

полученные при изучении генетического разнообразия эвенкийской породы домашних северных оленей по микросателлитным локусам, свидетельствует о существовании своеобразной генетической структуры в породах северного оленя и определенных межпородных и межпопуляционных различиях, отражающих генетические связи животных. Популяционно-генетический анализ позволяет не только оценивать, но и сравнивать показатели разнообразия и генетического сходства (родства) данных трех популяций северных оленей.

В практику селекционной работы в оленеводстве необходимо внедрять результаты оценки по микросателлитам в целях подтверждения достоверности происхождения домашних и диких северных оленей в разных популяциях, чтобы поддерживать определенный уровень генетического разнообразия.

При проведении исследований использовано оборудование ЦКП «Биоресурсы и биоинженерия сельскохозяйственных животных» ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста.

Работа проведена в рамках выполнения задания Министерства науки и высшего образования РФ по теме FGGN-2022-0002.

Пробы оленей были получены в рамках выполнения работы проекта РНФ №21-16-00071.

#### Список литературы:

1. Баскин Л. М. Северный олень. Управление поведением и популяциями. Оленеводство. Охота. Москва: Товарищество научных изданий КМК. – 2009. – 284 с.

2. Доцев А. В., Аксенова П. В., Волкова В. В., Харзинова В. Р., Костюнина О. В., Мнацеканов Р. А., Зиновьева Н. А. Исследование аллелофонда и генетической структуры Российской популяции зубров (*Bison bonasus*) Кавказско-беловежской линии. Экологическая генетика. Том 15. – №2. – 2017.

3. Харзинова В. Р., Доцев А. В., Соловьева А. Д., Федоров В. И., Охлопков И. М., Виммерс К., Рейер Х., Брем Г., Зиновьева Н. А. Популяционно-генетическая характеристика домашнего северного оленя в Республике Якутия на основании полногеномного SNP-анализа. Сельскохозяйственная биология. – 2017. – Т. 52. – № 4. – С. 669–678.

4. Харзинова В. Р., Гладырь Е. А., Федоров В. И., Романенко Т. М., Шимит Л. Д., Лайшев К. А., Калашникова Л. А., Зиновьева Н. А. Разработка мультиплексной панели микросателлитов для оценки достоверности происхождения и степени дифференциации популяций северного оленя *Rangifer tarandus*. Сельскохозяйственная биология. – 2015. – Т. – 50. – № 6. – С. 756–765.

DOI: 10.48612/sbornik-2022-1-7

УДК 591.151:636.22/.28(470.67)

### ОСОБЕННОСТИ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ *PIT-1*, *PRL* У КОРОВ КАВКАЗСКОЙ БУРОЙ ПОРОДЫ, РАЗВОДИМОЙ В РЕСПУБЛИКЕ ДАГЕСТАН

Суржикова Евгения Семеновна, канд. с.-х. наук

Михайленко Татьяна Николаевна

Евлагина Дарья Дмитриевна, аспирант

ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр»,

г. Михайловск, Российская Федерация

В данной работе представлены результаты ДНК-тестирования коров кавказской бурой породы, разводимой в кооперативном хозяйстве «Агрофирма Чох» Гунибского района Республики Дагестан. Определён полиморфизм по генам молочной продуктивности: гипофизарный фактор транскрипции (*PIT-1*), пролактин (*PRL*). Полученные данные показывают различия по распределению частот встречаемости аллелей и генотипов в горной и в равнинной местности.

**Ключевые слова:** ген; *PIT-1*; *PRL*; полиморфизм

**SPECIFIC FEATURES OF *PIT-1*, *PRL* GENES POLYMORPHISM IN THE BROWN CAUCASIAN CATTLE BREED IN THE REPUBLIC OF DAGESTAN**

Surzhikova Evgeniya Semenovna, PhD Agr. Sci.

Mikhailenko Tatiana Nikolaevna

Evlagina Darya Dmitrievna, PhD student

FSBSI «North Caucasian Federal Agricultural Research Centre», Mikhaylovsk, Russian Federation

This paper presents the results of DNA-testing of Caucasian brown cows bred in the cooperative farm "Agrofirma Choh" of the Gunib district of the Republic of Dagestan. Polymorphism of milk productivity genes was determined: pituitary transcription factor (*PIT-1*), prolactin (*PRL*). The data obtained show differences in the frequency distribution of alleles and genotypes in mountainous and lowland areas.

**Keywords:** gene; *PIT-1*; *PRL*; polymorphism.

Животные с более высокой продуктивностью представляют весомую ценность для животноводов и фермеров. У сельскохозяйственных животных продуктивные показатели зависят от многих факторов, таких как условия содержания, кормления, места нахождения скота (горы, равнина), влияние оказывают наследственные и индивидуальные особенности коров. Однако следует помнить, что рост и характеристики туши, молочная продуктивность, также находятся под контролем нескольких генов, оказывающих влияние на развитие животного. Современные технологии позволяют учёным повысить точность и эффективность традиционных методов селекции за счёт применения генетических маркеров [2, 3, 4, 5]. На сегодняшний день проведено несколько исследований по выявлению генов-кандидатов, оказывающих влияние на продуктивные показатели сельскохозяйственных животных. К наиболее востребованным ДНК-маркерам молочного скота, относятся такие гены как: *гипофизарный фактор транскрипции (PIT-1)*, *пролактин (PRL)* [1, 7].

Ген *PIT-1* у крупного рогатого скота, расположен в центромерной зоне первой хромосомы. Белок содержит 291 аминокислоту, являющийся членом POU-домена, занимает особое место в детерминации молочной продуктивности и рассматривается как третья самая высокая ступень в регуляции этого процесса. Аллель *PIT-1<sup>B</sup>* – ассоциирована с качественными характеристиками молока – жирно- и белковомолочности [6].

Пролактин – полипептидный гормон, синтезируемый и секретируемый в основном специальными клетками передней доли гипофиза. Ген пролактина (*PRL*) крупного рогатого скота, является геном-кандидатом, влияющим на показатели молочной продуктив-

ности, локализован на 23 хромосоме, состоит из пяти экзонов и четырёх интронов. Установлено, что наличие аллели *PRL<sup>B</sup>* способствует повышенному содержанию белка в молоке [8, 9].

Цель настоящего исследования заключалась в установлении полиморфизма в генах *PIT-1*, *PRL* и проведении генетико-статистического анализа в стадах коров кавказской бурой породы, выращенных в горной и равнинной местности.

**Методика исследований.** Объект исследования – крупный рогатый скот молочного направления продуктивности кавказской бурой породы. В выборку вошли животные из двух стад различных климатических зон (горы и равнина), разводимые в К/Х «Агрофирма Чох» Гунибского района Республики Дагестан.

Молекулярно-генетические исследования проводили в лицензируемой лаборатории иммуногенетики и ДНК-технологий ВНИИОК – филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ» (Свидетельство ПЖ – 77 №008326 от 18.04.2018). Биоматериалом служила цельная кровь коров, отобранная в вакуумные пробирки, содержащие ЭДТА К<sup>3</sup>. ДНК выделяли с использованием коммерческого набора «*DIAtomtmDNA Prep100*» (IsoGeneLab, Москва). Генотипирование проводили методом ПЦР-ПДРФ (полимеразная цепная реакция – полиморфизм длин рестрикционных фрагментов). Амплификация участков генов *PIT-1*, *PRL* осуществлялась с применением специализированных праймеров на программируемом 4-х канальном термоциклере «Терцик» в общем объёме реакционной смеси 20-25 мкл. Рестрикция продуктов амплификации проводилась с помощью эндонуклеаз: *PIT-1/Hinfl*, *PRL/RsaI*. Для идентификации продуктов ПЦР использовался метод горизонтального гель-

электрофореза.

**Результаты исследований и их обсуждение.** Анализом результатов ДНК-тестирования установлено, что полиморфизм гена *PIT-1* в исследуемой популяции коров представлен 2-мя аллелями – *PIT-1<sup>A</sup>* и *PIT-1<sup>B</sup>*, при этом у животных в условиях горной и равнинной местности частота встречаемости аллеля *PIT-1<sup>B</sup>* выше (0,90 и 0,82 соответственно), в сравнении с аллелем *PIT-1<sup>A</sup>*. В условиях равнинной местности наблюдается отсутствие особей с гомозиготным генотипом *PIT-1<sup>AA</sup>*, тогда как на горной территории частота встречаемости генотипа составила 2,0 %. Частота встречаемости гомозиготного *PIT-1<sup>BB</sup>* и гетерозиготного *PIT-1<sup>AB</sup>* генотипов у животных, находящихся в горах, составила – 82,0; 16,0, в равнинной зоне – 65,0; 35,0 соответственно.

Полиморфизм в локусе гена *PRL* также

представлен двумя аллелями – *PRL<sup>A</sup>* и *PRL<sup>B</sup>* с разной частотой встречаемости. У животных, обитающих в равнинной местности, отмечена низкая (0,13) частота встречаемости желательного аллеля *PRL<sup>B</sup>* и высокая (0,87) – аллеля *PRL<sup>A</sup>*. Аналогичная ситуация наблюдается у особей разводимых в горах: частота встречаемости аллеля *PRL<sup>B</sup>* равна 0,25, аллеля *PRL<sup>A</sup>* – 0,75. Частота встречаемости генотипов в популяции коров, находившихся в окрестностях равнины, была высокая (80,0 %) для гомозиготного варианта *PRL<sup>AA</sup>*, низкая (15,0 %) для гетерозиготного *PRL<sup>AB</sup>* и очень низкая (5,0 %) у желательного гомозиготного генотипа *PRL<sup>BB</sup>*. У животных, расположенных в горной местности, наблюдается похожая ситуация: частота встречаемости генотипов составила *PRL<sup>AA</sup>* – 54,0; *PRL<sup>AB</sup>* – 42,0 и *PRL<sup>BB</sup>* – 4,0 % (табл. 1).

Таблица 1 – Аллельный спектр генов *PIT-1*, *PRL* в исследуемых популяциях

Показатель	Ген/генотип					
	<i>PIT-1</i>			<i>PRL</i>		
	<i>PIT-1<sup>AA</sup></i> (A)*	<i>PIT-1<sup>AB</sup></i>	<i>PIT-1<sup>BB</sup></i> (B)	<i>PRL<sup>AA</sup></i> (A)	<i>PRL<sup>AB</sup></i>	<i>PRL<sup>BB</sup></i> (B)*
Горы, (n=50)						
Частота генотипов, %	2,0	16,0	82,0	54,0	42,0	4,0
Частота аллеля	0,10		0,90	0,75		0,25
Равнина, (n=20)						
Частота генотипов, %	0	35,0	65,0	80,0	15,0	5,0
Частота аллеля	0,18		0,82	0,87		0,13

Методами генетико-статистического анализа дана оценка генетической структуры популяции кавказской бурой породы в разных природно-географических условиях.

Показатель степени гомозиготности (*Ca*) в гене *PIT-1* колебался от 70,5 % в выборке коров, содержащихся на равнине до 82,0 % у животных, расположенных в горной местности. В гене *PRL* данный показатель у животных в горах составил 62,5 %, а на территории равнины – 77,4 %.

Уровень полиморфности локуса (*Na*) у животных по генам *PIT-1* и *PRL* в горах составил 1,22 и 1,60; на равнине 1,42 и 1,29 соответственно.

Степень генетической изменчивости (*V*) по гену *PRL* в выборке коров, содержащихся на горной местности, в два раза выше в сравнении с коровами, обитающими в равнине. В гене *PIT-1* наблюдается обратная ситуация,

данный показатель у животных, находящихся на территории низины, в полтора раза выше (24,5 %), чем у животных обитающих в горах (16,0 %) (табл. 2).

Уровень наблюдаемой (*Hobs*) и ожидаемой (*Hexp*) гетерозиготности гена *PIT-1* – характеризуется относительно низким показателем у коров, находящихся в области низины, по сравнению с особями, содержащимися в горных окрестностях: 0,538 и 0,870, против 0,190 и 0,620 соответственно. Тест гетерозиготности (ТГ), свидетельствующий об уровне генетического разнообразия популяции, для гена *PIT-1* у животных обитающих в равнине имел положительное значение и составил +0,12, для животных горной зоны он оказался отрицательный (–0,03), что может свидетельствовать о снижении гетерозиготных особей на высокогорье.

Таблица 2 – Генетическая структура коров кавказской бурой породы в разных условиях выращивания

Показатель		Группа животных	
		горы	равнина
<i>PIT-1</i>	Ca, %	82,0	70,5
	Na	1,22	1,42
	V, %	16,0	24,5
	Hobs	0,190	0,538
	Hex	0,620	0,870
	TГ	-0,03 Ф<Т	+0,12 Ф>Т
<i>PRL</i>	Ca, %	62,5	77,4
	Na	1,60	1,29
	V, %	35,5	17,6
	Hobs	0,724	0,176
	Hex	0,599	0,290
	TГ	+0,13 Ф>Т	-0,11 Ф<Т

Для гена *PRL* показатели *Hobs* и *Hex* были низкими в выборке коров, выращиваемых на территории равнины, в сравнении с животными в горной местности: 0,176 и 0,290, против 0,724 и 0,599.

Следовательно, тест гетерозиготности оказался отрицательным (-0,11) у популяции коров кавказской бурой породы, обитающих в равнине и положительным (+0,13) у животных, разводимых в горной местности.

**Выводы.** Методы ДНК-диагностики имеют достоверную информацию о генетическом потенциале как отдельных животных, так и популяции в целом, об этом свидетельствуют полученные результаты. Установлено, что гены *PIT-1* и *PRL* в стадах коров кавказской бурой породы полиморфны и имеют различия по распределению частот встречаемости аллелей и генотипов как в горной, так и в равнинной местности. Свидетельствующий об уровне генетического разнообразия тест гетерозиготности показал, что у популяции коров, находящихся в горной местности по гену *PIT-1* наблюдается снижение особей носителей гетерозиготных генотипов, тогда как по гену *PRL* такая ситуация складывается в равнинной зоне.

Исследования доказывают, что систематическое пополнение информации базы данных по генетическим маркерам позволит получить подробную картину динамики генетических процессов, а также данные об изменениях в структуре генофонда пород и других объективных генетических параметров.

### Список литературы

1. Зиновьева Н. А. Изучение генетического разнообразия и популяционной структуры российских пород крупного рогатого скота с использованием полногеномного анализа SNP / Н. А. Зиновьева, А. В. Доцев, А. А. Сермягин, К. Виммерс, Х. Рейер, Й. Солкнер, Т.Е. Денискова, Г. Брем // Сельскохозяйственная биология. – 2016. – том 51. – N 6. – С. 788–800. DOI: 10.15389/agrobiology.2016.6.788rus.
2. Иванова И. П. Применение селекционно-генетических параметров в племенной работе с молочным скотом / И. П. Иванова, И. В. Троценко // Вестник Крас-ГАУ. – 2019. – № 3(144). – С. 65–70.
3. Лазебная И. В. Исследование крупного рогатого скота бурятской породы с использованием генов-кандидатов / И. В. Лазебная, А. В. Перчун // Евразийский союз учёных. – 2016. – N 31 (2). – С. 6–9.
4. Леонова М. А. Интенсификация селекционного процесса в животноводстве с использованием метода ПЦР [Текст] / М. А. Леонова [и др.] // Молодой ученый. – 2014. – №11. – С. 172–175.
5. Племяшов К. Геномная селекция будущего животноводства // Животноводство России. 2014. – № 5. – С.2–4.
6. Селионова М. И. Породные особенности аллельного профиля генов, контролирующей молочную продуктивность крупного рогатого скота / М. И. Селионова, Л. Н. Чижова, Е. С. Суржилова, Г. Н. Шарко, Т. Н. Михайленко, А. И. Чудновец // АгроЗооТехника. 2019. – Т.2. – N 1. – С. 3. DOI:10.15838/alt.2019.2.1.3.

7. Селионова М. И. Перспективные генетические маркеры крупного рогатого скота / М. И. Селионова [и др.] // Вестник АПК Ставрополя. 2018. – № 3(31). – С.44–52.

8. Чижова Л. Н. Межпородные особенности полиморфизма генов соматотропин, пролактин у коров молочного направления продуктивности / Л. Н. Чижова, Е. С. Суржикова, Г. П. Ковалева, Т. Н. Михайленко // Сборник науч. трудов ВНИИОК-филиал ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ». 2017. – Т.2. – №10. –

С.108–112.

9. Lazebnaya I. V. Distribution of gh1, ghr, and prl gene polymorphisms in two turano mongolian cattle breeds from russia, china, and mongolia / I. V. Lazebnaya, O. E. Lazebny, Yu. A. Stolpovsky // Molecular Phylogenetics Contributions to the 5th Moscow International Conference "Molecular Phylogenetics and Biodiversity Biobanking". Eds. A. Troitsky and L. Rusin. 2018. – С. 47. DOI: 10.30826/MolPhy2018-27.