у монгольского скота. *Известия НВ АУК*. 2020. 2(58). 196-205. DOI: 10.32786/2071-9485-2020-02-20.

Авторский вклад. Все авторы настоящего исследования принимали непосредственное участие в планировании, выполнении или анализе данного исследования. Все авторы настоящей статьи ознакомились и одобрили представленный окончательный вариант.

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Введение. Генетические особенности монгольского скота представляют особый интерес для селекционеров нашей страны, так как эти животные являются предками калмыцкой породы крупного рогатого скота. В настоящее время удельный вес калмыц-

кого скота в общей численности мясного поголовья по стране превышает 40 %. Разведением животных этой породы занимаются во многих регионах России (Южный, Северо-Кавказский, Приволжский, Центральный, Сибирский, Дальневосточный федеральные округа). Кроме того, данный скот в последние годы вывозят в такие страны, как Республика Казахстан, Монголия, Турция, Республика Азербайджан, Иран, Республика Грузия, Армения и др.

В России имеется 18 племенных заводов, 78 племенных репродукторов. Наиболее крупными племенными являются ОАО ПР Шатта – 2024 голов (Калмыкия), СПК «Ханата» – 2348 голов (Калмыкия), ООО «Агрофирма Уралан» – 4418 голов (Калмыкия), СПК «Мыла» – 1763 голов (Бурятия), колхоз им. Скиба – 1640 голов (Ростовская область). По общему количеству племенных животных первое место в России занимает Республика Калмыкия – 72 400 голов, второе – Ростовская область – 28 174 голов, третье – Республика Бурятия – 16 081 голов.

В настоящее время одной из основных задач в работе с крупным рогатым скотом калмыцкой породы является повышение племенных и продуктивных характеристик животных с сохранением уникальных качеств и генетического разнообразия породы.

Животные этой уникальной породы, перемещенные из Китая более 400 лет назад, и разводимые в специфических природно-климатических условиях Калмыкии, отличаются от монгольского скота как по генетическим, так и по фенотипическим особенностям, поскольку постоянно улучшались за счет создания зональных типов, линий и семейств. Следует предположить, что изучение полиморфизма гена MSTN у монгольского скота позволит наметить перспективные научно-обоснованные направления по дальнейшему совершенствованию генетического потенциала калмыцкого скота.

Отметим, что монгольский скот представляет собой группу крупного рогатого скота, разводимого в Северной и Восточной Азии. Эти животные морфологически и генетически отличаются от Ближневосточной группы, от которой произошел европейский крупный рогатый скот и, возможно, они были одомашнены независимо друг от друга.

Среди турано-монгольского скота значимыми породами являются монгольская и китайская желтая. Монгольская порода крупного рогатого скота – это древняя местная порода с длинной историей, в Китае ее также называют монгольской желтой. Монгольский скот широко распространен в северных провинциях Китая (Внутренняя Монголия, на северо-западе Китая, Баян-Гол-Монгольский автономный округ Синьцзяна, на северо-востоке Китая), в Монголии и России. Также некоторые страны центральной Азии занимаются разведением данной породы. Монгольский скот относится как к молочной, так и к мясной направленности, характеризуется хорошим качеством мяса и молока, устойчив к холоду, жаре, болезням, охотно поедает грубые корма, отличается высокими адаптационными способностями [13]. Средняя живая масса быков составляет 300 – 400 кг, масса коров – 280-380 кг, масса новорожденных телят – около 15 кг. В течение долгого времени люди разводили этот скот, внимательно следили за происхождением и развитием, генетическим разнообразием, сохранением и устойчивым его использованием.

Китайская желтая порода крупного рогатого скота характеризуется наличием многочисленных генетических полиморфизмов. Считается, что северный желтый крупный рогатый скот в значительной степени был подвержен воздействию европейского крупного рогатого скота, южный желтый крупный рогатый скот в значительной степени был подвержен влиянию зебу, а желтый крупный рогатый скот Центральной равнины влиянию как европейского, так и зебу [4]. ChenYouchun [6], основываясь на локусах белка крови и характеристиках Y-хромосомы, дополненных экстерьерными показателями, а также характеристиками цвета шерсти и историческими данными, считает, что китайский желтый скот

может иметь четыре источника происхождения: обыкновенный крупный европейский скот, индийской зебу, бантенг и гаур. Другие ученые считают, что як также оказал определенное влияние на родословную желтого скота в Китае, особенно в западных пастбищных районах [9]. Изучение генетического полиморфизма ДНК жёлтых пород крупного рогатого скота показало, что китайский жёлтый крупный рогатый скот может иметь три материнские основы происхождения с преобладанием европейского крупного рогатого скота и зебу [7]. Однако окончательное определение происхождения китайского скота требует ее глубоких исследований на основе разных методических подходов.

Генетически разницу между китайским желтым крупным рогатым скотом и европейским скотом можно увидеть в мтДНК гаплогрупп. Из пяти мтДНК гаплогрупп (Т, Т1, Т2, Т3, Т4), найденных в существующих породах крупного рогатого скота, Т2, Т3 и Т4 выявляются в турано-монгольской группе. При этом Т4 является уникальной для данной группы пород. Т встречается как в ближневосточных, так и европейских породах, в то время как Т1 – только в африканских и ближневосточных породах (с низкой частотой). Т2 встречается во всех трех регионах Евразии, и лишь с низкой частотой – в европейских и турано-монгольских породах. Т3 является общей для всех регионов Евразии, редко встречается в Африке.

Принимая европейский скот в качестве примера, по сравнению с другими породами крупного рогатого скота, отмечаем, что монгольский скот имеет более низкие уровни нуклеотидных вариаций в митохондриальных геномах, а монгольский крупный рогатый скот обычно представлен как обычный крупный рогатый скот [5, 12]. Другие исследователи считают, что в монгольской популяции крупного рогатого скота существует богатое генетическое разнообразие от определённого гена [3].

Известный белок миостатин, формирующийся в клетках мышечной ткани животных и выделяющийся в дальнейшем в кровяное русло, при этом подавляет развитие мышечной ткани. Диффундируя в кровь, данный белок оказывает свое воздействие на мышцы за счет связывания с рецепторами ACVR2B (activintype II receptor).

В последние годы выявлена крайне интересная мутация гена миостатина (MSTN) – nt821(del11), приводящая к усиленному формированию мышечной массы у животных, более известная как феномен «двойной мышцы». Установлено, что мутации, приводящие к уменьшению выработки миостатина, приводят к повышенному росту мышечной ткани. В некоторых регионах Китая ведется селекционная работа на отбор животных с характерным признаком «двойные мышцы» для улучшения продуктивных качеств местного скота. Ген MSTN кодирует 376 аминокислот и имеет 3 экзона. Хотя этот ген относительно невелик, как показывают исследования, он имеет высокую мутацию в процессе эволюции [8]. Однако стоит отметить, что развитие «двойной мускулатуры» у животных связано с такими негативными последствиями, как снижение репродуктивной способности и затруднения при отелах.

Как известно, основным источником производства говядины в странах постсоветского пространства остаётся молочное и мясомолочное скотоводство, поэтому сегодня крайне важна работа по наращиванию высокопродуктивного поголовья мясных пород скота.

На эффективность производства животноводческой продукции оказывает влияние множество факторов, наиболее значительными из которых являются генетический потенциал животных, условия их кормления и содержания. При этом генетическое совершенствование существующих пород – это крайне трудоемкий и длительный процесс, поскольку большинство экономически значимых показателей имеют полигенную природу, т.е. определяются многими генами [1].

Первоначально генетическая экспертиза применялась для повышения эффективности селекции и основывалась на исключении близкородственного разведения. Но, как показали работы многих отечественных и зарубежных исследователей, сущность генетического контроля не должна сводиться только лишь к установлению достоверности происхождения того или иного потомка.

Поэтому в дальнейшей работе селекционеры стали использовать различные полиморфные системы, позволяющие контролировать генетическую структуру популяций и пород, тем самым оценивая степень их генетического сходства. Данный метод способствовал оценке влияния систем разведения животных на генетическую структуру стада и вместе с исследованиями динамики продуктивных качеств животных являлся критерием выбора селекционной стратегии. В современных условиях этот прием приобретает еще большее значение.

Также в ходе различных экспериментов было установлено, что наиболее оптимальным и перспективным оказалось использование в качестве маркерных систем полиморфных нуклеотидных последовательностей ДНК, позволяющих тестировать генетический полиморфизм непосредственно на уровне генов, а не на уровне их продуктов, как в случае использования метода белкового полиморфизма. ДНК-маркеры позволяют решить проблему насыщения генома маркерами и маркировать практически любые участки ДНК, в том числе некодирующие [1, 10].

Чтобы более подробно объяснить генетические характеристики монгольского скота и способствовать дальнейшему использованию его генетических ресурсов, в эксперименте использовалась популяция Синьцзян-монгольского скота, проанализирована нуклеотидная последовательность гена MSTN и его разнообразие в исследуемой популяции.

Материалы и методы. Для определения полиморфизма гена MSTN у 18 монгольских голов крупного рогатого скота в автономном районе Баянгол, Синьцзян были отобраны гематологические пробы. Кровь, полученную из яремной вены животных, вносили в пробирки с 600 мкл этилендиаминтетрауксусной кислоты (ЭДТА) до конечного объема 10 мл. Выделение ДНК из крови проводили с использованием комплекта реагентов для выделения геномной ДНК из цельной крови (на основе экстракции фенол-хлороформом).

Разработка праймеров и реакция амплификации. Праймеры для ПЦР были синтезированы согласно последовательности, указанной в источнике GenBank Accession AB0764403 (Shanghai Ji Kang Biotechnology Co., Ltd). Праймер 1 (прямой F: пере5'-ggcttgccgttactcaaa agc-3', обратный R: 5'-ctctccttacatagaagccagcag-3') содержит экзон 1 и часть 5'-регуляторной последовательности, праймер2 (прямой F: 5'-gttcatagattgatatggaggtgtgtg-3'; обратный R: 5'-ataagcacaggaaactggttagttatt-3') и праймер 3 (прямой F: 5'-gaaatgtgacataagcaaatgattag-3' обратный R: 5'-atactctag-gcttatagcctgtggt-3') содержат экзон 2 и экзон 3 соответственно.

Конечный объем реакционной смеси с образцом ДНК 25 мкл содержит 1xBuffer, ионы Mg^{2+} 2,5 мкмоль/л, dNTP 400 пмоль/л, праймеры 0,4 мкмоль/л, полимеразу Taq DNA1 ед., матрицу (ДНК) 1 мкл. Режимы амплификации: предварительная денатурация 94 °C - 3 мин; 35 циклов: 94 °C - 30 с, отжиг 51 °C - 30 с, элонгация 72 °C - 30 с; заключительный синтез 72 °C - 3 мин; дальнейшее хранение продуктов амплификации при температуре - 4 °C.

Определение последовательности амплифицированных фрагментов. Продукты ПЦР подвергали электрофорезу в 1,2% агарозном геле или 10% геле ПААГ для определения размера, чистоты и концентрации. Далее продукты ПЦР очищали и секвенировали в Shanghai SANGON Biotechnology Co., Ltd.

Сравнение генетической последовательности. Полученные последовательности сравнивали и анализировали с помощью программного обеспечения DNASTar.

Результаты и обсуждение.

Результаты ПЦР-амплификации трансляции.

Синтезированы три пары праймеров, выделена геномная ДНК от 18 голов монгольского крупного рогатого скота, проведена реакция амплификации методом ПЦР, получены три разновидности продуктов амплификации (рисунок 1). Размер продукта ПЦР, амплифицированного с использованием праймера 1, составил 600 п.н. (AB076403 – 572 п.н.), праймера 2 - 555 п.н., праймера 3 - 589 п.н.

М – Маркер молекулярной массы, 1-7 образец

Рисунок 1 – Результаты амплификации гена MSTN крупного рогатого скота монгольской породы

Figure 1 – Results of amplification of the MSTN gene of Mongolian cattle

Результаты определения последовательности.

Путем секвенирования были получены 3 экзонные последовательности гена MSTN из 18 образцов монгольского скота (таблица 1). Структурное расположение последовательностей трех экзонов в геноме показано на рисунке 2.

Таблица 1 – Экзонные последовательности гена MSTN у монгольского крупного рогатого скота

Table 1 – Exon MSTN gene sequences in Mongolian cattle

Экзонная последовательность

Exon sequence

1	1	ATGCAAAAACCTGCAAATCCCTGTTTATATTTACCTATTTATGCTGATTGTTGCTGGCCAG
	61	TGGATCTGAATGAGAACAGCGAGCAGAAGGAAAATGTGGAAAAAGAGGGCTGTGTAAT
	121	GCATGTTTGTGGAGGGAAAACTACATCCTCAAGACTAGAAGCCATAAAAAATCCAAATC
	181	CTCAGTAAACTTCGCCTGGAAACAGCTCCTAACATCAGCAAAGATGCTATCAGACAATT
	241	TTGCCCAAGGCTCCTCCACTCCTGGAAGTATTGATCAGTTCGATGTCCAGAGAGATGCC
	301	AGCAGTGACGGCTCCTTGGAAAGACGATGACTACCACGCCAGGACGGAAACGGTCATTACC
	361	ATGCCACGGAGTGT
2	376	GATCTTCTAACGCAAGTGGAAAGGAAAACCCAAATGTTGCTTCTTTAAATTTAGCTCTAAG
	436	ATACAATACAATAAACTAGTAAAGGCCCAACTGTGGATATATCTGAGGCCTGTCAAGACT
	496	CCTGCGACAGTGTGTTGTGCAAACTCTGAGACTCATCAAAACCATGAAAGACGGTACAAGG
	556	TATACTGGAATCCGATCTCTGAAACTTGACATGAACCCAGGCACTGGTATTGGCAGAGC
	616	ATTGATGTGAAGACAGTGTGTCGAACTGGCTCAAACAACCTGAATCCAACCTTAGGCATT
	676	GAAATCAAAGCTTTAGATGAGAATGGCCATGATCTTGCTGTAACCTTCCAGAACCCAGGA
	736	GAAGATGGACTG
3	748	ACTCSTTTTATAGAAGTCAAGGGAACAGACATCCCAAAAAGATCTAGGAGAGATTTGGG
	808	CTTGATTTGTGATGAACACTCCACAGAATCTCGATGCTGTCTGTTACCTCTAACTGTGGAT
	868	TTTGAAGCTTTGGATGGGATTGGATTATTGCACCTAAAAGATATAAGGCCAATTACTGC
	928	TCTGGAGAATGTGAATTTGTATTTTGTCAAAAGTATCCTCATACCCATCTTGTGCACCAA
	988	GCAAACCCAGAGGTTTCAGCCGGCCCTGTGTACTCCTACAAAGATGTCTCCAATTAAT
	1048	ATGCTATATTTAATGGCGAAGGACAAATAATATACGGGAAGATTCCAGCCATGGTAGTA
	1108	GATCGCTGTGGGTGTTTCATGA

Примечание: буква в квадратике означает полиморфный сайт, Y означает T или C

Анализ последовательности. Данные по европейскому крупному рогатому скоту (GenBank Accession №AB076403), зебу (GenBank Accession № AY794986) и яку (GenBank Accession № AY787760) использовали в качестве ссылок. Было установлено, что существует один полиморфный локус из всех трех последовательностей экзонов гена MSTN у 18 голов монгольского крупного рогатого скота. В этом полиморфном локусе монгольский крупный рогатый скот содержит два типа нуклеотидов (С55,6 % и Т44,4 %), европейский крупный рогатый скот (Т), зебу (С) и як (С) - каждый тип (таблица 2).

Анализ генетического разнообразия. На основании результатов секвенирования 18 образцов установлено, что средняя степень различия нуклеотидов в каждом локусе составила 0,09 %, что отражает крайне низкое генетическое разнообразие. Однако выявлено, что существует определенная генетическая связь между монгольским скотом и европейским скотом, зебу и яком.

Рисунок 2 – Конструктивная схема гена миостатина (MSTN) крупного рогатого скота

Figure 2 – Structural scheme of the myostatin gene (MSTN) in cattle

Таблица 2 – Результаты сравнения полиморфных последовательностей

Table 2 – Comparison of polymorphic sequences

Ген / Gene	Результат сравнения (414bp) Comparison Result (414bp)
Монгольский скот(MG) / Mongolian cattle (MG)	Y (C55.6%/ T44.4%)
Европейский скот AB07 03 / European cattle AB07 03	T
Зебу AY794986 / Zebu AY794986	C
Як AY787760 / Yak AY787760	C

Выводы. Китайский скот в основном происходит от зебу и обыкновенного скота. Обычно считается, что монгольский крупный рогатый скот является представителем обыкновенного крупного рогатого скота на севере, он имеет монгольское происхождение (Turano Mongolian) и отличается от короткорогатого скота (bachryseros) и первобытного быка (primigenius) обычного крупного рогатого скота в Европе. В этом исследовании ген MSTN монгольского крупного рогатого скота идентичен гену обычного европейского крупного рогатого скота (AB07 03), за исключением того, что монгольский крупный рогатый скот имеет разнообразие (с / т) на экзоне 414, а европейский обыкновенный крупный рогатый скот – только Т. Таким образом, доказательств того, что монгольский скот отличается от обычного скота в Европе, нет.

По расположению центромеры Y-хромосомы можно выделить происхождение отцовской линии желтого крупного рогатого скота. Y-хромосома зебу находится рядом с центромерой, а Y-хромосома обычного крупного рогатого скота является средней или

субцентромерной. Разница между Y-хромосомами этих двух пород крупного рогатого скота является генетическим маркером для изучения происхождения желтого крупного рогатого скота. Y-хромосома монгольского крупного рогатого скота представляет собой хромосому, представляющую собой беспиковый желтый крупный рогатый скот, сформированный на основе обычного крупного рогатого скота (*Bostaurus*). В последние годы при изучении цитогенетики китайского крупного рогатого скота было также обнаружено, что Y-хромосома не только существует среди пород, но также существует внутри пород. Chen Hong и др. и Lei Hongchao в изучении филогенетической взаимосвязи митохондриальной ДНК между крупным рогатым скотом, буйволами, яками, дикими яками и бизонами сгруппировали желтую породу скота (JNI, YNI) с яками. В этом исследовании монгольский крупный рогатый скот имеет разнообразие (C / T) на экзоне 414, в то время как зебу и як являются гаплотипами (C). Существует определенный генетический обмен между монгольским скотом и яком. Но согласно результатам этого исследования, все еще невозможно сказать, какая часть генетической информации происходит от зебу, а какая – от яка, или существует ли связь только с одним из них [2, 11].

Локус крупного рогатого скота Ag-NOR является видоспецифичным, и на основании изучения разнообразия монгольского скота на участке Ag-NOR считается, что существуют различия в генетической структуре популяций монгольского скота, и это различие может отражать географическое распределение двух популяций.

Кроме того, исследований степени генетической вариативности мтДНК до сих пор проведено недостаточно. Степень вариативности нуклеотидов мтДНК монгольского скота составляет 0,219 %, что находится в пределах диапазона, который считается низким генетическим разнообразием (0,15 %, 0,47 %). Это исследование также показывает, что генетическое разнообразие монгольского скота низкое. Подобные исследования показывают разные уровни генетического разнообразия в разных локусах у разных пород крупного рогатого скота.

Анализ публикаций по данной тематике и проведенные экспериментальные исследования углубляют знания по генетическим особенностям монгольского скота и позволят на более высоком уровне проводить селекционно-племенную работу с крупным рогатым скотом родственной породы – калмыцкой.

Библиографический список

1. Economic and biological peculiarities of golshchinsky breed cows of different ecological-genetic types / I. F. Gorlov, A. S. Ovchinnikov, A.S. Mokhov, S. D. Fomin, E. S. Vorontsova, A. R. Karetnikova, N. I. Mosolova, M. I. Slozhenkina // ARPN Journal of Engineering and Applied Sciences. 2018. V. 13. N7. P. 2562- 2570.
2. GDF9 gene polymorphism and its association with litter size in two Russian sheep breeds / I. F. Gorlov, N. V. Shirokova, M. I. Slozhenkina, N. I. Mosolova, E. Y. Zlobina, Y. A. Kolosov, L. V. Getmantseva, N. F. Bakoev, M. A. Leonova, A. Y. Kolosov // Rendiconti Lincei. 2018. V. 29. № 1. P. 61-66.
3. Genjjeva O. B., Moiseikina L. G., Kirishov O. A. Genetic examination of cattle of the Kalmyk breed // Veterinary Medicine of the Kuban. 2011. N 6. P. 28-31.
4. Hong C., Runfeng Z., Xiaofeng L. The Y chromosome genetic diversity and evolutionary origin of Chinese local cattle // Journal of Genomics and Applied Biology. 2009. V. 28. N5. P. 1032-1038.
5. Inference of population structure of purebred dairy and beef cattle using high-density genotype data / M. M. Kelleher, D. P. Berry, J. F. Kearney, S. Mcparland, F. Buckley, D. C. Purfield // Animal. 2017. N11. P. 15-23. <https://doi.org/10.1017/S1751731116001099>.
6. Jiang Yu, Lei Chuchao Experts of our school published an article in Nature-Communication for the first time to prove that East Asian cattle have three different origins // Journal of China Cattle Science. 2018. V. 44. N3. P. 97.
7. Mitochondrial diversity and phylogeographic structure of native cattle breeds from Yunnan, Southwestern China /R. Li, C. Li, H. Liu, B. Zeng, H. Xiao, S. Chen // Livest Sci. 2018. N 214. P. 29-34. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.06.003>.

8. Polymorphism of the genes MSTN, TG5, CAPN1 in meat breeds of cattle of Belarus / O. A. Epishko, N. I. Sonic, V. K. Pestis Kuzmin [et al.] // Agriculture - problems and prospects. Collection of scientific papers. Grodno, 2017. P. 68-75.

9. Polymorphisms in the bovine hemoglobin-beta gene provide evidence for gene-flow between wild species of Bos (Bibos) and domestic cattle in Southeast Asia / K. Tanaka, T. Takizawa, T. Dorji [et al.] // Anim Sci. 2011. №82. P. 36-45. <https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2010.00808.x>.

10. Productivity and biological value of milk of cows of various eco-genetic types / I. F. Gorlov, M. I. Slozhenkina, N. I. Mosolova, O. Yu. Mishina, E. S. Vorontsova // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. 2019. V. 341. N1. article № 012043.

11. Synbiotic yoghurt with walnut and cereal brittle added as a next-generation bioactive compound: development and characteristics / I. F. Gorlov, M. I. Slozhenkina, N. I. Mosolova, E. Y. Zlobina, T. N. Barmina, V. V. Shishova, O. P. Serova // Food Science & Nutrition. 2019. V. 7. № 8. P. 2731-2739.

12. Tay G. K. The development of sequence-based-typing of myostatin (GDF-8) to identify the double muscling phenotype in the goat // Journal of Small Ruminant Research. 2004. V. 52. P. 1-12.

13. Whole-genome resequencing reveals world-wide ancestry and adaptive introgression events of domesticated cattle in East Asia / N. Chen, Y. Cai, Q. Chen [et al.] // Nat Commun. 2018. № 9. P. 2337. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-04737-0>.

Conclusion. Chinese cattle mainly come from zebu and ordinary cattle. Mongolian cattle are generally thought to be representative of ordinary cattle in the north, they are of Mongolian origin (Turano Mongolian) and are different from short-cattle (bachryseros) and primitive bull (primigenius) of ordinary cattle in Europe. In this study, the MSTN gene of Mongolian cattle is identical to the gene of ordinary European cattle (AB07 03), except that Mongolian cattle have a variety (s / t) on exon 414, and European cattle only T Thus, there is no evidence that Mongolian cattle are different from ordinary cattle in Europe.

According to the centromere location of the Y chromosome, the origin of the paternal line of yellow cattle can be distinguished. The zebu Y chromosome is near the centromere, and the normal cattle Y chromosome is medium or subcentromeric. The difference between the Y chromosomes of these two cattle breeds is a genetic marker for studying the origin of yellow cattle. The Y chromosome of Mongolian cattle is a chromosome that is peakless yellow cattle formed from ordinary cattle (Bostaurus). In recent years, when studying the cytogenetics of Chinese cattle, it was also found that the Y chromosome not only exists among polymorphisms among breeds, but also exists within breeds. Chen Hong et al. and Lei Hongchao in the study of the phylogenetic relationship of mitochondrial DNA between cattle, buffaloes, yaks, wild yaks and bison, grouped the yellow cattle breed (JNI, YHI) with yaks. In this study, Mongolian cattle have diversity (C / T) on exon 414, while zebu and yak are haplotypes (C). There is a certain genetic exchange between Mongolian cattle and yak. But according to the results of this study, it is still impossible to say which part of the genetic information comes from the zebu and which comes from the yak, or whether there is a connection with only one of them [12, 13].

The Ag-NOR cattle locus is species-specific, and based on the study of the diversity of Mongolian cattle in the Ag-NOR site, it is believed that there are differences in the genetic structure of Mongolian cattle populations, and this difference may reflect the geographical distribution of the two populations.

In addition, studies of the degree of mtDNA genetic variability are still insufficient. The degree of mtDNA nucleotide variability of Mongolian cattle is 0.219%, which is within the range considered to be low genetic diversity (0.15%, 0.47%). This study also shows that the genetic diversity of Mongolian cattle is low. Similar studies show different levels of genetic diversity at different loci in different cattle breeds.

Analysis of publications on this topic and experimental studies will allow at a higher level to carry out selection and breeding work with cattle of Kalmyk breed.

Authors Information

Gorlov Ivan Fedorovich, Academician of the Russian Academy of Sciences, Dr. S.-kh. sciences, professor, Scientific director Volga Region Research Institute of Manufacture and Processing of Meat- And-Milk Production (400131, Volgograd, Russian, Rokossovsky st. 6), Head department food technology Volgograd State Technical University (400131, Volgograd, Russia, Av. Lenina 28). E-mail: niimmp@mail.ru

Fedotova Gilian Vasilievna, Doctor of Economics. sciences, associate professor Volga Region Research Institute of Manufacture and Processing of Meat- And-Milk Production (400131, Volgograd, Russian, Rokossovsky st. 6). E-mail: g_evgeeva@mail.ru

Slozhenkina Marina Ivanovna, corresponding member RAS, Dr. b. sciences, professor, Director Volga Region Research Institute of Manufacture and Processing of Meat- And-Milk Production (400131, Volgograd, Russian, Rokossovsky st. 6). E-mail: slozhenkina@mail.ru

Anisimova Elena Yurevna, candidate of biological sciences, Deputy Director Volga Region Research Institute of Manufacture and Processing of Meat- And-Milk Production (400131, Volgograd, Russian, Rokossovsky st. 6). E-mail: niimmp@mail.ru

Mosolova Darya Alexandrovna, junior researcher of the Volga Region Research Institute of Manufacture and Processing of Meat-And-Milk Production (400131, Volgograd, Russian, Rokossovsky st. 6). E-mail: niimmp@mail.ru

Tsitsige, job seeker Volga Region Research Institute of Manufacture and Processing of Meat- And-Milk Production (400131, Volgograd, Russian, Rokossovsky st. 6). E-mail: nutug123@gmail.com

Информация об авторах

Горлов Иван Федорович, академик РАН, доктор с.-х. наук, профессор, научный руководитель Поволжского научно-исследовательского института производства и переработки мясомолочной продукции (400131, Волгоград, Россия, Рокоссовского 6), заведующий кафедрой пищевых технологий Волгоградского государственного технического университета (400131, Волгоград, Россия, пр. Ленина д. 28). E-mail: niimmp@mail.ru

Федотова Гилян Васильевна, доктор экономических наук, главный научный сотрудник Поволжского научно-исследовательского института производства и переработки мясомолочной продукции (400131, Волгоград, Россия, Рокоссовского, 6). E-mail: g_evgeeva@mail.ru

Сложенкина Марина Ивановна, член-корр. РАН, доктор биологических наук, профессор, директор Поволжского научно-исследовательского института производства и переработки мясомолочной продукции (400131, Волгоград, Россия, Рокоссовского 6), e-mail: slozhenkina@mail.ru

Анисимова Елена Юрьевна, кандидат биологических наук, заместитель директора Поволжского научно-исследовательского института производства и переработки мясомолочной продукции (400131, Волгоград, Россия, Рокоссовского, 6). E-mail: niimmp@mail.ru

Мосолова Дарья Александровна, младший научный сотрудник ФГБНУ «Поволжский научно-исследовательский институт производства и переработки мясомолочной продукции» (400131, Россия, г. Волгоград, Рокоссовского, 6). E-mail: niimmp@mail.ru

Цицигэ, соискатель Поволжского научно-исследовательского института производства и переработки мясомолочной продукции (400131, Волгоград, Россия, Рокоссовского, 6). E-mail: nutug123@gmail.com