

УДК 636.222.7:612.018

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ ГОРМОНА РОСТА (GH) И ГИПОФИЗАРНОГО ФАКТОРА ТРАНСКРИПЦИИ (PIT-1) У БЫКОВ ГЕРЕФОРДСКОЙ ПОРОДЫ

О. В. Вертинская, Л. А. Танана, В. В. Пешко

УО «Гродненский государственный аграрный университет»
г. Гродно, Республика Беларусь (Республика Беларусь, 230008,
г. Гродно, ул. Терешковой, 28; e-mail: olga_vertinskaya@mail.ru)

Ключевые слова: *герекфорд, ген гормона роста, гипофизарный фактор транскрипции, частота встречаемости, аллель, генотип, ДНК.*

Аннотация. *В статье приведены результаты исследования полиморфизма генов гормона роста (GH) и гипофизарного фактора транскрипции (PIT-1) в популяции быков герекфордской породы, выращиваемых в СПК имени Денщикова. С помощью ПЦР-ПДРФ-анализа в исследованной популяции (96 голов) были идентифицированы все возможные полиморфные варианты аллелей и генотипов генов гормона роста и гипофизарного фактора транскрипции. По результатам исследования установлено, что в исследуемом поголовье наблюдается разнообразие форм аллелей генотипов по обоим изученным генам.*

POLYMORPHISM OF THE GROWTH HORMONE (GH) AND HYPOPHYSICAL TRANSCRIPTION FACTOR (PIT-1) GENES IN HEREFORD BULLS

O. V. Vertinskaya, L. A. Tanana, V. V. Peshko

ЕІ «Grodno state agrarian university»
Grodno, Republic of Belarus (Republic of Belarus, 230008, Grodno, 28 Tereshkova st.; e-mail: ggau@ggau.by)

Key words: *hereford, growth hormone gene, pituitary transcription factor, frequency of occurrence, allele, genotype, DNA.*

Summary. *The article presents the results of a study of polymorphism of the growth hormone (GH) and pituitary transcription factor (PIT-1) genes in a population of Hereford bulls bred in the Denshchikov Farm. Using PCR-RFLP analysis in the studied population (96 animals), all possible polymorphic variants of alleles and genotypes of the growth hormone and pituitary transcription factor genes were identified. According to the results of the study, it was found that in the studied livestock there is a variety of forms of genotype alleles for both studied genes.*

(Поступила в редакцию 05.06.2023 г.)

Введение. В настоящее время разведение животных, характеризующихся высокой мясной продуктивностью, является приоритетным направлением исследований в животноводстве. Для его успешной

реализации необходимо привлечение ДНК-технологий, что позволит проводить более быструю и точную оценку генетического потенциала животных и накапливать в популяции предпочтительные генотипы, которые связаны с хозяйственно полезными признаками.

Для успешной селекционно-племенной работы необходимо изучение генофонда сельскохозяйственных животных по полиморфизму генов, связанных с показателями мясной продуктивности, что будет способствовать рациональному использованию генофонда сельскохозяйственных животных, а также позволит вести селекционную работу на увеличение мясной продуктивности.

Показатели мясной продуктивности определяются сочетанием многих генов, поэтому выявление более «удачных» вариантов осуществляется с помощью генетических маркеров. Для поиска прямых генетических маркеров используются мутации, которые приводят к возникновению аллелей в генах, участвующих в формировании количественных признаков (темп роста, живая масса животных, характер телосложения и др.) [1-3].

В современных условиях применение маркерной селекции в дополнение к традиционным методам разведения, содержания и кормления может стать мощным инструментом в интенсификации селекционного процесса. К тому же генетический полиморфизм определяет потенциальное разнообразие морфологических и физиологических свойств организмов, а молекулярно-генетические маркеры позволяют получать информацию о полиморфизме генов и определять, какие варианты отдельных генов имеют преимущественное распространение у животных. Анализ генетической структуры популяции, ее сохранение и совершенствование позволяет судить о протекающих в популяции адаптационных и селекционных процессах.

У животных на процесс роста значительное влияние оказывает гормон роста (GH) и группа гормонов, которые участвуют в проявлении его эффекта на клетки-мишени (соматотропиновый каскад). В настоящее время среди генов, отвечающих за синтез гормонов соматотропинового каскада, активно ведется поиск потенциальных генов-кандидатов, которые влияют на проявление количественных признаков крупного рогатого скота, в т. ч. на мясную продуктивность. В литературных источниках описан широкий спектр полиморфных вариантов практически для каждого из генов соматотропинового каскада у представителей различных пород крупного рогатого скота, а некоторые из них исследованы на предмет влияния на признаки мясной и молочной продуктивности.

Соматотропный гормон стимулирует рост организма за счет активизации и нормализации обмена веществ – необходим в период

постнатального роста и развития для нормализации углеводного, липидного, азотного и минерального обмена. Ген гормона роста (GH) локализован на 19-й хромосоме, имеет размер 1800 п. н. и состоит из пяти экзонов и четырех интронов [4]. Гормон соматотропин представляет интерес как метаболический стимулятор отложения белка у сельскохозяйственных животных и является одним из ключевых регуляторов роста у млекопитающих; координирует и регулирует скорость протекания обменных процессов, усиливает биосинтез белка, ДНК, РНК и гликогена и способствует мобилизации жиров из депо и распаду высших жирных кислот и глюкозы в тканях.

Фактор транскрипции Pit-1 осуществляет контроль транскрипции генов пролактина, соматотропина, рецептора соматотропин-рилизин гормона и других гормонов. Он расположен в цетромёрной зоне первой хромосомы между локусами TGLA57 и RM95 и является членом POU-домена, в который входит группа транскрипционных регуляторов, играющих важную роль в дифференциации и пролиферации клеток. На сегодняшний день вопросу полиморфизма гена Pit-1 и его влиянию на продуктивные признаки животных посвящено значительное число работ, но при этом не существует единого мнения о том, ассоциируется ли связь данного гена с молочной продуктивностью или с ростом и развитием молодняка.

Гормон роста и гипофизарный фактор транскрипции имеют большое значение для регулирования ростовых процессов, клеточной пролиферации и дифференцировки [5].

Цель работы – изучение полиморфизма генов гормона роста (GH) и гипофизарного фактора транскрипции (Pit-1) у быков герефордской породы.

Материал и методика исследований. Исследования осуществлялись на чистопородных быках герефордской породы, выращиваемых в СПК имени Деньщикова Гродненского района. Животные содержались на ферме по выращиванию и откорму крупного рогатого скота «Большая Жорновка».

Исследования полиморфизма генов гормона роста и гипофизарного фактора транскрипции проводили в отраслевой научно-исследовательской лаборатории «ДНК-технологий» учреждения образования «Гродненский государственный аграрный университет». Для ДНК-генотипирования были взяты ушные выщипы у 96 быков герефордской породы.

Полиморфизм гена GH диагностировали методом ПЦР-анализа, который позволяет диагностировать два аллельных варианта гена GH1 и GHV.

Праймеры для амплификации фрагмента гена GH:

GH 1: 5' – CCG TGT СТА TGA GAA GC – 3';

GH 2: 5' – GTT СТТ GAG CAG CGC GT – 3'.

Длина амплифицированного фрагмента – 211 п. о. При расщеплении продуктов амплификации рестриктазой Alu I при 37 °С идентифицируются следующие генотипы:

GH^{VV} – фрагмент 211 п. о.;

GH^{LL} – фрагменты 159, 152 п. о.;

GH^{LV} – фрагменты 211, 159 и 52 п. о. [6].



Рисунок 1 – Электрофореграмма гена гормона роста (GH) у быков герфордской 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):

$$PL = (2nLL + nLV) / 2N, \quad (2)$$

$$QV = (2nVV + nLV) / 2N, \quad (3)$$

где PL – частота аллеля L;

QV – частота аллеля V.

Полиморфизм гена PIT-1 диагностировали методом ПЦР-анализа, который позволяет диагностировать два аллельных варианта гена Pit-1^A и Pit-1^B.

Для амплификации участка гена PIT-1 использовали следующие праймеры и программу:

- Pit1: 5' – AAA CCA TCA TCT CCC TTC TT – 3'

- Pit2: 5' – AAT GTA CAA TGT GCC TTC TGA G – 3'.

При расщеплении продуктов амплификации рестриктазой HinfI, идентифицируются следующие генотипы:

- Pit 1AA – фрагмент 451 п. о.;
- Pit 1AB – фрагменты 451, 244, 207 п. о.;
- Pit 1BB – фрагменты 244, 207 п. о. [6].

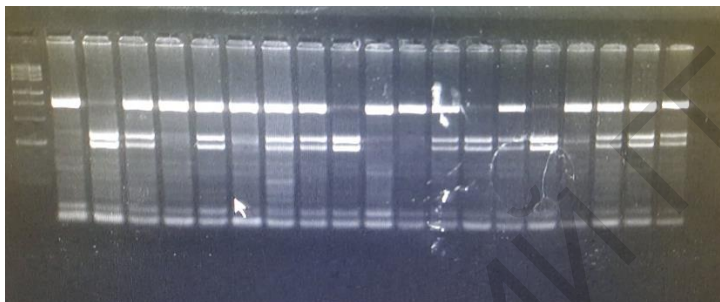


Рисунок 2 – Электрофореграмма гена гипофизарного фактора транскрипции (Pit-1) у быков герефордской породы на основе ПЦР-ПДРФ анализа

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

$$PA = (2nAA + nAB) / 2N, \quad (4)$$

$$QB = (2nBB + nAB) / 2N, \quad (5)$$

где PA – частота аллеля А;

QB – частота аллеля В.

Результаты исследований и их обсуждение. Результаты изучения частоты встречаемости аллелей и генотипов гена GH у быков герефордской породы представлены в таблице 1 и рисунках 3-4.

Таблица 1 – Частота встречаемости аллелей и генотипов гена GH у быков герефордской породы

| Ген | Частота встречаемости | | | | |
|-----|-----------------------|-------|--------------|----|----|
| | аллелей | | генотипов, % | | |
| | L | V | LL | LV | VV |
| GH | 0,589 | 0,411 | 28 | 61 | 11 |

В результате проведенного генотипирования была установлена внутривидовая специфичность полиморфизма гена гормона роста, который представлен двумя аллелями L и V с разной частотой встречаемости. Встречаемость аллеля V составила 0,411, а аллеля L – 0,589. По частоте встречаемости генотипов в исследуемом поголовье быков

герфордской породы преобладали животные с генотипом GH^{LV} – 59 голов (61 %). Количество быков с генотипом GH^{VV} составило 10 голов (11 %), а с генотипом GH^{LL} – 27 голов (28 %).

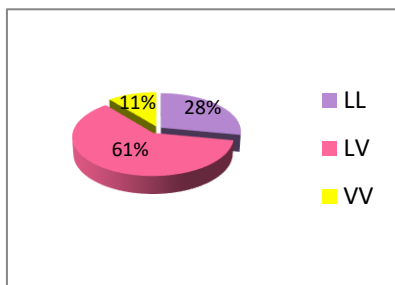


Рисунок 3 – Частота встречаемости генотипов по гену гормона роста (GH) у быков герфордской породы

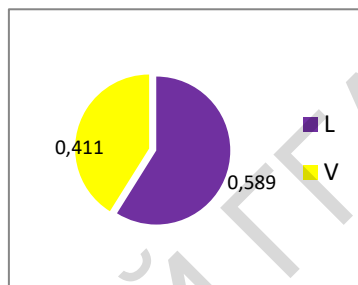


Рисунок 4 – Частота встречаемости аллелей гена гормона роста (GH) у быков герфордской породы

Выявленные внутрипородные особенности полиморфизма гена гормона роста (GH) у быков герфордской породы согласуются с данными, полученными российскими и зарубежными исследователями [7-9].

Результаты изучения частоты встречаемости аллелей и генотипов гена P1T-1 у быков герфордской породы представлены в таблице 2 и рисунках 5-6.

Таблица 2 – Частота встречаемости аллелей и генотипов гена P1T-1 у быков герфордской породы

| Ген | Частота встречаемости | | | | |
|-------|-----------------------|-------|--------------|----|----|
| | аллелей | | генотипов, % | | |
| | A | B | AA | AB | BB |
| P1T-1 | 0,385 | 0,615 | 17 | 44 | 39 |

Из данных таблицы 2 и рисунков 5-6 видно, что в исследуемом поголовье быков герфордской породы преобладали животные с генотипом P1T-1^{AB} – 44 % (42 головы). Частота встречаемости животных с генотипом P1T-1^{AA} составила 17 % (16 голов), а с генотипом P1T-1^{BB} – 39 % (38 голов). Частота встречаемости аллелей P1T-1^A и P1T-1^B составила 0,385 и 0,615.

Преобладание аллеля P1T-1^B в популяциях мясных пород было установлено и в исследованиях российских ученых [2, 10]. Это дает

основание предположить возможность влияния данного аллеля на хозяйственно полезные признаки животных.

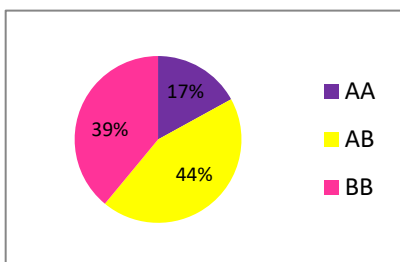


Рисунок 5 – Частота встречаемости генотипов по гену гипофизарного фактора транскрипции (PIT-1) у быков герефордской породы

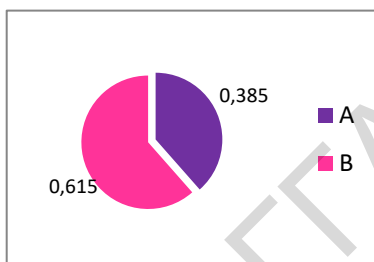


Рисунок 6 – Частота встречаемости аллелей гена гипофизарного фактора транскрипции (PIT-1) у быков герефордской породы

Заключение. Изучение полиморфизма генов гормона роста (GH) гипофизарного фактора транскрипции (PIT-1) у быков герефордской породы с использованием молекулярно-генетических методов позволило установить частоту встречаемости аллелей и генотипов в исследуемом поголовье. В результате исследования было установлено, что исследуемое поголовье быков герефордской породы, выращенных в СПК имени Деньшикова, характеризуется разнообразием форм аллелей и генотипов по генам гормона роста (GH) и гипофизарного фактора транскрипции (PIT). В исследуемом поголовье быков герефордской породы преобладали животные с генотипом GH^{LV} и $PIT-1^{AB}$. Полученные в процессе исследования данные по изучаемым генам, 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. Убойные и качественные показатели мяса герефордских быков в зависимости от генотипов гена соматотропина / Л. А. Танана [и др.] // Вестник Брянской ГСХА – № 6 (76) – 2019 – С. 40-45.
2. Полиморфизм гена гипофизарного фактора транскрипции (Pit-1) среди мясных пород крупного рогатого скота / М. В. Позовникова [и др.] // Актуальные вопросы ветеринарной биологии. – № 2 (30), 2016. – С. 14-16.
3. Влияние генетических ресурсов герефордской породы при различных методах разведения для получения высококачественной говядины / В. К. Пестис [и др.] // Вести национальной академии наук. Серия аграрных наук. – №3. – 2016. – С. 73-80.
4. Михайлова, М. Е. Влияние полиморфных вариантов генов соматотропинового каскада bGH, bGHR и bIGF-1 на признаки молочной продуктивности у крупного рогатого скота

голландской породы / М. Е. Михайлова, Е. В. Белая // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2011. – Т. 55. – № 2. – С. 63-69.

5. Влияние полиморфизма генов соматотропного каскада на мясную продуктивность казахской белоголовой породы / И. С. Бейшова [и др.] // Известия Оренбургского государственного аграрного университета – 2018 – № 2 (70). – С. 194-199.

6. Методические рекомендации по проведению ДНК-тестирования племенных животных субъектов племенного животноводства по генам определяющим продуктивные качества / В. К. Пестис [и др.]. – Гродно: ГГАУ, 2016. – 23 с.

7. Особенности полиморфизма генов гормона роста (GH), кальпаина (CAPN1) быков-производителей мясных пород / М. И. Селионова [и др.] // Вестник мясного скотоводства. – 2017. – № 2(98). – С. 65-72.

8. Полиморфизм генов bGH, RORC и DGAT1 у мясных пород крупного рогатого скота России / И. Ф. Горлов [и др.] // Генетика. – 2014, Т. 50. – № 12. – С. 1448-1454.

9. Polymorphisms of growth hormone GH-Alul in Jersey cows and its effect on milk yield and composition / С. Dario [and oth.] // Asian-australasian Journal of Animal Sciences. – 2008. – V. 21. – P. 1-5.

10. Оценка генетического потенциала отечественного скота по признакам высокого качества мяса на основе ДНК-маркерных систем / Г. Е. Сулимова [и др.] // Проблемы биологии продуктивных животных. – 2011. – № 1. – С. 62-64.

УДК 636.592.082.474.4

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА РАЗВИТИЯ ЭМБРИОНОВ КУР, КАЧЕСТВА СУТОЧНЫХ ЦЫПЛЯТ ПРИ ИСПОЛЬЗОВАНИИ ДЛЯ ПРЕДЫНКУБАЦИОННОЙ САНАЦИИ ЯИЦ УЛЬТРАФИОЛЕТОВОГО ИЗЛУЧЕНИЯ С-СПЕКТРА И ПАРАФОРМАЛЬДЕГИДА

М. А. Волонсевич

УО «Гродненский государственный аграрный университет»

г. Гродно, Республика Беларусь (Республика Беларусь, 230008,

г. Гродно, ул. Терешковой, 28; e-mail: ggau@ggau.by)

Ключевые слова: ультрафиолетовое излучение, параформальдегид, санация яиц, развитие эмбрионов, выводимость яиц, вывод цыплят, качество цыплят.

Аннотация. Проведены исследования по сравнительной оценке развития эмбрионов кур, качества суточных цыплят при использовании для предынкубационной санации яиц ультрафиолетового излучения С-спектра и параформальдегида. Установлено, что применение ультрафиолетового излучения С-спектра с обеспечением энергетической экспозиции $1,94 \text{ кДж/м}^2$, в сравнении с применением параформальдегида в дозе $7,5 \text{ г/м}^3$, обеспечивает опережающее развитие эмбрионов в первой половине инкубации – в возрасте 10 суток эмбрионы опытной группы достоверно превосходили эмбрионы контрольной группы: по массе эмбриона на $0,073 \text{ г}$, или $1,9 \%$ ($P < 0,05$); длине эмбриона на $0,3 \text{ см}$, или $1,9 \%$ ($P < 0,01$); массе сердца на $0,006 \text{ г}$, или $15,4 \%$ ($P < 0,05$), печени на $0,008 \text{ г}$, или $12,3 \%$ ($P < 0,001$), желудка на $0,005 \text{ г}$, или $7,2 \%$ ($P < 0,01$), массе кишечника на $0,006 \text{ г}$, или $18,2 \%$ ($P < 0,001$). При этом по результатам инкубации