

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

ный нормативный документ по оценке ПЦ быков, нам, как авторам данной статьи, ничего не известно. При этом с нашей стороны имеются обоснованные сомнения в результативности проведенных расчетов племенной ценности быков в 2021 г. силами сотрудников Головного селекцентра ВНИИплем. Для примера, по холмогорской породе бык Бисер 972, рождения 16.11.1994 г., был включен в итоговый документ с оценкой по 2 дочерям (имея показатель «стадо-год-сезон» = 2) с достоверностью в 67%. При этом следует отметить, что отцовские предки быка Бисер 972: Олимп 7 (отец), Аван 922 (отец отца), Маскарад 4895 (отец матери) по нашему мнению не оценивались, так как результаты официальной оценки их племенной ценности в сводной ведомости каталога 2021 г. отсутствуют. И таких «проблемных» быков в каталоге 2021 г. – десятки.

В целом по результатам централизованной оценки племенной ценности быков России необходимо также указать, что на сегодня нет четких рекомендаций по использованию полученных данных за 2021 г. в официально действующей племенной документации. Нет и ответа на вопрос: как быть с официальной оценкой быков по качеству потомства (по категориям), полученной Головным селекцентром ВНИИплем за предыдущие годы.

Результаты официальной оценки быков холмогорской породы поставили в тупик не только всю работу селекционеров с племхозами популяции, но и крайне негативно сказались на финансовых показателях деятельности племпредприятий, работающих с генофондными породами России. Повсеместная коммерциализация селекционного про-

цесса в племенном животноводстве страны и целенаправленный маркетинг импортной племенной продукции привели к тому, что в настоящее время значительно упали объемы реализации запасов биопродукции генофондных пород крупного рогатого скота, включая холмогорскую породу. Значительно сократились объемы проверяемых быков отечественных пород и упала численность ремонтного поголовья, предназначенного для комплектования российских племпредприятий. И как следствие этого – по Архангельскому, головному по породе, племпредприятию – остались невыполненными запросы заказчиков по необходимым поставкам семени быков-улучшителей холмогорской породы требуемой линейности принадлежности.

Таким образом, в современных реалиях, когда усиливается межпородная конкуренция в отрасли производства товарной и племенной продукции, в отсутствии действенных мер по сохранению национального генофонда пород крупного рогатого скота, необходимо в кратчайшие сроки и с большей ответственностью адаптировать к российским условиям предлагаемые нормативные документы ведения отрасли племенного животноводства, направленные на повышение конкурентоспособности отечественного сельскохозяйственного производства.

Литература

1. Порядок определения породы и породной принадлежности племенных животных: утвержден Коллегией Евразийского экономического союза 08.09.2020 г. №108 – 7 с.
2. Каталог быков-производителей молочных и молочно-мясных пород, оценённых по качеству потомства в 2018 году. Лесные Поляны. 2018.

году. Лесные Поляны. 2018.

3. Каталог быков-производителей молочных и молочно-мясных пород, оценённых по качеству потомства в 2019 году. Лесные Поляны. 2019.
4. Каталог быков-производителей молочных и молочно-мясных пород, оценённых по качеству потомства в 2020 году. Лесные Поляны. 2020.

Referents

1. Poryadok opredeleniya porody i porodnoj prinadlezhnosti plemennykh zhivotnykh: utverzhden Kollegij Evrazijskogo ekonomicheskogo soyuza 08.09.2020 g. №108 – 7 s.
2. Katalog bykov-proizvoditelej molochnykh i molochno-myasnykh porod, ocenyonnykh po kachestvu potomstva v 2018 godu. Lesnye Polyany. 2018.
3. Katalog bykov-proizvoditelej molochnykh i molochno-myasnykh porod, ocenyonnykh po kachestvu potomstva v 2019 godu. Lesnye Polyany. 2019.
4. Katalog bykov-proizvoditelej molochnykh i molochno-myasnykh porod, ocenyonnykh po kachestvu potomstva v 2020 godu. Lesnye Polyany. 2020.

Прожерин Валентин Петрович, главный научный сотрудник, доктор сельскохозяйственных наук, e-mail: pvp.29@mail.ru

Ялуга Владимир Леонтьевич, заведующий лабораторией животноводства, кандидат биологических наук, e-mail: yaluga29@yandex.ru

Кувакина Ираида Вениаминовна, старший научный сотрудник, e-mail: 66ikuvakina@mail.ru

Селькова Ия Витальевна, научный сотрудник, e-mail: selkova2458@bk.ru

Хуснутдинова Екатерина Дмитриевна, научный сотрудник, e-mail: husnutdinova.katia@yandex.ru

УДК 636018

DOI: 10.25708/ZT.2022.97.46.002

ХАРАКТЕРИСТИКА БИОЛОГИЧЕСКОЙ ФУНКЦИИ ПОРОДОСПЕЦИФИЧНЫХ SNP-МАРКЕРОВ МЯСНОЙ ПРОДУКТИВНОСТИ У КРУПНОГО РОГАТОГО СКОТА КАЗАХСКОЙ БЕЛОГОЛОВЫЙ ПОРОДЫ

Белая Е.В.¹, Бейшова И.С.², Селионова М.И.¹

¹ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева» 127434, г. Москва, ул. Тимирязевская, д. 49, Россия

²Некоммерческое АО «Западно-Казахстанский аграрный технический университет имени Жангир хана», Республика Казахстан, 090009, г. Уральск, ул. Жангир хана, 51

CHARACTERIZATION OF THE BIOLOGICAL FUNCTION OF BREED-SPECIFIC SNP-MARKERS OF MEAT PRODUCTIVITY IN CATTLE OF THE KAZAKH WHITE-HEADED BREED

Belaya E.V.¹, Beishova I.S.², Selionova M.I.¹

¹Russian State Agrarian University - Timiryazev Moscow Agricultural Academy

²Non-profit JSC "West Kazakhstan Agrarian Technical University named after Zhanqir Khan"

Аннотация. В статье представлены результаты анализа генных сетей породоспецифичных SNP, маркирующих повышенную мясную продуктивность у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы.

С помощью чипа GeneSeek GGP

Bovine 150K («Illumina Inc.», США) определены породоспецифичные по сравнению с аулиекольской породой, участки генома, соответствующие потенциальным QTL. Установлено 4 генотипа, маркирующих повышенную и 2 генотипа, маркирующих понижен-

ную мясную продуктивность у телят в возрасте 12 месяцев.

Показано, что состав генов породоспецифичных областей генома аулиекольской породы по генным сетям биологических процессов характеризуется наибольшей долей генов, регулирующих клеточные процессы (26,6%), биологическую регуляцию (16,0%) и метаболические процессы (21,3%).

Summary. The article presents the results of the analysis of gene networks of breed-specific SNPs marking increased meat productivity in cattle of the Kazakh White-Headed breed.

With the help of the GeneSeek GGP Bovine 150K chip ("Illumina Inc.", USA), breed-specific sections of the genome corresponding to potential QTL were determined in comparison with the Auliekolsky breed. 4 genotypes marking increased and 2 genotypes marking reduced meat productivity in calves at the age of 12 months were found.

It is shown that the composition of the genes of the breed-specific regions of the Auliekolsky breed genome according to the gene networks of biological processes is characterized by the largest proportion of genes regulating cellular processes (26.6%), biological regulation (16.0%)

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

and metabolic processes (21.3%).

Ключевые слова: генетический маркер, казахская белоголовая порода, SNP.

Key words: genetic marker, Kazakh White-Headed breed, SNP.

Геномная селекция позволяет сократить интервалы генераций и значительно ускорить селекционный прогресс в животноводстве и данные получаемые с помощью ДНК-чипов с высокой плотностью покрытия, предоставляют генетикам и селекционерам огромные массивы информации о потенциальных генах-кандидатах, влияющих на различные хозяйственно-полезные признаки. Однако, дороговизна ДНК-чипирования является ограничивающим фактором, для внедрения такой системы оценки потенциала продуктивности животных в товарных стадах. Поэтому актуальность сохраняет разработка небольших диагностических панелей для реалтайм ПЦР, включающих от нескольких единиц, до пары десятков полиморфных генов-кандидатов, маркирующих признаков, интересующий селекционеров [1-2]. С этой точки зрения интерес представляет разработка подходов к созданию таких диагностических панелей на основании данных, получаемых на ДНК-чипах высокой плотности покрытия. В данной публикации представлено описание и некоторые результаты поиска генетических маркеров мясной продуктивности казахской белоголовой породы с помощью ДНК-чипа GeneSeek GGP Bovine 150K («Illumina Inc.», США) и анализ биологической функции белковых продуктов генов-кандидатов, отобранных из нескольких сотен и обладающих устойчивыми фенотипическими эффектами на признак живой массы в возрасте 12 месяцев по отношению к живой массе исследованной выборки в целом.

Получение характеристики биологических функций белковых продуктов, транскрибуемых с генов-кандидатов на наш взгляд, является одной из важнейших задач на пути к пониманию геномных механизмов регуляции мясной продуктивности животных.

Материалы и методика исследований.

Генотипирование образцов проведено с помощью ДНК-чипа GeneSeek GGP Bovine 150K согласно протоколу фирмы - производителя («Illumina Inc.», США). В качестве биоматериала использованы волосные луковички 501 головы селекционного поголовья крупного рогатого скота казахской белоголовой породы 2011-2012 г.р. Образцы биоматериала были получены из трех разных хозяйств одной климатической зоны, с примерно одинаковыми условиями содержания, кормления и разведения. Показатели продуктивности животных предоставлены хозяйством.

Зная геномные адреса SNP, имеющих на чипе и интенсивность их обнаружения у представителей обеих пород проводился поиск максимально совпадающих и максимально различ-

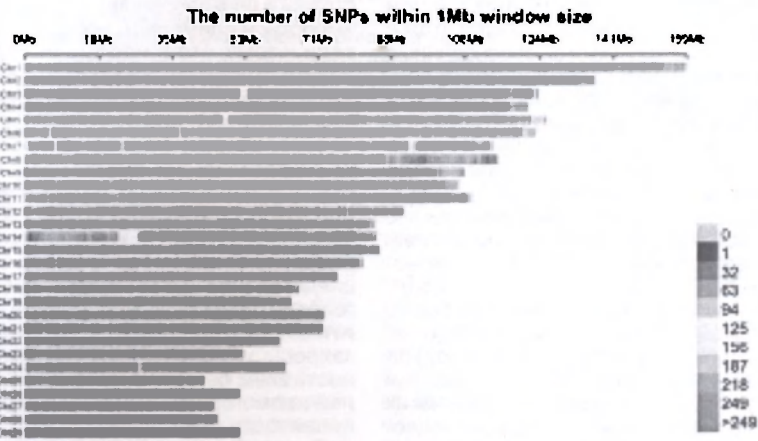


Рисунок 1. Участки генома, с наибольшей и наименьшей плотностью перекрытия обнаруживаемых SNP
Genome regions with the highest and lowest overlap density of detectable SNP

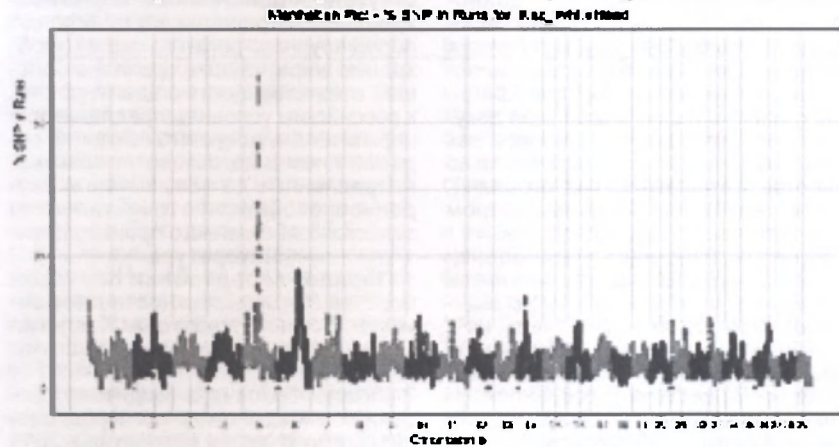


Рисунок 2. Плотность покрытия породоспецифичных ROH -участков генома у Казахской белоголовой породы
The density of coverage of breed-specific ROH-sites of the genome in the Kazakh White-Headed breed

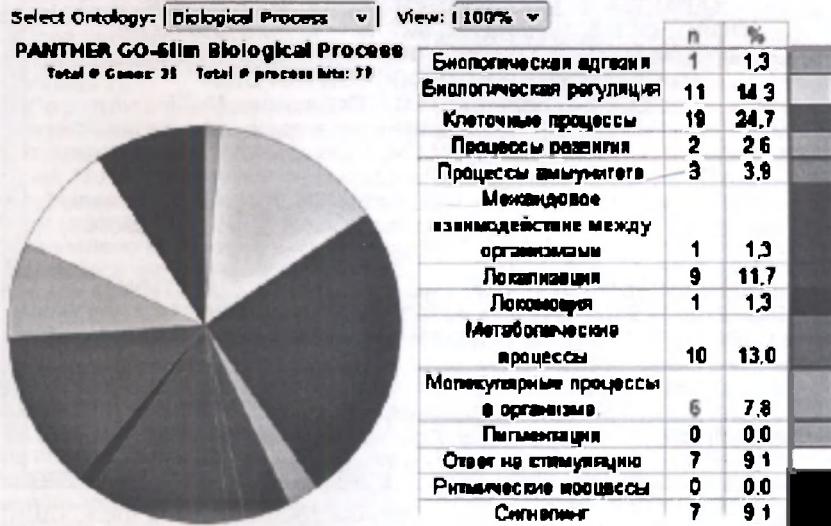


Рисунок 3. Распределение биологических процессов, в которых участвуют гены-кандидаты, локализованные в породоспецифичных областях генома у казахской белоголовой породы.

Distribution of biological processes involving candidate genes localized in the breed-specific regions of the genome of the Kazakh White-Headed breed.

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

ных участков генома.

Участки генома, с наибольшей плотностью перекрытия обнаруживаемых SNP, которые характеризовались наибольшим сходством по набору и частоте детектируемых SNP (от 125 до 249 и более SNP на 1 Мб пар оснований) принимались как общие для двух пород.

Поиск породоспецифичных генов-кандидатов включал также построение манхэттенского графика, для выявления участков с максимальной плотностью покрытия выявляемыми SNP относительно положения SNP во всех хромосомах вместе [3-5]. Полиморфизмы, которые имеют наибольшую ассоциацию с изучаемым признаком, имеют максимальное значение на графике. Обработка данных для дальнейшего контроля качества и биоинформатического анализа проводилась с помощью программного обеспечения Genome Studio [3].

Перечень генов, локализованных в породоспецифичных участках генома получен с помощью открытой генетической базы Pantherdb [6], затем, он сопоставлялся с SNP имеющимися на чипе. Далее в анализ были включены только SNP, локализованные в транскрируемых либо регуляторных областях генома и приводящие к замене аминокислот в последовательности транскрибируемого белка, либо влияющие на экспрессию гена. Данная информация получена из описания чипа и базы данных [7]. Заявляемая данными литературных источников популяционная частота отобранных SNP должна быть не менее 5%. Далее проводилась оценка частоты встречаемости аллелей и генотипов в группе животных класса элит + элит рекорд и у животных II класса и ниже и оценка соответствия характера распределения генотипов закону Харди-Вайнберга.

Те полиморфизмы, для которых установлены статистически значимые отклонения, были исследованы на предмет ассоциации с признаками мясной продуктивности, такими, как темпы роста на первом году жизни и живая масса в 12 месяцев. Сравнение продуктивности в группах с разными генотипами проводится относительно продуктивности популяции в целом. Достоверность разницы между показателями живой массы в группах с разными генотипами оценивалась с помощью однофакторного дисперсионного анализа путем нахождения Р-значения для оценки значимости различия между тремя независимыми группами.

На каждом этапе исследования с помощью базы данных Pantherdb [6] проводился анализ биологической функции белковых продуктов, транскрибируемых с генов-кандидатов, прошедших определенный этап отбора. На основании полученных данных строится предположение об интенсивности участия тех или иных генов в регуляции мясной продуктивности КРС и перспективных направлениях для

Таблица 1. Общая характеристика отобранных генов-кандидатов
General characteristics of the selected candidate genes

№	ID гена/ название	rs SNP	Смысл замены
1.	ENSBTAG00000006021/ Центросомальный протеин (CEP)	rs477350428/ T/C	Val1357Ala
2.	ENSBTAT00000082365/ гистасерин (HSTN)	rs109910863/ T/C	Lys107Glu
3.	ENSBTAT00000015674/ миостатин (MSTN)	rs110065568/ A/C	5 prime UTR variant
4.	ENSBTAT00000063007/ гистасерин (HSTN)	rs110175257/ T/C	5 prime UTR variant
5.	ENSBTAT00000076372/ гистасерин (HSTN)	rs110320975/ A/G	Leu249Ser
6.	ENSBTAT00000063007/ гистасерин (HSTN)	rs133461412/ T/C	3 prime UTR variant
7.	ENSBTAT00000053292/ 6-й протеин связывающий инсулиноподобный фактор роста (IGFBP6)	rs136552787/ G/A	His188Tyr
8.	ENSBTAT00000011957/ гистасерин (HSTN)	rs137243785/ G/A	Val7Ile
9.	ENSBTAT00000015674/ миостатин (MSTN)	rs522351439/ G/A	5 prime UTR variant

Select Ontology: Biological Process View: 100%

PANTHER GO-Slim Biological Process
Total # Genes: 7 Total # process hits: 9

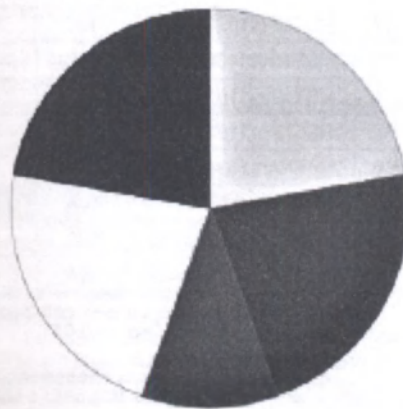


Рисунок 4. Распределение биологических процессов, в которые вовлечены потенциальные гены-кандидаты
Distribution of biological processes involving potential candidate genes

поиска генетических маркеров.

Результаты и обсуждение. Зная геномные адреса SNP, имеющихся на чипе и интенсивность их обнаружения проводился поиск максимально совпадающих и максимально различных участков генома у казахской белоголовой и аулиекольской пород.

Участки генома с наибольшей плотностью перекрытия обнаруживаемых SNP, которые характеризовались наибольшим сходством по набору и частоте детектируемых SNP (от 125 до 249 и более SNP на 1 Мб пар оснований), принимались как общие для двух пород.

На рисунке 1 показаны области генома, в которых отражена плотность перекрытия SNP, которая характеризует степень геномного сходства двух пород.

Как видно из рисунка 1, наибольшая плотность совпадения обнаруживаемых

SNP (249 и больше на 1 Мб пар оснований) наблюдается по хромосомам 5, 6, 20 и 24.

Построение манхэттенского графика позволяет наглядно увидеть плотность покрытия хромосом, обнаруживаемыми SNP (рисунок 2).

По рисунку видно, что наибольшей плотностью покрытия SNP у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы характеризуются хромосомы 5, 6 и 14. Ранее (см. рис. 1) на этих хромосомах обнаружены породоспецифичные ROH последовательности: 5 (1 участок 1,9 Мб), 6 (1 участок 23,9 Мб) и 14 (0,4 Мб).

Для дальнейшего анализа были отобраны участки на хромосомах 5, 6 и 14 так как в исследовании участвовала также аулиекольская порода и у нее на этих хромосомах также были обнаружены уникальные участки генома. В качестве уникальных участков генома с

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

наибольшей плотностью покрытия SNP у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы отобраны следующие области: 5:17125373-19033947 (1,9 Мб), 6: 64247306- 68186013 (3,9 Мб) и 14:81909059 – 82261140 (0,4 Мб).

С помощью открытой электронной базы <http://www.ensembl.org> в картированных областях генома обнаружено 114 QTL на хромосоме 2, 16 – на хромосоме 4, 59 на хромосоме 5, 886 на хромосоме 6, 60 на хромосоме 14, 79 на хромосоме 26. К этим QTL относится 140 протеинкодирующих генов, в которых обнаруживается 39 SNP.

С помощью генетической базы данных Pantherdb [<http://www.pantherdb.org>] произведен анализ биологических процессов, в которых участвуют белковые продукты отобранных генов-кандидатов.

Особенностью Pantherdb является всесторонний подход к описанию генов-кандидатов. Один и тот же ген, в случае участия в нескольких генных сетях, описывается и включается в анализ столько раз, сколько функций для его белка описано в базе. Их биологическая характеристика отражена на рисунке 3.

По данным приведенным на диаграмме можно отметить, что белок кодирующие гены породоспецифичных областей генома наибольшей частью вовлечены в клеточные биологические процессы, метаболические пути и механизмы биологической регуляции. Их доля составляет 24,7, 14,3 и 13,0% соответственно.

Категория «клеточные процессы» объединяет обширную группу генов, регулирующих клеточный сигналинг, метаболические пути, клеточный цикл, апоптоз, клеточную дифференциацию и миграцию клеток [8-9]. Можно предположить, что такая значительная доля этой группы связана с глобальным значением этих процессов для клетки, и, следовательно, для всего организма в целом.

Метаболические пути представляют собой совокупность каскадных ана- и катаболических реакций, с помощью которых живые организмы преобразуют химические вещества.

Биологическая регуляция - любой процесс, который модулирует измеримый атрибут любого биологического процесса, качества или функции.

Таким образом, наблюдаемый состав биологических процессов среди генов-кандидатов вполне объясним и ожидаем, тем больший интерес представляет характеристика биологических процессов, в которых участвуют гены-маркеры, ассоциированные с мясными признаками.

Из общего массива белок-кодирующих генов была выделена группа генов, для которых имеются данные по SNP, нанесенным на чип. Нам удалось обнаружить 12 SNP для 10 генов. Их характеристика отражена в таблице 1.

Как видно из таблицы, отобрано 9 SNP, из которых 3 локализовано в 5' регуляторной области гена, 5 в транс-

Таблица 2. Распределение относительных частот аллелей потенциально-маркирующих SNP в популяции крупного рогатого скота казахской белоголовой породы (Q ± SQ)
Distribution of relative frequencies of alleles potentially marking SNP in the population of cattle of the Kazakh White-Headed breed (Q ± SQ)

№	Ген расшифровка/ rs SNP	SNP	Популяц. Частота	Элит+Элит Рекорд	II класс и менее	P
1.	CEP/ rs477350428	T/C	0,45±0,004	0,38±0,005	0,45±0,004	0,808
2.	HSTN/ rs109910863	T/C	0,12±0,02	0,18±0,02	0,10±0,02	0,015
3.	MSTN/ rs110065568	A/C	0,22±0,01	0,21±0,01	0,31±0,02	0,001
4.	HSTN/ rs110175257	T/C	0,25±0,004	0,20±0,005	0,22±0,006	0,301
5.	HSTN/ rs110320975	A/G	0,25±0,03	0,34±0,03	0,21±0,03	0,018
6.	HSTN/ rs133461412	T/C	0,12±0,005	0,12±0,005	0,11±0,006	0,32
7.	IGFBP6/ rs136552787	G/A	0,28±0,02	0,37±0,02	0,26±0,02	0,061
8.	HSTN/ rs137243785	G/A	0,12±0,01	0,19±0,01	0,12±0,01	0,003
9.	MSTN/ rs522351439	G/A	0,35±0,02	0,37±0,02	0,34±0,02	0,002

Примечание. Различие по частотам аллелей между выборками значимо при P < 0,05

Таблица 3. Живой вес телят в 12 месяцев казахской белоголовой породы в 12 месяцев (m±σ). Среднее значение по выборке 318±7 (кг)
Live weight of calves at 12 months of the Kazakh White-Headed breed at 12 months (m±σ). The average value of the sample is 318±7 (kg)

№	Ген расшифровка	Замена	Генотип 1/1	Генотип 1/2	Генотип 2/2	P дисп
1.	CEP/ rs477350428	T/C	322±9	315±7	298±7	0,02
2.	HSTN/ rs109910863	T/C	314±11	349±8	315±6	0,04
3.	MSTN/ rs110065568	A/C	317±8	324±7	292±4	0,01
4.	HSTN/ rs110175257	T/C	324±8	326±4	315±6	0,54
5.	HSTN/ rs110320975	A/G	319±3	347±7	321±2	0,04
6.	HSTN/ rs133461412	T/C	312±6	321±4	309±9	0,21
7.	IGFBP6/ rs136552787	G/A	338±8	314±6	316±5	0,03
8.	HSTN/ rs137243785	G/A	316±9	324±9	341±3	0,01
9.	MSTN/ rs522351439	G/A	326±9	317±7	302±11	0,36

P- значение для оценки значимости различия между тремя независимыми группами; Различие значимо при P < α, α=0,05

Таблица 4. Оценка достоверности различий между группами животных казахской белоголовой породы с маркирующими генотипами по отношению к общей выборке
Assessment of the reliability of differences between groups of Kazakh White-Headed breed animals with marking genotypes in relation to the general sample

№	Ген расшифровка	rs SNP	Замена	Генотип 1/1	Генотип 1/2	Генотип 2/2
1.	Центросомальный протеин (CEP)	rs477350428	T/C	0,38	0,61	0,01
2.	Гистосерин (HSTN)	rs109910863	T/C	0,67	0,02	0,18
3.	Миостатин (MSTN)	rs110065568	A/C	0,84	0,34	0,02
4.	Гистосерин (HSTN)	rs110320975	A/G	0,36	0,00	0,41
5.	6-й протеин, связывающий инсулиноподобный фактор роста (IGFBP6)	rs136552787	G/A	0,01	0,52	0,64
6.	Гистосерин (HSTN)	rs137243785	G/A	0,53	0,29	0,04

P- значение для оценки значимости различия между двумя независимыми группами; Различие значимо при P < α, α=0,05

лируемой области с аминокислотной заменой в последовательности белка и 1 в 3' регуляторной области гена.

Характеристика биологических процессов в которые вовлечены белковые продукты отобранных генов отражена

на диаграмме, приведенной на рисунке 4.

Как видно из рисунка, базой данных проиндексировано 7 из 9 генов, которые наибольшей частью вовлечены в клеточные биологические процессы,

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

механизмы биологической регуляции, сигналинг, ответ на стимуляцию и метаболические процессы. Их доля составляет 28,6, 28,6, 28,6, и 14,3% соответственно.

При отборе потенциально маркирующих SNP учитывались такие характеристики, как популяционная частота (GERP), смысл мутации (локализована ли она в пределах гена, какой из его функциональных частей, и приводит ли к изменениям в аминокислотной последовательности белка).

Частота встречаемости аллелей SNP потенциально-маркирующих признаки мясной продуктивности у животных класса элит и элит рекорд казахской белоголовой породы приведены в таблице 2.

Как видно из таблицы 10 в качестве SNP-маркеров повышенной мясной продуктивности у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы можно рассматривать:

1. аллель C (rs109910863) в гене гистоферина (histatherin (HSTN));
2. аллель C (rs110065568) в гене миостатина (myostatin (MSTN));
3. аллель G (rs110320975) в гене гистоферина (histatherin (HSTN));
4. аллель A (rs137243785) в гене гистоферина (histatherin (HSTN-201));
5. аллель A (rs522351439) в гене миостатина (myostatin (MSTN)).

Для определения генов-кандидатов, чьи фенотипические эффекты статистически значимо ассоциированы с признаками мясной продуктивности (живая масса в возрасте 12 месяцев) животные с соответствующими генотипами в пределах каждого полиморфизма были объединены в группы, для них были рассчитаны средние значения живой массы и стандартные ошибки. Сравнение продуктивности в группах проводилось относительно продуктивности популяции в целом. Достоверность разницы между показателями живой массы в группах с разными генотипами оценивалась с помощью однофакторного дисперсионного анализа (таблица 3).

Для определения генов-кандидатов, чьи фенотипические эффекты статистически значимо ассоциированы с признаками мясной продуктивности (живая масса в возрасте 12 месяцев) животные с соответствующими генотипами в пределах каждого полиморфизма были объединены в группы, для них были рассчитаны средние значения живой массы и стандартные ошибки.

Сравнение продуктивности в группах проводится относительно продуктивности популяции в целом. Достоверность разницы между показателями живой массы в группах с разными генотипами оценивалась с помощью однофакторного дисперсионного анализа (таблица 4).

У годовалых телят казахской белоголовой породы по данным таблицы, можно отметить 4 генотипа, маркирующих повышенную и 2 генотипа, маркирующих пониженную мясную продуктивность.

Генотипом-маркером повышенной ЖМ в 12 месяцев является генотип TC rs109910863, гена гистосерина (HSTN), который сопровождается аминокислотной заменой Lys107Glu в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом TC превышает средний по выборке (318) на 31 кг и составляет 349 кг.

Генотипом-маркером повышенной ЖМ в 12 месяцев является генотип AG rs110320975, гена гистосерина (HSTN), который сопровождается аминокислотной заменой Leu249Ser в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом AG превышает средний по выборке (318) на 29 кг и составляет 347 кг.

Так же генотипом-маркером повышенной ЖМ в 12 месяцев является генотип GA rs137243785, гена гистосерина (HSTN), который сопровождается аминокислотной заменой Val7Ile в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом CC превышает средний по выборке (318) на 23 кг и составляет 341 кг.

Так же генотипом-маркером повышенной ЖМ в 12 месяцев является генотип AA rs136552787, гена протеина 6 связывающего инсулиноподобный фактор роста (IGFBP6)), который сопровождается аминокислотной заменой His188Tyr в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом AA превышает средний по выборке (318) на 20 кг и составляет 338 кг.

Генотипом-маркером пониженной ЖМ в 12 месяцев является генотип AC rs110065568, гена миостатина (MSTN), который локализован в 5' регулирующем участке. Вес животных с генотипом AC ниже среднего по выборке (318) на 26 кг и составляет 292 кг.

Генотипом-маркером пониженной ЖМ в 12 месяцев является генотип TC rs477350428, гена центрального

протеина (SER-201), который сопровождается аминокислотной заменой Val1357Ala в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом TC ниже среднего по выборке (318) на 20 кг и составляет 298 кг.

На рисунке 4 изображена диаграмма, отражающая биологические процессы, на которые влияют отобранные гены-кандидаты. Из 3-х генов, чьи полиморфизмы обладают маркирующим эффектом, в базе данных информация имеется только для двух генов. Характеристика биологических процессов, в которых они участвуют отражена в диаграмме, приведенной на рисунке 5.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

1. С помощью биочипа GeneSeek GGP Bovine 150K, со средней плотностью покрытия 150000 SNP («Illumina Inc.», США) с плотностью 54609 SNP протипировали 501 быка казахской белоголовой породы. Выявлено 119 841 SNP полиморфизмов, подходящих для полногеномного ассоциативного поиска генов роста и развития животных.

2. Наибольшей плотностью покрытия SNP у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы характеризуются хромосомы 5, 6 и 14. Уникальные области генома с наибольшей плотностью покрытия SNP у крупного рогатого скота казахской белоголовой породы обнаружены на хромосомах 5:17125373-19033947 (1,9 Mb), 6: 64247306- 68186013 (3,9 Mb) и 14:81909059 – 82261140 (0,4 Mb).

3. У крупного рогатого скота казахской белоголовой породы установлено 4 генотипа, маркирующих повышенную мясную продуктивность у телят в возрасте 12 месяцев. Из них 3 являются полиморфными вариантами гена гистосерина:

- генотип TC rs109910863, который сопровождается аминокислотной заменой Lys107Glu в аминокислотной последовательности белка. Вес животных

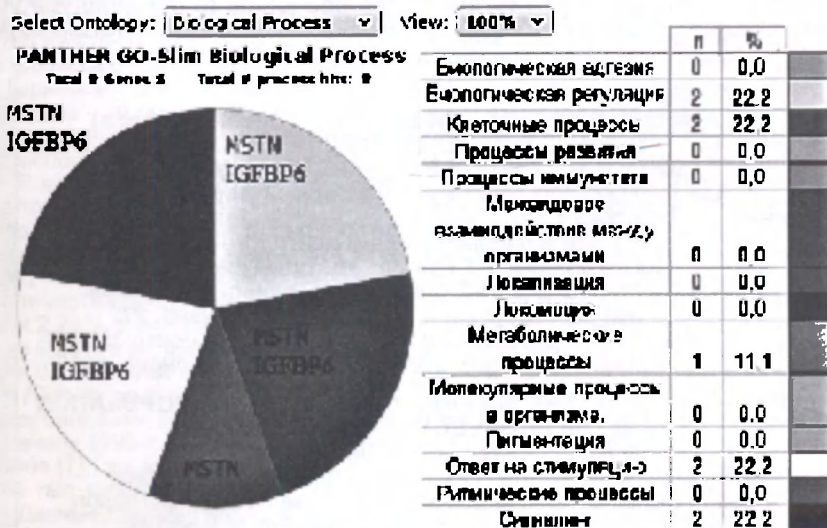


Рисунок 5. Распределение биологических процессов, в которые вовлечены гены-маркеры миостатина и 6-й протеин, связывающий инсулиноподобный фактор роста

Distribution of biological processes involving the marker genes myostatin and the 6th protein binding insulin-like growth factor

РАЗВЕДЕНИЕ, СЕЛЕКЦИЯ, ГЕНЕТИКА

генотипом ТС превышает средний по выборке (318) на 31 кг и составляет 49 кг. – доп. прибыль 86,18 долл. США на голову.

- генотип AG rs110320975, который опровергается аминокислотной заменой Leu249Ser в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом AG превышает средний по выборке (318) на 29 кг и составляет 347 кг. – доп. прибыль 80,62 долл. США на голову;

- генотип GA rs137243785, который опровергается аминокислотной заменой Val71Ile в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом СС превышает средний по выборке (318) на 23 кг и составляет 41 кг. – доп. прибыль 63,94 долл. США на голову.

Так же генотипом-маркером повышенной ЖМ в 12 месяцев является генотип AA rs136552787, гена протеина 6 связывающего инсулиноподобный фактор роста (insulin like growth factor binding protein 6 (IGFBP6)), который опровергается аминокислотной заменой His188Tyr в аминокислотной последовательности белка. Вес животных с генотипом AA превышает средний по выборке (318) на 20 кг и составляет 38 кг. – доп. прибыль 55,6 долл. США на голову.

4. Генотипом-маркером пониженной М в 12 месяцев является генотип AC rs110065568, гена миостатина myostatin (MSTN), который локализован в 5' регулирующем участке гена миостатина (myostatin (MSTN)). Вес животных с генотипом AC ниже среднего по выборке (318) на 26 кг и составляет 292 кг. – недостаток прибыли 72,28 долл. США на голову.

Генотипом-маркером пониженной М в 12 месяцев является генотип ТС rs477350428, гена центросомального протеина (centrosomal protein (CEP250-201)), который сопровождается аминокислотной заменой Val1357Ala в аминокислотной последовательности

белка. Вес животных с генотипом ТС ниже среднего по выборке (318) на 22 кг и составляет 296 кг. – недостаток прибыли 61,16 долл. США на голову.

5. Разработан и научно обоснован способ QTL-маркирования мясной продуктивности у крупного рогатого скота казахской белоголовой и аулиекольской пород на основании данных SNP-типирования с использованием биочипа GeneSeek GGP Bovine 150K, со средней плотностью покрытия 150000 SNP («Illumina Inc.», США).

6. Состав генов породоспецифичных областей генома у казахской белоголовой породы по генным сетям биологических процессов характеризуется наибольшей долей генов, регулирующих клеточные процессы (24,7), биологическую регуляцию (14,3) и метаболические процессы (13,0 %).

7. Состав генов-кандидатов, подходящих для применения в селекционных программах, у казахской белоголовой породы характеризуется наибольшей долей генов биологической регуляции (28,6%), клеточных процессов (28,6%), ответа на стимуляцию и сигнальных генов сетей (28,6%).

8. Среди установленных генетических маркеров у казахской белоголовой породы остается неизменным вовлечение в регуляцию признака живой массы телят в возрасте 12 месяцев генов сетей клеточных процессов (22,2%), генов биологической регуляции (22,2%), генов метаболических процессов (11,1%) и генов сетей распознавания стимуляции (22,2%) соответственно.

Данная информация имеет значение для дальнейших исследований генетических маркеров продуктивности крупного рогатого скота и создания кастомизированных чипов более высокой точности при меньшей плотности покрытия.

Литература

1. Willet C.E., Wade C.M. From the phenotype to the genotype via bioinformatics // *Methods Mol Biol*. 2014.

V.1168, P. 1-16 (DOI: 10.1007/978-1-4939-0847-9_1).

2. Challenges of sequencing human genomes / D.C. Koboldt [et al.] // *Brief Bioinform.* 2010. V. 11. P. 484 - 498 (DOI: 10.1093/bib/bbq016).

3. <https://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/index>

4. Wickham H., Ggplot H. *Elegant Graphics for Data Analysis*. 2nd Edition, Springer, New York. <https://doi.org/10.1007/978-0-387-98141-3>

5. Weber J. L., Broman K. W. (2001). Genotyping for human whole-genome scans: Past, present, and future. *Advances in Genetics*, 77–96. doi:10.1016/s0065-2660(01)42016

6. <http://www.pantherdb.org>

7. <https://www.ensembl.org/index.html>

8. Michael J. Berridge *Cell Signalling Biology* // 2012 Portland Press Limited-136 p.

9. Koo, S.-H., Flechner, L., Qi, L., Zhang, X., Scaeton, R.A., Jeffries, S., Hedrick, S., Xu, W., Boussouar, F., Brindle, P., Takemori, H. and Montminy, M. (2005) The CREB coactivator TORC is a key regulator of fasting glucose metabolism. *Nature* 437:1109–1114.

Белая Елена Валентиновна (ORCID iD 0000-0003-1786-0341), к.б.н., доцент кафедры морфологии и физиологии человека и животных БГПУ им. М. Танка. E-mail: Belaya005@rambler.ru

Бейшова Индира Салтановна (ORCID iD 0000-0001-5293-2190), д.б.н., Некоммерческое АО «Западно-Казахстанский аграрный технический университет имени Жангир хана» Республика Казахстан, г. Уральск, e-mail: indira_bei@mail.ru

Селионова Марина Ивановна (ORCID iD 0000-0002-9501-8080) д.б.н., профессор, заведующий кафедрой разведения, генетики и биотехнологии животных ФГБОУ ВО Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева. E-mail: selionova@rgau-msha.ru

– 13%. Сокращение мировой популяции буйволов вызывает определенную обеспокоенность ученых и практиков, так как завод высокопродуктивных пород крупного рогатого скота в новые условия не всегда оправдан, что обусловлено неудовлетворительной их адаптацией в регионах с высокой солнечной инсоляцией, неустойчивостью к ряду инфекционных, кровепаразитарных и других заболеваний (А. Тихомирова с соавт., 2013; М.Б. Улимбашев с соавт., 2018). Буйволы в отличие от многих видов животных относительно нетребовательны к условиям внешней среды, отличаются повышенной устойчивостью к ряду заболеваний, получаемая от них продукция – молоко и мясо – являются высококачественными органическими продуктами питания (Ю. Гузев, 2014; Yu.V. Huzeyev с соавт., 2016). В последние десятилетия на всех континентах регистрируют глобальное потепление климата и в этом плане

УДК 636.2

DOI: 10.25708/ZT.2022.91.73.003

СОХРАНЕНИЕ ПОПУЛЯЦИИ БУЙВОЛА (*Bubalus bubalis*) И ПЕРСПЕКТИВЫ ЕГО РАЗВЕДЕНИЯ

Коник Н.В.¹, Гостева Е.Р.², Улимбашев М.Б.^{3,4}

¹Саратовский государственный аграрный университет имени Н.И. Вавилова 410012, Россия, г. Саратов, Театральная пл., 1.

²Федеральный аграрный научный центр Юго-Востока 410010, Россия, г. Саратов, ул. Тулайкова, 7.

³Министерство сельского хозяйства Кабардино-Балкарской Республики 360028, Россия, г. Нальчик, пр. Ленина, 27.

⁴Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр 356241, Россия, Ставропольский край, г. Михайловск, ул. Никонова, д. 49

CONSERVATION OF THE BUFFALO (*Bubalus bubalis*) POPULATION AND THE PROSPECTS OF ITS BREEDING

Konik N.V.¹, Gosteva E.R.², Ulimbashiev M.B.^{3,4}

¹Saratov State Agrarian University named after N.I. Vavilov

²Federal Center of Agriculture Research of the South-East Region

³Ministry of Agriculture of the Kabardino-Balkar Republic

⁴North-Caucasian Federal Scientific Agrarian Center

Аннотация. В пользу необходимости сохранения и дальнейшего разведения буйволов свидетельствует

то, что после крупного рогатого скота наибольшая часть производимого в мире молока приходится на буйволов