

Оригинальная статья / Original article

УДК: 591.151:636.22

DOI: 10.18470/1992-1098-2023-3-196-200



Анализ полиморфизмов в генах, ассоциируемых с молочной продуктивностью у районированных пород крупного рогатого скота, выращиваемых в условиях Республики Дагестан

Алимсолтан А. Оздемиров, Абдусалам А. Хожиков, Зухра М. Гусейнова, Мадина А. Даветеева

Федеральный аграрный научный центр Республики Дагестан, Махачкала, Россия

Контактное лицо

Алимсолтан А. Оздемиров, заведующий лабораторией геномных исследований, селекции и племенного дела, ФГБНУ «Федеральный аграрный научный центр РД»; 367014 Россия, г. Махачкала, ул. А. Шахбанова, 30. Тел. +79094806199
Email alim72@mail.ru
ORCID <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>

Формат цитирования

Оздемиров А.А., Хожиков А.А., Гусейнова З.М., Даветеева М.А. Анализ полиморфизмов в генах, ассоциируемых с молочной продуктивностью у районированных пород крупного рогатого скота, выращиваемых в условиях Республики Дагестан // Юг России: экология, развитие. 2023. Т.18, N 3. С. 196-200. DOI: 10.18470/1992-1098-2023-3-196-200

Получена 30 декабря 2022 г.

Прошла рецензирование 20 мая 2023 г.

Принята 21 августа 2023 г.

Резюме

Цель. Уникальному генофонду аборигенных пород угрожает все больше распространяющееся направление коммерческих пород, что в свою очередь чревато сужением генетической базы, необходимой для увеличения и сохранения имеющегося генетического разнообразия. По этой причине проводимые нами исследования ставили перед собой цель изучить полиморфизм генов *PRL*, *PIT-1*, *GH* у крупного рогатого скота красной степной породы, выращиваемых в условиях Дагестана.

Методы. Генотипирование крупного рогатого скота красной степной и кавказской бурой пород было осуществлено методами ПЦР-ПДРФ. Посредством этих методов был проведен генетический анализ, изучен полиморфизм генов пролактин, соматотропин, гипофизарно-специфический фактор транскрипции.

Результаты. В результате проведенного генотипирования подопытной группы крупного рогатого скота породы красная степная, было выяснено, что распределение двух аллелей и трех генотипов (*PIT-1A* и *PIT-1B*; *PIT-1AA*, *PIT-1BB*, *PIT-1AB*), гена *PIT-1*, имеет специфический характер. Специфичность аллельного спектра гена *PRL*, выразилось в высокой (0,84) частоте встречаемости аллеля *PRL^A* и низкой (0,16) аллеля *PRL^B*. Что нашло отражение в присутствии гомо-, гетерозиготных генотипов с частотой встречаемости 73,0; 23,0; 4,0 %, соответственно.

Заключение. Применяемые генетические подходы по повышению продуктивных и породных качеств скота, которые являясь современными и основанными на более полном анализе генетического разнообразия и генотипа исследуемых популяций, способствуют сохранению районированных пород. В то же время внутривидовая изменчивость и хорошая адаптивность должны обеспечить устойчивое развитие молочного скотоводства в различных природно-климатических зонах.

Ключевые слова

Крупный рогатый скот, полиморфизм, популяция, адаптация, красная степная порода.

Analysis of polymorphisms in genes associated with milk productivity in red steppe and Caucasian brown cow breeds in two natural-climate zones (mountains and plain) of Dagestan, Russia

Alimsoltan A. Ozdemirov, Abdusalam A. Khozhokov, Zukhra M. Huseynova and Madina A. Daveteeva

Federal Agrarian Scientific Centre, Republic of Dagestan, Makhachkala, Russia

Principal contact

Alimsoltan A. Ozdemirov, Head, Laboratory of Genomic Research, Selection and Breeding, Federal Agrarian Research Centre, Republic of Dagestan; 30 A. Shakhbanova St, Makhachkala, 367014 Russia. Tel. +79094806199
Email alim72@mail.ru
ORCID <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>

How to cite this article

Ozdemirov A.A., Khozhokov A.A., Huseynova Z.M., Daveteeva M.A. Analysis of polymorphisms in genes associated with milk productivity in red steppe and Caucasian brown cow breeds in two natural-climate zones (mountains and plain) of Dagestan, Russia. *South of Russia: ecology, development*. 2023, vol. 18, no. 3, pp. 196-200. (In Russian) DOI: 10.18470/1992-1098-2023-3-196-200

Received 30 December 2023

Revised 20 May 2023

Accepted 21 August 2023

Abstract

Aim. The unique gene pool of indigenous breeds in the Dagestan Caucasus is threatened by the increasingly widespread use of commercial breeds, which in turn risks narrowing the genetic base necessary to increase and maintain existing genetic diversity. For this reason, our research aimed to study the polymorphism of the PRL, PIT-1, GH genes in red steppe and Caucasian brown cattle raised in the conditions of Dagestan.

Methods. Genotyping of red steppe and Caucasian brown cattle was carried out using PCR-RFLP methods. Using these methods, genetic analysis was carried out and polymorphism of the prolactin, somatotropin and pituitary-specific transcription factor genes was studied.

Results. As a result of the genotyping of an experimental group of red steppe cattle, it was found that the distribution of two alleles and three genotypes (PIT-1A and PIT-1B; PIT-1AA, PIT-1BB, PIT-1AB) of the PIT-1 gene has a specific character. The specificity of the allelic spectrum of the PRL gene is expressed in the high (0.84) frequency of occurrence of the PRLA allele and low (0.16) frequency of the PRLB allele. This is reflected in the presence of homo- and heterozygous genotypes with a frequency of occurrence of 73.0; 23.0; 4.0 %, respectively.

Conclusion. Applied genetic approaches to improve the productive and breed qualities of livestock, which are modern and based on a more complete analysis of the genetic diversity and genotype of the studied populations, contribute to the conservation of zoned breeds. At the same time, intrapopulation variability and good adaptability should ensure the sustainable development of dairy cattle breeding in various climatic zones.

Key Words

Cattle, polymorphism, population, adaptation, red steppe breed, Caucasian brown breed.

ВВЕДЕНИЕ

Одним из путей адаптации к определенным условиям является сбалансированный отбор, посредством которого поддерживается аллельное разнообразие генов [1; 2]. Это становится актуальным в связи с общемировым сокращением биоразнообразия, что чревато исчезновением породного разнообразия генофонда мелкого и крупного рогатого скота [3–5].

Статистика данных ФАО говорит о том, что за шестилетний период (2001–2006) прекратило свое существование шесть десятков различных пород, что в свою очередь отразилось на потере генетических данных [6–8].

Таким образом, построение генетической базы данных районированным, локальным породам сохраняет свою актуальность, так как, определенный уклад генов как крупного, так и мелкого рогатого скота, приобретает все большее значение [9].

Большое значение будет иметь создание генетической базы у аборигенных, районированных пород, которые являясь источником сохранения генетической изменчивости сегодня, создадут благоприятные условия для планомерного увеличения биоразнообразия в будущем. Районированные породы скота, выращиваемые в определенных природно-географических зонах Дагестана на протяжении большого промежутка времени, превосходно адаптированы к местным природно-климатическим условиям предгорной и низменной провинций, адаптированы вышеотмеченные породы и к условиям кормления, присущим данной местности. По причине очень хорошей адаптации и производству продукции в

не легких условиях районированная красно-степная порода имеет большой спрос [10].

Развитие молекулярно-генетических методов, которые дают возможность амплифицировать огромное количество определенных участков ДНК, а также анализ полиморфизма этих участков, создали условия для поиска как ключевых генов, которые ассоциируются с хозяйственно-полезными признаками, так и сохранения, и накопления в племенных хозяйствах генотипов, являющимися селекционно-значимыми [10].

В тех странах, где животноводство имеет хорошее развитие, обязательным условием является генетическое маркирование с/х животных. В последние годы, к генетическому маркированию значительно возрос интерес и в РФ. Ввиду различных причин, в Дагестане отсутствовала не только геномная, но даже и маркерная селекция с проведением ДНК диагностики. Проводимые генетические исследования в Республике дадут возможность получить животных с определенным генотипом, имеющих улучшенную продуктивность.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ ИССЛЕДОВАНИЙ

Подопытными животными, для проведения генетических исследований служили коровы (n=48) из племенного хозяйства КХ «Агрофирма Чох» – на низменности. Кровь брали у коров – дочерей от одного быка. Опытным материалом являлась ДНК, которая была выделена из проб крови исследуемого поголовья. Выделение ДНК проводилось с использованием специального набора реагентов (DIAotmtmDNAprep).

Генотипирование исследуемых животных проводилось методом ПЦР-ПДРФ. ПЦР проводилась с использованием определенных праймеров (табл. 1).

Таблица 1. Аллельные варианты

Table 1. Allelic variants

Нуклеотидная последовательность Nucleotide Sequences	T° C, отжига T° C, annealing	Генотип Genotype	Амплификат, (п.н.) Amplificat, (p.n.)	Эндонуклеаза, замена нуклеотида Endonuclease, nucleotide replacement
PIT-1 F:5'- caatgagaaagttggtgc -3' R:5'-tctgcattcgagatgctc -3'	55	AA/AB/BB	660	Hinfl / A→G
PRL F:5'-cgagtccttagagcttgattctt-3' R:5'-gcctccagaagtcgtttgttttc -3'	63	AA/AB/BB	156	RsaI / A→G
GH F:5'-gctgctcctgagccttcg -3' R:5'-gcggcggcactcatgacacct-3'	65	VV/VL/LL	223	AluI / C→A

ПОЛУЧЕННЫЕ РЕЗУЛЬТАТЫ И ИХ ОБСУЖДЕНИЕ

Полученные результаты генотипирования подопытного поголовья позволяют говорить о том, что в опытной группе маточного поголовья крупного рогатого скота красной степной породы, частота встречаемости аллеля гипофизарного фактора транскрипции – *PIT-1^A* имела показатель – 0,41; аллеля – *PIT-1^B* – 0,59, что отразилось и в частоте встречаемости гомозиготных и гетерозиготных генотипов (*PIT-1^{AA}*, *PIT-1^{BB}* и *PIT-1^{AB}*) и составило: *PIT-1^{AA}* – 23; *PIT-1^{BB}* – 42; *PIT-1^{AB}* – 35,0 % соответственно (табл. 2).

В результате проведенного генотипирования подопытной группы крупного рогатого скота породы красная степная, было выяснено, что распределение двух

аллелей и трех генотипов (*PIT-1^A* и *PIT-1^B*; *PIT-1^{AA}*, *PIT-1^{BB}*, *PIT-1^{AB}*), гена *PIT-1*, имеет специфический характер.

Для полиморфизма гормона роста GH, представленного двумя аллелями GH^V и GH^L, характерна высокая (0,70) концентрация аллеля GH^L и низкая (0,30) аллеля GH^V, присутствие гомозиготных генотипов GH^{VV}, GH^{LL} составило 21,0 и 60,0 %, гетерозиготного GH^{LV} – 19,0 %.

Специфичность аллельного спектра гена PRL, выразилось в высокой (0,84) частоте встречаемости аллеля PRL^A и низкой (0,16) аллеля PRL^B. Что нашло отражение в присутствии гомо-, гетерозиготных генотипов с частотой встречаемости 73,0; 23,0; 4,0 %, соответственно.

Таблица 2. Генотипы в исследуемых популяциях
Table 2. Genotypes in populations studied

Параметры Parameters	Table 2. Genotypes and their frequencies								
	GH			PRL			PIT-1		
	Генотип / Genotypes								
	VV* (V)	LV	LL (L)	AA (A)	AB	BB* (B)	AA* (A)	AB	BB (B)
	красная степная, (n=47) / red steppe, (n=47)								
Частота аллеля Allele frequency	0,30		0,70	0,84		0,16	0,41		0,59
Частота генотипов, % Genotype frequency, %	21,0	19,0	60,0	73,0	23,0	4,0	23,0	35,0	42,0

Помимо этого, была проведена оценка генетической структуры подопытных коров, посредством генетико-статистического анализа. Показатели исследуемых генетических констант зависели как от гена, так и от ареала выращивания крупного рогатого скота

Так, степень гомозиготности (Ca, %), свидетельствующая о консолидации стада, варьировала в пределах – 51,6 %, в локусе гена PIT-1 в стаде красной степной породы.

Степень гомозиготности в локусе гена PRL в популяции коров красной степной породы составила 73,1 %. Относительно степени гомозиготности расположенной в локусе гена GH, варибельность данного показателя у анализируемого скота была низкой – 57,9 %.

Количество эффективно действующих аллелей (Na) в локусе гена PIT-1 у исследуемого поголовья имели значение – 1,95.

Количество эффективно действующих аллелей (ген PRL) – 1,38. Большие показатели – 1,73 число эффективно действующих аллелей было выявлено в локусе того же гена.

Установлена значительная варибельность степени генетической изменчивости (V, %) в локусах изучаемых генов исследуемых стад. Так, степень генетической изменчивости в локусе гена PIT-1 составило – 46,4 %.

Варибельность генетической изменчивости в локусе гена PRL имела показатель – 24,9% в популяции коров красно-степной породы. Что касается генетической изменчивости в локусе гена GH, то наивысшие значения этого показателя составили 40,0 %.

В отношении гена GH отмечалось нарушение генетического равновесия – $\chi^2=15,0$, что помимо естественного отбора можно объяснить такими факторами как: неслучайный подбор партнеров при спаривании, свойственный некоторым животным или разделение популяции на две неравные части некими неожиданно возникшими естественными или искусственными барьерами и т.д.

Наблюдаемая (Hobs), а также ожидаемая (Hexp) гетерозиготности гена PIT-1 у исследуемого поголовья имел значительные показания (0,549 и 0,83).

Уровни Hobs и Hexp гена PRL, были не высокими у подопытного поголовья, с показателями 0,297 и 0,367. Уровень наблюдаемой (Hobs) гетерозиготности гена GH имело показатель – 0,232. Также следует отметить, что значение варибельности для показателя уровень ожидаемой гетерозиготности (Hexp) имело значение 0,725 для изучаемой породы скота.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Генотипирование красно-степной породы дало возможность установить присутствие следующих аллелей (GH^V и GH^L , PRL^A и PRL^B , $PIT-1^A$ и $PIT-1^B$).

Варибельность уровня гомозиготности в исследуемой выборке, указывающая на консолидацию генофонда крупного рогатого скота породы красная степная, была относительно не высокой, однако уровень генетической изменчивости в изучаемой популяции имел значение – 24,9–46,4 %.

Результаты проведенных исследований говорят о своеобразии популяционного, породного генофонда в изученной выборке крупного рогатого скота породы красная степная.

Генетические подходы по увеличению породных и продуктивных качеств изучаемых пород, являются современными и основываются на тщательном анализе генетического разнообразия и генотипа изучаемых пород, способствуют сохранению районированных пород. В то же время внутривидовая изменчивость и хорошая адаптивность должны обеспечить устойчивое развитие молочного скотоводства в различных природно-климатических зонах.

БИБЛИОГРАФИЧЕСКИЙ СПИСОК

1. Крюков В.И., Шалимова О.А., Друшляк Н.Г., Пикунова А.В. ДНК-диагностика в селекции крупного рогатого скота // Вестник Орел ГАУ. 2012. № 1. С. 62–68.
2. Селионова М.И., Чижова Л.Н., Бобрышова Г.Т., Суржикова Е.С., Михайленко А.К. Перспективные генетические маркеры крупного рогатого скота // Вестник АПК Ставрополя. 2018. № 3(31). С. 44–51.
3. Оздемиров А.А., Чижова Л.Н., Хожиков А.А., Суржикова Е.С., Михайленко А.К. Гематологический профиль, генетическая изменчивость молочного скота кавказской бурой породы в разных эколого-географических зонах // Юг России: экология, развитие. 2021. Т. 16. № 4(61). С. 146–151.
4. Столповский Ю.А., Захаров-Гезехус И.А. Проблема сохранения генофондов domesticированных животных // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2017. Т. 21. № 4. С. 477–486. <https://doi.org/10.18699/VJ17.266>
5. Дроздов Е.В., Заякин В.В., Нам И.Я. Анализ полиморфизма генов каппа-казеина, β -лактоглобулина, пролактина, ген релизинг-фактора и соматотропина по AluI и MspI маркерам у коров айрширской породы // Вестник Брянского гос. университета. 2009. С. 119–125.
6. Zatoń-Dobrowolska M., Ćitek J., Filistowicz A. Genetic distance between the Polish Red, Czech Red and German Red cattle estimated based on selected loci of protein coding genes and

- DNA microsatellite sequences // Anim. Sci. Papers and Reports. 2007. V. 25. N 1. P. 45–54.
7. Eydivandi C., Amirinia C., Jomeh-Kashan N.E., Chamani M., Fayazi J.. Study of factor XI deficiency in Khuzestan cattle population of Iran // African Journal of Biotechnology. 2011. V. 10. P. 718–721.
8. Volkova V.V., Abdelmanova A.S., Deniskova T.E., Romanenkova O.S., Khozhokov A.A., Ozdemirov A.A., Sermyagin A.A., Zinovieva N.A. Investigation of the genetic diversity of dagestan mountain cattle using str-markers // Diversity. 2022. V. 14. N 7. C. 569.
9. Селионова М.И., Чиждова Л.Н., Суржикова Е.С., Шарко Г.Н., Михайленко Т.Н., Чудновец А.И. Порожденные особенности аллельного профиля генов, контролирующих молочную продуктивность крупного рогатого скота // АгроЗооТехника. 2019. Т. 2. N 1. С. 3.
10. Оздемиров А.А., Селионова М.И., Чиждова Л.Н., Хожиков А.А., Суржикова Е.С., Рамазанова Д.М. Полиморфизм генов pit-1, prl, gh молочного скота кавказской бурой породы, разводимого в различных природно-экологических зонах республики дагестан // Юг России: экология, развитие. 2020. Т. 15. N 2(55). С. 165–171.

REFERENCES

1. Kryukov V.I., Shalimova O.A., Drushlyak N.G., Pikunova A.V. DNA diagnostics in cattle breeding. Vestnik Orel GAU [Bulletin Orel GAU]. 2012, no. 1, pp. 62–68. (In Russian)
2. Selionova M.I., Chizhova L.N., Bobryshova G.T., Surzhikova E.S., Mikhailenko A.K. Promising genetic markers of cattle. Vestnik APK Stavropol'ya [Bulletin of the APK of Stavropol]. 2018, no. 3(31), pp. 44–51. (In Russian)
3. Ozdemirov A.A., Chizhova L.N., Khozhokov A.A., Surzhikova E.S., Mikhailenko A.K. Hematological profile, genetic variability of dairy cattle of the Caucasian brown breed in different ecological and geographical zones. Yug Rossii : ekologiya,

- razvitiye [South of Russia: ecology, development]. 2021, vol. 16, no. 4(61), pp. 146–151. (In Russian)
4. Stolpovsky Yu.A., Zakharov-Gezekhus I.A. The problem of preserving the gene pools of domesticated animals Vavilov Journal of Genetics and Breeding, 2017, vol. 21, no. 4, pp. 477–486. (In Russian). <https://doi.org/10.18699/VJ17.266>
5. Drozdov E.V., Zayakin V.V., Nam I.Ya. Analysis of the gene polymorphism of kappa-casein, β -lactoglobulin, prolactin, the releasing factor gene and somatotropin for Alul and Mspl markers in Ayrshire cows. Vestnik Bryanskogo gos. universiteta [Bulletin of Bryansk State. University]. 2009, pp. 119–125. (In Russian)
6. Zatoń-Dobrowolska M., Čitek J., Filistowicz A. Genetic distance between the Polish Red, Czech Red and German Red cattle estimated based on selected loci of protein coding genes and DNA microsatellite sequences. Anim. Sci. Papers and Reports. 2007, vol. 25, no. 1, pp. 45–54.
7. Eydivandi C., Amirinia C., Jomeh-Kashan N.E., Chamani M., Fayazi J. Study of factor XI deficiency in Khuzestan cattle population of Iran. African Journal of Biotechnology. 2011, vol. 10, pp. 718–721.
8. Volkova V.V., Abdelmanova A.S., Deniskova T.E., Romanenkova O.S., Khozhokov A.A., Ozdemirov A.A., Sermyagin A.A., Zinovieva N.A. Investigation of the genetic diversity of dagestan mountain cattle using str-markers. Diversity. 2022, vol. 14, no. 7, p. 569.
9. Selionova M.I., Chizhova L.N., Surzhikova E.S., Shariko G.N., Mikhailenko T.N., Chudnovets A.I. Breed features of the allelic profile of genes that control the milk productivity of cattle. AgroZooTehnika. 2019, vol. 2, no. 1, p. 3. (In Russian)
10. Ozdemirov A.A., Selionova M.I., Chizhova L.N., Khozhokov A.A., Surzhikova E.S., Ramazanova D.M. Polymorphism of genes pit-1, prl, gh of Caucasian brown breed dairy cattle bred in various natural-ecological zones of the Republic of Dagestan. Yug Rossii: ekologiya, razvitiye [South of Russia: ecology, development]. 2020, vol. 15, no. 2(55), pp. 165–171. (In Russian)

КРИТЕРИИ АВТОРСТВА

Алимсолтан А. Оздемиров и Абдусалам А. Хожиков провели ДНК- исследования и проанализировали данные. Зухра М. Гусейнова и Мадина А. Даветеева отобрали биоматериал для исследований. Все авторы в равной степени участвовали в написании рукописи и несут ответственность при обнаружении плагиата, самоплагиата или других неэтических проблем.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

AUTHOR CONTRIBUTIONS

Alimsoltan A. Ozdemirov and Abdusalam A. Khozhokov conducted DNA research and analysed the data. Zukhra M. Huseynova and Madina A. Daveteeva selected biomaterial for research. All authors are equally participated in the writing of the manuscript and are responsible for plagiarism, self-plagiarism and other ethical transgressions.

NO CONFLICT OF INTEREST DECLARATION

The authors declare no conflict of interest.

ORCID

Алимсолтан А. Оздемиров / Alimsoltan A. Ozdemirov <https://orcid.org/0000-0003-2150-2192>
Абдусалам А. Хожиков / Abdusalam A. Khozhokov <https://orcid.org/0000-0002-7303-0222>
Зухра М. Гусейнова / Zukhra M. Huseynova <https://orcid.org/0000-0003-1728-2844>
Мадина А. Даветеева / Madina A. Daveteeva <https://orcid.org/0000-0002-6429-7697>