

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА *COQ9* У БЫКОВ-ПРОИЗВОДИТЕЛЕЙ РЕСПУБЛИКИ ТАТАРСТАН

Э.Р. Гайнутдинова – аспирант, н.с., Н.Ю. Сафина – к.б.н., с.н.с.,

З.Ф. Фаттахова – к.б.н., с.н.с., Ф.Ф. Зиннатова – к.б.н., в.н.с.

ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН,

г. Казань, Россия, e-mail: elga120574@mail.ru

Аннотация. Исследование посвящено изучению полиморфизма гена *COQ9* в поголовье быков-производителей Республики Татарстан. ДНК-тестирование показало, что изучаемое поголовье полиморфно, представлено всеми аллелями и генотипами, отличается генетическим биоразнообразием. Полученные данные имеют теоретическую значимость и практическую новизну и могут быть использованы в программах разведения крупного рогатого скота.

Ключевые слова: ген, аллель, полиморфизм, коэнзим *Q9*, воспроизводство, бык-производитель.

Введение. Генетическое тестирование животных по генам-маркерам хозяйственно-полезных признаков позволяет в раннем возрасте спрогнозировать их продуктивные качества и использовать в селекционно-племенных мероприятиях в целях увеличения генетического потенциала, и получать потомство желаемого генотипа.

Снижение показателей воспроизводительных качеств является одной из главных проблем современной молочной промышленности во всем мире, так как определяют прибыльность молочной фермы [1]. Плохая репродуктивная способность - наиболее частая специфических аллелей, отвечающих за генетическую изменчивость в воспроизводстве, помогает расширить знания и возможности МАС-отбора животных по показателям воспроизводительных качеств [2].

Ген *COQ9* крупного рогатого скота связан с изменением митохондриальной функции, синтезом АТФ, метаболизмом клеточной энергии и модуляцией репродуктивных параметров у коров молочного направления продуктивности [3]. Однонуклеотидный полиморфизм гена *COQ9* (NC001039767.1) картирован в положении 159 в *bovine coenzyme Q9* (rs109301586) на хромосоме 18 (18:25527339). Миссенс-мутация, вызывающая изменение G → A (гуанин → аденин) и приводящая к замене аспарагиновой кислоты на аспарагин в положении 53 белка, связывается с большей генетической ценностью в отношении частоты наступления стельности дочерей и коэффициентом оплодотворяемости коров [4].

Целью исследования являлось изучение полиморфизма гена коэнзим *Q9* (*COQ9*) в поголовье быков-производителей Республики Татарстан.

Материалы и методы исследования. Исследования были проведены в лаборатории молекулярно-генетических исследований отдела физиологии, биохимии, генетики и питания животных ТатНИИСХ ФИЦ КазНЦ РАН на образцах ДНК, экстрагированной из биологического материала 67 голштиinizированных быков-производителей АО «ГПП «Элита» Высокогорского района Республики Татарстан. Генотипирование осуществляли методом ПЦР-ПДРФ с использованием комплекта олигонуклеотидных праймеров заданной последовательности (Евроген, Россия) и эндонуклеазы рестрикции *BstMB I* (СибЭнзим, Россия) [5] в оптимальных температурно-временных режимах. Полученные в ходе расщепления фрагменты были подвергнуты электрофоретическому разделению с последующей визуализацией и документированием в «GelDoc Go» с программным обеспечением «Image Lab Touch» V. 3.0 (BIO RAD, США). Для расчета частоты встречаемости аллелей и генотипов использовались формулы Е.К. Меркурьевой (1983).

Результаты и обсуждение. В ходе детекции были идентифицированы два аллеля – А и G, и три генотипа AA, AG, GG гена *COQ9*. Анализ генетической структуры исследуемой популяции (рисунок 1) свидетельствует о количественном доминировании аллеля G – 0,657 против 0,343 аллеля А. По частоте встречаемости генотипов среди экспериментальных животных максимальную долю занимают носители гомозиготного генотипа GG – 46,3%, промежуточное положение у гетерозиготных AG-быков (38,8%) и небольшая часть являются представителями гомозиготного AA-типа (14,9%).

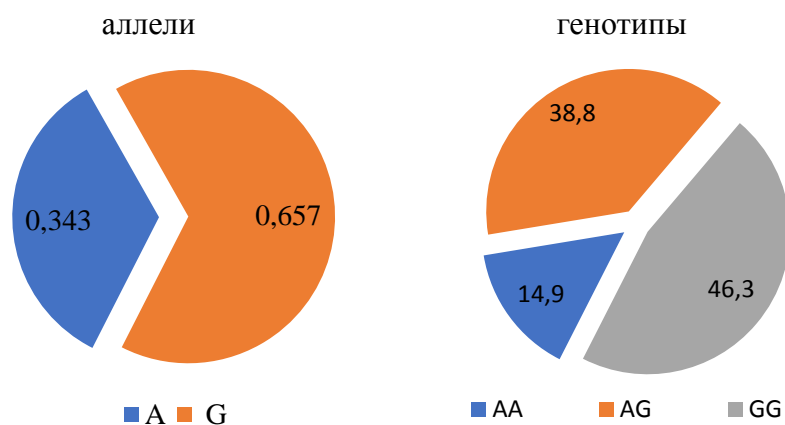


Рисунок 1. Генетическая структура популяции быков-производителей по гену *COQ9*

Во всех имеющихся работах зарубежных авторов, изучавших полиморфизм гена *COQ9* крупного рогатого скота стран Мексики, Бразилии и США, представлены данные о преобладании в распределении аллеля G над аллелем А. [2-5].

Однако, в представленных материалах этих исследователей наибольшую частоту встречаемости в популяциях имеет генотип AG – от 53,6 до 56,0% генотипированного поголовья, а минимальное число особей, как и в нашем случае, - гомозиготные AA-животные [2-5].

Заключение. Таким образом, по итогам ДНК-тестирования поголовья быков-производителей Республики Татарстан, можно сделать вывод, что данные, полученные в ходе исследования, согласуются с рядом работ зарубежных исследователей, посвященных данному вопросу. Изучаемое поголовье представлено всеми аллелями и генотипами гена *COQ9*, что свидетельствует о генетическом биоразнообразии.

**Статья подготовлена в рамках государственного Эколого-генетические подходы к созданию и сохранению ресурсов растений и животных, расширению их адаптивного потенциала и биоразнообразия, разработка сберегающих агротехнологий с целью повышения устойчивости производства высококачественной продукции, достижения безопасности для здоровья человека и окружающей среды. Номер регистрации: 122011800138-7.*

Библиографический список

1. Ассоциация полиморфизма гена лептин (LEP) с показателями воспроизводства голштинского скота отечественной и зарубежной селекции при различных технологиях доения и способах содержания / Э. Р. Гайнутдинова [и др.]. // Аграрный научный журнал. 2022. № 12. С. 57–61. doi: 10.28983/asj.y2022i12pp58-6.
2. A single nucleotide polymorphism in COQ9 affects mitochondrial and ovarian function and fertility in Holstein cows / M. S. Ortega [et al.] // Biology of Reproduction. 2017. V. 96. N 3. P. 652–663; <https://doi.org/10.1093/biolre/iox004>.
3. Silveira P. A. S. Associações de mutações genéticas com a fertilidade, produção de leite, metabolismo e saúde de vacas leiteiras: Tese (Doutorado em Ciências) - Programa de Pós-

Graduação em Veterinária, Faculdade de Veterinária. Universidade Federal de Pelotas. Data da Defesa: 26.02.2018. Pelotas, 2018. 97f.

4. Use of single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with daughter pregnancy rate for prediction of genetic merit for reproduction in Holstein cows / M. S. Ortega [et al.] // *Animal Genetics*. 2016. V. 47. P. 288–297; <https://doi.org/10.1111/age.12420>.

5. Effect of COQ9 and STAT5A polymorphisms on reproductive performance in a Holstein cow herd in Mexico / N. R. Michel-Regalado [et al.] // *Animal Reproduction*. 2020. V. 17. N. 3. P. 1–7; <https://doi.org/10.1590/1984-3143-AR2020-0039>.