Научная статья/Research Article

УДК 57.032/636.033

DOI: 10.36718/1819-4036-2023-12-215-224

Юсупжан Артыкович Юлдашбаев^{1™}, Марина Ивановна Селионова², Елена Валентиновна Белая³, Салбак Олеговна Чылбак-оол⁴, Анатолий Нимеевич Арилов⁵, Елена Владимировна Пахомова⁶

1,2,4,6 Российский государственный аграрный университет — MCXA имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия

³Белорусский государственный педагогический университет им. Максима Танка, Минск, Республика Беларусь

⁵Калмыцкий НИИ им. М.Б. Нармаева – филиал Прикаспийского аграрного ФНЦ РАН, Элиста, Республика Калмыкия, Россия

¹zoo@rgau-msha.ru

²selionova@rgau-msha.ru

АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНА *CAPN1* С ЖИВОЙ МАССОЙ У ОВЕЦ КАЛМЫЦКОЙ КУРДЮЧНОЙ ПОРОДЫ И ЕЕ ПОМЕСЕЙ С ПОРОДАМИ ШАРОЛЕ И ДОРПЕР

Цель исследования – изучение фенотипического эффекта генотипов полиморфного гена кальпаина (CAPN1) на живую массу у овец пород калмыцкая курдючная и их помесей с породами шароле и дорпер для обоснования возможности генетического маркирования продуктивности в раннем возрасте. Задачи – проведение генотипирования и учета показателей продуктивности животных калмыцкой курдючной породы (КК), шароле (Ш), дорпер-калмыцких помесей овцематок (½Д×½КК), полученного чистопородного и помесного молодняка; установление влияния генотипов по гену САРN1 на живую массу и среднесуточный прирост. Установлено, что у барановпроизводителей калмыцкой курдючной породы и шароле в гене CAPN1 чаще выявлялись носители аллеля С, тогда как среди чистопородных и помесных овцематок встречаемость аллелей С и Т была равной. У чистопородного молодняка и помесей ½Ш×½КК преобладали особи с аллелем Т,у помесей ½Ш×¼Д×¼КК – носители аллеля С. Популяционно-генетический анализ ни в одной из групп не выявил достоверных отличий наблюдаемых частот генотипов от теоретически ожидаемых при равновесии Харди-Вайнберга. Независимо от породной принадлежности и пола живая масса молодняка при рождении разных генотипов по гену CAPN1 была схожей, тогда как в четырехмесячном возрасте,как баранчики, так и ярочки с генотипом СС имели достоверное превосходство над сверстниками других генотипов. У чистопородных баранчиков наибольшая разность наблюдалась между животными генотипов СС и СТ, у помесей 1/2Ш×1/2КК – животных генотипов СС и ТТ, которая составила 10,4 и 8,1 %; 9,94 и 10,95 % (p < 0,05) соответственно. Среди ярочек наибольшие различия наблюдались при чистопородном разведении между животными генотипов СС и TT - 15,6 и 16,6 % (p < 0,05) соответственно.

Ключевые слова: овцы, калмыцкая курдючная порода, шароле, живая масса, кальпаин, генотип **Для цитирования**: Ассоциация полиморфных вариантов гена *CAPN1* с живой массой у овец калмыцкой курдючной породы и ее помесей с породами шароле и дорпер / Ю.А. Юлдашбаев [и др.] // Вестник КрасГАУ. 2023. № 12. С. 215–224. DOI: 10.36718/1819-4036-2023-12-215-224.

Благодарности: работа выполнена по теме «Биотехнологические методы воспроизводства и геномные технологии в селекции сельскохозяйственных животных и сохранении генофонда малочисленных пород» в рамках проекта «Научно-технологические фронтиры» по программе «Приоритет 2030».

Bulliten KrasSAU. 2023;(12):215-224.

⁴shylbakool@rgau-msha.ru

[©] Юлдашбаев Ю.А., Селионова М.И., Белая Е.В., Чылбак-оол С.О., Арилов А.Н., Пахомова Е.В., 2023 Вестник КрасГАУ. 2023. № 12. С. 215–224.

Yusupzhan Artykovich Yuldashbayev¹[™], Marina Ivanovna Selionova², Elena Valentinovna Belaya³, Salbak Olegovna Chylbak-ool⁴, Anatoly Nimeyevich Arilov⁵, Elena Vladimirovna Pakhomova⁶ ¹,²,²,⁴,⁶Russian State Agrarian University – Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russia ³Belarusian State Pedagogical University named after Maxim Tank, Minsk, Republic of Belarus ⁵Kalmyk Research Institute named after M.B. Narmaev – branch of the Caspian Agrarian FSC of the RAS, Elista, Republic of Kalmykia, Russia

¹zoo@rgau-msha.ru

²selionova@rgau-msha.ru

4shylbakool@rgau-msha.ru

ASSOCIATION OF THE *CAPN1* GENE POLYMORPHIC VARIANTS WITH LIVE WEIGHT IN THE KALMYK FAT- TAILED SHEEP AND THEIR CROSSES WITH CHAROLAIS AND DORPER BREEDS

The purpose of research is to study the phenotypic effect of genotypes of the polymorphic calpain gene (CAPN1) on live weight in Kalmyk fat-tailed sheep and their crosses with the Charolais and Dorper breeds to substantiate the possibility of genetic marking of productivity at an early age. Objectives – carrying out genotyping and accounting of productivity indicators of animals of the Kalmyk fat-tailed breed (KK), Charolais (Sh), Dorper-Kalmyk crossbred ewes (½D×½KK), obtained purebred and crossbred young animals; establishing the influence of genotypes for the CAPN1 gene on live weight and average daily gain. It was found that in Kalmyk fat-tailed and Charolais breeding rams, carriers of the C allele in the CAPN1 gene were more often detected, while among purebred and crossbred ewes the occurrence of the C and T alleles was equal. In purebred young animals and ½ Sh ×½KK crosses, individuals with the T allele predominated; in ½ Sh ×¼D×¼KK crossbreeds, the carriers of the C allele predominated. Population genetic analysis in none of the groups did not reveal significant differences in the observed genotype frequencies from those theoretically expected at Hardy-Weinberg equilibrium. Regardless of breed and sex, the live weight of young animals at birth of different genotypes for the CAPN1 gene was similar, while at four months of age, both rams and lambs with the CC genotype had a significant superiority over their peers of other genotypes. In purebred rams, the greatest difference was observed between animals of the CC and ST genotypes, in crossbreeds ½ Sh ×½KK – animals of the CC and TT genotypes, which amounted to 10.4 and 8.1 %; 9.94 and 10.95 % (p < 0.05), respectively. Among the females, the greatest differences were observed during purebred breeding between animals of the CC and TT genotypes - 15.6 and 16.6 % (p < 0.05), respectively.

Keywords: sheep, Kalmyk fat-tailed breed, Charolais, live weight, calpain, genotype

For citation: Association of the *CAPN1* gene polymorphic variants with live weight in the Kalmyk fattailed sheep and their crosses with Charolais and Dorper breeds / Yu.A. Yuldashbaev [et al.] // Bulliten KrasSAU. 2023;(12): 215–224. (In Russ.). DOI: 10.36718/1819-4036-2023-12-215-224.

Acknowledgments: this work has been carried out under the topic "Biotechnological methods of reproduction and genomic technologies in the breeding of farm animals and the preservation of the gene pool of small populations" as part of the "Scientific and Technological Frontiers" project of the "Priority 2030" program.

Введение. Основной тенденцией развития овцеводства в последние десятилетия во всем мире является устойчивый рост производства баранины, что определяет увеличение доли специализированных мясных пород и возрастающие требования к качеству баранины [1, 2]. Маркер-ассоциированная селекция может быть одним из инструментов ускорения этого процесса. Исследования генетико-биохимических

основ фенотипического полиморфизма признаков, определяющих мясную продуктивность, ведутся уже многие десятилетия. Известно, что большинство показателей продуктивности находится под совместным контролем значительного числа генов. Однако применение генетических маркеров в повышении мясной продуктивности овец по сравнению с другими видами сельскохозяйственных животных до настоящего времени является менее разработанной областью. Тем не менее выявление генов, ассоциированных с мясной продуктивностью, может быть перспективным, поскольку признаки, определяющие рост костной, мышечной и жировой тканей, характеризуются невысокой наследуемостью [3].

Ген кальпаина является одним из генов, который может быть использован в качестве маркера мясной продуктивности овец. Белок кальпаин, кодируемый геном САРЛ, принадлежит семейству цитоплазматических кальцийзависимых протеиназ с папаиноподобной активностью [4]. Клеточный протеолитический аппарат высокоселективен и строго регулируется, так как избыточная деструкция жизненно необходимых белков или замедленная деградация короткоживущих регуляторных белков могут существенно изменить клеточные функции. Этот механизм, по всей видимости, у многих прокариот результат совместной деятельности кальпаинов, лизосомальных катепсинов и протеасом [5]. Высоковариабельная структура обнаруженных последовательностей кальпаинов и кальпаиноподобных молекул свидетельствует о широком разнообразии выполняемых ими клеточных функций. Кальпаины принимают участие в основных кальцийзависимых клеточных процессах - передаче сигнала, клеточном цикле, пролиферации, дифференцировке, слиянии мембран, формировании мышечных волокон [6, 7]. Разрушение молекулярных комплексов прикрепления цитоскелета к мембране является наиболее выраженной функцией кальпаинов и подтверждается тем, что более 30 белков цитоскелета чувствительны к кальпаинам [8]. Ряд исследований показал, что кальпаин-кальпастатиновая система регулирует рост скелетных мышц, ускорение которого может быть результатом уменьшения деградации мышечного белка за счет снижения уровня кальпаина и увеличения активности кальпастатина [9].

Таким образом, полиморфные варианты гена кальпаина могут оказывать фенотипические эффекты на прижизненные количественные признаки у сельскохозяйственных животных, являющиеся внешним проявлением внутренних процессов, контролируемых кальпаиновой системой. Это свойство определило интерес к изу-

чению полиморфизма кальпаина у некоторых пород овец [10–12]. Однако в породах овец российской селекции, а также при использовании зарубежного генофонда выполнено недостаточно исследований полиморфизма гена кальпаина, что определило актуальность настоящей работы.

Цель исследования — изучение фенотипического эффекта генотипов полиморфного гена кальпаина (*CAPN1*) на живую массу у овец пород калмыцкая курдючная и их помесей с породами шароле и дорпер для обоснования возможности генетического маркирования продуктивности в раннем возрасте.

Объекты и методы. Исследование проведено на базе хозяйства «АРЛ» (Республика Калмыкия, Яшкульский район). В хозяйстве используется пастбищно-стойловая система содержания, при которой 285 дней – пастбищный период. Трава естественных пастбищ, представленная в основном полынью, несколькими видами дерновидных злаков (ковыли, типчаки) и солянкой, занимает 75-80 % годового рациона овец. Дополнительно, в соответствии с физиологическим состоянием овцематок, используется около 7-10 % концентрированных кормов и 10–17 % заготовленных грубых кормов. Таким образом, их основной рацион состоит из 3-4 кг травы злаково-полынного пастбища, 1,5 кг злаково-бобового сена, 0,25 кг концентрированного корма (50 % ячменя, 40 % кукурузы, 10 % шрота подсолнечникового) и 0,08 кг минеральной подкормки.

Отбор образцов для генотипирования и учет показателей продуктивности проводили от животных калмыцкой курдючной породы (КК) мясосального направления продуктивности, шароле (Ш) мясо-шерстного направления продуктивности, а также помесей с шароле и дорпер (Д) мясного направления продуктивности. Схема скрещивания была следующей: бараныпроизводители КК (n = 6), возраст 4,5 года, живая масса 89,3±1,1 кг; бараны-производители Ш (n = 2), возраст 3,5 года, живая масса $80,3 \pm$ 1,1 кг; овцематки КК (n = 40): 20 – для чистопородного скрещивания, 20 - с баранами Ш, возраст 3–4 года, живая масса 62.3 ± 0.32 кг; овцематки $\frac{1}{2}$ Д× $\frac{1}{2}$ КК (n = 40) возраст 3–4 года, живая масса $62,9 \pm 0,31$ кг.

Численность и распределение потомства по полу: группа 1 – КК (n = 26: ♂14 и♀12); группа

2 – ½Ш×½КК (n = 32: ∂12 и ♀20), группа 3 – ½Ш×¼Д×¼КК (n = 50: ∂16 и ♀34).

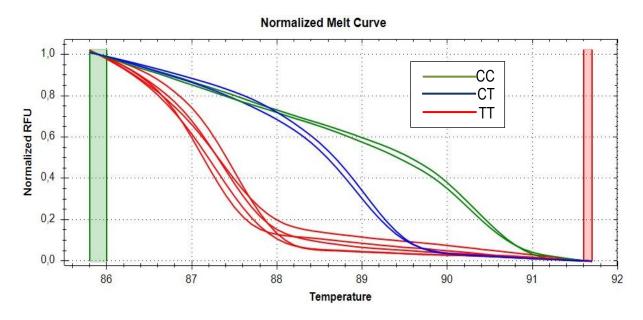
Экстракцию ДНК проводили из цельной крови овец набором ДНК-Экстран-1 («Синтол», Москва) согласно инструкции, предоставленной фирмой-производителем. Образцы геномной ДНК животных анализировали с использованием технологии HRM-анализа на приборе CFX96 (BioRad, США). Использовали следующие праймеры: F 5'-AACATTCTCAACAAGTGGTG-3' и Условия R 5'-ACATCCATTACAGCCACCAT-3'. проведения амплификации и HRM-анализа были следующими: 1) 95 °C - 4 мин; 2) (94 °C -45 c, $62 ^{\circ}\text{C} - 45 \text{ c}$, $72 ^{\circ}\text{C} - 45 \text{ c}$) × 45 циклов; 3) 72 °C – 7 мин [13, 14]. Анализ результатов проводили с помощью программного обеспечения для HRM-анализа Precision Melt Analysis™ software.

Живую массу животных разных генотипов устанавливали путем взвешивания. У молодняка учитывали данный показатель при рождении и в 4 месяца. По разности значений и периода учета определяли среднесуточный прирост. Полученный материал обрабатывали биометрически, используя программу MS Excel. Достоверность

различий сравниваемых показателей по группам оценивали по критерию Стьюдента с уровнем значимости не ниже р < 0.05.

Результаты и их обсуждение. При генотипировании использовали HRM-анализ (High Resolution Melts, HRM), основанный на определении различий в кривых плавления (диссоциации ДНК) после проведения ПЦР в реальном времени с помощью специального программного обеспечения. При плавлении продукта ПЦР двойная спираль ДНК диссоциирует с высвобождением интеркалирующего красителя и снижением уровня флуоресценции. Скорость этого процесса в зависимости от температуры отслеживается с помощью специального программного обеспечения, которое преобразует полученные данные в график кривой плавления. Изменения в графике могут быть очень небольшие, в доли градуса, однако этого достаточно, чтобы выявить однонуклеотидные замены (SNP), небольшие инсерции, делеции и метилирование ДНК [15].

Визуализация результатов генотипирования представлена на рисунке.



Результаты HRM-анализа в программе PrecisionMeltAnalysisTMsoftware

Характеристика популяционных частот аллелей С и Т *CAPN1* среди чистопородного поголовья овец калмыцкой курдючной породы и ее помесей от скрещивания с породами шароле и дорпер приведена в таблице 1.

Частоты аллелей С и Т <i>CAPN1</i> у овец калмыцкой курдючной породы
и ее помесей от скрещивания с породами шароле и дорпер

	Бараны	Овцематки	Молодняк	Баранчики	Ярочки		
Аллель	Породная принадлежность						
	KK	KK		KK			
С	0,667±0,08	0,500±0,05	0,231±0,03	0,214±0,06	0,250±0,07		
T	0,333±0,08	0,500±0,05	0,769±0,03	0,786±0,06	0,750±0,07		
	Ш	KK					
С	0,750±0,22	0,500±0,05	0,344±0,03	0,417±0,08	0,300±0,05		
T	0,250±0,22	0,500±0,05	0,656±0,03	0,583±0,08	0,700±0,05		
	Ш	½ККх½Д					
С	0,750±0,22	0,550±0,02	0,540±0,02	0,500±0,06	0,559±0,03		
T	0,250±0,22	0,450±0,02	0,460±0,02	0,500±0,06	0,441±0,03		

Анализ данных показывает, что частоты аллелей С и Т различны у родителей и потомства как при чистопородном разведении, так и при скрещивании. Так, у баранов-производителей и овцематок калмыцкой курдючной частота аллеля С составила 0,667 и 0,500 соответственно, тогда как у чистопородного потомства наблюдалось повышение частоты аллеля Т до 0,769, при снижении встречаемости аллеля С до 0,231. Аналогичное изменение частоты встречаемости аллелей наблюдалось и в группе помесного молодняка при использовании породы шароле. Если у баранов и овцематок аллель Т выявлялся с частотой 0,250 и 0,500, то у потомства его концентрация повысилась до 0,656, тогда как аллель С у родителей выявлялся с частотой 0,750 и 0,500, а у потомства его распространение снизилось до 0,344. Меньшие изменения в частоте встречаемости аллелей отмечались в потомстве, полученном от помесных калмыцких курдючных с породой дорпер овцематок и баранов породы шароле: аллели С и Т выявлялись

практически с той же частотой, что и у матерей. При этом следует отметить, что в сравнении с потомством других вариантов разведения в этой группе было несколько большее переопределение в пользу аллеля С, что определило его большую частоту.

Сравнивая частоты аллелей среди всех групп, можно заключить, что среди баранов-производителей обеих пород в гене *CAPN1* чаще выявлялись носители аллеля С, тогда как среди чистопородных и помесных маток носительство аллелей С и Т было практически равным; среди молодняка — у чистопородных и двухпородных помесей преобладали особи с аллелем Т, тогда как трех породных — носители аллеля С.

Анализ распределения генотипов в исследованных вариантах скрещивания и чистопородного разведения включал оценку соответствия наблюдаемого распределения генотипов теоретически ожидаемому согласно уравнению Харди-Вайнберга (табл. 2).

Таблица 2 Распределение генотипов и оценка генетического равновесия (χ²) в *CAPN1* у овец калмыцкой курдючной породы и ее помесей от скрещивания с породами шароле и дорпер, %

Генотип	Бара	аны	Овце	матки	Молодняк		Баранчики		Ярочки	
	Породная принадлежность									
	Kł	(КК		KK					
	Н	0	Н	0	Η	0	Н	0	Н	0
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
CC	33,3	44,4	40,0	25,0	15,4	5,3	14,3	4,6	16,7	6,3
CT	66,7	44,4	20,0	50,0	15,4	35,5	14,3	33,7	16,7	37,5
TT	0,0	11,1	40,0	25,0	69,2	59,2	71,4	61,7	66,7	56,3

OKUDUADID	тэбп	2	

			Okonyanae maon. Z							
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
X ²	0,31		0,31 2,05 2,00		0,42		0,30			
	Ш		KI	\		½Ш×½КК				
CC	50,0	56,3	40,0	25,0	25,0	11,8	33,3	17,4	20,0	9,0
CT	50,0	37,5	20,0	50,0	18,8	45,1	16,7	48,6	20,0	42,0
TT	0,0	6,3	40,0	25,0	56,3	43,1	50,0	34,0	60,0	49,0
X ²	1,33 2,05)5	3	3,66 0,99			1,16		
	Ц		½Дх́	½ KK			½Ш×¼Д×¼КК			
CC	50,0	56,3	35,0	30,3	24,0	29,2	12,5	25,0	29,4	31,2
CT	50,0	37,5	40,0	49,5	60,0	49,7	75,0	50,0	52,9	49,3
TT	0,0	6,3	25,0	20,3	16,0	21,2	12,5	25,0	17,6	19,5
X ²	1,33		0,2	28	0	,55	0,8	81	C	,02

Примечание: H – наблюдаемые; O – теоретически ожидаемые значения; отклонение H от O по закону Харди-Вайнберга значимо при χ² ≥ 3,84.

Полученные данные не выявили ни в одной из групп достоверно значимого отклонения наблюдаемых генотипов от теоретически ожидаемых. Однако у баранов-производителей калмыцкой курдючной отмечалось некоторое увеличения доли гетерозигот (66,7 % наблюдаемой против 44,4 % ожидаемой), тогда как у овцематок это соотношение имело противоположный характер — снижение доли гетерозигот (20,0 % наблюдаемой против 50,0 % ожидаемой). У потомства отмечалось увеличение числа гетерозигот СТ и гомозигот ТТ (15,4 и 69,2 % против 35,5 и 59,2 % соответственно).

Сравнение полученных данных с результатами других исследований позволяет отметить, что расположенный между экзонами 5 и 6 полиморфизм, представляющий собой синонимичный переход Т/С в 44 нуклеотиде гена (AF309634.1) [12, 14], характеризуется разным

соотношением генотипов СС, СТ, и ТТ у тех или иных пород. Так, генотип СС и аллель С являются наиболее частыми у трех египетских пород овец (барки, рахмани и оссими), при отсутствии генотипа ТТ у пород барки и оссими [15]. У овец породы бандур зарегистрированы два генотипа — СС и СТ с частотами 0,67 и 0,30 [16]. У курдских овец в этом локусе обнаружен незначительный избыток гетерозигот [17], тогда как у овец пород бандур [16] и зел [14], а также колумбийских креольских овец [18], наоборот, наблюдался их дефицит.

Анализ ассоциативной связи полиморфизма *CAPN1* с живой массой и ее среднесуточным приростом у овец исследуемых групп был направлен на то, чтобы охарактеризовать особенности темпа роста чистопородного и помесного потомства разных генотипов (табл. 3).

Таблица 3 Живая масса баранов-производителей и овцематок различных генотипов по гену *CAPN1*

Породиод принод	HOMMOOTI	По всем	Генотип			
Породная принад	генотипам, кг	CC	CT	TT		
	KK	89,3±1,1	91,0±0,6	88,0±1,4	-	
Бараны-производители	Ш	80,3±1,1	_	81,4	79,2	
0	KK	62,3±0,32	62,3±1,2	62,4±1,3	62,0±1,1	
Овцематки	½Д×½ КК	62,9±0,31	62,8±0,5	63,0±0,7	62,8±0,6	

Сопоставление живой массы разных генотипов показало, что бараны-производители калмыцкой курдючной породы с генотипом СС имели тенденцию к превышению над носителями генотипа СТ. Однако, ввиду небольшого размера выборки, для интерпретации данного наблюдения как закономерности требуется расширение исследования с привлечением большего числа животных. Среди овцематок разной породной принадлежности не установ-

лено достоверных различий по живой массе между животными разных генотипов в гене *CAPN1*. По-видимому, значительно более жесткий отбор среди баранов калмыцкой курдючной породы привел к тому, что из разведения исключались носители генотипа TT, при этом животные с генотипом CT уступали по живой массе носителям CC генотипа, что в определенной

степени свидетельствует о понижающем эффекте аллеля Т на живую массу баранов.

Показатели живой массы при рождении, в 4 месяца и среднесуточный прирост в этот период у чистопородного молодняка и от разных вариантов скрещивания, различных генотипов по гену *CAPN1* представлены в таблице 4.

Таблица 4 Живая масса и среднесуточный прирост у чистопородного молодняка и от разных вариантов скрещивания, различных генотипов по гену*CAPN1*

				Породн	ая принадл	тежность				
		KK×KK			½Ш×½КК		½Ш×¼ Д ×¼ КК			
_	Живая	масса, кг	+	Живая і	масса, кг	+ Γ	Живая і	иасса, кг	+ _	
Генотип	При рождении	4 мес.	Среднесуточ ный прирост,	При рождении	4 мес.	Среднесуточ- ный прирост, і	При рождении	4 мес.	Среднесуточ ный прирост,	
				Ба	ранчики					
CC	4,8±0,3	42,2±0,5*	307±4,7*	3,7±0,4	42,0±1,4*	314±7,8*	4,3±0,2	41,4±0,6	304±7,2	
CT	3,6±0,2	38,2±0,4	284±3,6	4,0±0,4	40,2±1,6	297±6,9	3,7±0,1	40,8±0,6	305±5,3	
TT	4,3±0,3	41,9±0,4	308±2,7	3,7±0,2	38,2±1,2	283±9,1	5,2±0,3	41,6±0,5	298±5,7	
				۶	Трочки					
CC	4,0±0,2	40,0±0,7*	295±6,5*	3,9±0,1	37,6±1,4	279±9,0	3,5±0,2	38,5±0,6	287±4,2	
CT	3,3±0,1	36,3±0,5	271±7,1	3,6±0,3	35,1±0,5	256±4,7	3,7±0,1	37,5±0,5	278±4,4	
TT	3,7±0,1	34,6±0,6	253±5,8	3,5±0,1	36,0±0,8	266±7,0	4,0±0,1	37,2±1,3	272±8,7	
CT TT CC CT	4,8±0,3 3,6±0,2 4,3±0,3 4,0±0,2 3,3±0,1 3,7±0,1	38,2±0,4 41,9±0,4 40,0±0,7* 36,3±0,5	307±4,7* 284±3,6 308±2,7 295±6,5* 271±7,1	5a 3,7±0,4 4,0±0,4 3,7±0,2 5 3,9±0,1 3,6±0,3	42,0±1,4* 40,2±1,6 38,2±1,2 Прочки 37,6±1,4 35,1±0,5	314±7,8* 297±6,9 283±9,1 279±9,0 256±4,7	4,3±0,2 3,7±0,1 5,2±0,3 3,5±0,2 3,7±0,1	40,8±0,6 41,6±0,5 38,5±0,6 37,5±0,5	304±7,; 305±5,; 298±5,; 287±4,; 278±4,;	

*p < 0.05.

Установлено, что независимо от породной принадлежности и пола живая масса молодняка при рождении разных генотипов по гену *CAPN1* была схожей, тогда как в 4-месячном возрасте как баранчики, так и ярочки с генотипом СС имели достоверное превосходство над сверстниками других генотипов по живой массе и среднесуточному приросту. Так, у чистопородных баранчиков наибольшая разность была между животными генотипов СС и СТ, у помесей ½Ш×½КК – животных генотипов СС и ТТ, которая составила 10,4 и 8,1 %; 9,94 и 10,95 % (р < 0,05) соответственно. Среди ярочек наибольшие различия наблюдались при чистопородном разведении между животными генотипов СС и TT - 15,6 и 16,6 % (р < 0,05) соответственно. Следует отметить, что у ярочекносителей генотипа СС во всех вариантах отмечена тенденция к большему уровню среднесуточного прироста в сравнении с животными, имеющими генотипы CT и TT.

Таким образом, полученные данные позволяют заключить, что у молодняка овец в ранний период роста и развития генотип СС в гене CAPN1 ассоциирован с большей живой массой, тогда как присутствие аллеля Т снижает ее уровень. Можно предположить, что положительное влияние на прирост живой массы аллеля С в гомозиготном состоянии будет прослеживаться и в более поздние возрастные периоды роста ягнят, что станет обоснованием целесообразности отбора носителей генотипа СС для увеличения численности животных с потенциально более высокой мясной продуктивностью. Однако для подтверждения этого суждения необходимо проведение дальнейших исследований на большей по численности выборке животных.

Заключение. Анализ результатов генотипирования полиморфизма в гене *CAPN1* выявил, что среди баранов-производителей калмыцкой курдючной породы и шароле чаще выявлялись носители аллеля C, среди чистопородных и по-

месных маток носительство аллелей С и Т было практически равным; среди молодняка у КК и помесей ½Ш×½КК преобладали особи с аллелем Т, у помесей ½Ш×¼Д×¼КК– носители аллеля С.

Популяционно-генетический анализ не выявил достоверных отличий наблюдаемых частот генотипов от теоретически ожидаемых при равновесии Харди-Вайнберга.

В 4-месячном возрасте как баранчики, так и ярочки с генотипом СС имели превосходство над сверстниками других генотипов по живой массе и среднесуточному приросту. Наибольшее превосходство выявлено при сравнении с животными генотипа СТ у чистопородных баранчиков и с генотипом ТТ у помесных животных $\frac{1}{2}$ Ш× $\frac{1}{2}$ КК, которое соответственно составило 10,4 и 8,1 %; 9,94 и 10,95 % (р < 0,05). Среди ярочек наибольшие различия наблюдались при сравнении с особями генотипа ТТ при чистопородном разведении и составили 15,6 и 16,6 % (р < 0,05) соответственно.

Список источников

- Состояние и тенденции в производстве мяса домашних животных в мире и России / А.И. Ерохин [и др.] // Овцы, козы, шерстяное дело. 2021. № 2. С. 20–22.
- Малышева Е.С., Бессонова Н.М. Оценка качественных характеристик баранины // Вестник Алтайского государственного аграрного университета. 2016. № 4 (138). С. 124–127.
- Генетические маркеры мясной продуктивности овец (Ovis aries L.). Сообщение І. Миостатин, кальпаин, кальпастатин / В.И. Трухачев [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2018. Т. 53, № 6. С. 1107–1119.
- Немова Н.Н., Лысенко Л.А., Канцерова Н.П. Протеиназы семейства кальпаинов. Структура и функции // Онтогенез. 2010. Т. 41, № 5. С. 381–389.
- 5. The calpain system / *D.E Goll* [et al.] // Physio Rev., vol. 83, 2003, P. 731–801.
- Glading A., Lauffenburger D.A., Wells A. Cutting to the chase: calpain proteases in cell motility // Trends Cell Biol. 2002. V. 12. P. 46–54.
- 7. Chondrogianni N., Fragoulis E.G., Gonos E.S. Protein degradation during aging: the lysosome, the calpain and the proteasome de-

- pendent cellular proteolytic systems // Biogerontology. 2002. V. 3. P. 121–123.
- Dear T.N., Boehm T. Diverse mRNA expression patterns of the mouse calpain genes Capn5, Capn6, and Capn11 during development // Mech. Devel. 1999. V. 89. P. 201–209.
- Barnoy S., Maki M., Kosower N.S. Overexpression of calpastatin inhibits L8 myoblast fusion // Biochem. Biophys. Res. Comm. 2005. V. 332. P. 697–701.
- Genetic polymorphism at MTNR1A, CAST and CAPN loci in Iranian Karakul sheep / F.E. Shahroudi [et al.] // Iranian Journal of Biotechnology, 2006, 4(2): 117–122.
- Variation in exon 10 of the ovine calpain 3 gene (CAPN3) and its association with meat yield in New Zealand Romney sheep / Q. Fang [et al.] // Meat Sci., 2013, 94(3): 388–390. DOI: 10.1016/j.meatsci.2013.03.015.
- Association between single nucleotide polymorphism in ovine Calpain gene and growth performance in three Egyptian sheep breeds / K. Mahrous [et al.] // J. Genet. Eng. Biotechnol. 2016. 14, 233–240.
- Polymorphism of Calpastatin, Calpain and myostatin genes in native Dalagh sheep in Iran / M.A. Azari [et al.] // Slovak Journal of Animal Science, 2012, 45(1): 1–6.
- Genetic variability of calpastatin and calpain genes in iranianZel sheep using PCR-RFLP and PCR-SSCP methods. Iran / E. Dehnavi [et al.] // J. Biotechnol. 2012. 10, 136–139.
- 15. Михайлова М.Е., Романишко Е.Л. Определение полиморфизма гена эстрогенового рецептора ESR1-Pvu II, маркера плодовитости свиней, с помощью HRM-анализа // Молекулярная и прикладная генетика. 2014. Т. 17. С. 91–96.
- Genetic polymorphism of ovine calpain gene in bandur sheep / N.S. Kumar [et al.] // International Journal of Science, Environment and Technology, 2015, 4(3): 804–812.
- Calpastatin polymorphism and its association with daily gain in Kurdi sheep / M.R. Nassiry [et al.] // Iran. J. Biotecnol., 2006, 4(3): 188– 192.
- Montes D., Lenis C., Hernández D. Polymorphisms of the calpain and calpastatin genes in two populations of Colombian creole sheep // Rev. MVZ. 2015. Córdoba 24, 7113–7118.

References

- Sostoyanie i tendencii v proizvodstve myasa domashnih zhivotnyh v mire i Rossii / A.I. Erohin [i dr.] // Ovcy, kozy, sherstyanoe delo. 2021. № 2. S. 20–22.
- Malysheva E.S., Bessonova N.M. Ocenka kachestvennyh harakteristik baraniny // Vestnik Altajskogo gosudarstvennogo agrarnogo universiteta. 2016. № 4 (138). S. 124–127.
- Geneticheskie markery myasnoj produktivnosti ovec (*Ovis aries* L.). Soobschenie I. Miostatin, kal'pain, kal'pastatin / *V.I. Truhachev* [i dr.] // Sel'skohozyajstvennaya biologiya. 2018. T. 53, № 6. S. 1107–1119.
- Nemova N.N., Lysenko L.A., Kancerova N.P. Proteinazy semejstva kal'painov. Struktura i funkcii // Ontogenez. 2010. T. 41, № 5. S. 381–389.
- 5. The calpain system / *D.E Goll* [et al.] // Physio Rev., vol. 83, 2003, P. 731–801.
- Glading A., Lauffenburger D.A., Wells A. Cutting to the chase: calpain proteases in cell motility // Trends Cell Biol. 2002. V. 12. P. 46–54.
- Chondrogianni N., Fragoulis E.G., Gonos E.S.
 Protein degradation during aging: the lysosome, the calpain and the proteasome dependent cellular proteolytic systems // Biogerontology. 2002. V. 3. P. 121–123.
- Dear T.N., Boehm T. Diverse mRNA expression patterns of the mouse calpain genes Capn5, Capn6, and Capn11 during development // Mech. Devel. 1999. V. 89. P. 201–209.
- Barnoy S., Maki M., Kosower N.S. Overexpression of calpastatin inhibits L8 myoblast fusion // Biochem. Biophys. Res. Comm. 2005. V. 332. P. 697–701.

- 10. Genetic polymorphism at MTNR1A, CAST and CAPN loci in Iranian Karakul sheep / F.E. Shahroudi [et al.] // Iranian Journal of Biotechnology, 2006, 4(2): 117-122.
- 11. Variation in exon 10 of the ovine calpain 3 gene (CAPN3) and its association with meat yield in New Zealand Romney sheep / Q. Fang [et al.] // Meat Sci., 2013, 94(3): 388-390. DOI: 10.1016/j.meatsci.2013.03.015.
- Association between single nucleotide polymorphism in ovine Calpain gene and growth performance in three Egyptian sheep breeds / K. Mahrous [et al.] // J. Genet. Eng. Biotechnol. 2016. 14, 233-240.
- Polymorphism of Calpastatin, Calpain and myostatin genes in native Dalagh sheep in Iran / M.A. Azari [et al.] // Slovak Journal of Animal Science, 2012, 45(1): 1-6.
- 14. Genetic variability of calpastatin and calpain genes in iranianZel sheep using PCR-RFLP and PCR-SSCP methods. Iran / E. Dehnavi [et al.] // J. Biotechnol. 2012. 10, 136-139.
- Mihajlova M.E., Romanishko E.L. Opredelenie polimorfizma gena `estrogenovogo receptora ESR1-Pvu II, markera plodovitosti svinej, s pomosch'yu HRM-analiza // Molekulyarnaya i prikladnaya genetika. 2014. T. 17. S. 91–96.
- Genetic polymorphism of ovine calpain gene in bandur sheep / N.S. Kumar [et al.] // International Journal of Science, Environment and Technology, 2015, 4(3): 804-812.
- Calpastatin polymorphism and its association with daily gain in Kurdi sheep / M.R. Nassiry [et al.] // Iran. J. Biotecnol., 2006, 4(3): 188-192.
- Montes D., Lenis C., Hernández D. Polymorphisms of the calpain and calpastatin genes in two populations of Colombian creole sheep // Rev. MVZ. 2015. Córdoba 24, 7113-7118.

Статья принята к публикации 29.05.2023 / The article accepted for publication 29.05.2023.

Информация об авторах:

Юсупжан Артыкович Юлдашбаев¹, профессор кафедры частной зоотехнии, директор Института зоотехнии и биологии, доктор сельскохозяйственных наук, академик РАН

Марина Ивановна Селионова², заведующая кафедрой разведения, генетики и биотехнологии животных, доктор биологических наук, профессор РАН

Елена Валентиновна Белая³, доцент кафедры географии и экологии человека, кандидат биологических наук

Салбак Олеговна Чылбак-оол⁴, доцент кафедры разведения генетики и биотехнологии животных, кандидат биологических наук

Анатолий Нимеевич Арилов⁵, директор института, доктор сельскохозяйственных наук,профессор **Елена Владимировна Пахомова**⁶, доцент кафедры частной зоотехнии, кандидат сельскохозяйственных наук

Information about the authors:

Yusupzhan Artykovich Yuldashbayev¹, Professor at the Department of Private Animal Science, Director of the Institute of Animal Science and Biology, Doctor of Agricultural Sciences, Academician of the RAS **Marina Ivanovna Selionova**², Head of the Department of Animal Breeding, Genetics and Biotechnology, Doctor of Biological Sciences, Professor of the RAS

Elena Valentinovna Belaya³, Associate Professor at the Department of Geography and Human Ecology, Candidate of Biological Sciences

Salbak Olegovna Chylbak-ool⁴, Associate Professor of the Department of Breeding Genetics and Animal Biotechnology, Candidate of Biological Sciences

Anatoly Nimeyevich Arilov⁵, Director of the Institute, Doctor of Agricultural Sciences, Professor **Elena Vladimirovna Pakhomova**⁶, Associate Professor at the Department of Private Animal Science, Candidate of Agricultural Sciences