

Научная статья
УДК 636.2.033, 636.223.1
doi: 10.28983/asj.y2024i12pp110-117

Влияние гена кальпастина на мясную продуктивность крупного рогатого скота

Елена Николаевна Коновалова¹, Ольга Сергеевна Романенкова¹, Лилия Валерьевна Евстафьева²,
Станислава Сергеевна Сафонова², Марина Ивановна Селионова², Елена Александровна Гладырь¹

¹ Федеральный исследовательский центр Всероссийского института животноводства им. Л.К. Эрнста,
Московская область, г. Подольск, Россия

² Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева, г. Москва, Россия
e-mail: konoval-elena@yandex.ru

Аннотация. В статье представлены данные изучения гена кальпастина (*CAST*) крупного рогатого скота, кодирующего одноименный белок и участвующего в посмертном протеолизе мышечной ткани, в результате чего происходит формирование нежности мяса. Разработаны ДНК-тесты на основе метода ПЦР-ПДРФ для идентификации аллельных вариантов трех полиморфизмов *CAST* в локусах 282, 2870 и 2959. Генотипирование российской популяции абердин-ангусской породы ($n = 138$), состоящей из быков ($n = 57$) и коров ($n = 81$), выявило наличие различных генотипов изучаемых мутаций и достаточно высокие частоты предпочтительных в отношении продуктивности аллелей (С-*CAST*_282 – 0,5–0,6; G-*CAST*_2870 – 0,7; А-*CAST*_2959 – 0,2–0,4). При корреляционном анализе аллельных вариантов изучаемых полиморфизмов со среднесуточными привесами коров и быков в возрасте от рождения до 15 месяцев достоверного влияния гена кальпастина на показатели откорма не выявлено. Обнаружено влияние полиморфизмов *CAST*_282 и *CAST*_2959 на гистологические показатели туш после убоя. У быков с генотипом СС-*CAST*_282 по сравнению с гетерозиготными особями наблюдались статистически значимые преимущества по содержанию мышечной (на 15,9 % больше) и соединительной (на 10,8 % меньше) тканей в длиннейшей мышце спины (*M. dorsum longissimum*), что можно рассматривать как предпосылки для получения более нежной говядины с высокой питательной ценностью. Кроме того, животные с генотипами СС-*CAST*_282 и АА-*CAST*_2959 имели значительно больший размер мышечных волокон по сравнению с аналогами других генотипов. Полученные результаты позволяют рекомендовать ген кальпастина в качестве перспективного генетического маркера свойств туши и включать его в программы геномной селекции для повышения точности геномного прогнозирования свойств мясной продуктивности крупного рогатого скота.

Ключевые слова: абердин-ангусская порода; мясное скотоводство; продуктивность; нежность говядины; генетические маркеры; ген кальпастина

Для цитирования: Коновалова Е. Н., Романенкова О. С., Евстафьева Л. В., Сафонова С. С., Селионова М. И., Гладырь Е. А. Влияние гена кальпастина на мясную продуктивность крупного рогатого скота // Аграрный научный журнал. 2024. № 12. С. 110–117. <http://dx.doi.org/10.28983/asj.y2024i12pp110-117>.

ZOOTECHNICS AND VETERINARY MEDICINE

Original article

Influence of calpastatin gene on meat productivity of cattle

Elena N. Konovalova¹, Olga S. Romanenkova¹, Lilia V. Evstafeva²,
Stanislava S. Safonova², Marina I. Selionova², Elena A. Gladyr¹

¹ Federal Research Center for Animal Husbandry named after Academy Member L.K. Ernst, Moscow region,
Podolsk, Russia

² Russian State Agrarian University - Moscow Timiryazev Agricultural Academy, Moscow, Russia
e-mail: konoval-elena@yandex.ru





Abstract. The article presents the results of the study of the calpastatin (*CAST*) gene in cattle, encoding a protein of the same name involved in postmortem proteolysis of muscle tissue, as a result of which the tenderness of meat is formed. DNA tests based on the PCR-PDRF method have been developed to identify allelic variants of three *CAST* polymorphisms at loci 282, 2870 and 2959. Genotyping of the Russian population of the Aberdeen Angus breed ($n=138$), consisting of bulls ($n=57$) and cows ($n=81$) revealed the presence of various genotypes of the studied mutations and sufficiently high frequencies of alleles preferred in terms of productivity (C-*CAST*_282 – 0.5-0.6; G-*CAST*_2870–0.7; A-*CAST*_2959–0.2-0.4). The correlation analysis of allelic variants of the studied polymorphisms with average daily weight gains of cows and bulls aged from birth to 15 months did not reveal a significant effect of the calpastatin gene on fattening indicators. The effect of *CAST*_282 and *CAST*_2959 polymorphisms on post-slaughter histological parameters of bull carcasses was found. The effect of *CAST*_282 and *CAST*_2959 polymorphisms on post-slaughter histological parameters of carcasses was found. In bulls with the CC-*CAST*_282 genotype, compared with heterozygous individuals, statistically significant advantages were observed in terms of the content of muscular (15.9% more) and connective (10.8% less) tissues in the longest back muscle (*M. dorsum longissimum*), which can be regarded as prerequisites for obtaining more tender beef with high nutritional value. In addition, animals with genotypes CC-*CAST*_282 and AA-*CAST*_2959 had significantly larger muscle fiber size compared to analogues of other genotypes. The results obtained allow us to recommend the calpastatin gene as a promising genetic marker for the carcass properties and include it in genomic breeding programs to improve the accuracy of genomic prediction of the properties of beef productivity of cattle.

Keywords: Aberdeen Angus cattle breed; meat cattle breeding; productivity; beef tenderness; genetic markers; calpastatin gene

For citation: Konovalova E. N., Romanenkova O. S., Evstafeva L. V., Safonova S. S., Selionova M. I., Gladyr E. A. Influence of calpastatin gene on meat productivity of cattle. *Agrarnyy nauchnyy zhurnal = Agrarian Scientific Journal*. 2024;(12):110–117. (In Russ.). <http://dx.doi.org/10.28983/asj.y2024i12pp110-117>.

Введение. В настоящее время улучшение потребительских характеристик говядины – одно из приоритетных направлений мясного скотоводства [5]. Важным показателем, влияющим на вкусовые качества данного вида мяса, является нежность – признак, который в значительной степени усиливается в процессе послеубойного «старения» (созревания, тендеризации) мышечной ткани [6].

Известно, что ключевую роль в естественной тендеризации мяса играют кальций-зависимая протеиназа кальпаин I типа (кальпаин 1) и ее ингибитор кальпаастатин [10]. Белок кальпаастатина, обнаруживаемый в клетке на поверхности эндоплазматического ретикулума и аппарата Годжи, ингибирует протеолитическую активность μ - и m -кальпаинов, предотвращая их связывание с мембранами, тем самым регулируя посмертный протеолиз мяса и изменения мышечных волокон в послеубойный период [13]. В связи с этим ген кальпаастатина (*CAST*) рассматривается как один из перспективных маркеров интенсивности роста и качества мяса [4, 6].

Существующие в настоящее время ДНК-технологии, позволяющие идентифицировать гены, прямо или косвенно связанные с продуктивностью животных, делают возможным изучение и практическое использование генных полиморфизмов, связанных с характеристиками, обуславливающими вкусовые качества говядины, в частности, нежность мяса [6].

Так, в гене, кодирующем кальпаастатин крупного рогатого скота (*CAST*), расположенном на 7-й хромосоме протяженностью 149 т.п.н. и состоящем из 35 экзонов [11], было обнаружено три наиболее значимых однонуклеотидных полиморфизма (SNP), которые в перспективе могут стать генами-кандидатами для определения признаков качества туши и мяса [12]: *CAST*_282 (7:g. 98533961 C>G, rs110955059), *CAST*_2870 (7:g.98579574A>G, с.*382G>A, rs41255587) и *CAST*_2959 (7:g.98579663A>G, с.*471A>G, rs109221039). По предварительным данным, предпочтительными с точки зрения нежности мяса являются аллели дикого типа C-*CAST*_282, G-*CAST*_2870 и A-*CAST*_2959 [7, 12].

В связи с вышеизложенным изучение изменчивости гена кальпаастатина (*CAST*) представляет интерес, как в фундаментальном, так и в прикладном аспектах.

Цель данной работы – создание ДНК-тестов для определения аллельных вариантов полиморфизмов *CAST*_282, *CAST*_2870 и *CAST*_2959; популяционный анализ крупного рогатого скота абердин-ангусской породы по вышеназванным полиморфизмам посредством разработанных тест-систем и анализ связи генотипов со структурным составом мышечной ткани.

Материалы и методы. Исследования проводили на популяции крупного рогатого скота абердин-ангусской породы ($n = 138$), принадлежащей ООО «КФХ «Хэппи Фарм» (Калужская обл.)



и состоящей из быков ($n = 57$) и коров ($n = 81$), рожденных 13.06.2019–14.11.2020. От всего изучаемого поголовья в рамках планового анализа брали пробы крови, из которых на базе Центра коллективного пользования ФГБНУ ФИЦ ВИЖ им. Л.К. Эрнста получали препараты ДНК при помощи наборов для выделения ДНК-Экстран 1 (ЗАО «Синтол», Россия) согласно инструкции производителя.

В связи с тем, что изучаемые генные полиморфизмы были представлены простыми однонуклеотидными заменами, для разработки тест-систем применяли метод ПЦР-ПДРФ (полимеразная цепная реакция с последующим анализом полиморфизма длин рестрикционных фрагментов). В ходе работы амплификации областей мутаций были подобраны олигонуклеотидные праймеры (компьютерное обеспечение Primer3Plus, <https://www.primer3plus.com>), а для проведения ПДРФ-анализа – эндонуклеазы рестрикции (программа New England Biolab *NebCutter V.3.0.*, <https://nc3.neb.com/NEBcutter>).

ПЦР-амплификацию проводили на термоциклере Gene Explorer (Bioer, Китай) при следующих условиях: начальная денатурация при 95 °С – 3 мин, 35 повторяющихся циклов денатурации (95 °С – 30 с) – отжига (40 с) – элонгации (72 °С – 30 с) и конечная элонгация – 72 °С – 4 мин. Температура отжига составляла 64 °С для *CAST_282* и 63 °С для *CAST_2870* и *CAST_2959*.

Все поголовье было генотипировано по мутациям *CAST_282*, *CAST_2870* и *CAST_2959*. По результатам анализа проводили подсчет генотипов и аллелей изучаемых генных полиморфизмов.

С 21.03.2023 до 30.06.2023 часть поголовья (быки, $n = 9$) отправили на убой, который проводили в убойном цехе ООО «Ферма.Ру» (Калужская обл., Медынский р-н, д. Тихоновка), разделку говядины на отрубы – в сертифицированном мясном цехе ООО «КФХ «Хэппи Фарм».

Для гистологического анализа из каждой пробы длиннейшей мышцы спины, фиксированной в 10%-м формалине, отбирали по 3 образца, от которых получали срезы. Для получения срезов выполняли проводку образцов через растворы желатина различных концентраций (7; 12,5 и 25 %) при 37 °С. Гистологические срезы толщиной 15 мкм получали на замораживающем микротоме с электрическим приводом МЗП-01 Техном, оснащенный охладителем ОМТ 28-02 Е. Окраску осуществляли Суданом III («Вектон», Россия), окрашивающим жир оранжевым цветом, и гематоксилином Карацци («Абрис+», Россия), окрашивающим ядра в сине-фиолетовый цвет. Полученные препараты исследовали на световом микроскопе «Микромед С-1» (4/0,10 160/0,17; 10/0,25 160/0,17 и S40/0,65 160/0,17). На препаратах определяли диаметр белых мышечных волокон, их плотность и соотношение различных типов тканей (мышечной, жировой и соединительной) [1]. Микрофотографии были сделаны при помощи фотоаппарата Sony Cyber-shot и обработаны с использованием программы Microsoft Power Point.

Калькуляцию частот и корреляционный анализ проводили при помощи программы Excel. Статистическую обработку полученных данных осуществляли при помощи программного ресурса «Медицинская статистика» (<https://medstatistic.ru/calculators/averagestudent.html>) путем использования критерия достоверности *t*-Стьюдента. Различия считались статистически значимыми при $p < 0,05$.

Результаты исследований. В ходе работы были подобраны праймеры и эндонуклеазы рестрикции, необходимые для проведения генотипирования животных по трем изучаемым полиморфизмам гена кальпастина. Для амплификации фрагмента ДНК области полиморфизма *CAST_282* использовали праймеры *CAST_282F* (последовательность 5'-3' cttgctgaattggaggggaagg) и *CAST_282R* (5'-3' tgaaaacacgcatacacccc), в качестве эндонуклеазы рестрикции – фермент *Rsa I* (сайт узнавания GT↓AC). Ввиду близкого расположения полиморфизмов *CAST_2870* и *CAST_2959* для амплификации их области мутации использовались праймеры *CAST_2870F* (5'-3' ttgatagttcttaaagcagcaca) и *CAST_2870R* (5'-3' tctgtccagggtctctacga), а для ПДРФ-анализа – ферменты *Ags I* (сайт узнавания TTS↓AA) и *BstDE I* (сайт узнавания C↓TNAG).

Так, в ходе анализа по *CAST_282* в ходе ПЦР происходила амплификация фрагмента ДНК длиной 201 п.о. (пар оснований), характерного для желательного аллеля С. Наличие в генотипе животного аллеля G характеризовалось присутствием в ДНК-последовательности сайта рестрикции для эндонуклеазы *Rsa I*. Это выражалось визуализацией на электрофореграмме фрагментов ДНК 157 и 44 п.о. Таким образом, генотип СС характеризовался наличием на фото геле-электрофореза одного фрагмента (210 п.о.), GC – трех фрагментов ДНК (210, 157, 44 п.о.), а GG – двух фрагментов (157 и 4 п.о.).

В ходе ПЦР областей мутаций *CAST_2870* и *CAST_2959* амплифицировался фрагмент 303 п.о., характерный для аллеля А-*CAST_2870* и G-*CAST_2959*. Выбранная для анализа *CAST_2870* эндону-

клеаза *AgsI* при наличии аллеля G-*CAST_2870* разрезала ПЦР-ампликон на два фрагмента – 205 и 98 п.о. Таким образом, идентифицировали три генотипа AA – один ДНК-фрагмент 303 п.о., AG – три ДНК-фрагмента: 303, 205 и 98 п.о. и GG – два фрагмента ДНК: 205 и 98 п.о.). Рестриктаза *BstDEI*, выбранная для ПДРФ-анализа *CAST_2959*, разрезала исходный ПЦР фрагмент, характерный для аллеля G (303 п.о.), на два – 183 и 120 п.о. (аллель A), позволяя, таким образом определить три возможных генотипа: AA (два фрагмента 183 и 120 п.о.), AG (три фрагмента 303, 183 и 120 п.о.) и GG (303 п.о.). Работа созданных ДНК-тестов наглядно представлена на рисунке 1.

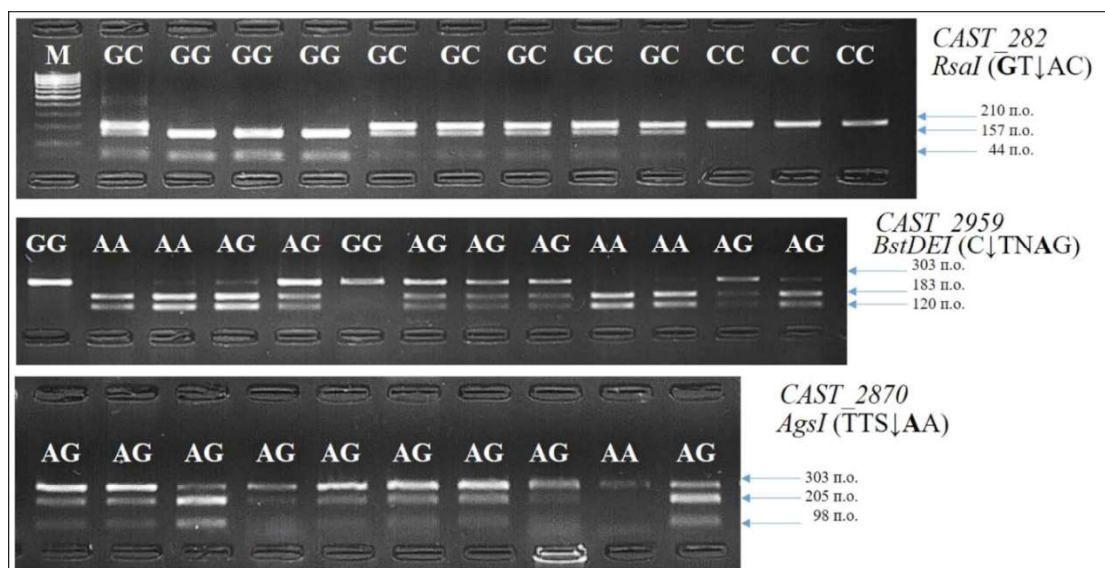


Рисунок 1 – Результаты гель-электрофореза ПЦР-ПДРФ-анализа полиморфизмов гена кальпастина *CAST_282*, *CAST_2870* и *CAST_2959*

Figure 1 – Results of gel electrophoresis of PCR-RFLP analysis of calpastatin gene polymorphisms of *CAST_282*, *CAST_2870* and *CAST_2959*

Генотипирование изучаемой популяции крупного рогатого скота показало наличие среди коров данной популяции носителей всех трех возможных генотипов полиморфизмов (*CAST_282*, *CAST_2870* и *CAST_2959*), а среди быков – отсутствие генотипа AA по полиморфизму *CAST_2870* (таблица 1).

Таблица 1 – Результаты популяционного анализа крупного рогатого скота абердин-ангусской породы по полиморфизмам гена кальпастина

Table 1 – The population analysis results of Aberdeen Angus cattle on calpastatin gene polymorphisms

SNP	Генотип, аллель	Частота в группе животных			
		быки (n = 57)		коровы (n = 81)	
		n	%	n	%
<i>CAST_282</i>	CC*	19	33,3	20	24,7
	GC	33	57,9	44	54,3
	GG	5	8,8	17	21,0
	C*	0,6		0,5	
	G	0,4		0,5	
<i>CAST_2870</i>	GG*	24	42,1	33	40,7
	AG	33	57,9	47	58,0
	AA	0	0,0	1	1,2
	G*	0,7		0,7	
	A	0,3		0,3	
<i>CAST_2959</i>	AA*	14	24,6	17	21,0
	AG	36	63,2	51	63,0
	GG	7	12,3	13	16,0
	A*	0,6		0,8	
	G	0,4		0,2	

* желательные аллели и генотипы.



В группах, как быков, так и телок, оказалась достаточно высокая частота животных-носителей желательных генотипов и аллелей по всем трем изучаемым полиморфизмам. Так, по полиморфизму *CAST_282* в популяции быков большинство животных имели гетерозиготный генотип GC (57,9 %), а желательный CC-генотип – 33,3 %. Частота желательного аллеля C составила 0,6. В популяции коров наблюдали схожую тенденцию (CC – 24,7 %, GC – 54,3 %), частота C-аллеля составила 0,5. По полиморфизму *CAST_2870* в популяции быков предпочтительный генотип GG встречался у 42,1 % животных, большинство также были гетерозиготными по данному SNP (57,9 %). Частота встречаемости аллеля G оказалась достаточно высокой (0,7). Примечательно, что животных, гомозиготных по аллелю A, среди исследуемых быков не оказалось. В группе коров всего одна особь имела генотип AA, большинство, как и в случае с быками, – генотип AG (58,0 %) и GG (40,7 %).

Распределение частот аллелей в группе коров оказалось аналогичным группе быков. В отношении полиморфизма *CAST_2959* доля животных с желательным AA-генотипом составила 24,6 и 21,0 соответственно в группах быков и коров. Доля гетерозиготных животных была также высока и примерно одинакова в обеих группах: у быков – 63,2 %, у коров – 63,0 %. Частота встречаемости предпочтительного аллеля A оказалась высока в группах быков (0,6) и коров (0,8).

Анализ связи различных генотипов *CAST* (таблица 2) со среднесуточными привесами от рождения до 8 месяцев и от 8 до 15 месяцев не выявил значительных корреляций между аллельными вариантами изучаемых полиморфизмов и динамикой прироста массы животных. Так, у быков по полиморфизму *CAST_282* наблюдалось незначительное преимущество у гетерозиготных животных по массе при рождении и среднесуточным привесам от 0 до 8 месяцев. По полиморфизму *CAST_2870* в группе быков отмечалась аналогичная тенденция. В возрасте 8–15 месяцев незначительно больше прибавляли быки с генотипами CC-*CAST_282*, GG-*CAST_2870* и AG-*CAST_2959*. В группе коров не было выявлено каких-либо закономерностей, позволяющих предположить влияние гена кальпастатина на показатели откорма.

Таблица 2 – Результаты анализа связи полиморфизмов гена кальпастатина со среднесуточными привесами крупного рогатого скота абердин-ангусской породы

Table 2 – Results of the association analysis of calpastatin gene with the average daily weight gains of Aberdeen Angus cattle

Генотип	Быки			Коровы		
	масса при рождении, кг	среднесуточный привес, кг		масса при рождении, кг	среднесуточный привес, кг	
		0–8 мес.	8–15 мес.		0–8 мес.	8–15 мес.
GG- <i>CAST_282</i>	22,8±1,5	0,72±0,30	0,83±0,28	23,1±1,9	0,78±0,31	0,86±0,33
GC- <i>CAST_282</i>	23,5±2,1	0,75±0,28	0,83±0,26	22,6±2,0	0,79±0,28	0,80±0,35
CC- <i>CAST_282</i>	21,7±1,7	0,73±0,29	0,87±0,36	23,6±1,9	0,76±0,33	0,83±0,32
AA- <i>CAST_2870</i>	–	–	–	20,0±0,0	0,79±0,00	0,85±0,00
AG- <i>CAST_2870</i>	23,3±2,0	0,75±0,28	0,82±0,26	22,9±2,0	0,79±0,29	0,83±0,34
GG- <i>CAST_2870</i>	22,2±1,8	0,74±0,29	0,87±0,35	23,1±1,9	0,76±0,30	0,81±0,33
GG- <i>CAST_2959</i>	23,9±2,0	0,78±0,26	0,84±0,28	22,2±1,9	0,75±0,28	0,84±0,35
AG- <i>CAST_2959</i>	22,8±1,9	0,74±0,27	0,86±0,30	23,2±2,0	0,78±0,28	0,81±0,34
AA- <i>CAST_2959</i>	22,4±1,9	0,73±0,32	0,79±0,32	22,7±1,8	0,81±0,34	0,85±0,30

В ходе послеубойного гистологического анализа мышечных проб бычков были получены препараты, позволяющие оценить основные структурные элементы длиннейшей мышцы спины: белые мышечные волокна, окружающую их соединительную ткань (эндомизий), пучки волокон соединительной ткани (перимизий) и жировую ткань (рисунок 2).

В зависимости от животного содержание мышечной ткани варьировало от 62,5 до 89,2 %, соединительной – от 8,3 до 35,8 %, жировой – от 0,6 до 2,5 %; диаметр мышечных волокон – 80,4–123,3 мкм.

Для дальнейшего анализа на основании данных генотипирования из исследуемых бычков по *CAST_282* было сформировано три группы сравнения (генотипы CC, GC и GG), а по *CAST_2959* – две группы (генотипы AA и GG). В связи с отсутствием полиморфизма по *CAST_2870* (все анализируемые бычки имели генотип AG) данный SNP из сравнительного анализа был исключен.



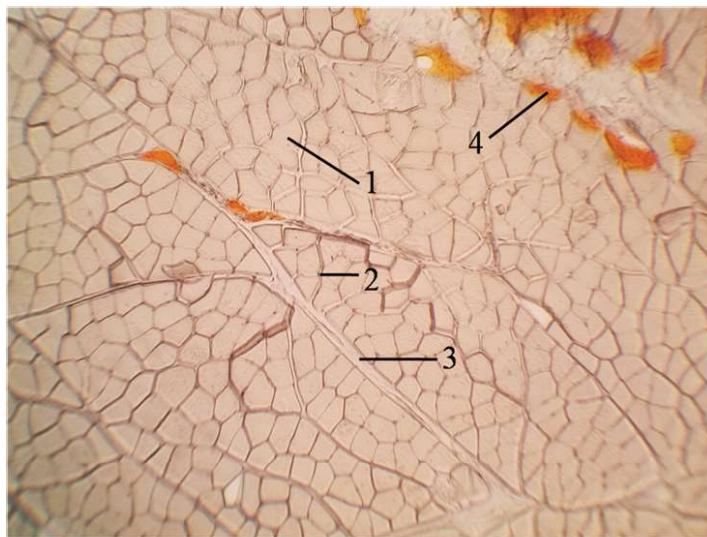


Рисунок 2 – Поперечный гистологический срез длиннейшей мышцы спины быка:
 1 – белые мышечные волокна; 2 – эндомизий; 3 – перимизий;
 4 – жировая ткань. Увеличение 7×10

Figure 2 – Transverse histological section of the *Musculus longissimus dorsi* of the bull:
 1 – white muscle fibers; 2 – endomysium; 3 – perimysium; 4 – adipose tissue. Magnification 7×10

Представленные в таблице 3 результаты показали преимущество генотипа *CC-CAST_282* по содержанию в образцах мышечной ткани по сравнению с бычками генотипов *GC* и *GG*. Причем по сравнению с гетерозиготным генотипом различие (15,9 % в пользу генотипа *CC*) было статистически значимым ($p < 0,05$). У животных с генотипом *CC* оказалось самое низкое содержание соединительной ткани по сравнению с другими генотипами. Аналогично с мышечной тканью была выявлена достоверная разница между *CC*- и *GC*-генотипами (17,1 %, $p < 0,05$). У особей с генотипом *CC* наблюдалась тенденция к большему содержанию жировой ткани. Диаметр мышечных волокон также оказался наибольшим у бычков с генотипом *CC*, достоверно больше на 15,9 мкм по сравнению с гетерозиготными животными. Кроме того, сравнение этого показателя у гетерозиготных животных и особей с генотипом *GG* также выявило достоверную разницу (19,1 мкм) в пользу носителей *C*-аллеля, что позволяет предположить отрицательное влияние аллеля *G-CAST_282* на этот показатель.

Таблица 3 – Гистологическая структура длиннейшей мышцы спины бычков абердин-ангусской породы в зависимости от генотипа по гену кальпастина

Table 3 – Histological structure of *Musculus dorsum longissimus* of Aberdeen Angus bulls dependently of genotype of calpastatin gene

SNP	Генотип (*n)	Среднее содержание ткани, %			Диаметр мышечных волокон, мкм
		мышечная	соединительная	жировая	
<i>CAST_282</i>	<i>CC</i> (1)	89,2±0,0	8,3±0,0	2,5±0,0	123,3±0,0
	<i>GC</i> (6)	73,3±2,6	25,4±2,7	1,3±0,7	107,4±2,7
	<i>GG</i> (2)	79,6±1,3	19,1±1,5	1,4±0,7	88,3±3,3
Критерий t-Стьюдента	<i>CC-GC</i>	6,01**	6,44**	1,71	6,03**
	<i>CC-GG</i>	7,38	7,20	1,57	10,61
	<i>GC-GG</i>	2,17	2,04	0,10	4,4**
<i>CAST_2959</i>	<i>AA</i> (3)	80,0±2,8	18,9±2,9	1,7±0,9	115,6±2,9
	<i>AG</i> (6)	74,7±2,8	23,9±2,8	1,4±0,7	99,5±3,4
Критерий t-Стьюдента	<i>AA-AG</i>	1,34	1,24	0,26	3,57**

*n – количество животных; ** статистически значимые различия.

В отношении полиморфизма *CAST_2959* были обнаружены тенденции большего содержания мышечной и жировой тканей и меньшего содержания соединительной ткани у животных с генотипом *AA* по сравнению с гетерозиготными аналогами. Также было обнаружено статистически





значимое различие по диаметру мышечных волокон в пользу генотипа АА (на 16,1 мкм больше по сравнению с генотипом АГ).

Заключение. Представленные данные популяционного анализа показали достаточно высокую частоту генотипов и аллелей по трем полиморфизмам гена кальпастина, что согласуется с ранее проведенными исследованиями белорусских ученых, по данным которых частота предпочтительного аллеля А полиморфизма *CAST_2959* (rs109221039), обуславливающего повышенную нежность мяса, составила у абердин-ангусской породы 87,1 %. По результатам наших исследований, частота данного аллеля в группе быков составила 60 % и в группе коров 80 % [3].

Корреляционные исследования изучаемых мутаций гена кальпастина с фенотипическими данными показали отсутствие связи этого гена с откормочными качествами крупного рогатого скота. Ранее нами были получены аналогичные результаты по полиморфизму гена кальпаина 1 [2], что свидетельствует о нецелесообразности использования генов кальпаин-кальпастинового каскада в качестве генетических маркеров по свойствам откорма.

Однако обнаруженные достоверные связи определенных аллелей полиморфизмов гена кальпастина в локусах 282 и 2959 с гистоструктурой длиннейшей мышцы спины указывают на то, что данный ген может быть перспективен для улучшения органолептических свойств говядины. Наибольшее количество мышечной ткани у животных с генотипом *СС-CAST_282* и *АА-CAST_2959* предполагает получение от них мяса с большей пищевой ценностью, а меньшее содержание соединительной ткани в сочетании с большим процентом жира – более нежного мяса.

В связи с тем, что наши результаты согласуются с ранее полученными данными других ученых [8, 9, 14], ген кальпастина может быть рекомендован в качестве генетического маркера. Использование его в программах маркер-зависимой или геномной селекции позволит не только отбирать наиболее ценных в отношении послеубойных характеристик животных, но и повышать точность геномного прогноза по свойствам мясной продуктивности.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда № 23-26-00176, <https://rscf.ru/project/23-26-00176>.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Аппельт Г. Введение в методы микроскопического исследования; пер. с нем. О. И. Епифановой, С. Г. Комм. М.: Медгиз, 1959. 426 с.
2. ДНК-анализ полиморфизмов генов миостатина, лептина и кальпаина 1 у крупного рогатого скота абердин-ангусской породы российской популяции / Е. Н. Коновалова [и др.] // Сельскохозяйственная биология. 2023. № 58(4). С. 622–637. DOI: 10.15389/agrobiologia.2023.4.622rus.
3. Исследование полиморфизма rs17872000 в генах кальпаина (*CAPN1*) и rs109221039 кальпастина (*CAST*) у крупного рогатого скота мясного направления продуктивности / Е. Л. Романишко [и др.] // Молекулярная и прикладная генетика. 2022. Т. 32. С. 88–96. DOI:10.47612/1999-9127-2022-32-88-96.
4. Полиморфизм генов *CAST*, *GH*, *GDF9* овец горно-алтайской породы / М. И. Селионова [и др.] // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2020. № 50(1). С. 92–100. DOI: 10.26898/0370-8799-2020-1-11.
5. Производство говядины: состояние и перспективы / Г. И. Шичкин [и др.] // Молочное и мясное скотоводство. 2021. № 8. С. 2–5. DOI: 10.33943/MMS.2021.33.85.001.
6. Распределение частоты встречаемости аллелей гена кальпастина у овец разных пород (обзор) / З. К. Гаджиев [и др.] // Аграрный научный журнал. 2023. № 5. С. 72–78. DOI: 10.28983/asj.y2023i5pp72-78.
7. Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle / E. Casas, S. N. White, D. G. Riley, T. P. L. Smith, R. A. Brennehan, T. A. Olson, D. D. Johnson, S. W. Coleman, G. L. Bennett, C. C. Chase // Journal of Animal Science. 2005. No. 83(1). P. 13–19. DOI:10.2527/2005.83113x.
8. Association of *CAST* gene polymorphisms with carcass and meat quality traits in Chinese Commercial Cattle Herds / J. Li, L. P. Zhang, Q. F. Gan, J. Y. Li, H. J. Gao, Z. R. Yuan, X. Gao, J. B. Chen, S. Z. Xu // Asian-Australasian Journal of Animal Sciences. 2010. No. 23(11). P. 1405–1411. DOI: 10.5713/ajas.2010.90602.
9. Bruford M. W., Bradley, D. G., Luikart G. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication // Nature Reviews Genetics. 2003. No. 4. P. 900–910. DOI:10.1038/nrg1203.
10. Effects of calpastatin and μ -calpain markers in beef cattle on tenderness traits / E. Casas, S. N. White, T. L. Wheeler, S. D. Shackelford, M. Koohmaraie, D. G. Riley, C. C. Chase, Jr. D. D. Johnson, T. P. L. Smith // Journal of Animal Science. 2006. No. 84. P. 520–525. DOI: 10.2527/2006.843520x.

11. Effect of single nucleotide polymorphisms of CAPN1 and CAST genes on meat traits in Nelore beef cattle (*Bos indicus*) and in their crosses with *Bos Taurus* / R. A. Curi, L. A. L. Chardulo, M. C. Mason, M. D. B. Arrigoni, A. C. Silveira, H. N. De Oliveira // *Animal Genetics*. 2009. No. 40. P. 456–462. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2009.01859.x.

12. Genome wide association analysis for quantitative trait loci influencing Warner–Bratzler shear force in five taurine cattle breeds / M. C. McClure, H. R. Ramey, M. M. Rolf, S. D. McKay, J. E. Decker, R. H. Chapple, J. W. Kim, T. M. Taxis, R. L. Weaver, R. D. Schnabel, J. F. Taylor // *Animal genetics*. 2012. No. 43. P. 662–673. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2012.02323.x.

13. Hood J. L., Brooks W. H., Roszman T. L. Differential compartmentalization of the calpain/calpastatin network with the endoplasmic reticulum and Golgi apparatus // *Journal of Biological Chemistry*. 2000. Vol. 279. No. 41. P. 43126–43135. DOI:10.1074/jbc.M408100200.

14. Li X., Ekerljung M., Lundström K. Association of polymorphisms at DGAT1, leptin, SCD1, CAPN1 and CAST genes with color, marbling and water holding capacity in meat from beef cattle populations in Sweden // *Meat science*. 2013. No. 94. P. 153–158. DOI:10.1016/j.meatsci.2013.01.010.

REFERENCES

1. Appelt G. Introduction to microscopic examination methods; Translated from German by O. I. Epifanova, S. G. Komm. Moscow: Medgiz; 1959. 426 p. (In Russ.).

2. DNA analysis of myostatin, leptin and calpain 1 gene polymorphism in Russian cattle population of Aberdeen Angus breed. / E. N. Konovalova, M. I. Selionova, E. A. Gladyr, O. S. Romanenkova, L. V. Evstafeva. *Agricultural Biology*. 2023b;58(4):622–637. (In Russ.). DOI:10.15389/agrobiol.2023.4.622rus.

3. Study of rs17872000 polymorphism in calpain (CAPN1) and rs109221039 calpastatin (CAST) genes in meat productivity cattle / E. L. Ramanishka, A. I. Kireyeva, M. E. Mikhailova, R. I. Sheyk. *The Molecular and Applied Genetics*. 2022;32:88–96. (In Russ.). DOI:10.47612/1999-9127-2022-32-88-96.

4. Polymorphism of CAST, GH, GDF9 genes of Gorno-Altai sheep breed / M. I. Selionova, L. N. Chizhova, E. S. Surzhikova N. A. Podkorytov, A. T. Podkorytov. *Siberian Herald of Agricultural Science*. 2020;50(1):92–100. (In Russ.). DOI: 10.26898/0370-8799-2020-1-11.

5. Beef manufacture: condition and prospects / G. L. Shichkin, S. V. Lebedev, R.V. Kostyuk, D. G. Shichkin. *Journal of Dairy and Beef Cattle Farming*. 2021;(8):2–5. (In Russ.). DOI: 10.33943/MMS.2021.33.85.001.

6. Distribution of the frequency of occurrence of alleles by the calpastatin gene in sheep of different breeds (review) / Z. K. Gadzhiev, E. S. Surzhikova, T. N. Mikhailenko, D. D. Elagina, O. N. Onishchenko. *Agrarian Scientific Journal*. 2023;(5):72–78. (In Russ.). DOI: 10.28983/asj.y2023i5pp72-78.

7. Assessment of single nucleotide polymorphisms in genes residing on chromosomes 14 and 29 for association with carcass composition traits in *Bos indicus* cattle / E. Casas, S. N. White, D. G. Riley, T. P. L. Smith, R. A. Brenneman, T. A. Olson, D. D. Johnson, S. W. Coleman, G. L. Bennett, C. C. Chase. *Journal of Animal Science*. 2005;83(1): 13–19. DOI:10.2527/2005.83113x.

8. Association of CAST gene polymorphisms with carcass and meat quality traits in Chinese Commercial Cattle Herds / J. Li, L. P. Zhang, Q. F. Gan, J. Y. Li, H. J. Gao, Z. R. Yuan, X. Gao, J. B. Chen, S. Z. Xu. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 2010;23(11):1405–1411. DOI: 10.5713/ajas.2010.90602.

9. Bruford M. W., Bradley, D. G., Luikart G. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Reviews Genetics*. 2003;(4):900–910. DOI:10.1038/nrg1203.

10. Effects of calpastatin and μ -calpain markers in beef cattle on tenderness traits / E. Casas, S. N. White, T. L. Wheeler, S. D. Shackelford, M. Koohmaraie, D. G. Riley, C. C. Chase, Jr. D. D. Johnson, T. P. L. Smith. *Journal of Animal Science*. 2006;(84):520–525. DOI: 10.2527/2006.843520x.

11. Effect of single nucleotide polymorphisms of CAPN1 and CAST genes on meat traits in Nelore beef cattle (*Bos indicus*) and in their crosses with *Bos Taurus* / R. A. Curi, L. A. L. Chardulo, M. C. Mason, M. D. B. Arrigoni, A. C. Silveira, H. N. De Oliveira. *Animal Genetics*. 2009;(40):456–462. DOI:10.1111/j.1365-2052.2009.01859.x.

12. Genome wide association analysis for quantitative trait loci influencing Warner–Bratzler shear force in five taurine cattle breeds / M. C. McClure, H. R. Ramey, M. M. Rolf, S. D. McKay, J. E. Decker, R. H. Chapple, J. W. Kim, T. M. Taxis, R. L. Weaver, R. D. Schnabel, J. F. Taylor. *Animal Genetics*. 2012;(43):662–673. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2012.02323.x.

13. Hood J. L., Brooks W. H., Roszman T. L. Differential compartmentalization of the calpain/calpastatin network with the endoplasmic reticulum and Golgi apparatus. *Journal of Biological Chemistry*. 2020;279(41):43126–43135. DOI:10.1074/jbc.M408100200.

14. Li X., Ekerljung M., Lundström K. Association of polymorphisms at DGAT1, leptin, SCD1, CAPN1 and CAST genes with color, marbling and water holding capacity in meat from beef cattle populations in Sweden. *Meat Science*. 2013;(94):153–158. DOI:10.1016/j.meatsci.2013.01.010.

Статья поступила в редакцию 04.04.2024; одобрена после рецензирования 20.05.2024; принята к публикации 29.05.2024.
The article was submitted 04.04.2024; approved after reviewing 20.05.2024; accepted for publication 29.05.2024.

