

УДК 636.222/.27(477).033.082.2

DOI: <https://doi.org/10.31073/abg.56.13>

УБОЙНЫЕ ПОКАЗАТЕЛИ ПОМЕСЕЙ ГЕРЕФОРД X ЧЕРНО-ПЕСТРЫХ БЫКОВ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ГЕНОТИПОВ ГЕНОВ ТИРЕОГЛОБУЛИНА (TG5) И МИОСТАТИНА (MSTN)

О. А. ЕПИШКО¹, Н. А. СОНИЧ¹, Т. И. КУЗЬМИНА², Л. А. ТАНАНА¹,
Е. С. ЧЕБУРАНОВА¹, О. В. ВЕРТИНСКАЯ¹

¹Учреждение образования «Гродненский государственный аграрный университет» (Гродно, Республика Беларусь)

labgen@mail.ru

²ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных» (Тярлево, Санкт-Петербург, Россия)

prof.kouzmina@mail.ru

На эффективность производства продукции животноводства оказывают влияние множество факторов, одним из наиболее значительных является генетический потенциал животных, используемых в племенной работе. Большинство экономически значимых показателей таких как мясная продуктивность имеют полигенную природу и могут определяться не одним геном, а сразу несколькими, например, миостатином (MSTN), тиреоглобулином (TG). В наших исследованиях изучены убойные показатели помесей герефорд x черно-пестрых быков в зависимости от генотипов генов MSTN, TG. Установлено, что у быков с генотипами $MSTN^{BB}TG^{TT}$ все убойные показатели были выше по сравнению с животными генотипов $MSTN^{AA}TG^{CC}$. Они превосходили животных с альтернативными генотипами по массе парной туши на 26,1 кг или 9,4% ($P < 0,01$), по выходу туши – на 3,6 п.п. ($P < 0,05$), по убойной массе – на 23,2 кг или 7,6% ($P < 0,05$), по убойному выходу – на 3 п.п. ($P < 0,05$).

Ключевые слова: маркер-зависимая селекция, генотип, мясная продуктивность, MSTN, TG

LETHAL INDICATORS A HEREFORD X BLACK AND MOTLEY BULLS DEPENDING ON GENOTYPES OF GENES OF A TIREOGLOBULIN (TG5) AND A MIOSTATIN (MSTN)

О. А. Epishko¹, N. A. Sonich¹, T. I. Kuzmina², L. A. Tanana¹, E. S. Cheburanova¹,
O. V. Vertinskaya¹

¹Education institution «Grodno state agrarian university» (Grodno, Republic of Belarus)

²FSBSI «Russian Research Institute of Farm Animal Genetics and Breeding» (Tyarlevo, St. Petersburg, Russian Federation)

Exert impact on production efficiency of production of livestock production a set of factors, one of the most considerable is genetic the potential of the animals used in breeding work. The majority of economically significant indicators such as meat efficiency have the polygenic nature and can be defined by many genes, for example, miostatin (MSTN), tireoglobulin (TG). In our researches lethal indicators of hybrids a Hereford x black and motley bulls depending on genotypes of genes of MSTN, TG are studied. It is established that at bulls with $MSTN^{BB}TG^{TT}$ genotypes all lethal indicators were higher in comparison with animals of genotypes of $MSTN^{AA}TG^{CC}$. They surpassed animals with alternative genotypes in the mass of pair ink on 26,1 kg or 9,4% ($P \geq 0,01$), in an exit of ink – on

© О. А. ЕПИШКО, Н. А. СОНИЧ, Т. И. КУЗЬМИНА, Л. А. ТАНАНА,
Е. С. ЧЕБУРАНОВА, О. В. ВЕРТИНСКАЯ, 2018

3,6 items ($P \geq 0,05$), in lethal weight – on 23,2 kg or 7,6% ($P \geq 0,05$), in a lethal exit – on 3 items ($P \geq 0,05$).

Key words: marker–assistance selection, a genotype, meat efficiency, MSTN, TG

ЗАБІЙНІ ПОКАЗНИКИ ПОМІСЕЙ ГЕРЕФОРД Х ЧОРНО-РЯБИХ БУГАЇВ ЗАЛЕЖНО ВІД ГЕНОТИПУ ГЕНІВ ТИРЕОГЛОБУЛІНУ (TG5) І МІОСТАТИН (MSTN)

О. А. Епишко¹, Н. А. Сонич¹, Т. И. Кузьміна², Л. А. Танана¹, Е. С. Чебуранова¹, О. В. Вертинська¹

¹Установа освіти «Гродненський державний аграрний університет» (Гродно, Республіка Беларусь)

²ФДБНУ "Всеросійський науково-дослідний інститут генетики та розведення сільськогосподарських тварин" (Тярлево, Санкт-Петербург, Російська Федерація)

На ефективність виробництва продукції тваринництва впливають безліч факторів, одним з найбільш значущих є генетичний потенціал тварин, що використовується в племінній роботі. Більшість економічно значущих показників таких як м'ясна продуктивність мають полігенну природу і можуть визначатися багатьма генами, наприклад, міостатином (MSTN), тиреоглобуліном (TG). Маркерна селекція в якості додаткового методу може стати потужним інструментом селекційного відбору тварин. Таким чином, генетичний прогрес в досягненні певної мети всередині стада прискорюється в кілька разів у порівнянні з традиційними методами селекції. Для виробництва м'яса (яловичини) використовують тварин всіх порід великої рогатої худоби, однак найбільш ефективніше використовують корми і трансформують їх у найбільш високоякісне м'ясо тварин вузькоспеціалізованих м'ясних порід.

Ключові слова: маркер-залежна селекція, генотип, м'ясна продуктивність, MSTN, TG

Вступление. Для совершенствования мясного скота наиболее эффективно использовать ДНК-маркеры в качестве инструмента интегрированной генетической системы, поэтому при оценке генетической variability изучаемых показателей следует ориентироваться на ценность генов, реализуемых в потомстве. Однако селекция, основанная на отборе только по ДНК-маркерам менее эффективна, необходимо учитывать всю доступную генетическую информацию, а также условия содержания и кормления, что позволит снизить затраты на проведение дорогостоящей оценки ряда признаков продуктивности животных. Маркерная селекция в совокупности с технологией содержания и кормления может обеспечить генетическое совершенствование пород скота за счет интенсивного использования в программах воспроизводства животных с лучшей наследственностью [1, 2].

В настоящее время, с развитием молекулярно-генетических методов, появилась возможность идентификации генов, напрямую или косвенно связанных с мясной продуктивностью и качеством мяса. Выявление предпочтительных с точки зрения селекции вариантов таких генов позволит дополнительно к традиционному отбору животных проводить селекцию на основе ДНК-технологий, т.е. по генотипу. К их числу можно отнести гены: тиреоглобулин (TG5), миостатин (MSTN), отвечающие за показатели мясной продуктивности крупного рогатого скота [3, 4].

Целью наших исследований является изучение убойных показателей помесей герефорд х черно-пестрых быков в зависимости от генотипов генов MSTN, TG.

Материалы и методы исследований. Исследования проводились на базе отраслевой научно-исследовательской лаборатории «ДНК-технологий» УО «Гродненский государственный аграрный университет» и СПК им. Деньщикова. Для исследований было проведено генотипирование помесей герефорд х черно-пестрых помесей, которое проводили с помощью ПЦР-ПДРФ анализа ($n = 60$), по генам MSTN, TG. Произведена апробация следующих олигонуклеотидов для выделения фрагмента гена миостатина (MSTN):

MSTN 1: 5' - TCT AGG AGA GAT TTT GGG CTT - 3'

MSTN 2: 5' - TGG GTA TGA GGA TAC TTT TGC-3'

Для успешного проведения реакции подобран оптимальный состав реакционной смеси, а также внесены некоторые изменения температурных и временных профилей реакции, что обеспечило оптимальную амплификацию участков гена. Реакционная смесь включала объем 20 мкл, содержащей в составе: 0,5 мкл выделенной ДНК, 13 мкл – H₂O; 1,5 мкл – Mg²⁺; 2 мкл – dNTP; 1,5 мкл – ПЦР-буфер; по 0,5 мкл каждого праймера; 0,5 мкл – Taq-полимеразы. программа режима ПЦР: горячий старт – 94⁰С – 2 мин; денатурация – 94⁰С – 30 сек; отжиг – 60⁰С – 30 сек; синтез – 72⁰С – 1 мин (33 цикла); элонгация – 72⁰С – 5 мин.

Генотипы идентифицировали без проведения рестрикции, непосредственно по результатам амплификации: Наличие одной полосы размером 196 п.о. соответствует генотипу AA- (норма), 185 п.о. ВВ - (мутация). Концентрацию и специфичность амплификата оценивали электрофоретическим методом в 1,5% агарозном геле (при напряжении 150 В в течение 20 минут). Во всех случаях для электрофореза использовался 1x TBE буфер. Визуализацию и анализ результатов осуществляли с помощью системы гель-документирования GelDokRX (BIORAD).

Олигонуклеотиды для выделения фрагмента гена TG:

TG 1: 5' - GGG GAT GAC TAC GAG TAT GAC TG - 3';

TG 2: 5' - GTG AAA ATC TTG TGG AGG CTG T-3'. Состав смеси для амплификации: общий объем реакционной смеси 20 мкл = 19 мкл смеси для амплификации + 1 мкл ДНК. 15,3 мкл – H₂O; 0,5 мкл – Mg²⁺; 1 мкл – dNTP; 1 мкл – буфер; по 0,5 мкл каждого праймера; 0,2 мкл – Taq-полимеразы.

Режим ПЦР: Горячий старт – 94⁰С – 4 мин; денатурация – 94⁰С – 60 сек; отжиг - 57⁰С – 1 мин; синтез – 72⁰С – 1 мин (30 циклов); элонгация – 72⁰С – 4 мин.

Детекция результатов амплификации: 8 мкл продукта амплификации + 0,5 мкл бромфенол голубого раскapat в 1,5% агарозный гель, V = 110, 40 мин. Длина амплифицированного фрагмента: 548 п.о. При расщеплении продуктов амплификации рестриктазой Psu I (BstYI) при 60⁰С идентифицируются следующие генотипы: СС – 295, 178, 75 п.о.; СТ – 473, 295, 178, 75 п.о.; ТТ – 473, 75 п.о.

После проведения генотипирования и изучения генетической структуры популяции для оценки убойных показателей были сформированы 3 группы животных по 10 голов в каждой с комплексными генотипами по генам MSTN и TG. В первую группу вошли животные с генотипом генов MSTN^{AA}TG^{CC}, во вторую - MSTN^{AB}TG^{CT}, в третью - MSTN^{BB}TG^{TT}.

Результаты исследований. В результате исследований контрольный убой проводили на ОАО «Гродненский мясокомбинат» по методике ВНИИМС. Для убоя отобраны по 6 голов из каждой группы, характерные для данной группы по живой массе и упитанности.

При проведении контрольных убоев бычков учитывали: предубойную живую массу, кг; массу парной и охлажденной туши, кг; убойный выход и выход туши, %; массу внутреннего жира, кг; морфологический состав туш – путем проведения обвалки левых полутуш после 24-часового охлаждения (0⁰– 4⁰С). Каждую полутушу расчленили на 5 естественно-анатомических частей: шейную – по последнему шейному позвонку, плечелопаточную – по контуру лопатки, спинно-реберную – по последнему грудному позвонку, поясничную с пашиной – по последнему поясничному позвонку и тазобедренную с последующим взвешиванием костей, сухожилий и мякоти.

Основной цифровой материал был обработан методом биометрической статистики по П. Ф. Рокицкому [5]. Из статистических показателей рассчитывали среднее значение (M), ошибка средней арифметической (m), уровень значимости (P). В работе приняты следующие обозначения уровня значимости: * – P < 0,05; ** – P < 0,01; *** – P < 0,001.

Изучение мясной продуктивности было произведено по результатам контрольного убоя подопытных быков в возрасте 16 месяцев в зависимости от генотипов по генам MSTN и TG. на ОАО "Гродненский мясокомбинат". Для убоя было отобрано по шесть животных из каждой группы. Данные контрольного убоя представлены в таблице 1.

Из данных таблицы 1 видно, что у быков с генотипами MSTN^{BB}TG^{TT} все убойные показатели были выше по сравнению с животными генотипов MSTN^{AA}TG^{CC}. Они превосходили

животных с альтернативными генотипами по массе парной туши на 26,1 кг или 9,4% ($P < 0,01$), по выходу туши – на 3,6 п.п. ($P < 0,05$), по убойной массе – на 23,2 кг или 7,6% ($P < 0,05$), по убойному выходу – на 3 п.п. ($P < 0,05$).

1. Убойные показатели подопытных бычков ($M \pm m$)

Показатель	генотип		
	MSTN ^{AA} TG ^{CC} (n = 6)	MSTN ^{AB} TG ^{CT} (n = 6)	MSTN ^{BB} TG ^{TT} (n = 6)
Предубойная масса, кг	527 ± 5,41	536,7 ± 3,71	541,7 ± 3,61*
Масса парной туши, кг	275,6 ± 3,31	295,1 ± 2,92*	301,7 ± 2,53**
Выход туши, %	52,2 ± 0,94	55,1 ± 1,12	55,8 ± 1,10*
Масса внутреннего сала, кг	29,3 ± 0,35	27,8 ± 1,15	25,8 ± 1,63
Выход внутреннего сала, %	5,55 ± 0,21	5,16 ± 0,60	4,77 ± 0,33
Убойная масса, кг	304,9 ± 7,20	322,4 ± 3,99*	328,1 ± 4,91*
Убойный выход, %	57,8 ± 0,81	60,2 ± 1,18	60,7 ± 0,98*

Быки с генотипом MSTN^{AB}TG^{CT} также превосходили животных с генотипами MSTN^{AA}TG^{CC}: по массе парной туши – на 19,5 кг или 7% ($P < 0,05$), по выходу туши – на 2,9 п.п. ($P > 0,05$), по убойной массе – на 17,5 кг или 5,7% ($P < 0,05$), по убойному выходу – на 2,4 п.п. ($P > 0,05$).

По выходу внутреннего сала различия между группами были незначительными и составили 0,78 – 0,39 п.п. ($P > 0,05$).

Нами так же был изучен морфологический состав полутуш подопытных бычков с разными генотипами генов MSTN, TG, результаты которого представлены в таблице 2. Морфологический состав является важным качественным показателем мясной продуктивности. Содержание наиболее ценных в пищевом отношении тканей (мышцы и жир) и определяют ценность мяса как продукта питания.

2. Морфологический состав полутуши подопытных бычков разных генотипов

Показатель	генотип		
	MSTN ^{AA} TG ^{CC} (n = 6)	MSTN ^{AB} TG ^{CT} (n = 6)	MSTN ^{BB} TG ^{TT} (n = 6)
Масса охлажденной полутуши, кг	136,8 ± 3,11	145,4 ± 1,05	149,8 ± 1,63**
в т.ч. мякоти, кг	114,1 ± 1,78	122,2 ± 1,87	126,8 ± 1,35***
костей и сухожилий, кг	22,7 ± 0,52	23,2 ± 0,45	23,0 ± 0,54
Содержалось в полутуше, %:			
мякоти	83,4	84,0	84,6
костей и сухожилий	16,6	16,0	15,4
Коэффициент мясности	5,02	5,26	5,51

Анализ морфологического состава полутуш подопытных животных показал, что при убое в 16-ти месячном возрасте от бычков с генотипом MSTN^{BB}TG^{TT} получены туши с более высоким выходом мяса по сравнению со сверстниками первой и второй групп. Так, в полутушах бычков с генотипом генов MSTN^{BB}TG^{TT} содержание мяса было больше на 12,7 кг или 11,1% ($P < 0,001$), в полутушах животных с генотипом генов MSTN^{AB}TG^{CT} – на 8,1 кг или 7,1% ($P > 0,05$), чем у сверстников первой группы.

По коэффициенту мясности быки с генотипом генов MSTN^{BB}TG^{TT} превосходили своих сверстников с генотипом генов MSTN^{AA}TG^{CC} и MSTN^{AB}TG^{CT} на 9,8% и 4,8% соответственно.

Известно, что питательная ценность, вкусовые качества и кулинарные свойства отдельных анатомических частей туши неодинаковы. Наиболее ценными считаются поясничная и тазобедренная части. Результаты изучения соотношения естественно-анатомических частей в полутушах подопытных бычков представлены в таблице 3.

Анализ полученных данных свидетельствует о различиях между животными изучаемых генотипов по абсолютной массе естественно-анатомических частей их полутуши. Так, по массе наиболее ценных отрубов – поясничного и тазобедренного, преимущество было у быков с генотипами генов MSTN^{BB}TG^{TT} на 15,6% ($P < 0,01$) и 7,6% соответственно по сравнению со сверстниками первой и второй групп. Следует отметить, что и в процентном соотношении удельный вес поясничного и тазобедренного отрубов в полутуше был выше у животных третьей группы.

3. Соотношение естественно-анатомических частей в полутушах подопытных быков ($M \pm m$)

Анатомические части	MSTN ^{AA} TG ^{CC} (n = 8)		MSTN ^{AB} TG ^{CT} (n = 8)		MSTN ^{BB} TG ^{TT} (n = 8)	
	кг	%	кг	%	кг	%
полутуша	136,8 ± 3,11	100	145,4 ± 1,05	100	149,8 ± 1,63**	100
шейная	14,0 ± 0,52	10,2	15,0 ± 0,39	10,3	14,8 ± 0,49*	9,9
плечелопаточная	22,5 ± 0,86	16,4	23,5 ± 1,00	16,2	23,7 ± 0,47	15,8
спиннореберная	46,2 ± 1,20	33,8	48,9 ± 1,13	33,6	48,8 ± 1,41*	32,6
поясничная	8,5 ± 0,44	6,2	9,0 ± 0,31	6,2	9,8 ± 0,59*	6,5
тазобедренная	45,6 ± 1,48	33,4	49,0 ± 1,67	33,7	52,7 ± 1,18	35,2

Выводы. Изучение убойных показателей подопытных животных в 16-месячном возрасте свидетельствует о том, что бычки с генотипами MSTN^{BB}TG^{TT} превышают животных с генотипами MSTN^{AA}TG^{CC} по массе парной туши, выходу туши, убойному выходу на 26,1% ($P < 0,01$), 3,6 п.п. ($P < 0,05$), 3 п.п. ($P > 0,05$). Бычки с генотипами MSTN^{AB}TG^{CT} превосходили животных с генотипами MSTN^{AA}TG^{CC} по массе парной туши на 7% ($P < 0,05$), по выходу туши – на 2,9 п.п., по убойной массе – на 5,7% ($P < 0,05$), по убойному выходу – на 2,4 п.п. ($P > 0,05$). По выходу внутреннего сала различия между группами были незначительными и составили 0,78 – 0,39% ($P > 0,05$).

Изучение морфологического состава полутуш быков показало, что более мясные туши были получены от животных с генотипами MSTN^{BB}TG^{TT} – в их полутушах содержание мякоти было больше 11,1% ($P < 0,001$), чем у сверстников с генотипом генов MSTN^{AA}TG^{CC}.

БИБЛИОГРАФИЯ

1. Амерханов, Х. Производство говядины и пути его увеличения в России / Х. Амерханов // Молочное и мясное скотоводство. – 2003. – № 6. – С. 3–10.
2. Эрнст, Л. К. Перспективы селекции сельскохозяйственных животных / Л. К. Эрнст // Науч. тр. ВИЖа. – 2005. – Вып. 63, т. 1. – С. 41.
3. Marker assisted selection in German Holstein dairy cattle breeding: Outline of the program and market-assisted breeding value estimation / J. Bennewitz, N. Reinsch, J. Szyda, F. Reinhardt, C. Kuhn, M. Schwerin, G. Erhardt, C. Weimann, E. Kalm // Abstr. 54th Annu. Mtg. Eur. Assoc. Anim. Prod. – 2003. – P. 5.
4. Van Eenennaam, A. L. DNA-Based Biotechnologies / A. L. Van Eenennaam // National Beef Cattle Evaluation Consortium Beef Sire Selection Manual. – 2006. – P. 66–73.
5. Рокицкий, П. Ф. Биологическая статистика : учеб. пособие для биол. фак. ун-тов / П. Ф. Рокицкий. – изд. 3-е, испр. – Минск : Вышэйш. шк., 1973. – 320 с.

REFERENCES

1. Amerkhanov, H. 2003. Proyzvodstvo hoviadyny u puty eho uvelychenyia v Rossyy – Production of beef and a way of its increase in Russia. *Molochoe y miasnoe skotovodstvo – Dairy and meat cattle breeding*, 6:3–10 (in Russian).
2. Ernst, L. K. 2005. Perspektivy selektsii sel'skhozajstvennyh zhivotnyh – Prospects for breeding farm animals. *Nauchnye trudy VIZha – Scientific works of VIZ*. 63(1):41 (in Russian).

3. Bennewitz, J., N. Reinsch, J. Szyda, F. Reinhardt, C. Kuhn, M. Schwerin, G. Erhardt, C. Weimann, and E. Kalm. 2003. Marker assisted selection in German Holstein dairy cattle breeding: Outline of the program and market-assisted breeding value estimation. Abstr. 54th Annu. Mtg. Eur. Assoc. Anim. Prod. 5 (in English).
4. Van Eenennaam, A. L. 2006. DNA-Based Biotechnologies. National Beef Cattle Evaluation Consortium Beef Sire Selection Manual. 66–73 (in English).
5. Rokitsky, P. F. 1973. Biological statistics: studies. a grant for biology. Minsk. 320 (in Russian).

