



DOI: 10.22363/2312-797X-2024-19-1-12-18

EDN: BIJLFM


УДК 636.082.13

Научная статья / Research article

## Микросателлитный анализ крупного рогатого скота калмыцкой породы

В.С. Убушиева<sup>1</sup>  , И.Ф. Горлов<sup>2</sup> , Н.В. Чимидова<sup>1</sup> , А.В. Убушиева<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>Калмыцкий государственный университет им. Б.Б. Городовикова, г. Элиста, Российская Федерация

<sup>2</sup>Поволжский научно-исследовательский институт производства и переработки мясомолочной продукции, г. Волгоград, Российская Федерация  
 vicki\_93g@mail.ru

**Аннотация.** Развитие специализированного мясного скотоводства способствует увеличению производства продукции говядины, что напрямую влияет на продовольственную безопасность страны. Увеличение продуктивности животных — основное направление развития современного скотоводства, что в свою очередь требует совершенствования племенного дела. Эффективность племенной работы зависит от оценки генетической ценности племенных животных. Племенная работа ведется при обязательном контроле достоверности происхождения животных. Одним из основных направлений скотоводства в Калмыкии является племенное разведение крупного рогатого скота (КРС) калмыцкой породы. Цель исследования — изучение генетического разнообразия популяций КРС калмыцкой породы с использованием микросателлитного анализа. Исследование было проведено на базе Регионального научно-производственного центра по воспроизводству Калмыцкого государственного университета. Для исследования был взят КРС калмыцкой породы, принадлежащий СПК «Плодовитое» Малодербетовского района, в количестве 60 голов, проведен ПЦР-анализ по 9 микросателлитным локусам: BM1824, BM 2113, INRA023, SPS 115, TGLA 122, TGLA 126, TGLA 227, ETH 10, ETH 225. Установлено, что среднее число аллелей составляет 10,1, при этом число аллелей на локус варьировалось от 7 (BM 1824, SPS 115, ETH 10) до 18 (TGLA 122). Локусы с наибольшим диапазоном аллелей — BM 2113 (12), INRA 023 (12), TGLA 122 (18) и TGLA 227 (12). Наиболее информативными оказались локусы INRA 023, TGLA 122 и TGLA 227. Уровень наблюдаемой гетерозиготности варьировал от 0,67 (ETH 10) до 0,83 (SPS 115, TGLA 227, ETH 225), а показатели ожидаемой — 0,86 (BM 1824, SPS 115, ETH 10) ... 0,92 (BM 2113, INRA 023, TGLA 227). Анализ данных показателя индекса фиксации показал, что у 8 локусов данный показатель отрицательный (BM 1824 (–0,22), BM 2113 (–0,26), INRA 023 (–0,26), SPS 115 (–0,18), TGLA 122 (–0,12), TGLA 126 (–0,10), ETH 10 (–0,28), ETH 225 (–0,04) и у 1 локуса (TGLA 227) положительный (1,0). Результаты проведенного анализа по микросателлитным локусам показали, что у исследуемого стада КРС калмыцкой породы уровень генетического разнообразия высок.

**Ключевые слова:** калмыцкий скот, микросателлиты, генетическое разнообразие, гетерозиготность, полиморфизм

© Убушиева В.С., Горлов И.Ф., Чимидова Н.В., Убушиева А.В., 2024



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License  
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/legalcode>






**Заявление о конфликте интересов.** Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

**Финансирование. Благодарности.** Работа выполнена в рамках государственного задания Министерства науки и высшего образования Российской Федерации (№ 075–03–2022–119/1 «Особенности организации генома крупного рогатого скота мясных пород, ассоциированных с высоким адаптивным и продуктивным потенциалом, на основе высокополиморфных генетических маркеров»).

**История статьи:** поступила в редакцию 18 августа 2023 г., принята к публикации 8 ноября 2023 г.


**Для цитирования:** Убушиева В.С., Горлов И.Ф., Чимидова Н.В., Убушиева А.В. Микросателлитный анализ крупного рогатого скота калмыцкой породы // Вестник Российского университета дружбы народов. Серия: Агронимия и животноводство. 2024. Т. 19. № 1. С. 12–18. doi: 10.22363/2312-797X-2024-19-1-12-18

## Microsatellite analysis of Kalmyk cattle

Viktoria S. Ubushieva<sup>1</sup>  , Ivan F. Gorlov<sup>2</sup> , Nadezhda V. Chimidova<sup>1</sup> ,  
Altana V. Ubushieva<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>Kalmyk State University named after B.B. Gorodovikov, *Elista, Russian Federation*

<sup>2</sup>Volga Region Research Institute of Meat and Milk Production and Processing, *Volgograd, Russian Federation*

 vicki\_93g@mail.ru

**Abstract.** Development of specialized beef cattle breeding contributes to increase in beef production, which directly affects the country's food security. Currently, increasing productivity of animals is the major trend of cattle breeding development, which in turn requires improvement of breeding. The effectiveness of breeding work depends on the assessment of genetic value of breeding animals. To control authenticity of animal origin is a prerequisite for conducting breeding work. One of the main directions of cattle breeding in Kalmykia is breeding of Kalmyk cattle. The aim of the research was to study genetic diversity of Kalmyk cattle populations using microsatellite analysis. The study was conducted in the Regional Research and Production Center for Reproduction of Kalmyk State University. 60 Kalmyk cattle from 'Plodovitoe' agricultural production company in Maloderbetovskiy district were studied. PCR analysis was performed by 9 microsatellite loci: BM1824, BM 2113, INRA023, SPS 115, TGLA 122, TGLA 126, TGLA 227, ETH 10, ETH 225. It was found that the average number of alleles was 10.1, while the number of alleles per locus varied from 7 (BM 1824, SPS 115, ETH 10) to 18 (TGLA 122). The loci with the largest range of alleles were BM 2113 (12), INRA 023 (12), TGLA 122 (18) and TGLA 227 (12). The most informative loci were INRA 023, TGLA 122 and TGLA 227. The level of observed heterozygosity varied from 0.67 (ETH 10) to 0.83 (SPS 115, TGLA 227, ETH 225), and expected heterozygosity — from 0.86 (BM 1824, SPS 115, ETH 10) to 0.92 (BM 2113, INRA 023, TGLA 227). Analysis of fixation index data showed that 8 loci had negative index (BM 1824 (–0.22), BM 2113 (–0.26), INRA 023 (–0.26), SPS 115 (–0.18), TGLA 122 (–0.12), TGLA 126 (–0.10), ETH 10 (–0.28), ETH 225 (–0.04) and 1 locus (TGLA 227) had positive index (1.0). The results of the analysis of microsatellite loci showed that level of genetic diversity in the studied herd of Kalmyk cattle is high.

**Key words:** Kalmyk breed, microsatellites, genetic diversity, heterozygosity, polymorphism

**Conflict of interests.** The authors declare that they have no conflict of interests.

**Funding.** The work was performed on a government assignment of the Ministry of Science and Higher Education of the Russian Federation for 2022–2024 by Kalmyk State University (no. 075–03–2022–119/1).

**Article history:** Received: 18 August 2023. Accepted: 8 November 2023.

**For citation:** Ubushieva VS, Gorlov IF, Chimidova NV, Ubushieva AV. Microsatellite analysis of Kalmyk cattle. *RUDN Journal of Agronomy and Animal Industries*. 2024;19(1):12–18. doi: 10.22363/2312-797X-2024-19-1-12-18

## Введение

Мясное скотоводство — одно из приоритетных направлений сельского хозяйства в России и играет важную роль в развитии агропромышленного комплекса [1, 2]. Развитие специализированного мясного скотоводства способствует увеличению производства продукции говядины, что напрямую влияет на продовольственную безопасность страны [3]. Увеличение продуктивности животных является основным направлением скотоводства [4], что в свою очередь требует совершенствования племенного дела.

Эффективность племенной работы зависит от такого фактора, как оценка генетической ценности племенных животных. Обязательным условием ведения племенной работы является контроль достоверности происхождения животных. Генетическая сертификация животных стала необходимой процедурой племенного учета и надежным методом идентификации во многих странах [5]. Для установления происхождения животных наиболее эффективен и точен молекулярно-генетический анализ сателлитной ДНК [6, 7]. Она представляет собой последовательности, которые повторяются множество раз в геноме [8, 9]. Каждая повторяющаяся последовательность называется мотивом, состоящим из коротких нуклеотидных повторов [10]. Эти мотивы ограничены уникальными последовательностями, называемыми однокопийными [11]. Одним из наиболее информативных типов сателлитной ДНК являются микросателлитные последовательности, также известные как STR-локусы (STR — short tandem repeat). Эти последовательности состоят из повторов коротких мотивов, которые различаются по числу повторов [12]. Методы молекулярной генетики, основанные на анализе сателлитной ДНК, стали ценным инструментом для селекции животных. Они позволяют более точно определить генетически ценных особей и использовать их для развития более продуктивных и устойчивых поголовий скота [5, 13].

Изучение генетических различий между линиями, племенными стадами важно при чистопородном разведении. Исследование генетического разнообразия позволяет нам понять, насколько различаются гены внутри популяции и между популяциями. Это имеет большое значение для определения генетической основы породных качеств и эффективной селекции [14].

Одним из основных направлений скотоводства в Калмыкии является племенное разведение крупного рогатого скота (КРС) калмыцкой породы. Калмыцкий скот — специализированная порода, отличающаяся высокими продуктивными качествами, крепкой конституцией, относительным долголетием, выносливостью. Кроме того, КРС калмыцкой породы устойчив к неблагоприятным природно-климатическим условиям, неприхотлив в содержании и кормлении. Вышеперечисленные факты позволяют утверждать об уникальности данной породы [15, 16].

**Цель исследования** — изучение генетического разнообразия популяций крупного рогатого скота калмыцкой породы с использованием микросателлитного анализа.

## Материалы и методы исследования

Исследование было проведено на базе Регионального научно-производственного центра по воспроизводству Калмыцкого государственного университета. Для исследования взяли КРС калмыцкой породы, принадлежащий СПК «Плодовитое» Малодербетовского района, в количестве 60 голов. Генетическое тестирование проводили с помощью молекулярно-генетического анализа, с целью контроля достоверности происхождения и идентификации животных на основе ПЦР-анализа по 9 микросателлитным локусам: BM1824, BM 2113, INRA023, SPS 115, TGLA 122, TGLA 126, TGLA 227ETH 10, ETH 225.

Материалом для молекулярно-генетического анализа служила цельная кровь, взятая из яремной вены. Для выделения ДНК использовали набор реагентов «М-Сорб» Синтол (на магнитных частицах). Выделение ДНК из цельной крови проводили согласно стандартному протоколу набора. Для амплификации выделенных ДНК использовали набор реагентов «Синтол» с целью проведения полимеразной цепной реакции и смесь праймеров. Полимеразная цепная реакция проводилась на амплификаторе Bio-Rad C1000 Touch thermal cycler, режимы амплификации были подобраны в зависимости от специфичности каждой пары праймеров.

Полученные ПЦР-продукты детектировали электрофоретическим разделением на агарозном геле с использованием набора AmpliSens. Детекцию проводили в камере горизонтального электрофореза Wide Mini-Sub Cell GT. Визуализация проводилась с помощью системы гель-документирования Clinx Science Instruments ChemiScope 6200Touch.

При обработке экспериментальных данных использовали офисный программный комплекс Microsoft Office с применением программы Excel (Microsoft, США).

Все использованные в анализе микросателлитные локусы принадлежат к перечню, рекомендованному международным обществом генетики животных (ISAG).

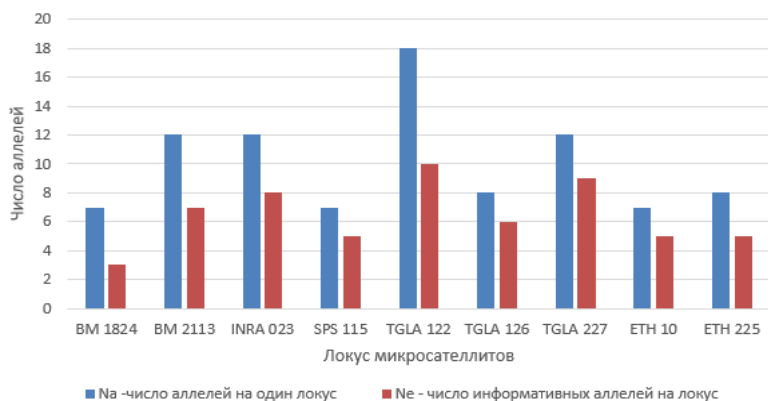
## Результаты исследований и обсуждение

Генетический анализ популяции калмыцкого скота породы СПК ПР «Плодовитое» проведен с использованием микросателлитных локусов. Результаты исследования показали наличие генетического разнообразия в данной популяции.

Характеристика STR-анализа КРС была проведена по следующим показателям: диапазон аллелей, число аллелей на локус, число информативных аллелей на локус, частота встречаемости, ожидаемая гетерозиготность.

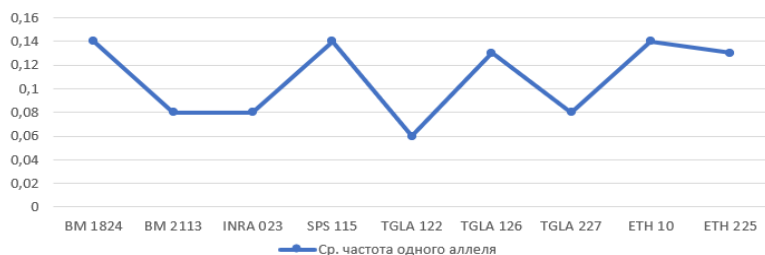
Нами установлено, что среднее число аллелей составляет 10,1, при этом число аллелей на локус варьировалось от 7 (BM 1824, SPS 115, ETH 10) до 18 (TGLA 122) (рис. 1). Локусы BM 2113, INRA 023, TGLA 122 и TGLA 227 имеют наибольший диапазон аллелей, а число аллелей на локус составляет соответственно 12, 12, 18 и 12. Наиболее информативными для калмыцкой породы оказались локусы

INRA 023, TGLA 122 и TGLA 227. Средняя частота встречаемости одного аллеля на исследуемый локус варьировала от 0,06 до 0,14 (рис. 2).



**Рис. 1.** Количество аллелей в изучаемых локусах

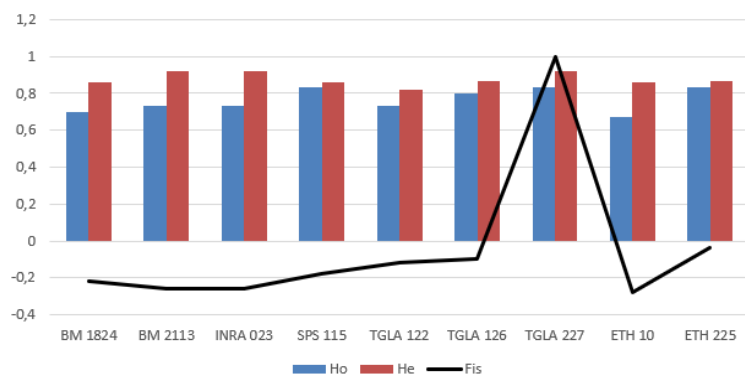
Источник: сделано авторами



**Рис. 2.** Частота встречаемости аллелей

Источник: сделано авторами

Анализ гетерозиготности позволяет оценить генетическую дифференциацию. Уровень наблюдаемой гетерозиготности варьировал от 0,67 (ETH 10) до 0,83 (SPS 115, TGLA 227, ETH 225), а показатели ожидаемой — 0,86 (BM 1824, SPS 115, ETH 10) ... 0,92 (BM 2113, INRA 023, TGLA 227) (рис. 3).



**Рис. 3.** Уровень гетерозиготности

Источник: сделано авторами

Сравнение ожидаемой и наблюдаемой гетерозиготности у калмыцкого скота показало, что у всех 9 исследуемых локусов показатели ожидаемой гетерозиготности превышают наблюдаемую.

Для многих микросателлитных локусов показателем избытка или недостатка гетерозигот является индекс фиксации. Положительное значение индекса говорит о нехватке гетерозигот, отрицательное — об избытке. Анализ данных показателя индекса фиксации показал, что у 8 локусов данный показатель отрицательный (BM 1824 (–0,22), BM 2113 (–0,26), INRA 023 (–0,26), SPS 115 (–0,18), TGLA 122 (–0,12), TGLA 126 (–0,10), ETH 10 (–0,28), ETH 225 (–0,04) и у 1 локуса (TGLA 227) положительный (1,0).

Таким образом, результаты проведенного молекулярно-генетического анализа по микросателлитным локусам показали, что у исследуемого стада КРС калмыцкой породы уровень генетического разнообразия высок.

## Заключение

1. Мы установили, что среднее число аллелей составляет 10,1 в 9 исследуемых STR-локусах крупного рогатого скота калмыцкой породы, с частотой встречаемости одного аллеля 0,06...0,14. Уровень наблюдаемой гетерозиготности варьировал от 0,67 до 0,83, а показатели ожидаемой — 0,86...0,92. Показатель индекса фиксации у 8 локусов отрицательный (от –0,28 до 0,04) и у 1 локуса (TGLA 227) положительный (1,0).

2. Результаты исследования микросателлитных локусов калмыцкой породы свидетельствует о том, что аллелофонд породы разнообразен. В целях дальнейшего улучшения породы в будущем необходимо исследовать генетическую структуру калмыцкой породы.

## Список литературы

1. Кузьмина Т.Н. Перспективы развития отечественного мясного скотоводства // Техника и технологии в животноводстве. 2019. № 2 (34). С. 92–99.
2. Кузьмин В.Н., Кузьмина Т.Н. Состояние мясного скотоводства Российской Федерации // Техника и технологии в животноводстве. 2020. № 3 (39). С. 4–10.
3. Воденников О.Г., Яркова Т.М. Роль мясного скотоводства в обеспечении продовольственной безопасности региона // Дальневосточный аграрный вестник. 2018. № 1 (45). С. 94–101. doi: 10.24411/1999-6837-2018-11015
4. Горлов И.Ф., Шахбазова О.П., Раджабов Р.Г., Иванова Н.В., Мосолова Д.А. Эффективность производства говядины в Ростовской области // Животноводство и кормопроизводство. 2018. Т. 101. № 1. С. 231–238.
5. Танана Л.А., Епишко О.А., Глинская Н.А. STR-локусы в контроле происхождения крупного рогатого скота белорусской черно-пестрой породы // Сборник научных трудов ставропольского научно-исследовательского института животноводства и кормопроизводства. 2014. Т. 2. № 7. С. 204–207.
6. Хабибрахманова Я.А., Калашникова Л.А., Голубков А.И., Лефлер Т.Ф., Голубков А.А., Мирвалиев Ф.С. Генетический полиморфизм голштинских быков ОАО «Красноярскагроплем» на основе микросателлитных маркеров ДНК // Вестник КрасГАУ. 2019. № 3. С. 135–140.
7. Глинская Н.А., Танана Л.А., Епишко О.А., Каспирович Д.А. Оптимизация протокола str-маркирования крупного рогатого скота при установлении происхождения потомков // Вестник Полесского государственного университета. Серия природоведческих наук. 2014. № 2. С. 17–24.

8. Кузнецов В.М. Сравнение методов оценки генетической дифференциации популяций по микросателлитным маркерам // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2020. Т. 21. № 2. С. 169–182. doi: 10.30766/2072-9081.2020.21.2.169-182
9. Jarne P., Lagoda P.J.L. Microsatellites, from molecules to populations and back // Trends Ecol. Evol. 1996. Vol. 11. № 10. P. 424–429. doi: 10.1016/0169-5347(96)10049-5
10. Глазко В.И., Глазко Г.В. Введение в генетику, биоинформатика, ДНК-технология, генная терапия, ДНК-экология, протеомика, метаболика / под ред. Т.Т. Глазко. М.: КУРС, 2023. 656 с.
11. Maudet C., Luikart G., Taberlet P. Genetic diversity and assignment tests among seven French cattle breeds based on microsatellite DNA analysis // J Anim Sci. 2002. Vol. 80. № 4. P. 942–950. doi: 10.2527/2002.804942x
12. Kojima K., Kawai Y., Misawa K., Mimori T., Nagasaki M. STR-realigner: a realignment method for short tandem repeat regions // BMC Genomics. 2016. Vol. 17. № 1. 991. doi: 10.1186/s12864-016-3294-x
13. Зиновьева Н.А., Гладырь Е.А. Генетическая экспертиза сельскохозяйственных животных: применение тест-систем на основе микросателлитов // Достижения науки и техники АПК. 2011. № 9. С. 19–20.
14. Смарагдов М.Г. Полногеномная оценка межстадного генетического различия крупного рогатого скота // Достижения науки и техники АПК. 2018. Т. 32. № 4. С. 47–49. doi: 10.24411/0235-2451-2018-10411
15. Чимидова Н.В., Убушиева А.В., Убушиева В.С., Сангаджиев Р.Д. Зоотехническая характеристика калмыцкого скота в условиях племенного репродуктора // Фундаментальные и прикладные научные исследования: актуальные вопросы, достижения и инновации: сборник статей LXI Международной научно-практической конференции. Пенза: МЦНС «Наука и Просвещение», 2022. С. 88–93.
16. Отаров А. Калмыцкая порода: особенности и преимущества // Животноводство России. 2018. № 2. С. 75–76.

#### Об авторах:

Убушиева Виктория Саналовна — научный сотрудник молодежной лаборатории, ФГБОУ ВО «КалмГУ им. Б.Б. Городовикова», Российская Федерация, 358000, Республика Калмыкия, г. Элиста, 5 микрорайон, 4 к. КалмГУ; e-mail: vicki\_93g@mail.ru

ORCID: 0000-0003-0320-7771 SPIN-код: 1991-8614

Горлов Иван Федорович — доктор сельскохозяйственных наук, академик РАН, научный руководитель, ФГБНУ «Поволжский научно-исследовательский институт производства и переработки мясомолочной продукции», Российская Федерация, 400131, г. Волгоград, ул. имени Маршала Рокоссовского, д. 6, e-mail: niimpr@mail.ru

ORCID: 0000-0002-8683-8159 SPIN-код: 8249-9437

Чимидова Надежда Васильевна — заведующая молодежной лабораторией, ФГБОУ ВО «КалмГУ им. Б.Б. Городовикова», Российская Федерация, 358000, Республика Калмыкия, г. Элиста, 5 микрорайон, 4 к. КалмГУ; e-mail: nadezhdashchimidova@yandex.ru

ORCID: 0000-0003-3043-091X SPIN-код: 3221-7432

Убушиева Алтана Вадимовна — научный сотрудник молодежной лаборатории, ФГБОУ ВО «КалмГУ им. Б.Б. Городовикова», Российская Федерация, 358000, Республика Калмыкия, г. Элиста, 5 микрорайон, 4 к. КалмГУ; e-mail: ameli-altanas@mail.ru

ORCID: 0000-0002-9916-7972 SPIN-код: 7219-0185