

УДК 636.082.044/33

ОСОБЕННОСТИ РОСТА И РАЗВИТИЯ ТЕЛОК КРАСНЫЙ АНГУС × КАЛМЫЦКАЯ ПРИ ВЛИЯНИИ
SNP ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА ГОРМОНА РОСТА

Герасимов Николай Павлович, магистрант ФГБОУ ВО «Оренбургский ГАУ»

г. Оренбург, ул. Челюскинцев, 18, Россия

Каюмов Фоат Галимович, доктор сельскохозяйственных наук, профессор ФГБНУ «Федеральный научный центр биологических систем и агротехнологий РАН» г. Оренбург, ул. 9 Января, 29, Россия

Аннотация. Цель исследования состояла в изучении влияния однонуклеотидного полиморфизма в гене гормона роста на изменчивость весового и линейного роста помесных красный ангус × калмыцких тёлочек 2-го поколения. Подопытный молодняк содержался в условиях ООО «Агрофирма «Адучи» Целинного района Республики Калмыкия. После генотипирования тёлочек разделили на группы в соответствии с аллельным вариантом гена гормона роста: I группа объединяла гетерозиготных животных GH^{LV} ($n=11$ гол.), II группа – представители гомозиготного варианта гена GH^{VV} ($n=9$ гол.). В возрасте отъёма тёлочек от матерей (8 мес) различия по величине живой массы и промерам тела между носителями разных вариантов генотипа по гену гормона роста были незначительными ($P>0,05$). На заключительном этапе контрольного выращивания (18 мес) преимущество по величине живой массы между подопытными животными достигало 23,9 кг ($P<0,05$). В этот период гетерозиготный молодняк (GH^{LV}) отличался крупным форматом экстерьера по сравнению с гомозиготными сверстницами (GH^{VV}). Было установлено превосходство абсолютно по всем изучаемым промерам. Максимальный эффект наследственного фактора на изменчивость живой массы был выявлен в возрасте 18 месяцев – 24,81% ($P<0,05$). Расчет вклада организованного фактора в общую изменчивость формирования линейного роста у тёлочек разных аллельных вариантов по гену GH показал достоверную значимость ($P<0,05$) в 18-месячном возрасте.

Abstract. The aim of our research was to study the effect of single-nucleotide polymorphisms in growth hormone gene on variability of weight and linear growth in crossbred Red Angus × Kalmyk heifers (F_2). The experimental animals were reared in “Agrofirma Aduchi” Ltd. in Tselinniy region, Republic of Kalmykia. Heifers were divided into groups after genotyping in accordance with the allelic variant of the growth hormone gene: I group completed with GH^{LV} heterozygous animals ($n = 11$ heads), II group – representatives of the homozygous GH^{VV} gene ($n = 9$ heads). The inter-group differences in live weight were insignificant ($P > 0.05$) between the carriers of various genotype variants in growth hormone gene in the

weaning age (8 months). The advantage in live weight between experimental animals increased to 23.9 kg ($P < 0.05$) at the final stage of the control rearing (18 months). In this period, heterozygous youngsters (GH^{LV}) differed in a large format of the exterior compared to homozygous contemporaries (GH^{VV}). The significant superiority was established absolutely for all studied measurements. The maximum effect of heredity factor on the variability of live weight was detected at the age of 18 months – 24.81% ($P < 0.05$). The calculation of the organized factor impact to the overall variability of linear growth in heifers of different allelic variants for the GH gene showed significance ($P < 0.05$) at 18 months of age. Thus, the detection of single-nucleotide polymorphisms in GH gene can improve the accuracy of the selection in beef herds.

Ключевые слова: тёлки, живая масса, линейный рост, генотип, аллель, ген гормона роста

Key words: heifers, live weight, linear growth, genotype, allele, growth hormone gene

Сельскохозяйственное производство получило существенный импульс к своему развитию после важнейших открытий в области генетики и молекулярной биологии. Так, в последнее время прикладной характер использования получили однонуклеотидные замены в последовательности генов [1, 2]. Генотипирование животных и выявление носителей «желательных» аллелей в различных генах показало ряд достоверных ассоциаций с количественными и качественными показателями продуктивности [3-5]. В частности полиморфизм генов, детерминирующие характер жирового обмена (Lep, RORC, DGAT1, TG5 и др.) у крупного рогатого скота, достоверно определяют мраморность говядины [6-9]. Функциональные замены в нуклеотидной последовательности выявлены также в генах кальпаина (CAPN1) и кальпастатина (CAST), которые обуславливают формирование нежности мяса [10-12]. Кроме того, обнаружена положительная ассоциация однонуклеотидного полиморфизма в гене GDF5 с развитием костной ткани, связок и сухожилий. Отбор носителей с учётом «желательного» аллельного варианта в этом гене будет способствовать формированию крупных по экстерьеру и высокорослых животных, что отвечает современным требованиям к высокотехнологичному скоту мясного направления продуктивности [13]. Известно несколько полиморфизмов в гене соматотропина (GH). У крупного рогатого скота фрагмент ДНК, кодирующий гормон роста, локализован на 19-й хромосоме и состоит из 5 экзонов и 4 интронов (BTA 19, NCBI Reference Sequence AC_000176.1). Полиморфизм AluI в 5экзоне гена GH связан с заменой оснований C-G, в результате которой замещается аминокислота Leu на аминокислоту Val

(L127V, rs 4192384). Отмечается ассоциация различных полиморфных вариантов гена GH с признаками продуктивности крупного рогатого скота [14].

Целью нашего исследования являлось изучение влияния однонуклеотидного полиморфизма в гене гормона роста на изменчивость весового и линейного роста помесных красный ангус × калмыцких тёлочек 2-го поколения.

Объектом исследования являлись помесные тёлочки красный ангус × калмыцкая 2-го поколения. Подопытное поголовье тёлочек (n=20 гол.) содержалось в условиях ООО «Агрофирма «Адучи» Целинного района Республики Калмыкия. Условия выращивания тёлочек всех групп были одинаковыми и организованы в соответствии с традиционной технологией, принятой в мясном скотоводстве.

Для генотипирования по маркеру GH (соматотропин) у молодняка отбирали пробы крови из яремной вены. Цельную кровь вносили в пробирки с 600 мкл этилендиаминтетрауксусной кислоты (ЭДТА) до получения объёма 10 мл. Генотипирование проводилось на основе ДНК, выделенной из крови с использованием реагентов «DIAtom™ DNA Prep» (IsoGeneLab, Москва) в лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий ФГБНУ ВНИИОК. Для проведения ПЦР применяли наборы «GenePakPCRCore» (IsoGeneLab, Москва).

Для оценки полиморфизма гена соматотропина (GH) проводили генотипирование методом ПЦР-ПДРФ на программируемом термоциклере «Терцик» (ДНК-технология, Россия). Для амплификации участков использовали праймер с последовательностью F: 5'-gct-gct-cct-gag-ggc-cct-tcg-3'; R: 5'-gcg-gcg-gca-ctt-cat-gac-cct-3'. Размер амплифицированного фрагмента составлял 223 п.н. ПЦР-программа для гена GH: «горячий старт» - 5 мин. При 95°C; 35 циклов: денатурация – 45 сек при 94°C, отжиг – 45 сек при 65°C, синтез – 45 сек при 72°C; достройка – 7 мин при 72°C. Для рестрикции амплифицированных участков генов использовали эндонуклеазу AluI. Расщепление продуктов проводили при 37°C, генотипы идентифицировали методом гель-электрофорез с визуализацией под УФ-светом. Идентификация продуктов для гена соматотропина: GH^{VV} – 223 п.н.; GH^{LV} – 223, 171, 52 п.н.; GH^{LL} – 171, 52 п.н.

После генотипирования подопытное поголовье разделили на группы в соответствии с аллельным вариантом гена гормона роста: I группа объединяла гетерозиготных животных GH^{LV} (n=11 гол.), II группа – представители гомозиготного варианта гена GH^{LL} (n=9 гол.).

Весовой рост тёлочек изучался по ежемесячному взвешиванию молодняка утром до кормления. Линейный рост определяли при помощи взятия основных промеров тела в 8 и 18 мес.

При обработке экспериментальных данных использовали офисный программный комплекс «Microsoft Office» с применением программы «Excel» («Microsoft», США) с обработкой данных в «Statistica 6.0» («Stat Soft Inc.», США).

В возрасте отъёма тёлочек от матерей (8 мес) различия по величине живой массы и линейных промеров между носителями разных вариантов генотипа по гену гормона роста были незначительными (табл. 1).

Таблица 1 – Изменение линейных промеров у тёлочек в 8 мес. ($\bar{X} \pm S_x$)

Промер	Группа	
	LV	VV
Живая масса, кг	211.2±4.18	208.9±5.06
Высота в холке	104.4±1.27	104.7±1.14
Высота в крестце	107.5±1.30	107.9±1.25
Косая длина туловища	110.4±1.09	109.2±1.15
Ширина груди	28.5±0.74	28.8±1.01
Глубина груди	48.5±0.58	47.2±0.76
Обхват груди за лопатками	129.5±1.06	128.7±1.30
Ширина в маклоках	30.7±1.09	31.2±1.32
Обхват пясти	15.1±0.21	14.9±0.26

Так, максимальная живая масса у животных отмечалась среди гетерозиготного (GH^{LV}) молодняка, превосходство составляло 2,3 кг (1,10%; $P>0,05$). По величине развития линейных промеров также не было выявлено достоверных межгрупповых различий. При этом тёлки гомозиготного генотипа VV по гену гормона роста превосходили сверстниц по высоте в холке на 0,3 см (0,29%), по высоте в крестце – на 0,4 см (0,37%), ширине груди – 0,3 см (1,05%), ширине в маклоках – 0,5 см (1,63%). В то же время особи с аллельным набором LV имели преимущество по глубине груди на 1,3 см (2,11%), косой длине туловища – на 1,2 см (1,10%), обхвату груди – на 0,8 см (0,62%) и обхвату пясти – на 0,2 см (1,34%).

Вероятно, невысокая молочность матерей подопытных животных сдерживала полную реализацию потенциала весового и линейного роста у тёлочек, в генотипе которых присутствует

желательная аллель (L) по локусу гена соматотропина. После отъёма гетерозиготные особи проявили генетические задатки интенсивного развития (табл. 2). Так, в 18-месячном возрасте превосходство носителей генотипа GH^{LV} по живой массе выросло до 23,9 кг (6,20; P<0,05).

Таблица 2 – Изменение линейных промеров у тёлочек в 18 мес. ($\bar{X} \pm Sx$)

Промер	Группа	
	LV	VV
Живая масса, кг	409,5±7,27*	385,6±6,26
Высота в холке	123.5±1.21*	119.6±0.99
Высота в крестце	127.4±1.21*	123.2±0.80
Косая длина туловища	146.5±1.30*	142.3±0.94
Ширина груди	38.5±0.80*	36.0±0.75
Глубина груди	60.9±0.86	58.4±0.67
Обхват груди за лопатками	167.5±1.52*	163.0±0.82
Ширина в маклоках	41.9±0.90	39.9±1.03
Обхват пясти	18.5±0.25	17.9±0.20

Гетерозиготный молодняк отличался крупным форматом экстерьера по сравнению с гомозиготными сверстницами. При этом было установлено превосходство абсолютно по всем изучаемым промерам. Так, носители генотипа GH^{LV} достоверно (P<0,05) превосходили аналогов по высоте в холке на 3,9 см (3,26%), высоте в крестце – на 4,2 см (3,41%), ширине груди – на 2,5 см (6,94%), косой длине туловища – на 4,2 см (2,95%) и обхвату груди – на 4,5 см (2,76%).

Дисперсионный анализ данных свидетельствует о том, что влияние наследственного фактора (генотип по GH) на изменчивость живой массы тёлочек в 18 месячном возрасте достоверно (P<0,05) и составляет 24,81% от суммы всех воздействующих факторов (рис. 1).

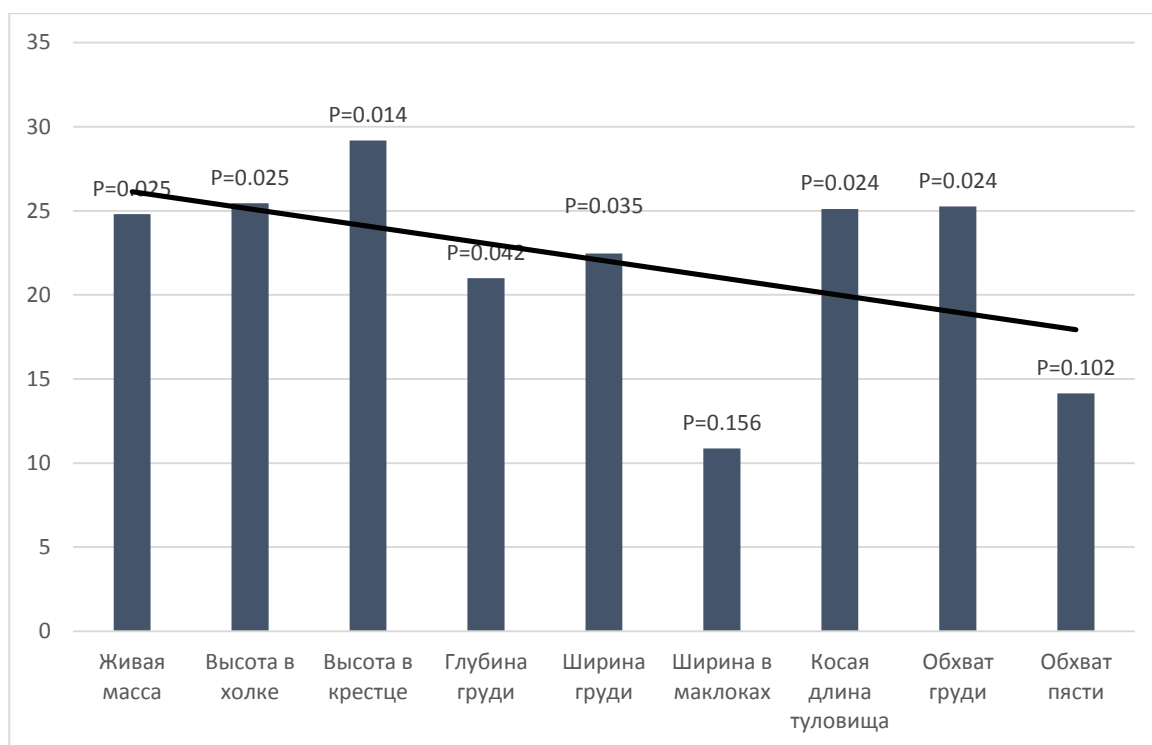


Рис. 1. Влияние генотипа по гену гормона роста (%) на изменчивость живой массы и линейных промеров у тёлочек в 18-месячном возрасте

Минимальной детерминацией генотипом отличались промеры ширина в маклоках (10,86%; $P > 0.05$) и обхват пясти (14,14%; $P > 0.05$). Расчет вклада организованного фактора в общую изменчивость формирования линейного роста у тёлочек разных аллельных вариантов по гену GH показал достоверную значимость ($P < 0,05$). Так, доля генотипического вклада в развитие высоты в холке составляла 25,44%, высоты в крестце – 29,17%, глубины груди – 21,00%, ширины груди – 22,46%, косой длины туловища – 25,11%, обхвата груди – 25,25%.

Следует отметить, что в период отъёма (8 мес) сила воздействия генотипа на реализацию потенциала весового и линейного роста резко ослабевает. Так, влияние наследственного фактора на вариабельность живой массы к концу подсосного этапа выращивания достигает 0,69% ($P > 0,05$). Развитие промеров статей тела животных также минимально обуславливались аллельным состоянием гена гормона роста ($P > 0,05$). Причиной этого считаем подавляющее влияние молочной продуктивности матерей на рост молодняка, которая ограничивает диапазон межгрупповой изменчивости признака в довольно узких пределах.

Таким образом при оценке потенциала весового и линейного роста помесных тёлочек красный ангус × калмыцкая 2-го поколения с учётом результатов генотипирования по гену гормона роста установлено, что достоверное влияние генотипа на вариабельность живой массы и промеров статей экстерьера проявляется на более поздних этапах онтогенеза (после отъёма от матерей). Присутствие аллеля L в локусе гена GH ассоциировано с лучшим развитием молодняка и

формированием крупных по формату экстерьера животных. Таким образом, диагностикой однонуклеотидного полиморфизма в гене GH можно добиться повышения точности отбора ремонтного маточного поголовья в мясных стадах.

Литература

1. Оценка ассоциации парных сочетаний полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада bPIT-1, bGH, bGHR и bIGF с мясной продуктивностью крупного рогатого скота аулиекольской породы казахстанской селекции / И.С. Бейшова, Е.В. Белая, В.П. Терлецкий, Б.Б. Траисов, В.И. Косилов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2018. № 1 (69). С. 160-164.
2. Влияние полиморфизма генов соматотропинового каскада на мясную продуктивность казахской белоголовой породы / И.С. Бейшова, Т.В. Поддудинская, Б.Б. Траисов, В.И. Косилов // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2018. № 2 (70). С. 194-199.
3. Van Eenennaam A.L., Li J., Thallman R.M., Quaas R.L., Dikeman M.E., Gill C.A., Franke D.E., Thomas M.G. (2007). Validation of commercial DNA tests for quantitative beef quality traits. *J. Anim. Sci.* 85:891-900.
4. Jennifer L.G., Stephen C.B., McCorquodale C. (2009). Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a commercial population of Aberdeen Angus-sired of cattle. *Genet. Selection Evol.* 14: p. 36.
5. Gill, J.L., Bishop, S.C., McCorquodale, C, Williams, J.L., and Wiener, P., Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a commercial population of Aberdeen Angus-sired beef cattle, *Genet. Sel. Evol.*, 2009, vol. 41, doi 10.1186/1297-9686-41-36.
6. Geary, T.W., McFadin, E.L., MacNeil, M.D., Grings, E.E., Short, R.E., Funston, R.N. & Keisler, D.H. (2003). Leptin as a predictor of carcass composition in beef cattle. *J Anim Sci* 81(1), 1-8.
7. McFadin, E.L., Keisler, D.H., Schmidt, T.B., Lorenzen, C.L. & Berg, E.P. (2003). Correlations between serum concentrations of leptin and beef carcass composition and quality. *Journal of Muscle Foods* 14(1), 81-87.
8. Nkrumah, J.D., Li, C., Yu, J., Hansen, C., Keisler, D.H. & Moore, S.S. (2005). Polymorphisms in the bovine leptin promoter associated with serum leptin concentration, growth, feed intake, feeding behavior, and measures of carcass merit. *J Anim Sci* 83(1), 20-28.

9. Casas, E., S. N. White, S. D. Shackelford, T. L. Wheeler, M. Koohmaraie, G. L. Bennett, and T. P. L. Smith. (2007). Assessing the association of single nucleotide polymorphisms at the thyroglobulin gene with carcass traits in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 85:2807–2814.
10. The association of CAPN1, CAST, SCD, and FASN polymorphisms with beef quality traits in commercial crossbred cattle in the Czech Republic / K. Kaplanova, A. Dufek, E. Drackova, J. Simeonova, J. Subrt // *Czech J. Anim. Sci.* 2013. V. 58. P. 489-496.
11. Casas E., White S.N., Wheeler T.L., Shackelford S.D., Koohmaraie M., Riley D.G., Chase C.C. Jr., Johnson D.D., Smith T.P.L. (2006). Effects of calpastatin and μ -calpain markers in beef cattle on tenderness traits. *J. Anim. Sci.* 84:520-525.
12. Page B.T., Casas E., Heaton M.P., Cullen N.G., Hyndman D.L., Morris C.A., Crawford A.M., Wheeler T.L., Koohmaraie M., Keele J.W., Dikeman M.E., Smith T.P.L. (2002). Evaluation of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat tenderness in cattle. *J. Anim. Sci.* 80(12):3077-3085.
13. Liu Y.F., Zan L.S., Li K., Zhao S.P., Xin Y.P., Lin Q., Tian W.Q., Wang Z.W. A novel polymorphism of GDF5 gene and its association with body measurement traits in *Bos taurus* and *Bos indicus* breeds. *Mol. Biol. Rep.*, 2010, 37(1): 429-434 (doi: 10.1007/s11033-009-9604-5).
14. Lee, J.-H., Lee, Y.-M., Lee, J.-Y., Oh, D.-Y., Jeong, D.-J., and Kim, J.-J., Identification of single nucleotide polymorphisms (SNPs) of the bovine growth hormone (bGH) gene associated with growth and carcass traits in Hanwoo, *Asian-Austral. J. Anim. Sci.*, 2013, vol. 26, no. 10, pp. 1359–1364.