

Крамаренко О.С.

*кандидат сільськогосподарських наук, старший викладач,
Миколаївський національний аграрний університет*

ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ STR-ЛОКУСІВ ТА ЇХ ЗВ'ЯЗОК ІЗ ЖИВОЮ МАСОЮ ХУДОБИ

Не зважаючи на те, що а-ргіогі мікросателіти ДНК є нейтральними молекулярно-генетичними маркерами, починаючи з середини 1990-х років почали з'являтися повідомлення про наявність вірогідних зв'язків між наявністю/відсутністю певних алелів досліджуваних локусів мікросателітів та різними ознаками продуктивності сільськогосподарських тварин [1-4]. Крім того, було виявлено цілий ряд QTL, розташованих на різних хромосомах великої рогатої худоби, що пов'язані із показниками живої маси на різних етапах їх росту та фланковані певними локусами мікросателітів ДНК (МС-ДНК) [5; 6].

Головною метою дослідження став пошук вірогідної асоціації між ознаками росту телиць південної м'ясної породи (ПМП) та їх поліморфізмом за STR-локусами.

Дослідження було проведено на поголів'ї телиць ПМП (загалом – 192 голови) ДП «ДГ Асканійське» Асканійської державної сільськогосподарської дослідної станції Інституту зрошуваного землеробства НААН Каховського району Херсонської області. Це єдина порода в Україні і на Європейському континенті, сформована шляхом міжвидової гібридизації між *Bos taurus* та *B. indicus* [7; 8].

У дослідженнях використовували чотири мікросателітних локуси, що рекомендовані ISAG – *TGLA227*, *BM2113*, *BM1818* та *BM1824*. В якості показників динаміки живої маси телиць ПМП були використані три показники інтенсивності росту (у г): середньодобовий приріст від народження до віку 18 міс. (ADG); середньодобовий приріст від народження до відлучення (ADG1); середньодобовий приріст на відгодівлі (до віку 18 міс.) (ADG2).

Оснoву експерименту складала перевірка нуль-гіпотези (з використанням критерію Ст'юдента) щодо відсутності відмінностей за показниками росту живої маси між тваринами, що мали певний алель за дослідженими STR-локусами – для цього тварини були розподілені на дві групи за наявністю/відсутністю в їх генотипі відповідного алеля. Всю статистичну обробку було проведено за допомогою програмного забезпечення MS Excel.

Отримані нами дані свідчать про те, що тварини, в генотипі яких були присутні певні алелі за локусами МС-ДНК, вірогідно відрізнялися у відношенні приростів живої маси у різні вікові періоди (таблиця 1).

Таблиця 1

Результати перевірки гіпотези щодо впливу наявності/відсутності певних алелів за локусами МС-ДНК на прирости телиць ПМП, г/доба

Локус	Алель (п.н.)	Ознаки	Алель відсутній		Алель присутній		t	P
			n	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$	n	$\bar{X} \pm S_{\bar{X}}$		
TGLA227	83	ADG1	138	743 ± 13	10	873 ± 46	2,59	0,011
BM2113	141	ADG	97	570 ± 9	7	498 ± 18	2,10	0,038
BM1818	258	ADG1	132	738 ± 13	16	865 ± 38	3,10	0,002
BM1824	178	ADG	93	555 ± 8	11	648 ± 41	3,47	<0,001

В цілому, було відмічено три алеля (*BM1824*¹⁷⁸, *TGLA227*⁸³, *BM1818*²⁵⁸), наявність яких в генотипі телиць ПМП забезпечували більш інтенсивний ріст живої маси та один (*BM2113*¹⁴¹), що пов'язаний із повільним зростанням живої маси у різні вікові періоди. Раніше серед різних порід ВРХ та зебу було вже доведено наявність позитивної (або негативної) кореляції між окремими алелями (або генотипами) мікросателітів та показниками їх росту та розвитку.

Так, в роботі ДеАтлей із співавторами [9] було показано, що локус *ETH10* був тісно пов'язаний із живою масою при народженні (для помісних тварин Angus × Brahman) та при відлученні (для тварин породи Angus). Худоба породи Hereford із генотипом *CSFM50*^{180/184} мала найвищу живу масу при відлученні, а присутність в їх генотипі алеля *CSFM50*¹⁷⁶, навпаки, призводила до значного падіння показника цієї ознаки [10].

Наявність (АТ)п-алеля довжиною в 225 п.н. за локусом мікросателіта в межах гену *IGF1* позитивно корелювала із живою масою при народженні та відлученні помісних тварин *B. indicus* × *B. taurus*, у той час як наявність алеля довжиною 231 п.н., навпаки, маркірувала тварин із самими низькими значеннями цих ознак [11]. З іншого боку, 229→225 заміна за цим маркером серед зебу породи Nellore та 225→229 заміна серед худоби породи Angus мали протилежний ефект у відношенні ознак живої маси, хоча в обох випадках не була вірогідною [12]. Для маркера *bGHR* в промоторному регіоні встановлено наявність повтору (TG)_n, де n може варіювати від 16 до 20 (L-алель, який притаманний різним породам *B. taurus*), або n = 11 (S-алель, який притаманний зебу). Серед плідників

породи Angus встановлено вірогідну різницю тварин із генотипами L/L та L/S у відношенні живої маси при відлученні (17 ± 4 кг; $P < 0,01$), тоді як для живої маси при народженні такі відмінності були відсутні [13]. Крім того, L→S заміна за цим геном призводила до вірогідної зміни як живої маси тіла як деяких порід зебу (Nellore та Canchim) та BPX (Angus), так й її приросту на відгодівлі [12]. Відомі й приклади позитивного впливу наявності певних алелів за локусами мікросателітів на показники приросту. Так, тварини породи Japanese Black cattle, що мали алель (TG)₁₉ на ділянці 5'UTR гену *GHSR1*, характеризувалися найвищими приростами протягом періоду експерименту [14]. Також, аналогічну дію було встановлено для низки алелей локусів *INRA11*, *INRA64* та *ETH131* у тварин породи Piemontese [15].

Таким чином, нами було встановлено, що телиці ПМП, в генотипі яких були присутні певні алелі за локусами MC-ДНК, вірогідно відрізнялися у відношенні приростів живої маси у різні вікові періоди. В цілому, було відмічено три алелі (*BM1824*¹⁷⁸, *TGLA227*⁸³, *BM1818*²⁵⁸), наявність яких в генотипі телиць забезпечували більш інтенсивний ріст живої маси та один (*BM2113*¹⁴¹), що пов'язаний із повільним зростанням живої маси у різні вікові періоди.

Подяки. Публікація містить результати досліджень, проведених за грантом Президента України за конкурсним проектом Ф82/2019 (номер державної реєстрації 0119U103477).

Список використаних джерел:

1. Fitzsimmons C. J., Schmutz S. M., Bergen R. D., McKinnon J. J. A potential association between the *BM1500* microsatellite and fat deposition in beef cattle // Mammalian Genome. – 1998. – V. 9(6). – P. 432-434.
2. Lali F. A., Bindu K. A. Microsatellite *BM1500* polymorphism and milk production traits in Vechur and crossbred cattle of Kerala // Veterinarski arhiv. – 2011. – V. 81(1). – P. 35-42.
3. Zabolewicz T., Czarnik U., Strychalski J., Pareek C. S., Pierzchała M. The association between microsatellite *Bm6438* and milk performance traits in Polish Holstein-Friesian cattle // Czech Journal of Animal Science. – 2011. – V. 56(3). – P. 107-113.
4. Ali A. A., Thomson P. C., Kadarmideen H. N. Association between microsatellite markers and bovine tuberculosis in Chadian Zebu cattle // Open Journal of Animal Sciences. – 2013. – V. 3(1). – P. 27-35.
5. Kim J. J., Farnir F., Savell J., Taylor J. F. Detection of quantitative trait loci for growth and beef carcass fatness traits in a cross between *Bos taurus* (Angus) and *Bos indicus* (Brahman) cattle // Journal of Animal Science. – 2003. – V. 81(8). – P. 1933-1942.

6. Grosz M. D., MacNeil M. D. Putative quantitative trait locus affecting birth weight on bovine chromosome 2 // *Journal of Animal Science*. – 2001. – V. 79(1). – P. 68-72.

7. Вдовиченко Ю. В., Вороненко В. І., Найдьонова В. О., Омельченко Л. О. М'ясне скотарство в степовій зоні України // *Нова Каховка : ПИЕЛ*, 2012. – 308 с.

8. Крамаренко О. С. Оцінювання генетичної структури та прогнозування продуктивності тварин південної м'ясної породи за ДНК-маркерами // *Миколаїв: «Ліон»*, 2017. – 167 с.

9. DeAtley K. L., Rincon G., Farber C. R., Medrano J. F., Luna-Nevarez P., Enns R. M., et al. Genetic analyses involving microsatellite *ETH10* genotypes on bovine chromosome 5 and performance trait measures in Angus-and Brahman-influenced cattle // *Journal of animal science*. – 2011. – V. 89(7). – P. 2031-2041.

10. Bressel R. M. C., Regitano L. D. A., Toral F. L. B., Moreira H. L. M. Association of microsatellite *CSFM50* with weaning weight in Hereford beef cattle. *Proceedings of the World Conference on animal production* // Porto Alegre: SBZ: WAAP: ALPA: UFRGS, 2003. – С. 241-244.

11. Andrade P. C., Grossi D. A., Paz C. C. P., Alencar M. M., Regitano L. C. A., Munari D. P. Association of an insulin-like growth factor 1 gene microsatellite with phenotypic variation and estimated breeding values of growth traits in Canchim cattle // *Animal genetics*. – 2008. – V. 39(5). – P. 480-485.

12. Curi R. A., De Oliveira H. N., Silveira A. C., Lopes C. R. Effects of polymorphic microsatellites in the regulatory region of *IGF1* and *GHR* on growth and carcass traits in beef cattle // *Animal Genetics*. – 2005. – V. 36(1). – P. 58-62.

13. Hale C. S., Herring W. O., Shibuya H., Lucy M. C., Lubahn D. B., Keisler D. H., Johnson G. S. Decreased growth in angus steers with a short TG-microsatellite allele in the P1 promoter of the growth hormone receptor gene // *Journal of Animal Science*. – 2000. – V. 78(8). – P. 2099-2104.

14. Komatsu M., Itoh T., Fujimori Y., Satoh M., Miyazaki Y., Takahashi H. et al. Genetic association between *GHSR1a* 5' UTR-microsatellite and *nt-7* (C>A) loci and growth and carcass traits in Japanese Black cattle // *Animal Science Journal*. – 2011. – V. 82(3). – P. 396-405.

15. Ciampolini R., Mazzanti E., Cianci D. DNA microsatellites associated with morphological traits in beef cattle // *Annali della Facoltà di Medicina veterinaria*. – 2002. – V. 55. – P. 205-221.