

Племенная и генетическая характеристика стада казахской белоголовой породы*

В.А. Гонтюрев, к.с.-х.н. **А.П. Искандерова**, ст.н.с., ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН; **П.И. Христиановский**, д.б.н., профессор, **А.М. Белоусов**, д.с.-х.н., профессор, ФГБОУ ВО Оренбургский ГАУ

Дальнейшее совершенствование казахского белоголового скота и установленный иммуногенетический генофонд позволяют изменить ведение мясного скотоводства с учётом не только экстерьерных данных и конституции, но и интрьерных особенностей.

Отечественные породы мясного скота при направленной селекции и полноценном кормлении способны обеспечивать высокие показатели мясной продуктивности и качество говядины [1–3]. Наиболее распространёнными в хозяйствах России являются мясные породы: калмыцкая, казахская белоголовая и русская комолая [4–7].

В связи с систематическими кроссами линий при чистопородном разведении животных изменяются не только их продуктивные качества, но и генофонд.

Успешное развитие мясного скотоводства в значительной мере зависит от укрепления кормовой базы, внедрения прогрессивных технологий и улучшения генофонда животных, которые достигаются целенаправленной селекционной работой. В практической селекции в настоящее время сложились достаточно обоснованные методы отбора и подбора животных с оценкой по происхождению, конституции, экстерьеру, живой массе, продуктивности и качеству потомства [8–14].

Совершенствование племенных и продуктивных качеств скота на основе достижений науки в области селекции и генетики на данном

* Исследование выполнено в соответствии с планом НИР на 2019-2020 гг. ФГБНУ ФНЦ БСТ РАН (№ 0761-2019-00012)

этапе немислимо без накопления фактов об изменчивости и наследовании продуктивности и коррелятивных связях между ними. Применение генетикоматематических и иммунобиохимических тестов позволяет изучить генетическую структуру и прогнозировать желаемое соотношение генотипов в стадах и популяцию в целом. При этом особое внимание уделяется качеству не только отдельных животных, предков, но и родственных групп в ряде поколений.

В настоящее время решающим условием отбора является оценка животных по наследственному потенциалу продуктивности потомков. Поставлена задача исследования – определить стратегию развития иммуногенетической науки на перспективу [15, 16].

Цель исследования: 1) отбор животных заводских линий – носителей гомозиготных генотипов полезных генов качества мяса: нежности мяса – кальпаина (CAPN1) и кальпастина (CAST), мраморности мяса – тиреоглобулина (TG5) и гормона роста соматотропина (bGH) для получения генотипов высококоротого желательного типа; 2) изучить особенности экспрессии генов, формирование популяций животных комолого типа казахского белоголового скота в условиях Восточного Оренбуржья.

Материал и методы исследования. Объектом исследования были ремонтные тёлки, основные линейные быки-производители классов элита и элита-рекорд с желательными параметрами продуктивности совершенствуемого стада казахской белоголовой породы СПК (колхоза) «Аниховский» Оренбургской области. Территория племенного хозяйства находится в зоне сухих степей с резко континентальным засушливым климатом. Среднегодовое количество осадков – 297 мм, из которых за тёплый период года выпадает в среднем 225 мм. Генетическое улучшение животных казахской белоголовой породы проводится на основе разведения по линиям с использованием внутрилинейного подбора.

В воспроизводстве стада хозяйства широко используются комолые быки-производители создаваемых заводских линий Золотого 3423 и Зоркого 3433к.

Характерным примером являются данные опыта, проведённого нами в племенном репродукторе, по целенаправленному выращиванию новорождённых тёлочек и наблюдению за ними до возраста первого отёла. Распределение их на группы проводилось по происхождению: II – тёлки – потомки линии Золотого, III – линии Задорного, I – сверстники по стаду.

Качественно новым этапом в селекционно-племенной работе является дополнение оценки племенной ценности животных генотипированием поголовья с учётом генов маркеров CAPN1, CAST и bGH.

Для определения полиморфизма генов CAPN1, CAST, bGH у подопытных животных брали пробы крови из яремной вены. Образцы ДНК выделены из цельной крови с использованием набора реагентов «DIAtomtm DNA Prep 200» (IsoGene Lab, Москва). Для проведения полимеразной цепной реакции использовали набор GenePaktm PCR Core (IsoGene Lab, Москва) и набор Encyclo PCR kit (фирма «Evrogen», Москва). Нуклеотидная последовательность праймеров: для CAPN1 F: 5'-AGCAGCCCACCATCAGAGAAA-3' и R: 5'-TCAGCTGGTTCGGCAGAT-3'; для CAST: 5'-TGGGGCCCAATGACGCCATCGATG-3' и 5'-GGTGGAGCAGCACTTCTGATCACC-3'; для bGH F: 5'-ATCCACACCCCTCCACACAGT-3' и R: 5'-CATTTTCCACCCTCCCCTACAG-3'.

По закону Харди – Вайнберга рассчитывали ожидаемые частоты генотипов в исследуемой популяции.

Статистическую обработку данных проводили с использованием программы STATISTICA 10.0.

Результаты исследования. Следует отметить, что несмотря на равнозначные условия кормления и содержания тёлочки сравниваемых генотипов заметно отличались по продуктивности.

Высокой скоростью роста с 8 до 15 мес отличались тёлочки II и III гр. Превосходство над сверстницами I гр. по среднесуточному приросту составляло: II гр. – 18,6 %, III гр. – 20,3 % (P<0,001).

По оценке экстерьера и высоте в крестце тёлочек в 15-месячном возрасте рассчитали баллы за выраженность типа телосложения и экстерьер по группам – 13, 15, 18 баллов, по оценке мясных форм – 48, 53, 54 балла.

При создании высокопродуктивного стада, соответствующего современным требованиям, обоснован и эффективен отбор и подбор животных с желательными параметрами, которые основываются на всестороннем изучении степени взаимодействия родителей.

В системе селекционно-племенной работы, основой которой считаются выдающиеся по продуктивности быки-производители, ставшие родоначальниками линий, и их продолжатели, основополагающим моментом является степень продуктивности. В процессе совершенствования стада мы стараемся выделить генетические особенности лучших особей в группах путём отбора и подбора животных, при этом учитывается теоретическое положение о линейном исследовании хозяйственно полезных признаков. Однако при глубоком анализе характера наследования признаков отбора в популяциях животных постоянно отмечается существенное отклонение качества потомков от качества родителей и ближайших предков. Это вынуждает детально изучать изменчивость генетической информации во времени.

Изучение методов эффективного использования генофонда и управления селекционным процессом на основе ДНК-маркерной селекции опытных животных по хозяйственно ценным признакам имеет целью последующее создание высокоэффективных конкурентоспособных линий казахской белоголовой породы скота. В связи с этим эксперименты на тёлках племрепродуктора «Аниховский» в условиях сухих степей Приуралья становятся необходимостью, обосновывающей цельность научного подхода к биологической системе, в рамках которой осуществляется совершенствование породы.

Исходя из полученных данных, опытный молодняк проявлял высокую адаптационную способность на сухих степях и достигал большой живой массы (тёлки в 15 мес. – 356,0–376,0 кг), которая превышала стандарт породы на 4,8–9,6 % с высокой достоверностью разницы.

Обобщая данные оценки мясных форм и выраженности типа телосложения, научно-исследовательская работа доказывает, что генетические факторы наложили отпечаток на формирование мясности у молодняка, которые унаследовали от исходных родительских форм растянутое туловище, хорошо развитую грудь, достаточно хорошо выполненные окорока, что вполне соответствует современным требованиям желательного типа мясного скота.

Использование генотипов быков-улучшателей создаваемых заводских линий Золотого 3423 и Зоркого 3433 позволяет формировать стада высокорослых комолых животных с крепкой конституцией, пропорционально сложенными частями телосложения, высокой молочностью, интенсивностью роста на уровне высших классов, хорошей мясной продуктивностью. По линии Золотого 3423 превышение живой массы во II гр. находилось в пределах 4,0–37,0 кг, высота в крестце – 2,0–6,5 см. В III гр. тёлки линии Зоркого 3433 превышение живой массы составляло 34,0–50,0 кг.

Данные тестирования животных по ДНК-маркерам несут по регионам неодинаковый генетический потенциал мясной продуктивности. Тем не менее представленное поголовье по изучаемым полиморфным генам как по значениям частот

аллелей, так и по аллельному составу предполагает возможность направленной селекции на повышение продуктивности и племенной ценности стада (табл. 1).

Генетический анализ первотёлок казахской белоголовой породы свидетельствует о существенном распространении (89 %) в стаде носителей гомозиготного варианта гена кальпаина GG. В то же время в ходе генотипирования было идентифицировано 11 % животных с гетерозиготным состоянием гена CAPN1^{CG}. Такое соотношение генотипов у первотёлок обеспечило значительную частоту встречаемости аллеля G (0,94), в то время как доля аллеля C (желательного для раннего прогнозирования нежности мяса) в стаде составляла 0,06 ед., что ограничивает проведение селекционно-племенной работы с учётом этого маркера.

Распределение первотёлок по гену кальпастина, также ассоциированного с формированием нежности мяса после убоя, свидетельствовало о большей генетической изменчивости стада казахской белоголовой породы. Так, на долю гомозиготных особей желательного генотипа CAST^{GG} приходилось 28 % генотипированного поголовья. Остальное поголовье (72 %) являлось носителем гомозигот CAST^{CC}. При анализе аллельного распределения выявлены частоты G – 0,28 и C – 0,72. Однако при анализе структуры популяции с учётом гена кальпастина выявлено довольно сильное нарушение генного равновесия ($\chi^2 = 18,03$).

Распределение первотёлок по гену гормона роста (bGH) показало сравнительно высокую встречаемость желательного аллеля G (0,28), что обусловлено большим наличием гетерозиготных особей в стаде – 44%. В то же время отмечалось незначительное поголовье носителей гомозиготного желательного генотипа bGH^{GG} – 6%.

Изучение закономерностей наследования генов, контролирующих физиолого-биохимические процессы в организме, является важной проблемой заключается в выявлении причин, поддерживающих определённый уровень полиморфизма в популяциях, а в практическом – возможность использования закономерностей

1. Характеристика стада СПК (колхоза) «Аниховский» по генам CAPN1, CASTи bGH (первотёлки n = 18 гол.)

| Ген-маркер | Частота встречаемости генотипа | | | Частота встречаемости аллеля | | χ^2 |
|------------|--------------------------------|------|------|------------------------------|------|----------|
| | CC | CG | GG | C | G | |
| CAPN1 | 0 | 0,11 | 0,89 | 0,06 | 0,94 | 0,061 |
| | 0,72 | 0 | 0,28 | 0,72 | 0,28 | |
| CAST | 0,50 | 0,44 | 0,06 | 0,72 | 0,28 | 18,03 |
| | 0,50 | 0,44 | 0,06 | 0,72 | 0,28 | |
| bGH | 0,50 | 0,44 | 0,06 | 0,72 | 0,28 | 0,191 |
| | 0,50 | 0,44 | 0,06 | 0,72 | 0,28 | |

наследования в селекционном процессе на повышение хозяйственно-полезных признаков.

Использование данных полиморфизма крови позволяет проводить мониторинг иммуногенетических физиолого-биохимических изменений в организме животных, установить сходство и различие линий родственных групп.

При совершенствовании селекционно-племенной работы с казахской белоголовой породой скота всё более и более внедряется иммуногенетический мониторинг, который определяет слежение за динамикой прироста животных под воздействием внутренних и внешних факторов среды.

Выводы. Создание целевых параметров племенной ценности при отборе в процессе селекционно-племенной работы с казахской белоголовой породой скота способствовало обособлению в отдельную группу высокопродуктивного стада, имеющего чёткую генеалогическую структуру, состоящую из продолжателей двух создаваемых заводских линий. Родоначальники структурных элементов характеризуются высокой племенной ценностью. Ремонтную группу коров формируют из оценённых по собственной продуктивности животных – носителей «желательных» аллелей по генам-маркерам мясной продуктивности и качества мяса.

Литература

1. Гонтюров В.А., Тюлебаев С.Д., Макаев Ш.А. Результаты оценки создаваемых новых линий казахской белоголовой породы // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2018. № 3 (71). С. 207–210.
2. Показатели линейного роста тёлочек казахской белоголовой породы / В.А. Гонтюров, С.Д. Тюлебаев, А.М. Белоусов [и др.] // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2018. № 5 (73). С. 208–211.
3. Молекулярно-генетические маркеры в селекционной работе с разными видами сельскохозяйственных животных / М.И. Се-
лионова, Е.А. Гладырь, Т.И. Антоненко [и др.] // Вестник АПК Ставрополя. 2012. № 2 (6). С. 30–35.
4. Особенности полиморфизма генов гормона роста (GH), кальпаина (CAPN1) быков-производителей мясных пород / М.И. Селионова, Л.Н. Чижова, М.П. Дубовскова [и др.] // Вестник мясного скотоводства. 2017. № 2 (98). С. 65–72.
5. Полиморфизм по генам соматотропина, пролактина, лептина, тиреоглобулина быков-производителей / С.В. Тюлькин, Т.М. Ахметов, Э.Ф. Валиуллина [и др.] // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2012. Т. 16. № 4/2. С. 1008–1011.
6. Использование метода ПЦР для генотипирования крупного рогатого скота по гену CAPN1 с использованием генетических маркеров / Д.Б. Косян, Е.А. Русакова, О.В. Кван [и др.] // Вестник Оренбургского государственного университета. 2012. № 6 (142). С. 26–30.
7. The association of CAPN1, CAST, SCD, and FASN polymorphisms with beef quality traits in commercial crossbred cattle in the Czech Republic / К. Kaplanova, A. Dufek, E. Drackova [et al.] // Czech Journal of Animal Science. 2013. V. 58. P. 489–496.
8. Effects of calpastatin and micro-calpain markers in beef cattle on tenderness traits / E. Casas, S.N. White, T.L. Wheeler [et al.] // Journal of Animal Science. 2006. 84. P. 520–525.
9. Jennifer L.G., Stephen C.B., McCorquodale C. Association of selected SNP with carcass and taste panel assessed meat quality traits in a commercial population of Aberdeen Angus-sired of cattle // Genetic Selection Evolution. 2009. 14. P. 36.
10. Evolution of single-nucleotide polymorphisms in CAPN1 for association with meat tenderness in cattle / В.Т. Page, E. Casas, M.P. Heaton [et al.] // Journal of Animal Science. 2002. 80 (12). P. 3077–3085.
11. Validation of commercial DNA tests for quantitative beef quality traits / A.L. Eenennaam, Li J. Van, R.M. Thallman [et al.] // Journal of Animal Science. 2007. 85. P. 891–900.
12. Молекулярно-генетический анализ популяционной структуры генофондовых пород крупного рогатого скота / В.П. Турлуцкий, В.И. Тыщенко, Л.Г. Сурундаева [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. 2014. № 6. С. 5–7.
13. Полиморфизм генов bGH, RORC и DGAT1 у мясных пород крупного рогатого скота России / И.Ф. Горлов, А.А. Федюнин, Д.А. Ранделин [и др.] // Генетика. 2014. Т. 50. № 12. С. 1448–1454.
14. Характеристика генофондов российских мясных пород крупного рогатого скота с использованием межмикросателлитного анализа ДНК (ISSR-анализ) / Г.Е. Сулимова, В.Н. Воронкова, А.В. Перчун [и др.] // Генетика. 2016. Т. 52. № 9. С. 1081–1088.
15. Клинические и гематологические показатели чёрно-пёстрого скота разных генотипов и яков в горных условиях Таджикистана / В.И. Косилов, Т.А. Иргашев, Б.К. Шабунова [и др.] // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2015. № 1 (51). С. 112–115.
16. Технология производства продуктов животноводства / К.К. Бозымов, Е.Г. Насамбаев, В.И. Косилов [и др.]. Уральск, 2016. Т. 1. 420 с.