

SECTION 10.

BIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY

Черненко Анна Сергіївна

здобувач вищої освіти факультету технології виробництва та
переробки продукції тваринництва, стандартизації та біотехнології
Миколаївський національний аграрний університет, Україна

Науковий керівник: Крамаренко Сергій Сергійович

доктор біол. наук, професор, професор кафедри біотехнології та біоінженерії
Миколаївський національний аграрний університет, Україна

ВПЛИВ ПОЛІМОРФІЗМУ QTL-ГЕНУ DGAT1 НА МОЛОЧНУ ПРОДУКТИВНІСТЬ BOS TAURUS ТА ЙОГО ВИКОРИСТАННЯ У МАРКЕР-ОПОСЕРЕДКОВАНІЙ СЕЛЕКЦІЇ (MAS)

В умовах сучасного тваринництва одним із ключових завдань є ідентифікація та ефективне використання маркерних генів, які мають тісний зв'язок із проявом важливих фенотипових ознак, особливо таких як рівень молочної продуктивності. Генетичні маркери відкривають нові можливості для селекції, дозволяючи значно підвищити точність і результативність відбору тварин з бажаними характеристиками. Це, у свою чергу, забезпечує основу для створення більш ефективних і цілеспрямованих програм селекції. Такі програми спрямовані на формування популяцій з високим генетичним потенціалом продуктивності, що дозволяє не лише збільшити економічну ефективність господарств, а й підвищити конкурентоспроможність продукції на ринку. Крім того, використання маркерних генів у селекції сприяє збереженню генетичного різноманіття популяцій, що є важливим фактором у забезпеченні стійкості тваринництва до змін навколишнього середовища та викликів сучасної аграрної галузі.

Геномна селекція та відбір за допомогою маркерів (MAS – marker-assisted selection) спрощує процедуру відбору, особливо у видів із довгими циклами розмноження або для тих ознак, які мають низьке успадкування, або для яких вимірювання фенотипу є складним, дорогим або можливим лише в пізньому віці. Аналіз генетичного зчеплення, дослідження асоціацій з корисними ознаками чи захворюваннями, а також функціональне вивчення генів

дозволяють ідентифікувати поліморфізми, що можуть бути цінними маркерами для селекції бажаних характеристик [1].

Як потенційні маркери молочної продуктивності можуть розглядатись передусім алелі генів молочних білків і гормонів.

Серед QTL-генів, вплив яких на продуктивні ознаки вивчається в молочному та м'ясному скотарстві України та сусідніх країн, можна виділити наступні: ген гормону росту (*bGH*), лептину (*LEP*), гіпофіз-специфічного фактора транскрипції (*Pit-1*), міостатину (*MSTN*), калпаїну (*CAPN1*), тиреоглобуліну (*TG5*), С-рецептора ретиноевої кислоти (*RORC*) та стирол-СоА десатурази (*SCD*) [2].

DGAT1 є основним ферментом, відповідальним за регуляцію рівня синтезу тригліцеридів в адипоцитах. Згідно з дослідженнями Matamoros, нуклеотидна заміна GC→AA в позиціях 10433/10434 призводить до амінокислотної заміни Ala→Lys в 232 положенні білка *DGAT1*. Мутація K232A пов'язана з вмістом жиру і білків в молоці: алельний варіант К – з більшим вмістом жиру в молоці, а алель А – з виходом молока та сумарним вмістом білків [3].

Дослідження поліморфізму маркерного гена *DGAT1*_ехон 8_K232A поки що не набули широкого поширення серед різних популяцій *Bos taurus* в Україні, особливо в порівнянні з іншими структурними генами.

Таким чином, **головною метою** даної роботи був аналіз впливу поліморфізму *DGAT1*_ехон 8_K232A *Bos taurus* при формуванні молочної продуктивності.

Аналіз генетичної структури стад української чорно-рябої молочної худоби (200 голів дійних корів), яка відтворюється у сільськогосподарських підприємствах Сквирського району Київської області, виявив поліморфізм за генотипами *DGAT1* – А і К. Генетична структура дослідженої породи характеризується низькими частотами алельних варіантів К (0,385) і вдвічі вищою частотою варіантів А – 0,615 [4].

Було досліджено структурні гени у тварин корів бурої карпатської породи з приватних домогосподарств с. Нижні Ворота Мукачівського району Закарпатської області. За результатами проведеного дослідження виявлено, що поліморфізм генів *DGAT1* представлений алелями *DGAT1^A*, *DGAT1^K* і відповідно генотипами *DGAT1^{KA}*, *DGAT1^{KK}*. Встановлено висока частота алеля *DGAT1^K* – 0,585 і дещо нижча частота алеля *DGAT1^A* – 0,415 [5].

Виявлені особливості алельного спектру генів *DGAT1*, які характерні для дослідженої популяції української аборигенної лебединської породи корів з

господарства ПГ «Голосієво» Київської області, Україна. Так, частота «бажаного» алеля К (0,75) у тварин лебединської породи, у 3 рази була вищою, від частоти алеля А (0,25). Це знайшло своє відображення в частоті генотипів $DGAT1^{KK}$ та $DGAT1^{KA}$, які зустрічалися в однаковій кількості тварин – 16 гол. і 16 гол., відповідно. Тварин з генотипом $DGAT1^{AA}$ в даній вибірці виявлено не було. Оцінка ступеня генетичної різноманітності виявила, що показник гомозиготності за геном $DGAT1$ у вивчених тварин знаходився на рівні 50%, тобто 16 голів. Значення фактичної рівноваги у тварин лебединської породи ВРХ на 0,125 перевищує теоретично очікувану. Відповідно до закону Харді-Вайнберга, за локусом діацилгліцерол-О-ацилтрансферази 1 у дослідженої вибірки тварин порушена генетична рівновага [6].

На прикладі української чорно-рябої молочної породи ВРХ розроблено біотехнологічні підходи, щодо комплексної оцінки генетичного потенціалу тварин. Досліджували чистопорідне поголів'я молочної породи (251 голова), яке відтворюється в умовах агростанції „Митниця” Васильківського району, Київської області. Для аналізу генів кількісних ознак ВРХ, які пов'язані з молочною продуктивністю, використовували метод ПЛР-ПДРФ. Розподіл алельних частот у дослідженої групи тварин, в основному, відповідав очікуваному (відповідно до закону Харді-Вайнберга). Виявлено високу частоту зустрічання господарсько цінних алелей за локусами ацил-КоА-діацилгліцерол ацилтрансферази 1 ($DGAT1^A$ – 0,683). Високий ступінь кореляції було встановлено між генотипами гена $DGAT1$ та масовою часткою жиру ($r = 0,748, P < 0,001$) і білка в молоці ($r = -0,629, P < 0,001$). Виявлені залежності засвідчують можливість використання даних кореляційних зв'язків для подальшого вдосконалення селекційного процесу та отримання високопродуктивних тварин української чорно-рябої молочної породи за рахунок проведення селекції в напрямі виведення тварин з генотипами АА або КК за локусом $DGAT1$ [7].

Висновки. Поліморфізм гена $DGAT1_exon\ 8_K232A$, зокрема його алельні варіанти А і К, має значний вплив на такі господарсько важливі показники, як вміст жиру та білка в молоці. У ході досліджень були виявлені значні відмінності в частоті алелів у різних породах великої рогатої худоби України, що вказує на високий рівень генетичної мінливості як між породами, так і всередині популяцій.

Список використаних джерел:

1. Супрович Т. М., Супрович М. П., Бандура В. В., Чорний І. О. (2023). Подільський вісник: сільське господарство, техніка, економіка. Серія : Ветеринарні науки. 2023. Вип. 1(38). С. 192-202. Вилучено з: https://journals.pdu.khmelnitskiy.ua/index.php/podilian_bulletin/article/view/165

2. Оцінювання генетичної структури та прогнозування продуктивності тварин південної м'ясної породи за ДНК маркерами : монографія / О. С. Крамаренко. — Миколаїв : Іліон, 2017. — 166 с. Вилучено з: <https://dspace.mnau.edu.ua/jspui/handle/123456789/3451>
3. Matamoros C., Dechow C. D., Harvatine K. J. Interaction of DGAT1 polymorphism, parity, and acetate supplementation on feeding behavior, milk synthesis, and plasma metabolites. *Journal of Dairy Science*. 2023. Vol. 11, no. 106. P. 7613–7629. Вилучено з: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030223004800>
4. Димань Т., Дубин О., Плівачук О. Молекулярна діагностика поліморфізму QTL-генів в української чорно-рябої молочної худоби. *Технологія виробництва і переробки продукції тваринництва*. 2014. № 1. С. 5–8. Вилучено з: <https://rep.btsau.edu.ua/handle/BNAU/2656>
5. Мохначова Н. Вивчення поліморфізму DGAT1 та PIT1 у тварин зникаючої бурої карпатської породи великої рогатої худоби. *Науковий вісник Ужгородського університету*. 2023. № 54. С. 104–108. Вилучено з: <https://journals.uzhnu.uz.ua/index.php/biology/article/view/881>
6. Мохначова Н. Аналіз поліморфізму генотипів популяції Лебединської породи ВРХ за генами DGAT1 та CAPN1. *Екологічні науки*. 2023. Т. 3, № 48. С. 97–102. Вилучено з: <http://ecoj.dea.kiev.ua/archives/2023/3/15.pdf>
7. Новак Н., Облап Р. Аналіз генетичної структури ВРХ та біотехнологічні підходи щодо вдосконалення показників молочної продуктивності. *Вісник Сумського національного аграрного університету*. 2012. Т. 21, № 12. С. 73–76. Вилучено з: http://www.irbis-nbuv.gov.ua/cgi-bin/irbis_nbuv/cgiirbis_64.exe?I21DBN=LINK&P21DBN=UJRN&Z21ID=&S21REF=10&S21CNR=20&S21STN=1&S21FMT=ASP_meta&C21COM=S&2_S21P03=FILA=&2_S21STR=Vsna_tvar_2012_12_20