

**Полиморфизм гена TUBD1 в популяции крупного рогатого скота
костромской породы**

Научный руководитель – Волкова Валерия Владимировна

Зими́на Анна Александровна

Кандидат наук

Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика
Л.К. Эрнста, Лаборатория молекулярной генетики животных, Генетика, поселок
Дубровицы, Россия
E-mail: filipchenko-90@mail.ru

Костромская комбинированная молочно-мясная порода заслуженно считается одной из лучших российских пород крупного рогатого скота, выведенная на основе бурой швицкой и утверждённая в России в 1944 году [1].

Однако, наряду с положительными генетическими качествами в бурой швицкой породе был зарегистрирован ряд мутаций, оказывающих влияние на фертильность животных и жизнеспособность потомства, а именно гаплотип ВН2 (rs383232842), локализующийся на 19 хромосоме в гене TUBD1 (10833921 Т/С) (ARS-UCD1.2), основным фактором которого является миссенс-мутация, связанная с заболеванием дыхательных путей телят в результате нарушений функций ресничек дыхательного эпителия, приводящая к задержке роста и смерти потомства и проявляющаяся в гомозиготном рецессивном состоянии [2,3,4].

Цель автора состояла в том, чтобы представить данные о наличии мутации ВН2 в российской популяции костромской породы.

Методом выявления генетического дефекта ВН2 в исследовании является ПЦР-тест с детекцией в реальном времени, что обусловлено его точностью, простотой и коротким временем анализа.

Предложенным способом определения полиморфизма *TUBD1* было прогенотипировано 69 коров костромской породы, 5 (7,34%), из которых оказались скрытыми носительницами ВН2. Таким образом, в генотипе таких животных присутствуют одна мутантная и одна нормальная копии генов (гетерозигота). Животное не страдает от заболевания, но может передавать мутантную копию гена потомству. Частота встречаемости С-аллеля в популяции коров была на уровне 0,464.

Полученные данные в ходе работы продемонстрировали эффективность тест-системы в выявлении полиморфизма гена TUBD1, ассоциированного с гаплотипом ВН2 в российской популяции коров костромской породы. Проведение скрининга популяции племенного скота костромской породы с использованием разработанной тест-системы позволит осуществлять грамотный селекционный процесс в стаде, контроль за мутацией и получение здорового племенного генофонда.

Источники и литература

- 1) Баранов А. В., Парамонова Н. Ю., Баранова Н. С., Гусева Т. Ю., Королев А. А., Казаков Д. С. Костромская порода крупного рогатого скота в новом столетии: состояние и перспективы (обзор) // Аграрная наука Евро-Северо-Востока. 2019. №20(6). С.533-547
- 2) Biscarini, F., Schwarzenbacher, H., Pausch, H., Nicolazzi, E.L., Pirola, Y., Biffani, S.: Use of SNP genotypes to identify carriers of harmful recessive mutations in cattle populations. BMC Genomics 17:857, 2016. Pubmed reference: 27809787. DOI: 10.1186/s12864-016-3218-9

- 3) Cole, J.B., Null, D.J., VanRaden, P.M.: Phenotypic and genetic effects of recessive haplotypes on yield, longevity, and fertility. *J Dairy Sci* 99:7274-88, 2016. Pubmed reference: 27394947. DOI: 10.3168/jds.2015-10777
- 4) Wu, X., Mesbah-Uddin, M., Guldbbrandtsen, B., Lund, M.S., Sahana, G.: Novel haplotypes responsible for prenatal death in Nordic Red and Danish Jersey cattle. *J Dairy Sci.*, 2020. Pubmed reference: 32197842. DOI: 10.3168/jds.2019-17831