

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ГЕНА IGF-I У БЫКОВ АБЕРДИН-АНГУССКОЙ ПОРОДЫ

Вертинская О. В., Танана Л. А., Юрченко Е. И., Матюкевич Д. И.

УО «Гродненский государственный аграрный университет»

г. Гродно, Республика Беларусь

Аннотация. В статье приведены результаты исследования полиморфизма гена инсулиноподобного фактора роста (IGF-I) в популяции быков абердин-ангусской породы, выращиваемых в РСУП «Олекишцы». С помощью ПЦР-ПДРФ анализа в исследованной популяции (82 голов) были идентифицированы все возможные полиморфные варианты аллелей и генотипов гена IGF-I. По результатам исследования установлено, что в исследуемом поголовье наблюдается разнообразие форм аллелей генотипов по обоим изученным генам.

Summary. This article presents the results of a study of insulin-like growth factor (IGF-I) gene polymorphism in a population of Aberdeen Angus bulls raised at the Olekshitsy State Unitary Enterprise. Using PCR-RFLP analysis, all possible polymorphic variants of the IGF-I gene alleles and genotypes were identified in the studied population (82 animals). The study revealed a diversity of allele and genotype forms for both genes studied in the studied herd.

Ключевые слова: абердин-ангусская порода, ген инсулиноподобного фактора роста, частота встречаемости, аллель, генотип, ДНК.

Key words: Aberdeen Angus breed, insulin-like growth factor gene, frequency of occurrence, allele, genotype, DNA.

В настоящее время в современной практике животноводства широко используются молекулярные методы исследований. Поиск предпочтительных аллелей генов, обуславливающих повышение продуктивности животных, имеет большое значение для селекции. Признаки мясной и молочной продуктивности являются экономически важными и находятся под контролем многих генов. Одним из наиболее перспективных маркеров для крупного рогатого скота является ген инсулиноподобного фактора роста 1 (IGF-1), физиологическая роль которого заключается в регуляции роста, развития, обмена веществ и лактации крупного рогатого скота. Этот ген кодирует синтез белка IGF-1, который выступает в качестве медиатора действия гормона роста (соматотропина).

Полиморфизм гена IGF-1, в частности однонуклеотидные замены (SNP) в регуляторных и кодирующих областях, может приводить к изменению уровня экспрессии гена или структуры белка, что, в свою очередь, сказывается на интенсивности роста животных, их продуктивности и качестве получаемой продукции. Многочисленными исследованиями, проведенными на различных породах по всему миру, установлена

ассоциация полиморфных вариантов IGF-1 с такими признаками, как удои, содержание жира и белка в молоке, живая масса, среднесуточные привесы и мясные качества.

Изучение характера полиморфизма гена IGF-1 в конкретных популяциях и породах, разводимых в определенных климатических и технологических условиях, является важной научно-практической задачей. ДНК-диагностика позволяет не только охарактеризовать генетическую структуру стада, но и выявить животных-носителей предпочтительных генотипов для дальнейшего использования в селекционном процессе с целью ускорения генетического прогресса и повышения рентабельности производства.

В исследованиях [2] по установлению связи аллельного полиморфизма гена IGF-1 с мясными и молочными признаками у крупного рогатого скота абердин-ангусской породы, симментальской, шароле и герефордской было установлено, что коровы с генотипом bIGF^{AA} обладали более высокой молочной продуктивностью, а также большей массой телят при рождении.

В связи с вышеизложенным целью исследований являлось изучение генетического разнообразия гена IGF-1 у быков абердин-ангусской породы.

Исследования осуществлялись на чистопородных быках абердин-ангусской породы, выращиваемых в РСУП «Олекшицы» Берестовицкого района. Животные содержались на комплексе по откорму крупного рогатого скота.

Исследования полиморфизма гена инсулиноподобного фактора роста IGF-1 проводили в отраслевой научно-исследовательской лаборатории «ДНК-технологий» учреждения образования «Гродненский государственный аграрный университет». Для ДНК-генотипирования были взяты ушные выщипы у 82 быков абердин-ангусской породы.

Генотипирование животных по гену IGF-1 проводили с использованием метода полимеразной цепной реакции (ПЦР) и полиморфизма длин рестрикционных фрагментов (ПДРФ).

Для диагностики мутации IGF-I использовали праймеры:

F: ATTACAAAGCTGCCTGCCCC

R: ACCTTACCCGTATGAAAGGAATATACGT.

Реакционная смесь для амплификации общим объемом 24 мкл включает: MgCl₂ – 1,5 мкл, смесь дНТФ – 1,5 мкл, 1 x Taq-буфер – 2,5 мкл, праймеры по 0,5 мкл, Taq-полимераза – 0,5 мкл и вода – 17 мкл. Далее в смесь вносят 100-150 нг/мкл выделенной ДНК.

Для амплификации ПЦР используют термоциклер с соответствующими температурными и временными профилями. ПЦР-режим: денатурация 5 минут при 95 °С, затем 30 циклов: 94 °С в течение 60 с, 55°С –

45 с, и 72 °С – 60 с, финальная элонгация при 72 °С в течение 10 мин. Финальное удержание при 4 °С.

Дальнейший анализ аллельных вариантов гена проводили с помощью эндонуклеазной рестриктазы BstSN I. Продукт амплификации обрабатывали данной рестриктазой, смесь инкубировали при температуре 37 °С, в течение 12-16 часов, после чего разделение продуктов рестрикции проводили в 3 % агарозном геле в TBE-буфере при УФ-свете с использованием бромистого этидия при напряжении 130В. Визуализация полученных результатов проводилась с использованием геледокументирующей системы.

При расщеплении продуктов рестрикции идентифицируют следующие генотипы:

Генотип AA – 226 bp,

Генотип AB – 249/226 bp,

Генотип BB = 249/249 bp. (рисунок 1).

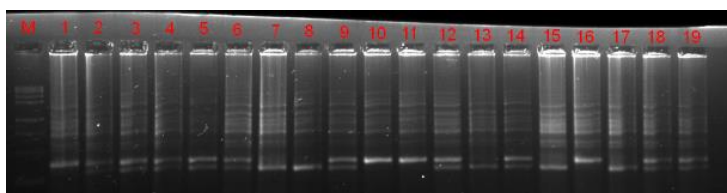


Рисунок 1 – Электрофореграмма гена IGF у быков абердин-ангусской породы на основе ПЦР-ПДРФ-анализа

Частоту встречаемости генотипов рассчитывали по формуле:

$$P = n / N * 100, \quad (1)$$

где P – частота определенного генотипа;

n – количество животных, имеющих определенный генотип;

N – общее число животных.

Частоту отдельных аллелей определяли по формуле Е. К. Меркурьевой (1977):

$$PA = (2n_{AA} + n_{AB}) / 2N, \quad (2)$$

$$QB = (2n_{BB} + n_{AB}) / 2N, \quad (3)$$

где PA – частота аллеля А;

QB – частота аллеля В.

Результаты изучения частоты встречаемости аллелей и генотипов гена IGF-1 у быков абердин-ангусской породы представлены в таблице 1.

Таблица 1 – Частота встречаемости аллелей и генотипов гена IGF-1 у быков абердин-ангусской породы

Ген	Частота встречаемости				
	аллелей		генотипов, %		
	A	B	AA	AB	BB
IGF-1	0,537	0,463	26,83	53,66	19,51

В результате проведенного генотипирования была установлена внутрипородная специфичность полиморфизма гена инсулиноподобного фактора роста, который представлен двумя аллелями А и В с разной частотой встречаемости. Встречаемость аллеля А составила 0,537, а аллеля В – 0,463. По частоте встречаемости генотипов в исследуемом поголовье быков абердин-ангусской породы преобладали животные с генотипом IGF^{AA} – 22 головы (26,83 %). Количество быков с генотипом IGF^{BB} составило 16 голов (19,51 %), а с генотипом IGF^{AB} – 44 головы (53,66 %).

Для определения общих закономерностей и выявления специфических черт изучаемого полиморфизма гена IGF-1 нами был проведен сравнительный анализ полученных результатов с данными других исследователей. Подобное сопоставление позволяет оценить воспроизводимость эффектов изучаемых аллельных вариантов в различных условиях. Так, сотрудниками ГНУ «Институт генетики и цитологии НАН Беларуси» [3] был проведен анализ генетической структуры выборки крупного рогатого скота племенных предприятий Минской области по частоте встречаемости генотипов и аллелей гена bIGF-1. Анализ частоты встречаемости полиморфных вариантов гена bIGF показал, что у представителей голштинской и черно-пестрой породы частота встречаемости аллельного варианта bIGF^B составляет 0,4-0,41.

Таким образом, изучение полиморфизма гена инсулиноподобного фактора роста (IGF) у быков абердин-ангусской породы с использованием молекулярно-генетических методов позволило установить частоту встречаемости аллелей и генотипов в исследуемом поголовье. В результате исследования было установлено, что исследуемое поголовье абердин-ангусских быков, выращенных в РУСП «Олекшицы», характеризуется разнообразием форм аллелей и генотипов по гену IGF. В исследуемом поголовье быков преобладали животные с гетерозиготным генотипом IGF^{AB}. Полученные в процессе исследования данные по изучаемому гену как по значениям частот аллелей, так и по встречаемости генотипов предполагают возможность установления желательных генотипов и проведения направленной селекции на увеличения их количества в популяции.

ЛИТЕРАТУРА

1. Lucy, M. Functional differences in the growth hormone and insulin like growth factor axis in cattle and pigs: implications for post-partum nutrition and reproduction / M. Lucy // Reprod. Domest. Anim. – 2008. – 43. – P. 31-39.
2. Structure and function of a human insulinlike growth factor I gene promoter / S. Kim [et al.] // Mol. Endocrinol. – 1991. – Vol. 5. – P. 64.
3. Белая, Е. В. Оценка индивидуального фенотипического эффекта полиморфных вариантов генов гипофизарного фактора роста-1 (bPIT-1) и инсулиноподобного фактора роста-1 (bIGF-1) на признаки молочной продуктивности у черно-пестрого голштинизированного крупного рогатого скота / Е. В. Белая, М. Е. Михайлова, Н. В. Батин // Молекулярная и прикладная генетика. Том 13, 2012 – С. 30-35.

УДК 636.13.082.12

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРЫ МАТОЧНЫХ СЕМЕЙСТВ ВЕРХОВЫХ ПОРОД ЛОШАДЕЙ НА ОСНОВЕ STR-МАРКИРОВАНИЯ

Герман А. И., Рудак А. Н.

РУП «Научно-практический центр Национальной академии наук

Беларуси по животноводству»

г. Жодино, Республика Беларусь

Аннотация. Исследования особенностей полиморфизма STR-локусов выдающихся семейств показали генетическую специфику их аллелофонда. Самое многообразное количество редких аллелей идентифицировано в семействе Мангрови. Приватный аллель тракененской породы G в локусе CA425 обнаружен в семействе ³⁴⁷Эмблемы I 78. Элиминация типичных аллелей отмечена в семействах ³¹⁶Хозяйки 35 и Киевитт, а у представительниц семейства Ахтубы обнаружен редкий аллель P в локусе VHL20.

Выявлено, что в наиболее равновесном состоянии находится семейство ³⁴⁷Эмблемы I 78. Об этом свидетельствует индекс Fis равный -0,006, количество идентифицированных аллелей в среднем по 17 локусам – 5,70, показатель числа эффективно действующих аллелей – 3,75 – одни из значимых в группах исследуемых лошадей.

Установлено генетическое сходство между семействами Мангрови и ⁴²²Капители – 0,864, Киевитт и ³⁴⁷Эмблемы I 78 – 0,848. Генетически различными между собой являются семейства ³¹⁶Хозяйки 35 и ⁴²²Капители – 0,719, Мангрови и ³¹⁶Хозяйки 35 – 0,742, что подтверждается соответствующими показателями генетических дистанций между ними.

Полученные данные могут быть использованы для сохранения генетического разнообразия в дальнейшей селекционно-племенной работе.

Summary. Studies of the polymorphism features of STR loci in outstanding families have revealed the genetic specificity of their allele pools. The most diverse number of rare alleles was identified in the Mangrovi family. A private allele G of the Trakehner breed at the CA425 locus was found in the ³⁴⁷Emblem I 78 family. Elimination of typical