

Сельскохозяйственный журнал. 2023. № 4 (16). С.165-178  
Agricultural journal. 2023; 16 (4). P. 165-178

Зоотехния и ветеринария

Научная статья

УДК 636.082.12:636.22/.28.033

DOI 10.48612/FARC/2687-1254/016.4.16.2023

**АССОЦИАЦИЯ ОДНОНУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ  
В ГЕНАХ *LEP*, *SCD*, *FABP4* С ЖИВОЙ МАССОЙ У МЯСНОГО СКОТА КАЛ-  
МЫЦКОЙ ПОРОДЫ**

**Анатолий Феоодович Шевхужев<sup>1</sup>, Анастасия Александровна Каниболоцкая<sup>1</sup>,  
Лариса Николаевна Скорых<sup>1</sup>, Лидия Валентиновна Кононова<sup>1</sup>,  
Дмитрий Николаевич Вольный<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», Россия, г.Михайловск, e-mail: info@fnac.center

<sup>2</sup>Государственное казенное учреждение «Центр племенных ресурсов», Россия, г.Ставрополь, e-mail: plemcentr@mail.ru

**Аннотация.** Ускорение селекционного процесса в последние десятилетие происходит по пути развития генетики на молекулярном уровне, определении и исследовании генов, связанных с развитием организма и экономически значимыми признаками продуктивности животных. Вследствие вышеизложенного, основной целью исследований явилось изучение однонуклеотидных полиморфизмов (SNP) в генах лептина (*LEP*), стеароил-КоА-десатуразы (*SCD*) и гена, ответственного за регуляцию внутриклеточного белка, связывающего жирные кислоты (*FABP4*), а также определение ассоциаций с живой массой у мясного скота калмыцкой породы. Проведённые молекулярно-генетические исследования участка гена *LEP* позволили выявить в его структуре у крупного рогатого скота калмыцкой породы 3 однонуклеотидных полиморфизма: с.73Т>С, с.196-121С>Т, г.92436333G>А. В гене *FABP4* идентифицировали 4 однонуклеотидных полиморфизма –с.220А>G, с.328G>А, с.408А>G, с.388G>С, а в гене *SCD* – один SNP – Т878С. Выявлена ассоциация генотипов обнаруженных полиморфизмов в генах *LEP*, *SCD* и *FABP4* с живой массой в 8-месячном возрасте в исследуемой популяции мясного скота. Так, установлено, что особи СС, СТ и АG, GG генотипов полиморфизмов с.73Т>С и г.92436333G>А гена *LEP* превосходили животных ТТ и АА генотипов по величине живой массы на 9,5, 7,3, 13,0 и 11,7 % соответственно. Выявлено, что животные, несущие в гомозиготном и гетерозиготном состоянии аллель Т в полиморфизме Т878С гена *SCD*, отличались наибольшим (на 17,7 и 20,1 %) значением по живой массе, чем молодняк СС генотипа. Животные – носители гомозиготного АА генотипа однонуклеотидного полиморфизма с.408А>G в гене *FABP4* имели наибольшую живую массу среди всех исследованных животных по данному гену. Проведённые исследования позволили получить новые сведения о наличии ассоциации генотипов однонуклеотидных полиморфизмов в генах *LEP*, *SCD* и *FABP4* с признаками роста в популяции мясного скота калмыцкой породы.

**Ключевые слова:** лептин, стеароил-КоА-десатураза, однонуклеотидный полиморфизм (SNP), живая масса, крупный рогатый скот, генотип, калмыцкая порода

**Для цитирования:** Ассоциация однонуклеотидных полиморфизмов в генах *LEP*, *SCD*, *FABP4* с живой массой у мясного скота калмыцкой породы / А.Ф.Шевхужев, А.А. Каниболоцкая, Л.Н.Скорых, Л.В. Кононова, Д.Н. Вольный // Сельскохозяйственный журнал. 2023. № 4 (16). С.165-178. DOI 10.48612/FARC/2687-1254/016.4.16.2023

Zootechny and veterinary science

Original article

## ASSOCIATION OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM IN *LEP*, *SCD*, *FABP4* GENES WITH LIVE WEIGHT IN BEEF CATTLE OF THE KALMYK BREED

Anatoly F. Shevkhuzhev<sup>1</sup>, Anastasia A. Kanibolotskaia<sup>1</sup>, Larisa N. Skorykh<sup>1</sup>, Lidiia V. Kononova<sup>1</sup>, Dmitriy N. Volnyi<sup>2</sup>

<sup>1</sup> FSBSI “North Caucasus Federal Agricultural Research Centre”, Russia, Stavropol Territory, Mikhailovsk, e-mail: info@fnac.center

<sup>2</sup> State Public Institution “Center of Breeding Resources”, Russia, Stavropol, e-mail: plemcentr@mail.ru

**Abstract.** The acceleration of the selection process in the last decade goes along with the development of genetics at the molecular level, the identification and study of genes, which are associated with the development of the organism and economically important traits of animal productivity. Therefore, the main purpose of the research was to study single nucleotide polymorphisms (*SNP*) in the genes of leptin (*LEP*), stearoyl-CoA desaturase (*SCD*) and the gene, which is responsible for the regulation of intracellular fatty acid-binding protein (*FABP4*), as well as to determine associations with live weight in beef cattle of the Kalmyk breed. Molecular genetic studies of the *LEP* gene region made it possible to identify three single-nucleotide polymorphisms in its structure in Kalmyk cattle: c.73T>C, c.196-121C>T, g.92436333G>A. Four single nucleotide polymorphisms c.220A >G, c.328G >A, c.408A >G, c.388G >C were identified in the *FABP4* gene, and one SNP – T878C was identified in the *SCD* gene. An association of genotypes of detected polymorphisms in the *LEP*, *SCD* and *FABP4* genes with live weight at the age of 8 months in the studied population of beef cattle was identified. Thus, it was found that animal individuals of CC, CT and AG, GG genotypes of c.73T>C and g.92436333G>A polymorphisms of the *LEP* gene exceeded animals of TT and AA genotypes in live weight by 9,5, 7,3, 13,0 and 11,7%, respectively. It was found out that animals, which carried the T allele in a homozygous and heterozygous state in the T878C polymorphism of the *SCD* gene, differed in greater live weight than young animals of the CC genotype by 17,7 and 20,1%. Animals, which carried the homozygous AA genotype of single nucleotide polymorphism c.408A>G in the *FABP4* gene, had the greatest live weight among all studied animals for this gene. The conducted studies made it possible to obtain new information about the presence of associations of genotypes of single nucleotide polymorphisms in the *LEP*, *SCD* and *FABP4* genes with growth characteristics in the population of Kalmyk beef cattle.

**Keywords:** leptin, stearoyl-CoA desaturase, single nucleotide polymorphism (SNP), live weight, cattle, genotype, Kalmyk breed

**For citation:** Association of single nucleotide polymorphism in *LEP*, *SCD*, *FABP4* genes with live weight in beef cattle of the Kalmyk breed / A.F. Shevkhuzhev, A.A. Kani-

bolotskaia, L.N. Skorykh, L.V. Kononova, D.N. Volnyi // Agricultural Journal. 2023. No. 4 (16). P.165-178. DOI 10.48612/FARC/2687-1254/016.4.16.2023

**Введение.** Прогресс в области кормления животных, воспроизводства, количественной генетики, развития молекулярной генетики, протеомики и функциональной геномики открывает новые перспективы для мясной промышленности. Потенциальное влияние молекулярной генетики на сельскохозяйственных животных велико, особенно в отношении такого признака, как качество мяса, который трудно измерить [1, 2, 3]. Ведь получить «мраморное мясо» от молочного скота не представляется возможным, а именно такая говядина становится наиболее популярной у потребителя. Изучение экспрессии генов в связи с различными производственными и качественными характеристиками позволит лучше понять генетические и молекулярные механизмы, участвующие в формировании признаков качества [4, 5].

Одной из основных целей животноводов и исследователей является улучшение роста и послеубойных характеристик туш животных. Размер тела считается инструментом для мониторинга роста животных в период откорма. Контролируя развитие каждого животного, можно добиться более высокой прибыли за счёт повышения эффективности рационов и управления ими [6].

Применяемые на протяжении многих лет методы отбора желательных особей по фенотипу не потеряли своей значимости, и многие достижения реализовывались благодаря процессу, который медленно ускоряется в последние годы, особенно в отношении качества мяса. Действительно, признак качества мяса трудно улучшить с помощью традиционного отбора, потому что наследуемость параметров, характеризующих качество мяса, низкая, а измерить качественный признак сложно, дорого и возможно только после убоя [7].

В настоящее время использование информации, полученной в результате геномного анализа, считается эффективной альтернативой для корректировки стратегий селекции и сохранения скота с желаемыми признаками. Внедрение передовых геномных технологий в селекционный процесс позволит добиться существенного увеличения мясной продуктивности при условии рационального использования генетических ресурсов.

Среди основных достижений в области геномного анализа является разработка комплексной системы геномной оценки на основе полиморфизмов или SNP. Данные о полиморфизмах позволили идентифицировать гаплотипы с различным селективным давлением и эволюционными паттернами, связанными с формированием породы и иными способами генетического улучшения популяций различными методами селекции. Новые знания помогли обозначить векторы для генетического улучшения поголовья [8].

Геномная оценка обеспечивает отбор в раннем онтогенезе потенциально высокопродуктивных по мясным показателям животных с особо ценными вариациями аллелей для дальнейшего воспроизводства, что позволяет существенно сократить сроки совершенствования мясных стад.

В последнее время наибольший интерес проявляется к исследованиям, направленным на выявление генетического полиморфизма в генах, связанных с формированием количественно-качественных параметров мясной продуктивности крупного рогатого скота у разных пород.

Качество мяса – это многокомпонентный фенотип, состоящий из многих характеристик, являющихся основными факторами ценообразования на продукт и принятия его потребителями. Качественные показатели мяса относятся к важным параметрам, к которым можно причислить: содержание внутримышечного жира, оптимальный состав жирных кислот, цвет, нежность, вкус, сочность, аромат. Хорошо известно, что многие факторы, связанные с генетическими особенностями животных и условиями окружающей среды, регулируют показатели качества туши и мяса мясного скота [9]. Наблюдаемые и измеряемые признаки туши важны для определения показателей качества мяса. Такие характеристики, как площадь мышечного глазка и глубина подкожного жира, указывают на количество товарной туши, в то время как мраморность является важным показателем качества мяса, пригодного для употребления в пищу [10].

Ген лептина *LEP* был идентифицирован как перспективный ген, ответственный за увеличение веса, ростовые характеристики, накопление энергии и липидный обмен [11, 12].

Ген *LEP* крупного рогатого скота картирован на хромосоме 4 и содержит Экзона и 2 интрона, опосредуется экспрессией *LEPR* (рецептора лептина) в гипоталамусе. *LEP* синтезируется и экспрессируется преимущественно белыми адипоцитами с концентрацией 16 кДа, главным образом в белой жировой ткани, но также в скелетных мышцах, эпителии молочной железы, желудка и плаценте в меньших пропорциях. Ген лептина продуцирует гормон лептин, секретирующийся жировой тканью и играющий важную роль в энергетическом балансе, регулируя потребление корма, эндокринную и иммунную функции [12-13].

Известно о влиянии полиморфизмов в гене *LEP* у аборигенного корейского скота на продуктивные качества. Известно, что генотип *ССКpn2 I* оказывал значительно большее влияние на толщину жира на спине и площадь длинных мышц, чем генотип *ТТ*. Генотип *ААМspI* оказал более высокое влияние на показатель мраморности, чем генотипы *АВ* и *ВВ* [14]. Также носители гаплотипа *С/СС* в полиморфизмах *С73Т* и *С528Т* при исследовании популяции абердин-ангусского мясного скота демонстрировали максимальные приросты живой массы, однако тёлки с комбинациями *ТТ/СТ* и *СТ/СТ* имели более высокую живую массу перед убоем [15].

Кроме того, в популяции абердин-ангусской породы и их помесей с породами симментальская и лимузин установлено, что особи *ТТ* генотипа полиморфизма *UASMS2* гена *LEP* отличались более высокими баллами по органолептическим свойствам мяса, в сравнении с носителями *СС* и *СТ* генотипов. В мясе у животных – носителей генотипа *СС* наблюдалось меньше жира, окружающего филейную часть, чем у животных с генотипом *СТ* и *ТТ* [16].

Мышечная ткань является основной тканью организма, определяющей пищевую ценность мяса. Состав жирных кислот – важный фактор для оценки качества говядины на коммерческом рынке. Жировая ткань, содержащая большое количество мононенасыщенных жирных кислот, может способствовать получению высококачественной говядины, поскольку приводит к более низкой температуре плавления, что придает говядине благоприятный вкус и нежность. Результаты исследований ряда учёных предполагают, что указанные качественные характеристики мяса контролируются генами, ответственными за синтез и метаболизм липидов.

Ген белка, связывающего жирные кислоты (*FABP*), является членом семейства консервативных внутриклеточных липид-связывающих белков. Белок, связывающий

жирные кислоты (*FABP4*), который экспрессируется в жировой ткани, взаимодействует с рецепторами, активируемыми пролифератором пероксисом, и связывается с чувствительной к гормонам липазой и, следовательно, играет основную роль в метаболизме липидов [17].

Зарубежные учёные высказали предположение, что ген *FABP4* у крупного рогатого скота в значительной степени связан с толщиной жира, мраморностью мяса и массой туши. На основе биологических свойств учёные предполагают, что этот член семейства (*FABP4*) играет важную роль в характеристиках туши крупного рогатого скота. При этом взаимосвязь *FABP4* с прижизненными признаками мясной продуктивности у крупного рогатого скота, а именно с величиной живой массы, неоднозначна [18].

Ген стеароил-КоА десатураза (*SCD*) представляет собой фермент, участвующий в превращении насыщенных жирных кислот в ненасыщенные в адипоцитах млекопитающих. Как известно, высокое содержание мононенасыщенных жирных кислот с низкой температурой плавления в говядине оказывает значительное влияние на вкусовые качества и пищевую ценность мяса. У животных фермент *SCD* катализирует десатурацию пальмитиновой и стеариновой кислот, что способствует образованию мононенасыщенных пальмитолеиновой и олеиновой кислот [19].

Исследования, свидетельствующие о наличии ассоциаций различных полиморфизмов гена *SCD* с хозяйственно значимыми признаками у разных пород, неоднозначны. В то же время достоверных и однозначных сведений об ассоциации гена *SCD* с признаками мясной продуктивности, а именно с величиной живой массы, не обнаружено.

**Цель исследований.** В связи с вышеизложенным целью данного исследования – определение полиморфизмов в генах *LEP*, *SCD* и *FABP4*, выявление ассоциаций с величиной живой массы мясного скота калмыцкой породы.

**Материал и методы исследования.** Экспериментальная часть исследований проводилась на базе СПК колхоза-племзавода «Дружба» Апанасенковского района Ставропольского края.

Лабораторные исследования выполнялись в условиях лабораторий ВНИИОК – филиала ФГБНУ «Северо-Кавказский ФНАЦ». Объект исследования – бычки калмыцкой породы 8-месячного возраста, численностью 156 голов. У этой группы животных взяты образцы биологического материала и выделена геномная ДНК. В качестве биоматериала для проведения ДНК-генотипирования у животных использовалась кровь, забор которой выполнен из яремной вены. Пробы крови отбирали в закрытые системы забора крови S-Monovette® производства SARSTEDT (Германия) с антикоагулянтом ЭДТА. Выделение ДНК осуществляли методом нуклеосорбции с использованием сертифицированного набора «ДНК – Экстран – 1» (ЗАО «Синтол», Россия). Для определения наличия аллельного полиморфизма гена лептина (*LEP*) использовалась ПЦР-ПДРФ-диагностика с последующим анализом длин рестрикционных фрагментов, включающих обработку амплифицированных отрезков ферментами рестриктаз и последующее разделение полученных участков при помощи гель-электрофореза.

Для изучения полиморфизма гена *SCD* выполнялось генотипирование методом ПЦР-ПДРФ. Полимеразную цепную реакцию выполняли с использованием лиофилизированных готовых реакционных смесей GenPak® PCRCORE (ООО «Лаборатория Изоген», Россия) с использованием специфических праймеров подобранных на ресурс Primer-BLAST (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>). ПЦР сделана на амплификаторе ThermalCyclerT1000 («Bio-Rad Laboratories, Inc.», США). Для определения генотипов животных, полученный амплификат, обрабатывали эндонуклеазой рестрикции

FauI (ООО «Сибэнзим», Россия). Реакцию считывали с помощью видеосистемы геледокументирования «Взгляд» (Хеликон, Россия). Идентификацию рестриктов проводили относительно ДНК-маркера молекулярных масс GeneRulerDNALadderMix (ThermoFisherScientific, США).

Для изучения полиморфизма гена *FABP4* использовали мультиплексный молекулярно-генетический метод SnapShot. Реакцию проводили с помощью набора SNaPshotddNTPPrimerExtensionKit (AppliedBiosystems, Фостер-Сити, Калифорния, США) согласно инструкции производителя. Электрофорез выполнялся на генетическом анализаторе SeqStudioAppliedBiosystems с последующим анализом продуктов электрофореза с использованием программного обеспечения GeneMapper v.6.0 (AppliedBiosystems, Фостер-Сити, Калифорния, США).

Показатели роста у животных изучались на основании полученных данных о живой массе путём взвешивания.

Статистическую обработку данных выполняли в программах IBMSPSSStatistics 26 и MicrosoftExcel.

**Результаты исследований и их обсуждение.** На основании проведённого генотипирования и выравнивания на референсный геном ([www.ncbi.ru](http://www.ncbi.ru)) идентифицировано 3 однонуклеотидных полиморфизма – с.73Т>С, с.196-121С>Т, g.92436333G>А – в гене *LEP*. В гене *FABP4* идентифицировали 4 однонуклеотидных полиморфизма – с.220А>G, с.328G>А, с.408А>G, с.388G>С, а в гене *SCD* – один SNP – Т878С (таблица 1).

Таблица 1

Частота встречаемости аллелей и генотипов полиморфизмов  
в генах *LEP*, *SCD* и *FABP4* у молодняка мясного скота калмыцкой породы

Ген	Полиморфизм	Частоты аллелей		Частоты генотипов, %		
		С	Т	СС	СТ	ТТ
LEP	с.73Т>С	0,52	0,48	29,0	46,0	25,0
	с.196-121С>Т	0,42	0,58	25,0	34,0	41,0
	g.92436333G>А	А	Г	АА	АГ	ГГ
		0,54	0,46	39,0	30,0	31,0
FABP4		А	Г	АА	АГ	ГГ
	с.220А >G	0,49	0,51	25,0	48,0	27,0
	с.328G >А	0,26	0,74	12,0	27,0	61,0
	с.408А >G	0,60	0,40	38,0	44,0	18,0
		Г	С	ГГ	ГС	СС
	с.388G >С	0,60	0,40	38,0	44,0	18,0
SCD	Т878С	С	Т	СС	СТ	ТТ
		0,67	0,33	44,0	46,0	10,0

Установлено, что выявленные полиморфизмы с.73Т>С, с.196-121С>Т, g.92436333G>А гена *LEP* представлены 2 аллелями – С и Т, А и Г – с разной частотой встречаемости. Разница в частоте встречаемости аллелей С и Т полиморфизма с.73Т>С и аллелей А и Г полиморфизма g.92436333G>А в гене *LEP* оказалась практически в одинаковых соотношениях и составили 0,52, 0,48 и 0,54, 0,46 % соответственно. Сопоставление частот встречаемости аллелей в полиморфизме с.196-121С>Т выявило сле-

дующие результаты: установлена высокая частота встречаемости аллеля Т (0,58) и низкая – аллеля С (0,42).

Разница в частоте встречаемости аллелей А и G полиморфизма с.220А>G в гене *FABP4* оказалась практически в одинаковых соотношениях – 0,49 и 0,51, но в тоже время аллели А и G по полиморфизмам с.328G>А, с.408А>G исследуемого гена характеризовались значительной разницей по частоте встречаемости. Так, в анализируемой позиции с.328G>А обнаружена высокая частота встречаемости аллеляG (0,74), низкая – аллеля А (0,26). Рассмотрение частот встречаемости аллелей в полиморфизмах с.408А>G и с.388G>С гена *FABP4* позволило выявить следующие результаты: обнаружена высокая частота встречаемости аллелей А и G (0,60), низкая – аллелей G и С (0,40) соответственно.

В единичном полиморфизме Т878С гена *SCD* обнаружена высокая частота встречаемости аллеля С (0,67) и низкая аллеляТ (0,33).

Наш результат согласуется с множеством исследований, в которых аллель С встречался с высокой частотой в исследуемых популяциях крупного рогатого скота: голштинской породы словацкой селекции, голштинской породы канадской селекции, японской чёрной породы, голштинской породы китайской и польской селекции [20].

По результатам распределения частот аллелей у животных исследуемой популяции были определены по 3 генотипа СС, СТ, ТТ в 2 полиморфизмах с.73Т>С и с.196-121С>Т, АА, АG, GГ в единичном полиморфизме g.92436333G>А гена *LEP*.

Изучение полиморфных вариантов в гене *LEP* позволило установить, что среди исследуемой группы животных в популяции мясного скота наибольшую частоту встречаемости имел гетерозиготный СТ генотип в полиморфизме с.73Т>С, составивший 46,0 %, тогда как гомозиготные особи СС и ТТ генотипа встречались практически в одинаковых соотношениях (29,0 и 25,0). Однако в исследуемой группе животных наиболее часто встречался гомозиготный ТТ генотип в полиморфизме с.196-121С>Т, составивший 41,0 %. Особи с гетерозиготным СТ генотипом распределились в средних значениях частот встречаемости (34,0 %), тогда как меньшую частоту (25,0 %) встречаемости имел гомозиготный СС вариант. В полиморфизме g.92436333G>А наиболее распространённым был гомозиготный АА генотип – 39,0 %, тогда как гетеро- и гомозиготный АG и GГ генотипы обладали практически равными значениями – 30,0 и 31,0 %.

Данные по мутации с.73Т>С согласуются с исследованиями Kuswati K. et al. (2022), которые так же выявили более высокую частоту встречаемости генотипа СТ в популяции скота породы Мадуро (частоты генотипов ТТ, ТС и СС составили 0,275; 0,45 и 0,275) [21].

Среди обнаруженных полиморфизмов гена *FABP4* в полиморфизме с.328G>А обнаружена наибольшая частота (61,0 %) встречаемости особей с гомозиготным GГ генотипом, животные с гетерозиготным АG вариантом встречались реже (27,0 %), тогда как с гомозиготным АА генотипом крайне редко (12,0%).

Частота встречаемости АА, АG и GГ генотипов в единичном полиморфизме с.220А>G насчитывала 25,0 48,0 и 27,0 % соответственно. Однако в исследуемой группе животных редко встречался GГ генотип (18%) в полиморфизме с.408А>G, тогда как АА и АG генотипы распределились в следующих соотношениях: 38 и 44 %. Частота встречаемости GГ, GС и СС генотипов в полиморфизме с.388G>С составила 38,0, 44,0 и 18,0 % соответственно.

Результаты исследований Ardiçlı S. et al. (2021), проводимых на животных в популяции крупного рогатого скота абердин-ангусской и герефордской пород, показали,

что наиболее встречаемым генотипом стал GG (49,18% и 52,94%), а частота минорного аллеля (аллель А) составила 0,32 % в общей популяции, что сопоставимо с полученными нами данными у калмыцких бычков [22].

По данным Gao Y. Y. et al. (2022), для SNPc.220A>G аллель А также является желательным при отборе животных для дальнейшей селекции [23].

В исследуемой популяции мясного скота частота встречаемости генотипов СС и СТ в полиморфизме Т878С гена *SCD* распределилась практически в одинаковых соотношениях (44 и 46%), тогда как меньшая частота встречаемости обнаружена у особей с ТТ генотипом (10 %).

По данным Miluchová M., GáborM., GašperJ. (2022), генотип СС был наиболее многочисленным во многих породах [19].

В результате проведения исследований проанализирована взаимосвязь полиморфных вариантов генов *LEP*, *FABP4*, *SCD* с живой массой молодняка крупного рогатого скота калмыцкой породы.

Таблица 2

Живая масса мясного скота калмыцкой породы  
с различными генотипами в полиморфизмах генов *LEP*, *FABP4*, *SCD*, (кг)

Ген	Полиморфизм	Генотип		
		СС	СТ	ТТ
LEP	c.73T>C	193,2±8,8	198,0±9,3	179,1±8,2
	c.196-121C>T	214,3±8,0	211,5±9,8	213,0±8,1
	g.92436333G>A	AA	191,1±11,2	219,7±13,2
AG				
FABP4	AA			GG
	c.220A >G	208,2±10,1	192,3±8,5	188,9±13,3
	c.328G >A	199,7±9,4	181,0±13,9	211,4±10,3
	c.408A >G	222,7±9,8	179,4±11,2	218,2±11,5
	GG		GC	CC
	c.388G >C	181,7±9,0	189,8±13,1	194,8±10,5
SCD	Т878С	СС	СТ	ТТ
		185,6±13,5	223,0±9,5	218,5±13,8

Сопоставляя измерения живой массы у мясного скота в зависимости от генотипов выявленных полиморфизмов в гене *LEP*, установлено, что бычки с генотипами СС и СТ в полиморфизме c.73T>C, животные AG и GG генотипов в полиморфизме g.92436333G>A характеризовались более высоким числовым значением данного признака, в сравнении с молодняком ТТ и АА генотипов. Так, носители гомозиготного СС и гетерозиготного СТ генотипов полиморфизма c.73T>C отличались на 7,3 и 9,5 % большей величиной живой массы, чем животные ТТ варианта. Носители AG и GG генотипов полиморфизма g.92436333G>A характеризовались на 13,0 и 11,7 % большей живой массой, в сравнении с бычками АА варианта.

Однако при рассмотрении животных исследуемой популяции мясного скота с различными генотипами в единичном полиморфизме c.196-121C>T гена *LEP*

выявленная ассоциация генотипов полиморфизмов с.73Т>С и g.92436333G>А с величиной живой массы не сохраняется.

У крупного рогатого скота породы Мадуро также выявлена достоверная ассоциация SNP с.73Т>С с живой массой и характеристиками роста, а животные – носители генотипа ТС имели самые высокие показатели [20].

Анализ сопоставления живой массы у исследуемых животных с различными генотипами в полиморфизме с.220А>G гена *FABP4* показал, что животные с гомозиготным АА генотипом имели преимущество на 8,2 и 10,2 %, в сравнении с особями АG и GG-вариантов.

Исследования ассоциации свидетельствовали, что полиморфизм с.220А > G в гене *FABP4* был достоверно связан с мясной продуктивностью и толщиной длинных мышц у китайского скота циньчуаньской породы [22].

У животных исследуемой популяции мясного скота с различными генотипами в полиморфизме с.408G>С гена *FABP4* выявленная ассоциация генотипов полиморфизма с.220А>G с величиной живой массы сохраняется. Носители гомозиготного GG генотипа полиморфизма с.328G>А превосходили животных с АА и АG генотипами по показателю живой массы на 5,8 и 16,7 %.

Известно, что SNP с.408А>G положительно коррелирует с содержанием ненасыщенных жирных кислот, показателем мраморности и ассоциирована со вкусовыми качествами говядины [23].

По данным Ardiçlı S. et al., (2021), анализ ассоциации с убойной массой и признаками туши у бычков абердин-ангусской и герефордской пород показал влияние полиморфизма с.328G>А в гене *FABP4* в общей популяции у носителей аллели А [21].

Рассматривая группу мясного скота с различными генотипами в полиморфизме Т878С гена *SCD*, выявили, что животные, несущие в гомозиготном и гетерозиготном состоянии аллель Т, опережали особей СС варианта на 17,7 и 20,1 %.

Однако Miluchová M., Gábor M., Gašper J. (2022) сообщают о положительном влиянии аллеля С на превращение синтезированных среднецепочечных насыщенных жирных кислот в их ненасыщенную форму в организме животных. Благоприятное влияние аллеля С на среднецепочечные ненасыщенные жирные кислоты и на индекс десатурации представляет особый интерес, поскольку среднецепочечные насыщенные жирные кислоты в наибольшей степени способствуют повышению уровня холестерина у потребителей мяса и молока коров [19].

**Заключение.** На основании проведенного генотипирования у мясного скота калмыцкой породы идентифицировали 3 однонуклеотидных полиморфизма – с.73Т>С, с.196-121С>Т, g.92436333G>А в гене *LEP*, 4 SNP – с.220А>G, с.328G>А, с.408А>G, с.388G>С в гене *FABP4*, один – Т878С в гене *SCD*. В результате исследований для каждого обнаруженного полиморфизма определена частота встречаемости аллельных вариантов в популяции и частота встречаемости гомозиготных и гетерозиготных генотипов.

На основании проведенных исследований получены сведения о генетической структуре и данные о наличии ассоциации генотипов однонуклеотидных полиморфизмов в генах *LEP*, *FABP4*, *SCD* с признаками роста в популяции мясного скота.

## Список источников

1. Дежина И.Г., Арутюнян А.Г., Пономарев А.К. Ландшафт высокотехнологичного развития животноводства в России // Журнал Новой экономической ассоциации. (2022). № 1 (53). С. 240–248. DOI: 10.31737/2221-2264-2022-53-1-14.
2. Сангаджиев Д.А., Погодаев В.А., Арилов А.Н. Мясная продуктивность бычков калмыцкой мясной породы, полученных при внутрилинейном подборе и кроссах линий // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. (2021). № 1 (87). С. 251–256. DOI: 10.37670/2073-0853-2021-87-1-251-256.
3. Погодаев В.А., Сангаджиев Д.А. Особенности роста бычков калмыцкой мясной породы крупного рогатого скота, полученных от кроссов разных линий // Известия Оренбургского государственного аграрного университета. (2021). № 1 (87). С. 243–246. DOI: 10.37670/2073-0853-2021-87-1-243-246.
4. Самыгин Д. Ю. Барышников Н. Г., Мизюркина Л. А. Модели сценарного прогнозирования развития сельского хозяйства региона // Экономика региона. (2019). № 3 (15). С. 865-879. DOI: 10.17059/2019-3-18.
5. Боголюбова Л.П. состав в племенном мясном скотоводстве России / Л.П. Боголюбова, С.В. Никитина, Е.А. Матвеева, Е.Е. Тяпугин // Молочное и мясное скотоводство. 2021. № 1. С. 10–12. DOI:10.33943/MMS.2021.29.45.002.
6. Raza S. H. A. Genome-wide association studies reveal novel loci associated with carcass and body measures in beef cattle. / S. H. A. Raza, S. Khant, M. Amjadi, S.A. Abdelnour, H. Ocran, K.M. Alanazi, L. Zan // Archives of Biochemistry and Biophysics. 2020. Т. 694. P. 108543. <https://doi.org/10.1016/j.abb.2020.108543>
7. Gebreselassie G. Genomic mapping identifies two genetic variants in the MC1R gene for coat colour variation in Chinese Tan sheep / G. Gebreselassie, B. Liang, H. Berihulay, R. Islam, A. Abied, L. Jiang, Y. Ma // PloS one. 2020. №. 8. (15). P. e0235426. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235426>
8. Berghof T. V. L., Poppe M., Mulder H. A. Opportunities to improve resilience in animal breeding programs //Frontiers in Genetics. (2019). Т.9. P.692. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00692>
9. Mwangi F. W. et al. Diet and genetics influence beef cattle performance and meat quality characteristics //Foods. (2019). №.12(8). P.648.<https://doi.org/10.3390/foods8120648>
10. Mwangi F. W. et al. Single nucleotide polymorphisms in the fatty acid binding protein 4, fatty acid synthase and stearyl-CoA desaturase genes influence carcass characteristics of tropical crossbred beef steers //Agriculture. (2022). №. 8(12). P. 1171.<https://doi.org/10.3390/agriculture12081171>
11. Haruna I.L. Identification of novel nucleotide sequence variations in an extended region of the bovine leptin gene (LEP) across a variety of cattle breeds from New Zealand and Nigeria / I.L. Haruna, S.A. Hadebe, O.J. Oladosu, G. Mahmoud, H. Zhou, J.G. Hickford//Archives Animal Breeding. 2020. №. 2(63). P. 241. <https://doi.org/10.5194/aab-63-241-2020>
12. Селионова М.И. Исследование полиморфизма генов гормона роста, лептина у овец породы советский меринос/ М.И. Селионова, Д.А. Ковалев, Л.Н. Скорых, Н.С. Сафонова, Н.И. Ефимова //Вестник АПК Ставрополя. 2019. № 3 (35). С. 25-29.DOI: 10.31279/2222-9345-2019-8-35-25-29

13. Sedykh T.A. Effects of leptin gene polymorphism on beef cattle performance / T.A. Sedykh, L.A. Kalashnikova R.S. Gizatullin, V.I. Kosilov //Russian agricultural sciences. 2020. T. 46. P. 614-618. <https://doi.org/10.3103/S1068367420060166>
14. Naserkheil M. et al. Exploring and Identifying Candidate Genes and Genomic Regions Related to Economically Important Traits in Hanwoo Cattle //Current Issues in Molecular Biology. (2022). №. 12(44).P. 6075-6092.
15. Gerasimov N.P. The combined effect of the C73T and C528T polymorphisms of the leptin gene on the formation of meat productivity in Aberdeen-Angus cows and heifers / N.P. Gerasimov, K.M. Dzhulamanov, S.V. Lebedev, V. I. Kolpakov //AIP Conference Proceedings. AIP Publishing LLC. 2022. № 1(2467). P. 070063. <https://doi.org/10.1063/5.0093925>
16. Greenwood P. L., Gardner G. E., Ferguson D. M. Current situation and future prospects for the Australian beef industry - A review //Asian-Australasian journal of animal sciences. (2018). № 7 (31). P. 992. DOI: 10.5713 /ajas.18.0090
17. Yin B. et al. Correlations between single nucleotide polymorphisms in FABP4 and meat quality and lipid metabolism gene expression in Yanbian yellow cattle //PloS One. (2020). № 6 (15). P. e0234328. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0234328>
18. Pećina M. et al. Effect of FASN, SCD, and GH Genes on Carcass Fatness and Fatty Acid Composition of Intramuscular Lipids in F1 Holstein× Beef Breeds //Agriculture. (2023). № 3(13). P. 571.<https://doi.org/10.3390/agriculture13030571>
19. Miluchová M., Gábor M., Gašper J. Analysis of the Genetic Structure of Slovak Holstein Cattle Using Seven Candidate Genes Related to Milk Quality //Diversity. (2022). № 11(14). P. 989. DOI:10.3390/d14110989
20. Kuswati K. et al. Polymorphism of leptin gene (single nucleotide polymorphisms c. 73T> C) and its association with body weight and body measurements in Madura cattle //Veterinary World. (2022). № 3(15). P. 775. DOI: 10.14202/vetworld.2022.775-781
21. Ardiçlı S. et al. Genetic variability of FABP4 c. 328 G> A (rs110652478) polymorphism and its association with slaughter weight and carcass traits in aberdeen angus and hereford bulls imported into Turkey. – 2021.
22. Gao Y. Y. et al. Association of variants in FABP4, FASN, SCD, SREBP1 and TCAP genes with intramuscular fat, carcass traits and body size in Chinese Qinchuan cattle //Meat Science. (2022). T. 192. P. 108882. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2022.108882>
23. Goszczynski D. E. et al. Genetic variation in FABP4 and evaluation of its effects on beef cattle fat content //Animal biotechnology. (2017). № 3(28). P. 211—219. <https://doi.org/10.1080/10495398.2016.1262868>

#### **References**

1. Dezhina I.G., Arutiunian A.G., Ponomarev A.K. High-tech landscape of the cattle breeding industry in Russia // Journal of the New Economic Association. (2022). No. 1 (53). pp. 240–248. DOI: 10.31737/2221-2264-2022-53-1-14
2. Sangadzhiev D.A., Pogodaev V.A., Arilov A.N. Meat productivity of Kalmyk beef breed bull calves obtained through intraline selection and line crosses // Izvestia Orenburg state agrarian university. (2021). No. 1 (87). pp. 251–256. DOI: 10.37670/2073-0853-2021-87-1-251-256.

3. Pogodaev V.A., Sangadzhiev D.A. Growth characteristics of Kalmyk beef breed bull calves obtained from crosses of different lines // *Izvestia Orenburg state agrarian university*. (2021). No. 1 (87). pp. 243–246. DOI: 10.37670/2073-0853-2021-87-1-243-246.
4. Samygin D. Yu. Baryshnikov N. G., Miziurkina L. A. Models of scenario forecasting of the region's agriculture development // *Economy of regions*. (2019). No. 3 (15). pp. 865-879. DOI: 10.17059/2019-3-18.
5. Bogoliubova L.P. Composition in pedigree beef cattle breeding in Russia / L.P. Bogoliubova, S.V. Nikitina, E.A. Matveeva, E.E. Tiapugin // *Dairy and beef cattle farming*. 2021. No. 1. pp. 10–12. DOI: 10.33943/MMS.2021.29.45.002
6. Raza S. H. A. Genome-wide association studies reveal novel loci associated with carcass and body measures in beef cattle. / S. H. A. Raza, S. Khant, M. Amjadi, S.A. Abdelnour, H. Ohran, K.M. Alanazi, L. Zan // *Archives of Biochemistry and Biophysics*. 2020. V. 694. P. 108543. <https://doi.org/10.1016/j.abb.2020.108543>
7. Gebreselassie G. Genomic mapping identifies two genetic variants in the MC1R gene for coat color variation in Chinese Tan sheep / G. Gebreselassie, B. Liang, H. Berihulay, R. Islam, A. Abied, L. Jiang, Y. Ma // *PloS one*. 2020. No. 8. (15). P. e0235426. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0235426>
8. Berghof T. V. L., Poppe M., Mulder H. A. Opportunities to improve resilience in animal breeding programs // *Frontiers in Genetics*. (2019). T.9. P.692. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00692>
9. Mwangi F. W. et al. Diet and genetics influence beef cattle performance and meat quality characteristics // *Foods*. (2019). No. 12(8). P.648. <https://doi.org/10.3390/foods8120648>
10. Mwangi F. W. et al. Single nucleotide polymorphisms in the fatty acid binding protein 4, fatty acid synthase and stearyl-CoA desaturase genes influence carcass characteristics of tropical crossbred beef steers // *Agriculture*. (2022). No. 8(12). P. 1171. <https://doi.org/10.3390/agriculture12081171>
11. Haruna I.L. Identification of novel nucleotide sequence variations in an extended region of the bovine leptin gene (LEP) across a variety of cattle breeds from New Zealand and Nigeria / I.L. Haruna, S.A. Hadebe, O.J. Oladosu, G. Mahmoud, H. Zhou, J.G. Hickford // *Archives Animal Breeding*. 2020. No. 2(63). P. 241. <https://doi.org/10.5194/aab-63-241-2020>
12. Selionova M.I. Study of polymorphism of growth hormone and leptin genes in Soviet Merino sheep / M.I. Selionova, D.A. Kovalev, L.N. Skorykh, N.S. Safonova, N.I. Efimova // *Agrarian Bulletin of the North Caucasus*. 2019. No. 3 (35). pp. 25-29. DOI: 10.31279/2222-9345-2019-8-35-25-29
13. Sedykh T.A. Effects of leptin gene polymorphism on beef cattle performance / T.A. Sedykh, L.A. Kalashnikova, R.S. Gizatullin, V.I. Kosilov // *Russian agricultural sciences*. 2020. T. 46. P. 614-618. <https://doi.org/10.3103/S1068367420060166>

14. Naserkheil M. et al. Exploring and Identifying Candidate Genes and Genomic Regions Related to Economically Important Traits in Hanwoo Cattle //Current Issues in Molecular Biology. (2022). No. 12 (44). P. 6075-6092.
15. Gerasimov N.P. The combined effect of the C73T and C528T polymorphisms of the leptin gene on the formation of meat productivity in Aberdeen-Angus cows and heifers / N.P. Gerasimov, K.M. Dzhulamanov, S.V. Lebedev, V. I. Kolpakov //AIP Conference Proceedings. AIP Publishing LLC. 2022. No. 1 (2467). P. 070063. <https://doi.org/10.1063/5.0093925>
16. Greenwood P. L., Gardner G. E., Ferguson D. M. Current situation and future prospects for the Australian beef industry – A review //Asian-Australasian journal of animal sciences. (2018). No. 7 (31). P. 992. DOI: 10.5713 /ajas.18.0090
17. Yin B. et al. Correlations between single nucleotide polymorphisms in FABP4 and meat quality and lipid metabolism gene expression in Yanbian yellow cattle //PloS One. (2020). No. 6 (15). P. e0234328. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0234328>
18. Pećina M. et al. Effect of FASN, SCD, and GH Genes on Carcass Fatness and Fatty Acid Composition of Intramuscular Lipids in F1 Holstein× Beef Breeds //Agriculture. (2023). No. 3(13). P. 571. <https://doi.org/10.3390/agriculture13030571>
19. Miluchová M., Gábor M., Gašper J. Analysis of the Genetic Structure of Slovak Holstein Cattle Using Seven Candidate Genes Related to Milk Quality // Diversity. (2022). No. 11(14). P. 989. DOI:10.3390/d14110989
20. Kuswati K. et al. Polymorphism of leptin gene (single nucleotide polymorphisms c. 73T> C) and its association with body weight and body measurements in Madura cattle //Veterinary World. (2022). No. 3(15). P. 775. DOI: 10.14202/vetworld.2022.775-78120.
21. Ardiçlı S. et al. Genetic variability of FABP4 c. 328 G> A (rs110652478) polymorphism and its association with slaughter weight and carcass traits in aberdeen angus and hereford bulls imported into Turkey. – 2021.
22. Gao Y. Y. et al. Association of variants in FABP4, FASN, SCD, SREBP1 and TCAP genes with intramuscular fat, carcass traits and body size in Chinese Qinchuan cattle //Meat Science. (2022). T. 192. P. 108882. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2022.108882>
23. Goszczynski D. E. et al. Genetic variation in FABP4 and evaluation of its effects on beef cattle fat content //Animal biotechnology. (2017). No. 3(28). P. 211-219. <https://doi.org/10.1080/10495398.2016.1262868>

Информация об авторах:

Анатолий Фоадович Шевхужев, доктор сельскохозяйственных наук, профессор, главный научный сотрудник ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», тел.: +79624394555 e-mail: shevkhuzhevaf@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-9164-4199>

Анастасия Александровна Каниболоцкая, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», тел.: +79614569925; e-mail: dorohin.2012@inbox.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3003-4175>

Лариса Николаевна Скорых, доктор биологических наук, доцент, главный научный сотрудник ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», тел.: 8(8652)71-81-55, e-mail: smu.sniizhk@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6090-4453>

Лидия Валентиновна Кононова, кандидат сельскохозяйственных наук, доцент, ведущий научный сотрудник ФГБНУ «Северо-Кавказский федеральный научный аграрный центр», тел.: +79187474737, e-mail: kononova-lidij@mail.ru, <https://orcid.org/0000-0003-3812-9099>

Дмитрий Николаевич Вольный, кандидат сельскохозяйственных наук, директор Государственного казенного учреждения «Центр племенных ресурсов», тел.: +79624475258, e-mail: plemcentr@mail.ru, <https://orcid.org/0009-0007-2456-2066>

#### Information about the authors

A.F. Shevkhuzhev, Doctor of Agricultural Science, Professor, Chief Researcher of the FSBSI “North Caucasus Federal Agricultural Research Centre”, tel. +79624394555, e-mail: shevkhuzhevaf@yandex.ru <https://orcid.org/0000-0002-9164-4199>

A.A. Kanibolotskaia, Candidate of Biological Sciences, Senior Researcher, of the FSBSI “North Caucasus Federal Agricultural Research Centre”, tel.: +79614569925; e-mail: dorohin.2012@inbox.ru <https://orcid.org/0000-0003-3003-4175>

L.N. Skorykh, Doctor of Biological Science, Associate Professor, Chief Researcher of the FSBSI “North Caucasus Federal Agricultural Research Centre”, tel. 8(8652)71-81-55, e-mail: smu.sniizhk@yandex.ru, <https://orcid.org/0000-0002-6090-4453>

L.V. Kononova, Candidate of Agricultural Sciences, Associate Professor, Leading Researcher of the FSBSI “North Caucasus Federal Agricultural Research Centre”, tel. +79187474737, e-mail: kononova-lidij@mail.ru <https://orcid.org/0000-0003-3812-9099>

D.N. Volnyi, Candidate of Agricultural Sciences, Director of the State Public Institution “Center of Breeding Resources”, tel.: +79624475258, e-mail: plemcentr@mail.ru <https://orcid.org/0009-0007-2456-2066>

**Вклад авторов:** все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Authors' contribution:** All authors have made an equivalent contribution to the preparation of the publication. The authors declare that there is no conflict of interest.

Статья поступила в редакцию 01.11.2023; одобрена после рецензирования 15.11.2023; принята к публикации 17.12.2023.

The article was submitted 01.11.2023; approved after reviewing 15.11.2023; accepted for publication 17.12.2023.