DOI: 10.48612/sbornik-2026-1-58
УДК 636.22/.28.082.2

СВЯЗЬ STR ГЕНОТИПОВ БЫКОВ ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ ДЖЕРСЕЙСКОЙ ПОРОДЫ С ПОКАЗАТЕЛЯМИ ИХ ОЦЕНКИ ПО КАЧЕСТВУ ПОТОМСТВА

Ковалюк Наталья Викторовна, д-р биол. наук
Волченко Анастасия Евгеньевна, канд. биол. наук
Якушева Людмила Ивановна, канд. биол. наук
Шахназарова Юлия Юрьевна
Захарчук Роман Алексеевич, аспирант
ФГБНУ «Краснодарский научный центр по зоотехнии и ветеринарии», г. Краснодар, Российская Федерация

Изучена генетическая структура быков-производителей джерсейской породы (n=100), входящих в топ лучших быков согласно данным сайта wwsires.co.uk, по микросателлитным локусам: BM1818, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA126, TGLA122, TGLA227, TGLA53. Для оцененных быков-производителей джерсейской породы получены новые данные о частотах встречаемости аллелей и генотипов микросателлитных локусов и возможной связи определенных аллельных вариантов и генотипов с оценкой по качеству потомства.

Ключевые слова: микросателлитные локусы; STR-маркеры; аллели; генотип; быки-производители; джерсейская порода; показатели оценки

RELATIONSHIP BETWEEN STR GENOTYPES OF JERSEY BREED BULLS AND THEIR ASSESSMENT INDICATORS FOR THE QUALITY OF THE PROGENY

Kovalyuk Natalia Viktorovna, Dr. Biol. Sci.
Volchenko Anastasia Evgenievna, PhD Biol. Sci.
Yakusheva Lyudmila Ivanovna, PhD Biol. Sci.
Shakhnazarova Yulia Yurievna
Zakharchuk Roman Alekseevich, PhD student
Krasnodar Research Centre for Animal Husbandry and Veterinary Medicine, Krasnodar, Russian Federation

The genetic structure of Jersey bulls (n=100) included in the top bulls according to the website wwsires.co.uk, was studied using microsatellite loci: BM1818, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA126, TGLA122, TGLA227, TGLA53. For evaluated Jersey bulls, new data on the frequencies of alleles and genotypes at microsatellite loci and the possible association of certain allelic variants and genotypes with offspring quality assessment have been obtained.

Keywords: microsatellite loci; STR markers; alleles; genotype; bulls; Jersey breed; evaluation indicators

Микросателлиты (STR-маркеры) – короткие тандемные последовательности участков ДНК, распространенные по всему геному с длиной повторяющегося мотива в пределах от 2 до 9 пар нуклеотидов). Общая длина повторов составляет около 300–400 нуклеотидов.

STR-маркеры расположены в разных хромосомах и участках хромосом, характеризуются высокой степенью полиморфизма, позволяют идентифицировать животных, подтверждать их происхождение, чистопородность и оценивать уровень генетического разнообразия стада, в литературе встречаются данные о взаимосвязи уровня гомозиготности по микросателлитным локусам с оценкой племенной ценности и показателями наследуемости [1–8].

Наша рабочая гипотеза заключается в том, что некоторые STR-аллели могут маркировать группы сцепления определенных генов и быть связаны с выраженностью тех или иных хозяйственно-полезных признаков.

Проверка этой гипотезы имеет практический смысл. Дело в том, что отечественные лаборатории молекулярно-генетической экс-

пертизы располагают массивами STR-генотипов коров и телок, которые используют лишь для подтверждения происхождения животных. Для зарубежных быков-производителей можно в свободном доступе получить как STR-генотипы, так и достоверные данные по оценке этих быков по качеству потомства.

Цель проведенных исследований – изучить структуру группы быков-производителей джерсейской породы по микросателлитным локусам: *BM1818, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA126, TGLA122, TGLA227, TGLA53* и попытаться связать результаты зарубежной оценки быков по целому ряду хозяйственно-полезных признаков с их STR-генотипами для использования полученных данных в селекции отечественного скота.

Методика исследований. Объектом изучения послужили STR-генотипы быков-производителей джерсейской породы, входящих в ТОР 100 лучших быков по рейтингу сайта https://wwsires.com/ (n = 100) и данные их оценки по качеству потомства по следующим показателям:

PTAM – (прогнозируемая передающая способность по молочной продуктивности) - это прогноз среднего показателя молочной продуктивности будущих коров из потомства быка- производителя относительно генетического базиса породы или сверстниц в единицах молока за каждый период лактации.

PTAP% – прогнозируемая передающая способность по белку в процентах, то есть оценка прогнозируемого количества белка, которое дочь быка произведет в течение жизни.

PTAP – это прогнозируемая передающая способность по белку. Это прогноз среднего показателя содержания белка у бедующих коров из потомства быка-производителя

PTAF – (прогнозируемая передающая способность по жиру) – это прогноз среднего показателя содержания жира у будущих коров из потомства быка-производителя сверх или ниже уровня генетической базы породы в единицах жира за каждый период лактации.

PTAF% – (прогнозируемая передающая способность по жиру в процентах) – это показатель – оценка прогнозируемого количества жира, которое дочь быка произведет в течение жизни.

PTAT – (прогнозируемая передающая способность по типу) – это способность животного передать генетику по типу или подтверждение улучшения качеств в потомстве.

PL – (период продуктивной жизни или «продуктивное долголетие») – этот индекс измеряет количество дополнительных месяцев жизни дочерей конкретного быка относительно генетического базиса (среднего значения по популяции).

SCS – (индекс содержания соматических клеток) – показывает количество соматических клеток в молоке дочери конкретного быка.

JUI – индекс вымени джерсейского скота, комплексный показатель качества вымени дочерей быка.

DPR – (коэффициент стельности дочерей) – оценивает способность коровы начать цикл, показать наличие эструса, зачать и с охранить стельность, связан с ППС продуктивной жизни.

Нами сформирован массив данных, включающий 100 быков-производителей из ТОР 100 оцененных быков wwsires.co.uk, STR генотипы этих быков и значения для каждого из этих быков по показателям оценки (PTAM, PTAP%, PTAP, PTAF, PTAF%, PTAT, PL, SCS, JUI, DPR)

Следующим шагом было выделение групп быков – носителей определенных аллелей. Если количество носителей было менее 30 в группе, такие группы в расчетах не участвовали.

Информация о STR-профилях быков-производителей (n=100) предоставлена генетическими компаниями США и подтверждена генотипированием. ПЦР проводили с использованием набора CorDIS Cattle (ООО «Гордиз», Россия). Продукты амплификации анализировали с применением генетического анализатора Applied Biosystems 3500 Series Genetic Analyzer. Учитывались следующие STR-маркеры: *BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *ETH10*, *ETH225*, *ETH3*, *INRA023*, *SPS115*, *TGLA126*, *TGLA122*, *TGLA227*, *TGLA53*.

Однофакторный дисперсионный анализ и определение достоверности различий с использованием критерия Стьюдента проведены при помощи программы Microsoft Excel.

Результаты исследований и их обсуждение. Изучена частота встречаемости аллельных вариантов микросателлитных локусов (BM1818, BM1824, BM2113, ETH10, ETH225, ETH3, INRA023, SPS115, TGLA126,

TGLA122, TGLA227, TGLA53) в выборке быков-производителей джерсейской породы.

Установлено, что с самой высокой частотой (0,95) в исследуемой группе выявлены аллели 117 локуса ETH3, 135 локуса BM2113 (с частотой 0,83) и 180 локуса BM1824 (с частотой 0,77).

Установлено, что присутствие в генотипе быков-производителей аллеля TGLA53*160 позволяет прогнозировать у их дочерей более высокое содержание белка (на 9 кг) в молоке, по сравнению с группой быков-носителей аллеля ETH225 *148 (достоверное по результатам дисперсионного анализа и по критерию Стьюдента).

Прибавка количества жира в молоке может быть ассоциирована с носительством генотипа Sps115 248*248 и аллелей ETH225 *150, TGLA122*151, INRA023*206 и TGLA53 *160.

Оценка по типу телосложения достоверно лучше у дочерей быков-носителей генотипа TGLA227 93*93 по сравнению с носителями генотипа TGLA126 117*117 на 0,5 балла.

Индекс продуктивного долголетия лучше у быков – носителей генотипа ETH225 148*148, по сравнению с генотипом Sps115 248*248 на 2,2 единицы, а у быков-производителей носителей генотипа Sps115 248*248 индекс содержания соматических клеток выше, чем у носителей генотипа TGLA122 143*143 на 0,11 единиц.

Коэффициент стельности дочерей достоверно лучше у дочерей быков-носителей аллелей ETH225 *148 и генотипа ETH10 215*215 по сравнению с быками носителями аллелей Bm2113 *133, Sps115 *252 и генотипа ETH225 144*144.

Достоверность отличий между группами определена с использованием дисперсионного анализа и критерия Стьюдента.

Выводы. Таким образом, для оцененных быков-производителей джерсейской породы получены новые данные о частотах встречаемости аллелей и генотипов микросателлитных локусов и возможной связи определенных аллельных вариантов и генотипов с оценкой по качеству потомства.

Список литературы

1. Недашковский И. С. Оценка племенной ценности быков-производителей голштинской породы по качеству потомства в связи с уровнем гомозиготности по STR-маркерам / И. С. Недашковский, О. В. Костюнина, В. В. Волкова [и др.] // Вестник Рязанского государственного агротехнологического университета им. П.А. Костычева. – 2019. – Т. 43. – № 3. – С. 36–43. – DOI: 10.36508/RSATU.2019.43.41328.

2. Проведение исследований по генетической характеристике голштинского скота отечественной селекции на основе STR-маркеров генома с целью разработки критериев определения породной принадлежности животных : отчет о НИОКТР № 122041900193-2 / Н. Г. Рыжова, И. Е. Багаль, Т. Б. Ганченкова [и др.] ; научный руководитель Л.А. Калашникова. – 2023.

3. Сулимова Г. Е. ДНК-маркеры в изучении генофонда пород крупного рогатого скота / Г. Е. Сулимова // Генофонды сельскохозяйственных животных: генетические ресурсы животноводства России / под редакцией И.А. Захарова. – Москва : Наука, 2006. – С. 138–166.

4. Терлецкий В. П. Молекулярно-генетический анализ популяционной структуры генофондных пород крупного рогатого скота / В. П. Терлецкий, В. И. Тыщенко, Л. Г. Сурундаева [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. – 2014. – № 6. – С. 5–7.

5. Bora S. K. Genetic diversity and population structure of selected Ethiopian indigenous cattle breeds using microsatellite markers / S. K. Bora, T. S. Tessema, G. Girmay [et al.] // Genetics Research. – 2023. – № 1. – P. 1–12. – DOI: 10.1155/2023/1106755.

6. Georges M. Characterization to a set of variable number of tandem repeat markers conserved in Bovidae / M. Georges, A. Gunawardana, D.W. Threadgill // Genomics. – 1993. – № 12. – P. 25–32.

7. Lopdell T. J. Using QTL to Identify Genes and Pathways Underlying the Regulation and Production of Milk Components in Cattle / T. J. Lopdell // Animals (Basel). – 2023. – Vol. 13 (5). – P. 911. – DOI: 10.3390/ani13050911.

8. Narayana S. G. Underlying genetic architecture of resistance to mastitis in dairy cattle: A systematic review and gene prioritization analysis of genome-wide association studies / S. G. Narayana, E. Jong, F. Schenkel [et al.] // Journal of Dairy Science. – 2023. – Vol. 106 (1). – P. 323–351. – DOI: 10.3168/jds.2022-21923.